

ISSN 1000-0933  
CN 11-2031/Q

# 生态学报

## Acta Ecologica Sinica



第33卷 第11期 Vol.33 No.11 **2013**

中国生态学学会  
中国科学院生态环境研究中心  
科学出版社

主办  
出版



中国科学院科学出版基金资助出版

# 生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

第 33 卷 第 11 期 2013 年 6 月 (半月刊)

## 目 次

### 前沿理论与学科综述

- 新一代 Landsat 系列卫星: Landsat 8 遥感影像新增特征及其生态环境意义 ..... 徐涵秋, 唐 菲 (3249)
- 两种自然保护区设计方法——数学建模和计算机模拟 ..... 王宜成 (3258)
- 家域研究进展 ..... 张晋东, Vanessa HULL, 欧阳志云 (3269)
- 浅水湖泊生态系统稳态转换的阈值判定方法 ..... 李玉照, 刘 永, 赵 磊, 等 (3280)
- 辐射传输模型多尺度反演植被理化参数研究进展 ..... 肖艳芳, 周德民, 赵文吉 (3291)
- 微囊藻毒素对陆生植物的污染途径及累积研究进展 ..... 靳红梅, 常志州 (3298)

### 个体与基础生态

- 年龄、性别及季节因素对千岛湖岛屿社鼠最大活动距离的影响 ..... 叶 彬, 沈良良, 鲍毅新, 等 (3311)
- 寄主大小及寄生顺序对蝇蛹佣小蜂寄生策略的影响 ..... 詹月平, 周 敏, 贺 张, 等 (3318)
- 两种苹果砧木根系水力结构及其 PV 曲线水分参数对干旱胁迫的响应 .....  
..... 张林森, 张海亭, 胡景江, 等 (3324)
- 三种根系分泌脂肪酸对花生生长和土壤酶活性的影响 ..... 刘 苹, 赵海军, 仲子文, 等 (3332)

### 种群、群落和生态系统

- 象山港春季网采浮游植物的分布特征及其影响因素 ..... 江志兵, 朱旭宇, 高 瑜, 等 (3340)
- 洞头海域网采浮游植物的月际变化 ..... 朱旭宇, 黄 伟, 曾江宁, 等 (3351)
- 狗牙根与牛鞭草在三峡库区消落带水淹结束后的抗氧化酶活力 ..... 李兆佳, 熊高明, 邓龙强, 等 (3362)
- 三亚岩相潮间带底栖海藻群落结构及其季节变化 ..... 陈自强, 寿 鹿, 廖一波, 等 (3370)
- 长期围封对不同放牧强度下草地植物和 AM 真菌群落恢复的影响 ..... 周文萍, 向 丹, 胡亚军, 等 (3383)
- 北京松山自然保护区森林群落物种多样性及其神经网络预测 ..... 苏日古嘎, 张金屯, 王永霞 (3394)
- 藏北高寒草地生态补偿机制与方案 ..... 刘兴元, 龙瑞军 (3404)
- 辽东山区次生林生态系统不同林型树干茎流的理化性质 ..... 徐天乐, 朱教君, 于立忠, 等 (3415)
- 施氮对亚热带樟树林土壤呼吸的影响 ..... 郑 威, 闫文德, 王光军, 等 (3425)
- 人工高效经营雷竹林 CO<sub>2</sub> 通量估算及季节变化特征 ..... 陈云飞, 江 洪, 周国模, 等 (3434)
- 新疆典型荒漠区单食性天花吉丁虫磷元素含量对环境的响应 ..... 王 晶, 吕昭智, 宋 菁 (3445)
- 双斑长跗萤叶甲越冬卵在玉米田的空间分布型 ..... 张 聪, 葛 星, 赵 磊, 等 (3452)
- 舟山群岛四个养殖獐种群遗传多样性和遗传结构 ..... 林杰君, 鲍毅新, 刘 军, 等 (3460)

### 景观、区域和全球生态

- 乡镇尺度金塔绿洲时空格局变化 ..... 巩 杰, 谢余初, 孙 朋, 等 (3470)
- 合并与不合并: 两个相似性聚类分析方法比较 ..... 刘新涛, 刘晓光, 申 琪, 等 (3480)

资源与产业生态

基于投入产出表的中国水足迹走势分析 ..... 王艳阳,王会肖,张 昕 (3488)

基于 MRICES 模型的气候融资模拟分析 ..... 朱潜挺,吴 静,王 铮 (3499)

黄东海陆架区沉积物中磷的形态分布及生物可利用性..... 张小勇,杨 茜,孙 耀,等 (3509)

鄱阳湖采砂南移扩大影响范围——多源遥感的证据 ..... 崔丽娟,翟彦放,邬国锋 (3520)

温度、盐度及其互作效应对吉富罗非鱼血清 IGF-I 与生长的影响 ..... 强 俊,杨 弘,王 辉,等 (3526)

城乡与社会生态

福建省城镇-交通系统的景观分隔效应 ..... 张天海,罗 涛,邱全毅,等 (3536)

研究简报

青藏高原高寒草原区工程迹地面积对其恢复植物群落特征的影响 ..... 毛 亮,周 杰,郭正刚 (3547)

黄土山地苹果树树体不同方位液流速率分析..... 孟秦倩,王 健,张青峰,等 (3555)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q \* 1981 \* m \* 16 \* 314 \* zh \* P \* ¥90.00 \* 1510 \* 33 \* 2013-06



封面图说: 清晨的天山马鹿群——家域是动物行为学和保护生物学的重要概念之一,它在动物对资源环境的适应与选择,种群密度及社会关系等生态学过程研究中有着重要的作用。马鹿属于北方森林草原型动物,在选择生境的各种要素中,隐蔽条件、水源和食物的丰富度是最重要的指标。野生天山马鹿是中国的特产亚种,主要分布在北天山深山海拔1500—3800m 地带的森林草原中,在高山至谷地之间不同高度的坡面上,马鹿按季节、昼夜变化的不同进行采食。

彩图及图说提供: 陈建伟教授 北京林业大学 E-mail: cites.chenjw@163.com

DOI: 10.5846/stxb201203120330

林杰君, 鲍毅新, 刘军, 王艳妮, 张旭. 舟山群岛四个养殖獐种群遗传多样性和遗传结构. 生态学报, 2013, 33(11): 3460-3469.

Lin J J, Bao Y X, Liu J, Wang Y N, Zhang X. Genetic diversity and genetic structure of four cultured populations of Chinese water deer (*Hydropotes inermis*) in Zhoushan Archipelago. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(11): 3460-3469.

## 舟山群岛四个养殖獐种群遗传多样性和遗传结构

林杰君, 鲍毅新\*, 刘 军, 王艳妮, 张 旭

(浙江师范大学生态研究所, 金华 321004)

**摘要:**基于 ISSR 分子标记技术,对来自舟山群岛 4 个獐(*Hydropotes inermis*)养殖种群的遗传多样性和遗传结构进行了分析。26 条 ISSR 引物共扩增出 286 个可分析位点,多态位点百分比(*PPL*)为 64.34%。獐物种水平上的 Nei's 遗传多样性指数(*H*)为 0.210, Shannon's 多态信息指数(*I*)为 0.318,各种群的 *H* 介于 0.157—0.190 之间, *I* 在 0.228—0.278 之间,与已报道的 ISSR 标记在其它动物物种中的应用结果相比,其遗传多样性较为丰富。Structure 软件分析结果显示,所有个体根据遗传信息的不同可以被分为 4 个组群,每个养殖场内的个体基本上都在各自独立的组群中,这与地理区域的划分相似。另外发现各养殖场獐种群间已表现出了较大的遗传分化(*G<sub>st</sub>*=0.163)。同时,为了解各种群间的遗传关系,计算了各种群间的 Nei's 遗传距离,结果显示舟山种群(ZS)和秀山种群(XS)之间的遗传距离最近,为 0.045,而岱山种群(DS)和朱家尖种群(ZJJ)间的遗传距离最大,为 0.066。基于以上结果,建议加强不同岛屿种群间的个体交流,特别是朱家尖种群(ZJJ)与其它种群间的交流。

**关键词:**舟山群岛;獐;ISSR;遗传多样性;遗传结构

## Genetic diversity and genetic structure of four cultured populations of Chinese water deer (*Hydropotes inermis*) in Zhoushan Archipelago

LIN Jiejun, BAO Yixin\*, LIU Jun, WANG Yanni, ZHANG Xu

Institute of Ecology, Zhejiang Normal University, Jinhua 321004, China

**Abstract:** Inter-simple sequence repeats (ISSR) were used to analyze genetic diversity and genetic structure of four cultured populations of *Hydropotes inermis* in four farms of Zhoushan Archipelago. Twenty-six ISSR primers yielded 286 loci in 59 individuals from the four populations. Among which 184 loci were polymorphic, and percentage of polymorphic loci (*PPL*) was 64.34%. Primer UBC 812 revealed the highest variation with *PPL* (90.91%), whereas primer UBC 860 showed the lowest variation with *PPL* (37.50%). Twenty-six ISSR primers were selected for the analyses of genetic diversity and genetic structure in the four population. Nei's genetic diversity (*H*) and Shannon's index (*I*) at the species level were 0.210 and 0.318, respectively. *H* values were between 0.1571 and 0.1895 for the four populations of *Hydropotes inermis*, whereas *I* values for the four populations were between 0.2277 and 0.2778. When comparing with the results from other animals using ISSR, the genetic diversity of the cultured *Hydropotes inermis* in Zhoushan Archipelago is relatively high. Among the four populations, Zhoushan (ZS) population showed the highest genetic diversity (*N<sub>a</sub>*=1.486, *N<sub>e</sub>*=1.333, *H*=0.190, *I*=0.278, *PPL*=48.60%), followed by Daishan (DS) population and Xiushan (XS) population. The lowest genetic diversity was found in Zhujiajian (ZJJ) population. The analyses of population genetic structure showed that when *K*=4, the  $\Delta K$  value reached maximum, which suggests that all individuals could be divided into four groups based on their genetic data. Biological data, such as skin color collected from the four populations showed

基金项目:浙江省研究生创新科研项目(YK2009038);浙江省教育厅资助项目(Y201016779)

收稿日期:2012-03-12; 修订日期:2012-08-15

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: sky90@zjnu.cn

that most individuals from four geographical locations could be clustered into its own group. The color of the majority of DS population was white; the color of the majority of XS population was dark grey; the color of the majority of ZJJ population was black; and the color of the majority of ZS population was light grey. These biological data indicate that there are genetic differences among the four populations studied. Furthermore, the coefficient of differentiation,  $G_{st}$  (0.163) obtained for the four populations with POPGENE software was similar to that obtained by AMOVA analysis (11.96% genetic variation among four populations). In order to find out genetic relationships among the four populations, Nei's genetic distance ( $GD$ ) and Genetic identity ( $GI$ ) were calculated. The results showed that the value of  $GD$  between ZS population and XS population was 0.045, showing that the genetic distance between these two populations is the nearest, while the value of  $GD$  was 0.066 between DS and ZJJ populations, indicating that the genetic distance between these two populations is the farthest.  $GI$  showed a similar trend to  $GD$ . The value of  $GI$  between ZS and XS populations was the highest (0.956), whereas the value of  $GI$  between DS and ZJJ populations was the lowest (0.936). Based on these results, we suggest that the increase of genetic exchange among different island populations of *Hydropotes inermis*, especially between ZJJ population and other three populations could improve quality traits of *Hydropotes inermis*. In practice, we could electronically tag the individuals of *Hydropotes inermis*, and systemically record the exchange information among individuals. The proposed genetic exchange could not only improve breeding for quality traits, but also scientifically and economically manage propagation of *Hydropotes inermis*.

**Key Words:** Zhoushan Archipelago; *Hydropotes inermis*; ISSR; genetic diversity; genetic structure

獐(*Hydropotes inermis*), 别名牙獐、河麋, 属于偶蹄目(Artiodactyla)鹿科(Cervidae)獐属(*Hydropotes*), 是国家Ⅱ级重点保护动物, 目前在我国较集中的分布区是浙江舟山群岛、江苏沿海地区、江西鄱阳湖地区、湖南、湖北的洞庭湖和广大水网地区<sup>[1]</sup>, 而以舟山群岛上的分布数量最多<sup>[2-3]</sup>。由于经济利益的驱使, 使得獐的偷猎现象非常严重, 根据 2009 年对舟山市鹿科动物资源的调查, 舟山群岛野生獐的资源总量约为 2100—2600 只, 比 1997 年已锐减一半。人为养殖种群被认为是一种保护濒危物种的重要手段<sup>[4]</sup>, 能有效减少偷猎行为的发生。近年来, 随着对獐的日益了解和养殖技术的不断发展, 养殖獐已成为热点并得到了迅速发展, 其种源主要来自舟山群岛<sup>[5]</sup>。目前, 在舟山群岛养殖獐种群数量约 1000 余只, 主要集中在舟山本岛、秀山岛、岱山岛和朱家尖岛, 其它岛屿基本上没有獐养殖场。为了保持獐资源的可持续利用, 有必要对养殖獐种群的遗传多样性和遗传结构进行分析。

迄今为止, 獐的研究主要集中在行为观察<sup>[6-7]</sup>、生境选择<sup>[8-9]</sup>及致危原因<sup>[10-11]</sup>等方面。在分子生物学方面的研究, Hu 等<sup>[12-13]</sup>曾应用微卫星标记和线粒体控制区对大陆种源和舟山种源的獐种群进行分析, 两者的结果都发现舟山种源的獐种群遗传多样性水平要低于大陆种群。舟山群岛是在第三纪末浙东地层下降时, 与大陆分离而形成的, 属于里亚斯型海岛区地貌, 各岛屿间被海水隔离, 在一定程度上阻碍了獐在不同岛屿间的迁移, 这可能是造成舟山种群遗传多样性偏低的主要原因。

简单重复序列间区(ISSR)标记技术是在微卫星标记的基础上直接建立起来的一种分子标记技术<sup>[14]</sup>, 具有简单、经济、快速、有效等优点。近年来, 也越来越多地被应用到动物研究中来, 并在动物遗传多样性及遗传结构方面取得了不错的研究成果<sup>[15-17]</sup>。本研究利用 ISSR 分子标记对舟山不同岛屿上养殖场内獐种群的遗传多样性和遗传结构进行分析, 并深入探讨了各养殖场獐种群的遗传特点, 以期对舟山群岛獐保护策略的制定和实施提供科学的理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料采集

在獐养殖场比较集中的舟山本岛、秀山岛、岱山岛和朱家尖岛, 选择规模较大、养殖规范、有代表性的 4 个獐养殖场进行采样, 各种群采样地见图 1, 各采样养殖场所在岛屿的生态特征和采样数量见表 1, 根据个体来

源的记录,实验所用样本是捕获于各养殖场所在的岛屿或由这些个体相互交配所产的后代,以自然死亡个体和由于年老等原因而淘汰个体的少量肌肉组织作为实验样本,由各养殖场提供,在选择样本过程中,一般是根据养殖场的个体来源记录,选择无血缘关系或亲缘关系较远的个体,避免个体间存在直系血缘关系,带回实验室置于-70 ℃冰箱中保存备用。

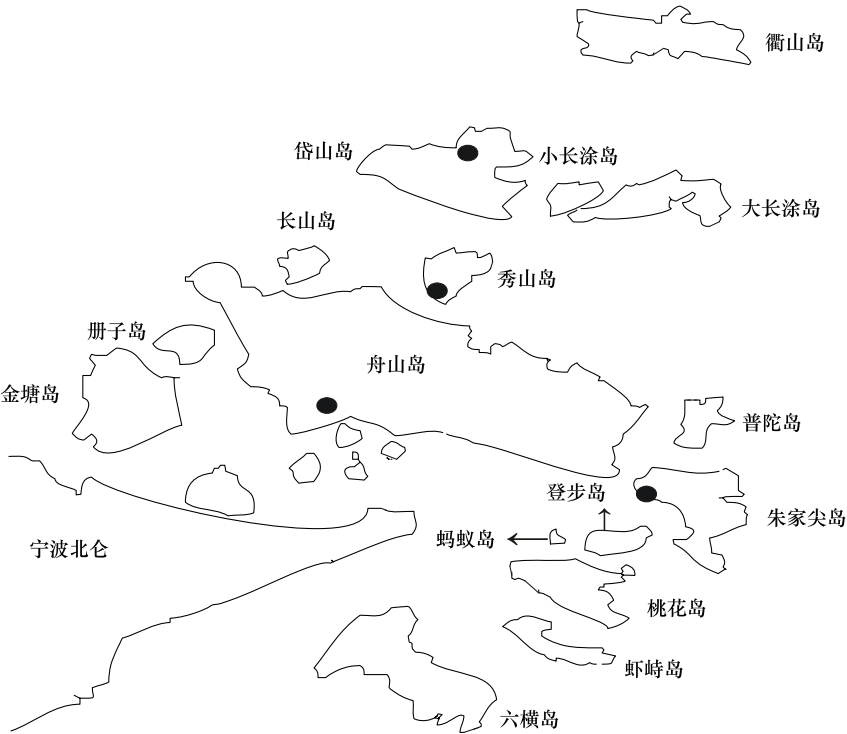


图 1 4 个獐种群取样地点

Fig. 1 Location of the four cultured populations of *Hydropotes inermis* in Zhoushan Archipelago

图中圆圈(●)表示各养殖场在各自岛屿上的大致位置

表 1 四个取样岛屿的生态特征及样本量

| Table 1 Ecological characteristics of the four islands and number of samples |                                |                               |                             |                                                 |
|------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------|-------------------------------|-----------------------------|-------------------------------------------------|
| 岛屿名称<br>Name of islands                                                      | 地理坐标<br>Geographic coordinates | 岛屿面积<br>Area /km <sup>2</sup> | 主要生境类型<br>Main habitat type | 样本量(养殖场规模)<br>Number of samples<br>(Farm scale) |
| 岱山岛 DS                                                                       | N:30°17' E:122°10'             | 104.97                        | SF、SLF、FL                   | 19(100)                                         |
| 秀山岛 XS                                                                       | N:30°10' E:122°10'             | 22.88                         | BLF、SLF                     | 15(200)                                         |
| 朱家尖岛 ZJJ                                                                     | N:29°55'E:122°24'              | 70.30                         | BLF、SLF、FL                  | 8(50)                                           |
| 舟山本岛 ZS                                                                      | N:30°03' E:122°08'             | 468.70                        | BLF、SF、W、FL、WL              | 17(150)                                         |

BLF:阔叶林;SF:灌木林;SLF:山坡地;FL:农田;W:杂草;WL:荒地

1.2 DNA 提取

参照鲍毅新等<sup>[18]</sup>改进的方法对肌肉组织进行基因组 DNA 的提取。

1.3 引物选择及 PCR 扩增

本实验共使用 26 条 ISSR 引物,包括已发表的可应用于獐物种的 10 条(UBC 808、809、811、816、818、827、830、841、844、848)<sup>[19]</sup>,另外,筛选出多态性高、标记位点丰富、重复性好的适合獐基因扩增的 ISSR 引物 16 条(UBC 807、810、812、815、822、823、826、834、836、840、842、855、857、858、860、873),各引物的序列和最佳最火温度见表 2。

ISSR-PCR 反应体系及扩增程序采用张龙龙等<sup>[19]</sup>所确立的獐 ISSR-PCR 反应最优体系及扩增程序,其中对最佳循环次数进行优化,发现 35 次循环时,效果最好,其余步骤均相同。扩增产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳分离(120 V, 90 min),使用 BIO-RAD 紫外凝胶成像系统(购自 BIO-RAD 公司)拍照、观察。

#### 1.4 数据分析

用软件 Gel-Pro 4.5 统计条带的数目及长度,然后检测不同种群个体条带的有无,清晰可见的条带全部用于统计分析。按条带的有无进行计数,在指定迁移位置出现的条带,被认为是具有相同的 DNA 片段产物,计数为“1”,不存在则为“0”,构建“01”二元矩阵数据,以此把图像数据转化为二元数据。

采用 POPGENE 1.32 软件<sup>[20]</sup>计算 4 个种群观察等位基因数( $N_a$ )、有效等位基因数( $N_e$ )、Nei's 遗传多样性指数( $H$ )、Shannon's 多态信息指数( $I$ )和多态位点百分比( $PPL$ )等遗传多样性指标,并计算物种水平上的各遗传多样性指标,以及各种群间的遗传分化系数( $G_{st}$ )、Nei's 遗传距离( $GD$ )和遗传相似度( $GI$ )。

利用 Arlequin 3.11 软件<sup>[21]</sup>对各种群进行遗传结构的分子变异分析(AMOVA)。

利用 Structure 2.2 软件<sup>[22,23]</sup>对 4 个獐种群进行贝叶斯聚类分析,对参数 MCMC 开始时的不作数迭代和 MCMC(number of MCMC reps after burn-in)都设置为 10000 次, $K$  值为 1—6,每个  $K$  值各自独立运行 5 次,计算每个  $K$  值下的对数似然函数值( $\ln P(D)$ , log likelihood function value),并取平均值即为每个  $K$  的  $\ln P(D)$ ,再利用公式:  $\Delta K = m \times |L(K+1) - 2L(K) + L(K-1)| \div [s \times L(K)]$ ,计算出每个  $K$  值相对应的  $\Delta K$  值,其中  $L(K) = \ln P(D)$ <sup>[24]</sup>。根据  $K$  与  $\Delta K$  的关系,确定最佳  $K$  值,即为从遗传结构上认定的最佳组群数。

## 2 结果与分析

### 2.1 26 条 ISSR 引物扩增结果

从表 2 中可以看出,26 条 ISSR 引物共扩增出 286 个位点,平均每条引物扩增出 11 条 DNA 片段,引物 UBC 810 扩增出的位点数是最多的,共有 17 个位点,而引物 UBC 816 扩增出的位点数是最少的,只有 7 个位点,其余引物扩增出的位点数介于两者之间。共扩增出 184 个多态性位点,即平均每条引物扩增出 7 个多态性位点,总的多态性比率为 64.34%。其中,引物 UBC 812 揭示的变异是最高的,多态性比率高达 90.91%,而引物 UBC 860 的多态性比率只有 37.50%,其所反映的变异是最低的,其余 ISSR 引物的多态性比率介于两者之间,图 2 和图 3 为部分引物在一些獐个体中的扩增电泳图,结果显示,扩增效果较为清晰。以上结果表明本次实验所选用的这 26 条 ISSR 引物可用于獐遗传多样性和遗传结构的分析。

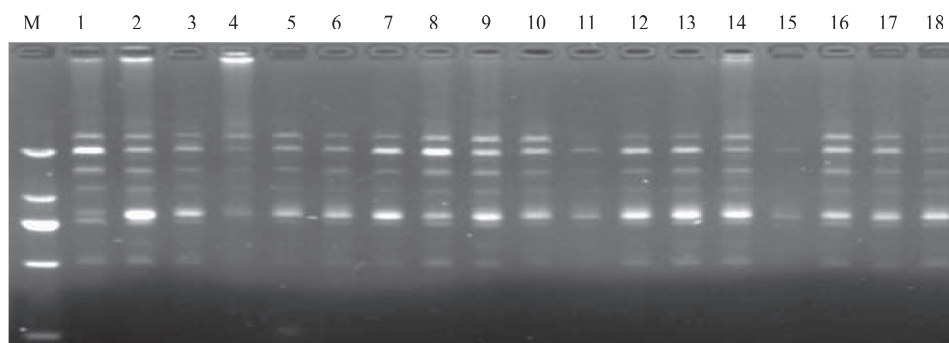


图 2 ISSR 引物 UBC 822 在部分个体中的扩增电泳图

Fig. 2 The amplification of primer UBC 822 in several individuals of *Hydropotes inermis*

M, DL2000; 1—18, 獐个体

### 2.2 獐种群的遗传多样性差异

从表 3 的观察等位基因数( $N_a$ )、有效等位基因数( $N_e$ )、多态位点百分比( $PPL$ )、Nei's 遗传多样性指数( $H$ )和 Shannon's 多态信息指数( $I$ )这些遗传多样性参数来看,不同獐种群的遗传多样性存在一定差异,各项遗传参数均以舟山本岛獐种群(ZS)最高( $N_a=1.486$ ,  $N_e=1.333$ ,  $H=0.190$ ,  $I=0.278$ ,  $PPL=48.60\%$ ),其次

为岱山种群(DS)、秀山种群(XS)、朱家尖种群(ZJJ),且其物种水平上的遗传多样性要高于种群水平,种群水平表示的是各种群间的平均水平,而物种水平是将所有个体当作一个大种群来研究,显示的是舟山群岛獐的整体水平,所以其值较高。

表2 26条引物名称、序列、最佳退火温度及其在四个种群中的扩增条带数与多态性比率

| Table 2 Names, sequences, annealing temperatures and polymorphic ratios of the loci amplified by 26 ISSR primers |                                            |                                   |                            |                                  |                                           |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------|-----------------------------------|----------------------------|----------------------------------|-------------------------------------------|
| 引物名称<br>Primer name                                                                                              | 引物序列(5' — 3')<br>Primer sequence (5' — 3') | 最佳退火温度/℃<br>Annealing temperature | 扩增位点数<br>No. of Total Loci | 多态性位点<br>No. of Polymorphic Loci | 多态性比率/%<br>Percentage of Polymorphic Loci |
| UBC 807                                                                                                          | AGAGAGAGAGAGAGACT                          | 54.0                              | 13                         | 10                               | 76.92                                     |
| UBC 808                                                                                                          | AGAGAGAGAGAGAGAC                           | 48.5                              | 10                         | 5                                | 50.00                                     |
| UBC 809                                                                                                          | AGAGAGAGAGAGAGAGG                          | 55.7                              | 12                         | 9                                | 75.00                                     |
| UBC 810                                                                                                          | GAGAGAGAGAGAGAGAT                          | 56.8                              | 17                         | 11                               | 64.71                                     |
| UBC 811                                                                                                          | GAGAGAGAGAGAGAGAC                          | 57.6                              | 11                         | 7                                | 63.64                                     |
| UBC 812                                                                                                          | GAGAGAGAGAGAGAGAA                          | 56.8                              | 11                         | 10                               | 90.91                                     |
| UBC 815                                                                                                          | CTCTCTCTCTCTCTCTG                          | 53.3                              | 8                          | 7                                | 87.50                                     |
| UBC 816                                                                                                          | CACACACACACACACAT                          | 50.9                              | 7                          | 4                                | 57.14                                     |
| UBC 818                                                                                                          | CACACACACACACACAG                          | 51.1                              | 10                         | 5                                | 50.00                                     |
| UBC 822                                                                                                          | TCTCTCTCTCTCTCTCA                          | 52.5                              | 8                          | 7                                | 87.50                                     |
| UBC 823                                                                                                          | TCTCTCTCTCTCTCTCC                          | 51.5                              | 9                          | 5                                | 55.56                                     |
| UBC 826                                                                                                          | ACACACACACACACACC                          | 57.6                              | 11                         | 6                                | 54.55                                     |
| UBC 827                                                                                                          | ACACACACACACACACG                          | 50.9                              | 11                         | 7                                | 63.64                                     |
| UBC 830                                                                                                          | TGTGTGTGTGTGTGTGG                          | 49.5                              | 11                         | 7                                | 63.64                                     |
| UBC 834                                                                                                          | AGAGAGAGAGAGAGAGYT                         | 48.4                              | 8                          | 4                                | 50.00                                     |
| UBC 836                                                                                                          | AGAGAGAGAGAGAGAGYA                         | 48.4                              | 14                         | 10                               | 71.43                                     |
| UBC 840                                                                                                          | GAGAGAGAGAGAGAGAYT                         | 53.8                              | 10                         | 5                                | 50.00                                     |
| UBC 841                                                                                                          | GAGAGAGAGAGAGAGAYC                         | 52.8                              | 13                         | 10                               | 76.92                                     |
| UBC 842                                                                                                          | GAGAGAGAGAGAGAGAYG                         | 56.1                              | 14                         | 9                                | 64.29                                     |
| UBC 844                                                                                                          | CTCTCTCTCTCTCTCTRC                         | 51.1                              | 10                         | 8                                | 80.00                                     |
| UBC 848                                                                                                          | CACACACACACACACARG                         | 51.1                              | 12                         | 7                                | 58.33                                     |
| UBC 855                                                                                                          | ACACACACACACACACYT                         | 55.7                              | 12                         | 5                                | 41.67                                     |
| UBC 857                                                                                                          | ACACACACACACACACYG                         | 59.2                              | 11                         | 7                                | 63.64                                     |
| UBC 858                                                                                                          | TGTGTGTGTGTGTGTGRT                         | 55.7                              | 12                         | 7                                | 58.33                                     |
| UBC 860                                                                                                          | TGTGTGTGTGTGTGTGRA                         | 51.4                              | 8                          | 3                                | 37.50                                     |
| UBC 873                                                                                                          | GACAGACAGACAGACA                           | 54.5                              | 13                         | 9                                | 69.23                                     |
| 总计 Total                                                                                                         |                                            |                                   | 286                        | 184                              | 64.34%                                    |

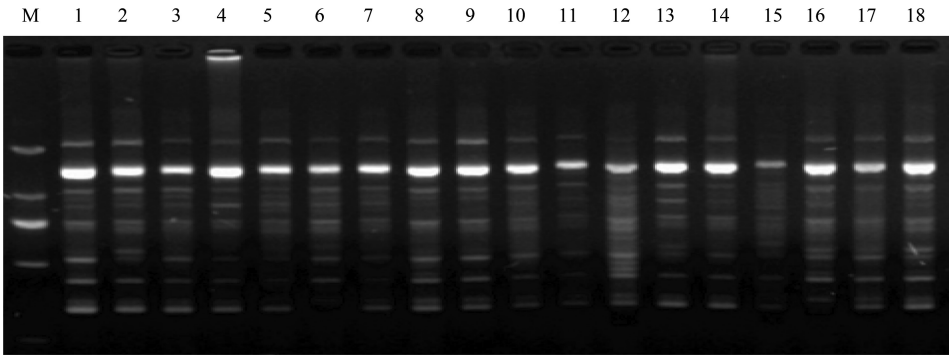


图3 ISSR引物UBC 841在部分个体中的扩增电泳图

Fig. 3 The amplification of primer UBC 841 in several individuals of *Hydropotes inermis*

M: DL2000;1—18: 獐个体

表 3 舟山 4 个獐种群遗传多样性差异

Table 3 Genetic diversity of four *Hydropotes inermis* populations in Zhoushan Archipelago

| 种群<br>Population      | 样本数<br>Numbers | <i>N</i> <sub>a</sub> | <i>N</i> <sub>e</sub> | <i>H</i> | <i>I</i> | <i>PPL</i> /% |
|-----------------------|----------------|-----------------------|-----------------------|----------|----------|---------------|
| 岱山 DS                 | 19             | 1.472                 | 1.321                 | 0.183    | 0.268    | 47.20         |
| 秀山 XS                 | 15             | 1.420                 | 1.299                 | 0.168    | 0.245    | 41.96         |
| 朱家尖 ZJJ               | 8              | 1.392                 | 1.286                 | 0.157    | 0.228    | 39.16         |
| 舟山本岛 ZS               | 17             | 1.486                 | 1.333                 | 0.190    | 0.278    | 48.60         |
| 种群水平 Population level |                | 1.443                 | 1.310                 | 0.175    | 0.255    | 44.23         |
| 物种水平 Species level    | 59             | 1.643                 | 1.351                 | 0.210    | 0.318    | 64.34         |

*N*<sub>a</sub>: 平均观察等位基因数 Mean observed number of alleles; *N*<sub>e</sub>: 平均有效等位基因数 Mean effective number of alleles; *H*: Nei's 遗传多样性指数 Nei's genetic diversity; *I*: Shannon's 多态信息指数 Shannon's index; *PPL*: 多态位点百分比 Percentage of polymorphic loci

2.3 獐种群遗传结构分析

通过计算 $\Delta K$ 发现,当 $K=4$ 时, $\Delta K$ 取得最大值,由此认为,所有个体根据遗传结构组成不同可分为4个组群。当 $K=4$ 时,从图4中可以看出,在岱山种群(pop1)中,白色占了大部分;在秀山种群(pop2)中,深灰色占了大部分;在朱家尖种群(pop3)中,黑色占了大部分;在舟山本岛种群(pop4)中,浅灰色占了大部分,也就是说,根据遗传信息的不同,各种群中的大部分个体大多集中在根据地理信息来划分的类群中,说明各种群间已存在一定程度的遗传差异。

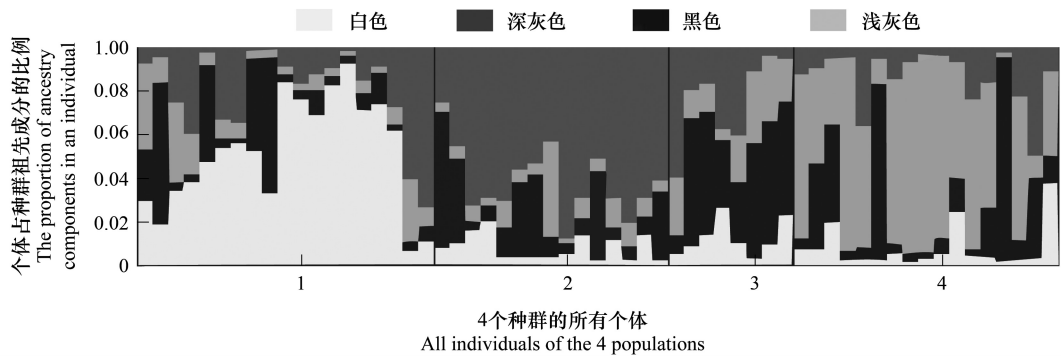


图 4 用种群来源信息进行 STRUCTURE 分析得到的分配图( $K=4$ )

Fig. 4 Inferred clusters based on STRUCTURE analysis using prior information of population origin ( $K=4$ )

1: 岱山种群的所有个体, 2: 秀山种群的所有个体, 3: 朱家尖种群的所有个体, 4: 舟山本岛种群的所有个体

2.4 獐种群的遗传分化

遗传分化系数  $G_{st}$  被认为是反映种群遗传分化的重要指标, 本研究中  $G_{st}$  为 0.163, 认为有 16.30% 的遗传分化发生在种群间, 而有 83.70% 的遗传分化发生在种群内。当  $G_{st}$  在 0—0.05 之间, 表明种群间遗传分化程度很弱, 0.05—0.15 之间表明已有中等程度的分化, 0.15—0.25 之间表明具有较大的分化, 大于 0.25 表明分化极大<sup>[25]</sup>, 说明实验中各种群间已存在较大的遗传分化, AMOVA 分析结果也表明, 种群间遗传变异占总变异的 11.96%, 种群内占 88.04% (表 4), 两者结果类似。

表 4 獐种群间和种群内分子变异的 AMOVA 分析

Table 4 Analysis of molecular variance (AMOVA) within and among *Hydropotes inermis* populations

| 变异来源<br>Source of variation | 自由度<br>df | 总方差<br>Sum of squares | 变异组分<br>Variance components | 变异百分比/%<br>Percentage of variation |
|-----------------------------|-----------|-----------------------|-----------------------------|------------------------------------|
| 种群间 Among populations       | 3         | 182.472               | 2.800                       | 11.96                              |
| 种群内 Within populations      | 55        | 1133.562              | 20.610                      | 88.04                              |
| 总计 Total                    | 58        | 1316.034              | 23.410                      |                                    |

## 2.5 獐种群间遗传关系

岱山种群和朱家尖种群间遗传距离是最大的,为 0.066,而秀山种群和舟山本岛种群的遗传距离为 0.045,是所有遗传距离中最近的,其余种群间的遗传距离介于两者之间。遗传相似度与遗传距离表现为相同的趋势,舟山本岛种群和秀山种群的遗传相似度是最高的( $GI = 0.956$ ),而岱山种群和朱家尖种群的遗传相似度是最低的,为 0.936(表 5)。

表 5 獐种群间 Nei's 遗传距离与遗传相似度

Table 5 Genetic identity and genetic distance among *Hydropotes inermis* populations

| 种群 Population | 岱山 DS | 秀山 XS | 朱家尖 ZJZ | 舟山本岛 ZS |
|---------------|-------|-------|---------|---------|
| 岱山 DS         | —     | 0.947 | 0.936   | 0.948   |
| 秀山 XS         | 0.055 | —     | 0.943   | 0.956   |
| 朱家尖 ZJZ       | 0.066 | 0.059 | —       | 0.943   |
| 舟山本岛 ZS       | 0.054 | 0.045 | 0.059   | —       |

上三角为遗传相似度,下三角为 Nei's 遗传距离

## 3 讨论

### 3.1 遗传多样性

遗传多样性在广义上是指生物所携带遗传信息的总和,在狭义上则是指种内不同种群和个体间的遗传多态性程度<sup>[26]</sup>,是种群繁殖和更新的遗传基础,可反映一个物种适应环境的能力和对环境变迁持续进化的潜力<sup>[27]</sup>,是生物多样性的一个重要方面,因此对遗传多样性的研究具有重要意义。在基于 ISSR 标记的分析中,遗传多样性的高低常以 Nei's 遗传多样性指数( $H$ )和 Shannon's 多态信息指数( $I$ )这两个指标来度量<sup>[28]</sup>。在利用 ISSR 标记对哺乳动物的研究中,在物种水平上,高原鼠兔(*Ochotona curzoniae*)的  $H$  为 0.2306,  $I$  为 0.3531<sup>[28]</sup>,伊朗哈马丹省常见的一种绵羊的  $H$  为 0.1258,  $I$  为 0.2256<sup>[29]</sup>;在种群水平上,Askari 等<sup>[30]</sup>曾利用 ISSR 标记对伊朗科尔曼地区 4 种 16 个经济价值较高的家畜种群进行了遗传多样性研究,发现山羊的  $H$  为 0.0655—0.1052,  $I$  为 0.1034—0.1604,绵羊的  $H$  为 0.1052—0.2076,  $I$  为 0.2938—0.3058,荷士登乳牛品种的  $H$  为 0.0891—0.1240,  $I$  为 0.1449—0.2204,伊朗本地牛的  $H$  为 0.0950—0.1517,  $I$  为 0.1481—0.2328。而在本研究中,獐物种水平上的  $H$  为 0.210,  $I$  为 0.318;在种群水平上的  $H$  为 0.157—0.190,  $I$  为 0.228—0.278,与这些已报道的结果相比较而言,具有相对较高的遗传多样性,之前, Hu 等<sup>[12,13]</sup>曾利用线粒体和微卫星标记对野生的舟山獐种群进行研究,发现与其它稀有鹿类动物相比,其遗传多样性处于较高的水平。据报道,獐在我国养殖的时间并不是很长,仅有 30 余年的历史,最早实现人工饲养的单位是南京动物园,直到 20 世纪 90 年代中期,也仅有少数的几家动物园或大学(如南京动物园,华东师范大学)饲养有少量的獐,主要用于观赏或科研,直到 1997 年以后,随着人们对獐的经济价值有了认识,以及养殖技术的成熟,养殖獐才得以迅速地发展起来<sup>[5]</sup>。而舟山地区最早实现獐养殖距今也才 20 多年的时间,并且,该地区养殖场内的种源大多来自野外,这些可能是舟山养殖獐种群具有相对较高遗传多样性水平的原因。

就各种群而言,舟山本岛种群的遗传多样性表现出最高的水平,这可能与舟山本岛的面积最大有关,而在小岛上则更容易发生近交,遗传漂变可导致种群遗传多样性的降低<sup>[31-32]</sup>,而朱家尖岛是舟山的第五大岛,其面积大于秀山岛,但种群的遗传多样性却是最低的,这可能是由于受养殖场规模和实际情况的限制而使得朱家尖岛取的样本量偏少有关,也有可能跟下面提到的与其它岛屿上獐的交流较少有关,对于朱家尖岛种群遗传多样性偏低的影响因素还有待进一步研究。

### 3.2 遗传结构

遗传结构是指遗传变异的分布式样或格局,是生物的基因和基因型在时间和空间上的分布形式<sup>[33-34]</sup>,其受突变、基因流、自然选择和遗传漂变的共同作用,同时还与物种的进化历史和生物学特征有关<sup>[35]</sup>,是遗传学研究的一个重要内容。Structure 软件在揭示种群遗传结构方面具有较强的直观性,能反映出种群内或亚群间

一定的个体关系,结合一定的种群地理及历史事件信息,还能揭示一定的种源问题<sup>[36]</sup>。利用该软件对 59 头獐组成的群体的遗传结构进行分析,按每头獐的来源进行聚类(图 4),结果则显示,不同地理养殖场的大部分个体已集中在各自独立的组群中,这暗示各种群间可能已存在一定的分化现象,虽然在这 4 个种群间表现出有一定的基因混合(图 4 中每个种群内混合有 4 种不同的颜色),但 POPGENE 软件对这 4 个种群遗传分化系数的计算结果( $G_{st}=0.163$ )与各种分化迹象保持了一致性。舟山群岛的岛屿生境是生境片段化的一种独特形式,而片段化生境会影响物种种群间基因交流<sup>[37]</sup>及物种间相互作用<sup>[38-39]</sup>。Dixo 等<sup>[40]</sup>发现,巴西热带雨林的片段化对生活其中的蟾蜍(*Rhinella ornata*)间的基因交流造成了影响,Manel 等<sup>[41]</sup>也指出岛屿地理隔离可阻碍基因交流。虽然,獐被认为具有游泳的能力,可达数公里的水域距离<sup>[42]</sup>,但是这并不代表这种游泳现象时常发生。郭光普和张恩迪<sup>[1]</sup>曾指出獐的游泳行为并不是主动的,而是迫于诸如种群压力、资源、偷猎者或家犬的追捕等因素不得已而为之的,这可能也是各种群间存在分化的原因,但也有可能是各个养殖场由于相互隔离的原因造成了分化的现象,总之,不论这些种群之前交流程度如何,从结果上看,现在它们之间已经出现了较高的遗传分化,并且在今后的种群发展中这些分化可能会更大。

另外我们还计算了各种群间的 Nei's 遗传距离,从结果来看,舟山本岛种群(ZS)、秀山种群(XS)和岱山种群(DS)相互间的遗传距离较近,而朱家尖种群(ZJJ)与其它种群间的遗传距离较远。对于朱家尖种群(ZJJ)的遗传结构出现较大差异的原因有可能是:舟山群岛的獐是从舟山本岛向整个群岛扩散的<sup>[1]</sup>,即朱家尖的獐最初可能来自于舟山本岛,但随着舟山本岛东部普陀区的开发,刚好与朱家尖岛相对,繁华的都市阻碍了獐在两岛之间的迁移,即在养殖场建立之前,朱家尖种群与这些种群的基因交流较少,另外,郭光普和张恩迪<sup>[1]</sup>在对舟山群岛獐的分布进行调查时,发现岱山岛附近的官山岛和小长涂岛均有獐的分布,而朱家尖岛东侧 2.2 km 的白沙岛却无獐的分布,这也在一定程度上阻碍了朱家尖岛獐种群与外界的交流。亦或是各种群养殖前的遗传情况相差不多,由于养殖后近交程度不同而导致了各养殖场现如今的遗传格局。结合实际地理分布和各种群间遗传距离的情况,可认为前者的原因更大。

### 3.3 獐保护建议

从此次实验结果上看,各养殖场内的獐种群已出现了较大的遗传分化,由于在养殖条件下更容易发生近交,在今后的养殖过程中,其分化程度可能会更大,甚至会产生奠基者效应而使基因歧异度趋向相同,不能够适应多变的环境,而使得这些养殖种群受到更大的淘汰威胁,并给养殖户带来巨大的损失,因此,在条件允许的情况下,可以适当补充野外个体,但獐作为国家Ⅱ级重点保护动物,对其野生资源的利用应该尽量减少,我们建议可以在不同养殖场之间进行个体的交流,特别是加强朱家尖岛獐种群与其它种群间的交流,这样也能进一步改善养殖种群的遗传状况,但这同时也加重了养殖户的管理难度,可以结合电子标签技术对獐个体进行身份编号,并认真记录个体间的交流情况,这不仅是对獐养殖进行科学管理的有效方式,也是提高养殖品质的基础。另外,舟山群岛作为獐的主要分布区,在合理利用獐的同时,对其野生资源的就地保护也是非常重要的,当前,偷猎行为还比较严重,有关部门在加强宣传教育工作的同时,也要严厉打击破坏野生獐资源的违法行为,并加强栖息地的生态保护,从可持续的角度对獐进行保护和合理利用。

### References:

- [1] Guo G P, Zhang E D. The distribution of the Chinese water deer (*Hydropotes inermis*) in Zhoushan Archipelago, Zhejiang province, China. *Acta Theriologica Sinica*, 2002, 22(2): 98-107.
- [2] Sun M J, Bao Y X. Investigation on distribution and resources of *Hydropotes inermis* in Zhejiang province. *Journal of Zhejiang Forestry Science and Technology*, 2001, 21(6): 20-24.
- [3] Bao Y X. Investigation on Resources of *Hydropotes inermis* in Zhejiang[A]. *Zhejiang Forestry Natural Resources (Terrestrial Wildlife)* [C]. Beijing: Science and Technology of Chinese Agriculture Press, 2002: 307-317.
- [4] Frankham R, Ballou J D, Briscoe D A. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge: Cambridge University Press, 2002.
- [5] Hu J. *Studies on the Conservation Genetics and Reproductive Behavior of Chinese Water Deer*[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2006.
- [6] Maugé R, Maugé C, Dubost G, Charron F, Courcoul A, Rodier A. Non-invasive assessment of reproductive status in Chinese water deer

- (*Hydropotes inermis*): correlation with sexual behaviour. *Mammalian Biology-Zeitschrift für Säugetierkunde*, 2007, 72(1): 14-26.
- [ 7 ] Dubost G, Charron F, Courcou A, Rodier A. The Chinese water deer, *Hydropotes inermis*—A fast-growing and productive ruminant. *Mammalian Biology-Zeitschrift für Säugetierkunde*, 2011, 76(2): 190-195.
- [ 8 ] Zhang E D, Teng L W, Wu Y B. Habitat selection of the Chinese water deer (*Hydropotes inermis*) in Yancheng, Jiangsu province. *Acta Theriologica Sinica*, 2006, 26(1): 49-53.
- [ 9 ] Bao Y X, Zhang L L, Sun B, Wei D Z, Shen L L. Habitat characteristics of Chinese water deer (*Hydropotes inermis*) in spring and autumn in Zhoushan Archipelago, Zhejiang province, China. *Acta Theriologica Sinica*, 2011, 31(3): 235-243.
- [ 10 ] Zhang E, Guo G. Poaching as a major threat to Chinese water deer in Zhoushan Archipelago. *Deer*, 2000, 11(8): 413-414.
- [ 11 ] Teng L W. Population of China Water Deer (*Hydropotes inermis*) in Yancheng National Nature Reserve and Feasibility of Reintroduction Chinese Water Deer to Shanghai[D]. Shanghai: East China Normal University, 2007.
- [ 12 ] Hu J, Fang S G, Wan Q H. Genetic diversity of Chinese water deer (*Hydropotes inermis inermis*): implications for conservation. *Biochemical Genetics*, 2006, 44(3/4): 156-167.
- [ 13 ] Hu J, Pan H J, Wan Q H, Fang S G. Nuclear DNA microsatellite analysis of genetic diversity in captive populations of Chinese water deer. *Small Ruminant Research*, 2007, 67(2/3): 252-256.
- [ 14 ] Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 1994, 20(2): 176-183.
- [ 15 ] Kol N V, Lazebny O E. Polymorphism of ISSR-PCR markers in Tuvian population of reindeer *Rangifer tarandus* L. *Russian Journal of Genetics*, 2007, 42(12): 1464-1466.
- [ 16 ] Chen Q, Wang C H, Lu G Q, Song X, Xu J W, Yang Q L, Li S F. Analysis of genetic variation in grass carp (*Ctenopharyngodon idellus*) from native and colonized regions using ISSR markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2009, 37(5): 549-555.
- [ 17 ] Fahmi A I, Al-Otaibi S A. Genetic variation in captive herd of Arabian Oryx using RAPD and ISSR markers. *African Journal of Biotechnology*, 2011, 10(27): 5251-5262.
- [ 18 ] Bao Y X, Sun B, Zhang L L, Zhao Q X. The improvement from method of DNA extraction from animal tissue and PCR detection. *Journal of Zhejiang Normal University: Natural Sciences*, 2009, 32(3): 317-321.
- [ 19 ] Zhang L L, Bao Y X, Yu H H, Xu J, Sun B. Establishment and optimization of ISSR-PCR reaction system and primer screening for Chinese water deer (*Hydropotes inermis*). *Ecological Science*, 2009, 28(4): 335-341.
- [ 20 ] Francis C Y, Yang R C, Tim B. POPGENE (1. 32). <http://www.ualberta.ca/~fyeh/download.htm>. 2000.
- [ 21 ] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3. 0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2005, 1(1): 47-50.
- [ 22 ] Prichard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 2000, 155(2): 945-959.
- [ 23 ] Falush D, Stephens M, Prichard J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 2003, 164(4): 1567-1587.
- [ 24 ] Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 2005, 14(8): 2611-2620.
- [ 25 ] Buso G S C, Rangel P H, Ferreira M E. Analysis of genetic variability of South American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers. *Molecular Ecology*, 1998, 7(1): 107-117.
- [ 26 ] Ji W Z, Su B. Principles and Methodologies of Genetic Diversity Studies. Hangzhou: Science and Technology of Zhejiang Press, 1998.
- [ 27 ] Sun S W, Sun Z X, Ge Y H, Yan D C, Huang Q R. Genetic structure of natural population of *Neverita didyma* based on ISSR markers. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(11): 5499-5505.
- [ 28 ] Ge Y L, Lin G H, Ci H X, Zhang T Z, Tang L Z, Su J P. Genetic diversity and differentiation of *Ochotona curzoniae* based on ISSR and Cyt b gene. *Chinese Journal of Zoology*, 2009, 44(4): 34-40.
- [ 29 ] Zamani P, Akhondi M, Mohammadabadi M R, Saki A A, Ershadi A, Banabazi M H, Abdolmohammadi A R. Genetic variation of Mehraban sheep using two inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 2011, 10(10): 1812-1817.
- [ 30 ] Askari N, Abadi M M, Baghizadeh A. ISSR markers for assessing DNA polymorphism and genetic characterization of cattle, goat and sheep populations. *Iranian Journal of Biotechnology*, 2011, 9(3): 222-229.
- [ 31 ] Emerson B C. Evolution on oceanic islands: molecular phylogenetic approaches to understanding pattern and process. *Molecular Ecology*, 2002, 11(6): 951-966.
- [ 32 ] Guay P J, Chesser R T, Mulder R A, Afton A D, Paton D C, McCracken K G. East-west genetic differentiation in Musk Ducks (*Biziura lobata*) of Australia suggests late Pleistocene divergence at the Nullarbor Plain. *Conservation Genetics*, 2010, 11(6): 2105-2120.

- [33] Loveless M P, Hamrick J L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 1984, 15(1): 65-95.
- [34] Li Z C, Wang X L. Understanding and discrimination of several terms in conservation biology (1). *Bulletin of Biology*, 2005, 40(10): 13-14.
- [35] Zhang Y H, Hou Y, Lou A R. Population genetic diversity of *Rhodiola dumulosa* in Northern China inferred from AFLP markers. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2010, 34(9): 1084-1094.
- [36] Parker H G, Kim L V, Sutter N B, Carlson S, Lorentzen T D, Malek T, Johnson G S, Defrance H B, Ostrander E A, Kruglyak L. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*, 2004, 304(5674): 1160-1164.
- [37] Fahrig L. Effects of habitat fragmentation on biodiversity. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2003, 34(1): 487-515.
- [38] Kruess A, Tschamke T. Species richness and parasitism in a fragmented landscape: experiments and field studies with insects on *Vicia sepium*. *Oecologia*, 2000, 122(1): 129-137.
- [39] Knless A. Effects of landscape structure and habitat type on a plant-herbivore-parasitoid community. *Ecography*, 2003, 26(3): 283-290.
- [40] Dixo M, Metzger J P, Morgante J S, Morgante J S, Zamudio K R. Habitat fragmentation reduces genetic diversity and connectivity among toad populations in the Brazilian Atlantic Coastal Forest. *Biological Conservation*, 2009, 142(8): 1560-1569.
- [41] Manel S, Schwartz M K, Luikart G, Taberlet P. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution*, 2003, 18(4): 189-197.
- [42] Sheng H L, Lu H J. A preliminary study on the river deer population of Zhoushan island and adjacent islets. *Acta Theriologica Sinica*, 1984, 4(3): 161-166.

#### 参考文献:

- [1] 郭光普, 张恩迪. 舟山群岛獐的分布. *兽类学报*, 2002, 22(2): 98-107.
- [2] 孙孟军, 鲍毅新. 浙江省獐的分布与资源调查. *浙江林业科技*, 2001, 21(6): 20-24.
- [3] 鲍毅新. 浙江獐资源调查研究. *浙江林业自然资源(野生动物卷)*. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2002: 307-317.
- [5] 胡杰. 獐保护遗传学及其繁殖行为研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2006.
- [8] 张恩迪, 滕丽微, 吴咏蓓. 江苏盐城保护区獐的栖息地选择. *兽类学报*, 2006, 26(1): 49-53.
- [9] 鲍毅新, 张龙龙, 孙波, 魏德重, 沈良良. 舟山群岛春秋季节獐栖息地的生态特征. *兽类学报*, 2011, 31(3): 235-243.
- [11] 滕丽微. 江苏盐城沿海滩涂地区獐(*Hydropotes inermis*)的种群现状以及重引入上海地区的可行性初步研究[D]. 上海: 华东师范大学, 2007.
- [18] 鲍毅新, 孙波, 张龙龙, 赵庆祥. 对动物组织 DNA 提取方法的改进及 PCR 检测. *浙江师范大学学报: 自然科学版*, 2009, 32(3): 317-321.
- [19] 张龙龙, 鲍毅新, 于华会, 许婧, 孙波. 獐 ISSR-PCR 反应体系的建立与优化及引物筛选. *生态科学*, 2009, 28(4): 335-341.
- [26] 季维智, 宿兵. 遗传多样性研究的原理与方法. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1998.
- [27] 孙始威, 孙振兴, 葛宜和, 闫冬春, 黄清荣. 基于 ISSR 标记的扁玉螺(*Neverita didyma*)自然居群遗传结构. *生态学报*, 2008, 28(11): 5499-5505.
- [28] 葛艳丽, 林恭华, 慈海鑫, 张同作, 唐利洲, 苏建平. 基于 ISSR 标记和线粒体 Cyt b 基因分析高原鼠兔的遗传多样性及其遗传分化. *动物学杂志*, 2009, 44(4): 34-40.
- [34] 李忠超, 王小兰. 保护生物学中若干术语的理解和辨析(1). *生物学通报*, 2005, 40(10): 13-14.
- [35] 张云红, 侯艳, 娄安如. 华北地区小丛红景天种群的 AFLP 遗传多样性. *植物生态学报*, 2010, 34(9): 1084-1094.
- [42] 盛和林, 陆厚基. 舟山及其邻近岛屿獐种群的初步研究. *兽类学报*, 1984, 4(3): 161-166.

# 《生态学报》2013 年征订启事

《生态学报》是由中国科学技术协会主管,中国生态学学会、中国科学院生态环境研究中心主办的生态学高级专业学术期刊,创刊于 1981 年,报道生态学领域前沿理论和原始创新性研究成果。坚持“百花齐放,百家争鸣”的方针,依靠和团结广大生态学科工作者,探索自然奥秘,为生态学基础理论研究搭建交流平台,促进生态学研究深入发展,为我国培养和造就生态学科人才和知识创新服务、为国民经济建设和发展服务。

《生态学报》主要报道生态学及各分支学科的重要基础理论和应用研究的原始创新性科研成果。特别欢迎能反映现代生态学发展方向的优秀综述性文章;研究简报;生态学新理论、新方法、新技术介绍;新书评价和学术、科研动态及开放实验室介绍等。

《生态学报》为半月刊,大 16 开本,300 页,国内定价 90 元/册,全年定价 2160 元。

国内邮发代号:82-7,国外邮发代号:M670

标准刊号:ISSN 1000-0933 CN 11-2031/Q

全国各地邮局均可订阅,也可直接与编辑部联系购买。欢迎广大科技工作者、科研单位、高等院校、图书馆等订阅。

通讯地址:100085 北京海淀区双清路 18 号 电 话:(010)62941099; 62843362

E-mail: shengtaixuebao@rcees.ac.cn 网 址: www.ecologica.cn

本期责任副主编 朱永官

编辑部主任 孔红梅

执行编辑 刘天星 段 靖

生 态 学 报

(SHENGTAI XUEBAO)

(半月刊 1981 年 3 月创刊)

第 33 卷 第 11 期 (2013 年 6 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 11 (June, 2013)

|               |                                                                                                                    |                 |                                                                                                                                                                                 |
|---------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 编 辑           | 《生态学报》编辑部<br>地址:北京海淀区双清路 18 号<br>邮政编码:100085<br>电话:(010)62941099<br>www.ecologica.cn<br>shengtaixuebao@rcees.ac.cn | Edited by       | Editorial board of<br>ACTA ECOLOGICA SINICA<br>Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China<br>Tel:(010)62941099<br>www.ecologica.cn<br>shengtaixuebao@rcees.ac.cn |
| 主 编           | 王如松                                                                                                                | Editor-in-chief | WANG Rusong                                                                                                                                                                     |
| 主 管           | 中国科学技术协会                                                                                                           | Supervised by   | China Association for Science and Technology                                                                                                                                    |
| 主 办           | 中国生态学学会<br>中国科学院生态环境研究中心<br>地址:北京海淀区双清路 18 号<br>邮政编码:100085                                                        | Sponsored by    | Ecological Society of China<br>Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS<br>Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China                                 |
| 出 版           | 科 学 出 版 社<br>地址:北京东黄城根北街 16 号<br>邮政编码:100717                                                                       | Published by    | Science Press<br>Add:16 Donghuangchenggen North Street,<br>Beijing 100717, China                                                                                                |
| 印 刷           | 北京北林印刷厂                                                                                                            | Printed by      | Beijing Bei Lin Printing House,<br>Beijing 100083, China                                                                                                                        |
| 发 行           | 科 学 出 版 社<br>地址:东黄城根北街 16 号<br>邮政编码:100717<br>电话:(010)64034563<br>E-mail:journal@cspg.net                          | Distributed by  | Science Press<br>Add:16 Donghuangchenggen North<br>Street, Beijing 100717, China<br>Tel:(010)64034563<br>E-mail:journal@cspg.net                                                |
| 订 购           | 全国各地邮局                                                                                                             | Domestic        | All Local Post Offices in China                                                                                                                                                 |
| 国外发行          | 中国国际图书贸易总公司<br>地址:北京 399 信箱<br>邮政编码:100044                                                                         | Foreign         | China International Book Trading<br>Corporation<br>Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China                                                                                      |
| 广告经营<br>许 可 证 | 京海工商广字第 8013 号                                                                                                     |                 |                                                                                                                                                                                 |



ISSN 1000-0933  
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 90.00 元