

ISSN 1000-0933  
CN 11-2031/Q

# 生态学报

## Acta Ecologica Sinica



第33卷 第6期 Vol.33 No.6 **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 6 期

2013 年 3 月 (半月刊)

## 目次

### 专论与综述

- 基于遥感技术的森林健康研究综述..... 高广磊,信忠保,丁国栋,等 (1675)  
Agent 农业土地变化模型研究进展..... 余强毅,吴文斌,杨 鹏,等 (1690)

### 个体与基础生态

- 辽东湾北部近海沙蜃的动态分布..... 王 彬,秦宇博,董 婧,等 (1701)  
口虾蛄 proPO 基因全长 cDNA 的克隆与组织表达..... 刘海映,刘连为,姜玉声,等 (1713)  
中缅树鼯头骨及下臼齿几何形态与环境的关系..... 朱万龙,贾 婷,黄春梅,等 (1721)  
亚热带 3 种树种凋落叶厚度对其分解速率及酶活性的影响..... 季晓燕,江 洪,洪江华,等 (1731)  
浙北地区常见绿化树种光合固碳特征..... 张 娇,施拥军,朱月清,等 (1740)  
两种高质牧草不同生育期光合生理日变化及光响应特征..... 郭春燕,李晋川,岳建英,等 (1751)  
基于 WOFOST 作物生长模型的冬小麦干旱影响评估技术..... 张建平,赵艳霞,王春乙,等 (1762)  
基于线粒体 DNA 控制区的斑翅草螽不同地理种群遗传分化研究..... 周志军,尚 娜,刘 静,等 (1770)  
圈养尖吻蝾螈雌体大小、窝卵数和卵大小之间的关系..... 胡明行,谭群英,杨道德 (1778)  
应用寄生蜂和不育雄虫防控田间橘小实蝇..... 郑思宁,黄居昌,叶光禄,等 (1784)  
青蒿素对外生菌根真菌化感效应..... 李 倩,袁 玲,王明霞,等 (1791)

### 种群、群落和生态系统

- 海湾生态系统健康评价方法构建及在大亚湾的应用..... 李纯厚,林 琳,徐姗姗,等 (1798)  
上升流和水团对浙江中部近海浮游动物生态类群分布的影响..... 孙鲁峰,柯 昶,徐兆礼,等 (1811)  
半干旱区生态恢复关键生态系统识别——以内蒙古自治区和林县为例.....  
..... 彭 羽,高 英,冯金朝,等 (1822)  
太岳山油松人工林土壤呼吸对强降雨的响应..... 金冠一,赵秀海,康峰峰,等 (1832)  
重庆酸雨区马尾松林凋落物特征及对干旱胁迫的响应..... 王轶浩,王彦辉,于澎湃,等 (1842)

### 景观、区域和全球生态

- 城市典型水域景观的热环境效应..... 岳文泽,徐丽华 (1852)  
外来树种桉树引种的景观生态安全格局..... 赵筱青,和春兰 (1860)  
基于耕地生态足迹的重庆市耕地生态承载力供需平衡研究..... 施开放,刁承泰,孙秀峰,等 (1872)  
大气 CO<sub>2</sub> 浓度升高对稻田根际土壤甲烷氧化细菌丰度的影响..... 严 陈,许 静,钟文辉,等 (1881)

### 资源与产业生态

- 基于可变模糊识别模型的海水环境质量评价..... 柯丽娜,王权明,孙新国,等 (1889)  
亚热带养殖海湾皱瘤海鞘生物沉积的现场研究..... 闫家国,齐占会,田梓杨,等 (1900)  
黄土高原典型苹果园地深层土壤氮磷钾养分含量与分布特征..... 张丽娜,李 军,范 鹏,等 (1907)

旱作农田不同耕作土壤呼吸及其对水热因子的响应..... 张丁辰,蔡典雄,代 快,等 (1916)

商洛低山丘陵区农林复合生态系统中大豆与丹参的光合生理特性..... 彭晓邦,张硕新 (1926)

外源油菜素内酯对镉胁迫下菊芋幼苗光合作用及镉富集的调控效应..... 高会玲,刘金隆,郑青松,等 (1935)

基于侧柏液流的测定对 Granier 原始公式系数进行校正 ..... 刘庆新,孟 平,张劲松,等 (1944)

研究简报

湿地自然保护区保护价值评价方法..... 孙 锐,崔国发,雷 霆,等 (1952)

干热河谷印楝和大叶相思人工林根系生物量及其分布特征..... 高成杰,唐国勇,李 昆,等 (1964)

海滨沙滩单叶蔓荆对沙埋的生理响应特征..... 周瑞莲,王 进,杨淑琴,等 (1973)

宁夏贺兰山、六盘山典型森林类型土壤主要肥力特征 ..... 姜 林,耿增超,张 雯,等 (1982)

学术争鸣

小兴安岭十种典型森林群落凋落物生物量及其动态变化..... 侯玲玲,毛子军,孙 涛,等 (1994)

中国生态学会 2013 年学术年会征稿通知 ..... (2002)

第七届现代生态学讲座、第四届国际青年生态学者论坛通知 ..... ( I )

中、美生态学会联合招聘国际期刊主编 ..... ( i )

期刊基本参数:CN 11-2031/Q \* 1981 \* m \* 16 \* 328 \* zh \* P \* ¥90.00 \* 1510 \* 34 \* 2013-03



**封面图说:** 亭亭玉立的白桦树——白桦为落叶乔木,可高达 25m,胸径 50cm。其树冠呈卵圆形,树皮白色,纸状分层剥离;叶三角状、卵形或菱状卵形;花单性,雌雄同株。白桦树喜光,耐严寒,对土壤适应性强,喜酸性土,沼泽地、干燥阳坡及湿润阴坡都能生长。常与红松、落叶松、山杨、蒙古栎混生。白桦的天然更新好,生长较快,萌芽强,在人为的采伐迹地或火灾、风灾等自然损毁的迹地里,往往由白桦首先进入,为先锋树种,而形成白桦次生林。白桦分布甚广,我国大、小兴安岭及长白山均有成片纯林,在华北平原和黄土高原山区、西南山地亦为阔叶落叶林及针叶阔叶混交林中的常见树种。

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/stxb201209061261

周志军, 尚娜, 刘静, 常岩林, 石福明. 基于线粒体 DNA 控制区的斑翅草螽不同地理种群遗传分化研究. 生态学报, 2013, 33(6): 1770-1777.

Zhou Z J, Shang N, Liu J, Chang Y L, Shi F M. Genetic diversity of *Conocephalus maculatus* of different geographic populations based on mitochondrial DNA control region analysis. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(6): 1770-1777.

## 基于线粒体 DNA 控制区的斑翅草螽 不同地理种群遗传分化研究

周志军<sup>1,\*</sup>, 尚娜<sup>2</sup>, 刘静<sup>1</sup>, 常岩林<sup>1</sup>, 石福明<sup>1</sup>

(1. 河北大学生命科学学院, 保定 071002; 2. 河北大学图书馆, 保定 071002)

**摘要:** 采用 PCR 扩增结合 DNA 克隆测序技术, 分析了斑翅草螽 *Conocephalus maculatus* 9 个地理种群 mtDNA 控制区序列的变异及遗传多样性。切除侧翼 RNA 基因序列后, 最终获得的斑翅草螽 mtDNA 控制区比对后全长为 676 bp, 平均碱基组成 T (37.8%), C (11.7%), A (41.3%) 和 G (9.1%)。共检测到 98 个可变位点, 占总位点数的 14.5%, 其中, 9 处碱基插入/缺失, 74 处转换 (40 个 T/C, 34 个 A/G), 50 处颠换 (18 个 A/T, 11 个 T/G, 15 个 A/C, 6 个 C/G)。共定义 46 个单倍型, 其中, 4 个为种群间共享单倍型 (H02、H05、H08 和 H10), 其余 42 个为各种群独有单倍型, 包括 6 个种群内共享单倍型 (H09、H11、H15、H18、H26 和 H38)。单倍型总数占实验个体总数的 69.7%, 除四川峨眉山外, 其余种群单倍型百分比均 > 50%。通过两两地理种群间的  $F_{ST}$  值差异显著性检验, 将这些群体分为 4 组, 分别为 SC+CQ, GX+FLB+HN+YN, XZ 和 HB。以长瓣草螽 *C. gladiatus*、峨眉草螽 *C. emeiensis*、悦鸣草螽 *C. melaenus*、竹草螽 *C. bambusanus* 为外群, 构建的斑翅草螽 mtDNA 控制区单倍型 NJ 法系统树形成 3 个自举支持度较高的分支, 其中, 分支 A 由 28 种单倍体组成, 包括本研究中除四川峨眉山 (SC) 和重庆万州 (CQ) 以外的 7 个种群; 分支 B 由 12 种单倍体组成, 包含除菲律宾拉乌尼翁 (FLB) 和江西南昌 (JX) 以外的 7 个种群; 分支 C 由 6 种单倍体组成, 全部来自西藏林芝 (XZ) 的单倍型。聚类结果表明, 斑翅草螽不同地理种群间的遗传分化并不明显, 即使是两两群体间  $F_{ST}$  值差异显著的群体, 也未能形成完全独立的分支。

**关键词:** 斑翅草螽; 线粒体 DNA 控制区; 遗传变异; 系统进化

## Genetic diversity of *Conocephalus maculatus* of different geographic populations based on mitochondrial DNA control region analysis

ZHOU Zhijun<sup>1,\*</sup>, SHANG Na<sup>2</sup>, LIU Jing<sup>1</sup>, CHANG Yanlin<sup>1</sup>, SHI Fuming<sup>1</sup>

1 College of Life Sciences, Hebei University, Baoding, Hebei 071002, China

2 Library, Hebei University, Baoding, Hebei 071002, China

**Abstract:** Polymorphism of sequence variations in mitochondrial control region was assessed to explore the level of genetic variability and differentiation among nine populations of *Conocephalus maculatus* (Orthoptera: Tettigoniidea) from China and Philippine. PCR was used to amplify the control region fragment in 66 individuals of *C. maculatus* collected from Chongqing (CQ), Philippine (FLB), Guangxi (GX), Hebei (HB), Hainan (HN), Jiangxi (JX), Sichuan (SC), Xizang (XZ) and Yunnan (YN). A mitochondrial DNA (mtDNA) fragment of 1259 aligned bp was sequenced in these 66 *C. maculatus* individuals. The fragment sequenced for each of the 66 individuals that include a partial sequence of *rrnS*, control region, *trnI*, *trnQ*, and a partial sequence for *trnM*. The size of control region was 676 bp, with nucleotide frequencies of T (37.8%), C (11.7%), A (41.3%) and G (9.1%). A Total of 46 haplotypes from 66 mtDNA control

**基金项目:** 国家自然科学基金资助项目 (31101632); 中国博士后科学基金资助项目 (2011M500535); 教育部高等学校博士学科点专项科研基金资助项目 (20101301120006)

**收稿日期:** 2012-09-06; **修订日期:** 2013-01-21

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zhijunzhou@163.com

region sequences were identified, with 98 variable sites (14.5% of total analyzed sites). Only four of these haplotypes were shared by individuals from more than one population, six haplotypes were shared by more than one individual within population. The analysis of molecular variance (AMOVA) showed that the percentage of variation within populations (62.94%) was greater than that among populations (37.06%). In the hierarchical AMOVA, both the 'among populations' and 'within populations' variance components were considerable high, the latter was more contribution to total variances than the former. Levels of genetic variation within *C. maculatus* populations were higher than among them.  $F_{ST}$  analyses reveals that no significant ( $P>0.05$ ) genetic differences between SC and CQ, and between any two populations of GX, FLB, HN and YN. There are significant ( $P<0.05$ ) genetic differences between remaining any two populations. We may be a preliminary clustered them into four groups, SC+CQ, GX+FLB+HN+YN, XZ and HB. Phylogenetic analyses between the 46 haplotypes based on Neighbor-Joining cluster into three phylogenetically well supported clades. Clade A is formed with 28 haplotypes from all populations other than SC and CQ; Clade B is formed with 12 haplotypes from all populations other than FLB and JX; Clade C is formed with 6 haplotypes from XZ population. These results may suggest that no significant genetic differences among populations, even for those  $F_{ST}$  analyses significant ( $P<0.05$ ) populations.

**Key Words:** *Conocephalus maculatus*; mitochondrial DNA control region; genetic diversity; phylogenetic relationship

动物线粒体 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 具有结构简单、母系遗传、基因成分相对稳定、进化速度快,且在种间、种内群体间以及群体内具有普遍的多态性等特点,是进行物种种群差异与生物地理关系研究的最常用分子标记之一<sup>[1-6]</sup>。mtDNA 控制区是线粒体基因组中最主要的非编码区,同时,也是碱基序列组成和长度变异最大的区域。Zhang 和 Hewitt<sup>[7]</sup>认为 mtDNA 控制区非常适合进行亲缘关系较近的种间系统分类、种内遗传多样性和种群分化研究,并在脊椎动物中被广泛使用<sup>[8-9]</sup>。在六足动物中,由于最初测定的一些种类的 mtDNA 控制区 A+T 含量非常高,甚至达到 90% 以上,又称为 A+T 丰富区。该区域的扩增和测序一直是六足动物线粒体基因组全序列测定中的难点,在 GenBank 数据库中存在大量的缺少 mtDNA 控制区部分的线粒体基因组序列。目前,基于 mtDNA 控制区序列的六足动物遗传多态性和种群结构研究报道很少。Kim 等<sup>[10]</sup>基于 mtDNA 控制区序列对朝鲜半岛东方蝼蛄 *Gryllotalpa orientalis* 5 个地理种群间的遗传结构进行了研究。Fenn 等<sup>[11]</sup>测定了 55 个 *Anabrus simplex* 个体的 mtDNA 控制区序列,发现其序列变异为 8.58%,认为其可以用于 *A. simplex* 的种群遗传分析。测定了直翅目蝈蝈属 *Gampsocleis* 5 种 56 个个体的 mtDNA 控制区序列,并对 mtDNA 控制区结构和蝈蝈属系统发育关系进行了初步研究,在 12 种蝈蝈亚目昆虫 mtDNA 控制区中发现两个保守的序列模块 (TA)<sub>n</sub> 和 poly-A 簇<sup>[12]</sup>。

草螽属 *Conocephalus* 隶属于直翅目 Orthoptera、螽斯科 Tettigoniidea、草螽亚科 Conocephalinae,分布于北纬 60°到南纬 45°之间的广大区域。世界已记录的有效种多达 100 余种,中国已记载 22 种<sup>[13-14]</sup>。目前,国内外关于草螽属的研究多集中于新种描述和修订<sup>[13, 15-16]</sup>、鸣声特征<sup>[17]</sup>与精子结构比较等。斑翅草螽 *C. (Anisoptera) maculatus* (Le Guillou, 1841) 是草螽属中分布最广的种类之一,主要分布于东亚、东南亚、南亚、大洋洲、非洲,在我国各主要省区均有分布。此前,对斑翅草螽线粒体基因组全序列进行了测定<sup>[18]</sup>,为进一步研究直翅目 mtDNA 控制区的组织结构特点,及其在广布种的种群遗传结构研究中的应用价值,成功扩增并测定了来自中国 and 菲律宾 9 个地理种群 66 个个体的 mtDNA 控制区及其侧翼序列。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

本研究涉及的斑翅草螽样本除 1 个群体来自菲律宾外,其余 8 个均来自中国,依据采集地行政省份进行编号(表 1)。同属的长瓣草螽 *C. gladius*、峨眉草螽 *C. emeiensis*、悦鸣草螽 *C. melas* 和竹草螽 *C. bambusanus* 作为外群用于构建斑翅草螽 mtDNA 控制区单倍型分子进化树。野外采集到的标本,首先置于无水酒精中浸泡保存,带回实验室后,保存于 -20℃ 冰箱。

表 1 本研究所用的不同地理种群的斑翅草蛉及其近缘种样品信息

| 种类<br>Species            | 采集地点<br>Collecting<br>locality | 种群代码<br>Population<br>code | 样本数<br><i>n</i> | 序列登录号<br>GenBank Accession No. | 单倍型及出现频率<br>Haplotypes and<br>their frequencies                                                           |
|--------------------------|--------------------------------|----------------------------|-----------------|--------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 斑翅草蛉 <i>C. maculatus</i> | 重庆万州                           | CQ                         | 4               | JQ798189—JQ798192              | H01(1); H02(2); H03(1)                                                                                    |
|                          | 菲律宾拉乌尼翁                        | FLB                        | 4               | JQ798193—JQ798196              | H04(1); H05(2); H06(1)                                                                                    |
|                          | 广西龙州                           | GX                         | 12              | JQ798197—JQ798207              | H05(1); H07(1); H08(1); H09<br>(2); H10(1); H11(2); H12(1);<br>H13(1); H14(1)                             |
|                          | 河北顺平                           | HB                         | 7               | JQ798208—JQ798214              | H15(2); H16(1); H17(1); H18<br>(2); H19(1)                                                                |
|                          | 海南鹦哥岭                          | HN                         | 9               | JQ798215—JQ798223              | H08(3); H10(1); H20(1); H21<br>(1); H22(1); H23(1); H24(1)                                                |
|                          | 江西南昌                           | JX                         | 1               | JQ798224                       | H25(1)                                                                                                    |
|                          | 四川峨眉山                          | SC                         | 6               | JQ798225—JQ798230              | H02(6)                                                                                                    |
|                          | 西藏林芝                           | XZ                         | 14              | JQ798231—JQ798244              | H26(3); H27(1); H28(1); H29<br>(1); H30(1); H31(1); H32(1);<br>H33(1); H34(1); H35(1); H36<br>(1); H37(1) |
|                          | 云南勐腊                           | YN                         | 10              | JQ798245—JQ798254              | H38(2); H39(1); H40(1); H41<br>(1); H42(1); H43(1); H44(1);<br>H45(1); H46(1)                             |
|                          | 长瓣草蛉 <i>C. gladiatus</i>       | 河北保定                       |                 | JQ867458                       |                                                                                                           |
| 峨眉草蛉 <i>C. emeiensis</i> | 四川雅安                           |                            |                 | JQ867460                       |                                                                                                           |
| 悦鸣草蛉 <i>C. melaenus</i>  | 广西上林                           |                            |                 | JQ867459                       |                                                                                                           |
| 竹草蛉 <i>C. bambusanus</i> | 广西靖西                           |                            |                 | JQ867461                       |                                                                                                           |

1.2 方法

1.2.1 总 DNA 提取

总 DNA 提取采用血液/细胞/组织基因组 DNA 提取试剂盒(北京 TianGen 生化科技公司),取单头成虫后足股节肌肉,依照操作说明进行。

1.2.2 PCR 扩增及测序

参照 GenBank 数据库中的斑翅草蛉线粒体基因组序列<sup>[18]</sup>,对引物 SR\_J14610 和 TM\_N200<sup>[19]</sup>进行修改,修改后的引物序列为:SR\_J14610 5'-ATA ATM GGG TAT CWA ATC CTA GT-3'和 TM\_N200 5'-ATC CTA TTT AYG GGG TAT GAR CC-3',用于斑翅草蛉和其它 4 种草蛉属昆虫的 mtDNA 控制区及其侧翼区域的扩增,扩增区域涵盖线粒体 *rrnS* 部分序列、控制区、*trnI*、*trnQ* 和 *trnM* 部分序列。

PCR 反应的总体积为 25 μL,包括 10×buffer 缓冲液 2.5 μL,dNTP mixture (2.5 mmol/L each) 2.0 μL,引物 SR\_J14610 和 TM\_N200 各 1mmol/L, LA Taq polymerase 1.5 U,模板 2 μL。PCR 扩增在伯乐 C1000™ 热循环仪上进行,程序为:94℃ 预变性 2 min,92℃ 变性 20 s, 52℃ 退火 30 s, 60℃ 延伸 3 min(前 10 循环),后 30 个循环,每循环延伸时间增加 20 s;然后 72℃ 后延伸 7 min。

PCR 扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,并用 DNA 片段凝胶回收试剂盒(三博远志公司)进行胶回收分离纯化。纯化后的 PCR 产物再连接到 pMD® 19-T 载体(TaKaRa 公司)上,经转化培养后挑取 3 个单克隆用 ABI 3730XL 全自动 DNA 测序仪进行双向测序(上海铂尚公司)。

1.2.3 DNA 序列数据分析

利用 SeqMan II 软件<sup>[20]</sup>对测定序列进行拼接、校对,并检查排除可能出现的错误。使用 Clustal X 软件<sup>[21]</sup>

将获得的序列与斑翅草螽线粒体基因组序列比对以确定 mtDNA 控制区序列。将来自不同个体的、存在 1 个碱基替代或插入/缺失的同源序列定义为不同的单倍型,并依次进行编号为 H01、H02、H03、…。所涉及的 DNA 序列已递交 GenBank 数据库保存,序列号为 JQ798189—JQ798254。应用 MEGA 4.0 软件<sup>[22]</sup>进行碱基含量和多态位点分析,以同属的长瓣草螽、峨眉草螽、悦鸣草螽和竹草螽作为外群,分别构建基于 Kimura 2-Parameter 双参数模型的邻接法系统进化树,并用 1000 Bootstrap 检验各分支的置信度。应用 Arlequin 3.1<sup>[23]</sup>中的 AMOVA 分析方法估算地理种群亚分化水平指数( $F_{ST}$ )及其种群间基因流程度,以进一步揭示各种群的分化程度。应用 DnaSP 5.10.1 软件<sup>[24]</sup>计算斑翅草螽种群内部核苷酸分歧(Pi)和种群间平均每位点核苷酸替代数( $D_{xy}$ )与群体间每位点净核苷酸替代数(Da)。

## 2 结果

### 2.1 序列碱基组成及单倍型分析

经 PCR 扩增、克隆测序获得 66 个斑翅草螽样本的 mtDNA 控制区及 5' 端侧翼的 *rrnS* 部分序列和 3' 端的 *trnI*、*trnQ* 和 *trnM* 部分序列,比对后的序列长度为 1259 bp。Blast N 搜索显示这些 RNA 基因序列高度保守,并通过与斑翅草螽线粒体基因组序列进行比对,切除其侧翼 RNA 基因序列后,最终获得斑翅草螽样本的 mtDNA 控制区全长为 676 bp,平均 A+T 含量(79.1%)明显高于 G+C(20.9%)。676 个位点中,保守位点 574 个,变异位点 98 个(9 处碱基插入/缺失位点,98 个多态位点)。74 处转换(40 个 T/C,34 个 A/G),50 处颠换(18 个 A/T,11 个 T/G,15 个 A/C,6 个 C/G)。由于碱基插入/缺失位点的存在,各单倍型呈现出一定的长度多态性。共定义 46 个单倍型,单倍型数占实验个体总数的 69.7%,除四川峨眉山外,其余种群单倍型百分比均 > 50%。46 个单倍型中,4 个单倍型(H02、H05、H08 和 H10)为种群间共享,其余 42 个单倍型为各种群独有,其中,包括 6 个(H09、H11、H15、H18、H26 和 H38)种群内共享单倍型,各单倍型出现的地理种群及出现频次见表 1。

表 2 斑翅草螽 9 个地理种群 66 个样本线粒体 DNA 控制区及其侧翼序列的组成及变异

Table 2 Variance percentage; computed variance values for the aligned control region sequences of the 66 *C. maculatus* individuals

| 基因<br>Gene                 | 长度/bp<br>Length | A+T 含量<br>A+T content | 变异位点数<br>Variable sites | 总变异率/%<br>Total variability |
|----------------------------|-----------------|-----------------------|-------------------------|-----------------------------|
| <i>rrnS</i> (部分)           | 397             | 74.3                  | 47                      | 11.8                        |
| mtDNA 控制区                  | 676             | 79.1                  | 98                      | 14.5                        |
| <i>trnI-trnQ-trnM</i> (部分) | 186             | 71.8                  | 17                      | 9.1                         |

### 2.2 遗传距离和遗传分化

为了进一步分析斑翅草螽不同地理来源样品的遗传分化程度,对 9 个地理种群进行了 AMOVA 分析和  $F_{ST}$  计算。AMOVA 分析表明,种群间的变异占 37.06%(>25%),种群内个体间的变异为 62.94%(表 3)。

用 Arlequin v3.01 软件分析  $F_{ST}$  值,结果显示,9 个斑翅草螽地理种群间的  $F_{ST}$  值多数较低,部分种群间甚至为负值,说明这些种群间基因交流频繁,遗传分化不明显(表 4)。两两地理种群间的  $F_{ST}$  值差异显著性检验表明:四川峨眉山群体(SC)和重庆万州群体(CQ)之间;广西龙州群体(GX)、菲律宾拉乌尼翁群体(FLB)、海南鹦哥岭群体(HN)与云南勐腊群体(YN)任意两两群体之间的  $F_{ST}$  值差异不显著( $P>0.05$ ),说明这些群体间的遗传分化不明显(表 4)。其余所有两两群体间的  $F_{ST}$  值差异显著( $P<0.05$ ),存在显著的遗传分化。据此,将这些群体初步分为 4 个组,分别为 SC+CQ、GX+FLB+HN+YN、XZ 和 HB。

用 DnaSP 5.10.1 软件计算斑翅草螽种群内部和种群间的核苷酸分歧(表 5)。种群内核苷酸分歧(Pi)介于 0—0.029,河北保定(HB)和西藏林芝(XZ)遗传多样性水平最高;四川峨眉山(SC)遗传多样性水平最低。种群间平均每位点核苷酸替代数( $D_{xy}$ )与群体间每位点净核苷酸替代数(Da)分别介于 0.003—0.047 和 0—0.044。两两种群间核苷酸分歧参数的峰值均出现在菲律宾拉乌尼翁群体(FLB)与四川峨眉山群体(SC)之间;最低值,前者( $D_{xy}$ )出现在四川峨眉山群体(SC)与重庆万州群体(CQ)之间,后者(Da)出现在菲律宾拉

乌尼翁群体 (FLB) 与海南鹦哥岭群体 (HN) 之间, 四川峨眉山群体 (SC) 与重庆万州群体 (CQ) 之间同样很小。种群间核苷酸分歧与种群间  $F_{ST}$  值基本相符, 说明这些种群间参数的总体一致性。

表 3 斑翅草蛉 9 个地理种群 66 个样本 mtDNA 控制区分子变异分析 (AMOVA)

Table 3 Analysis of molecular variance (AMOVA) of mtDNA control region from 66 individuals in nine *C. maculatus* populations

| 变异来源<br>Source of variation | 自由度<br>df | 方差和<br>Sum of squares | 方差分量<br>Variance components | 变异百分比/%<br>% Variation | $F_{ST}$ |
|-----------------------------|-----------|-----------------------|-----------------------------|------------------------|----------|
| 种群间 Among populations       | 8         | 352.25                | 5.06                        | 37.06                  | 0.3706   |
| 种群内 Within population       | 57        | 489.95                | 8.60                        | 62.94                  |          |
| 总计 Total                    | 65        | 842.20                | 13.66                       |                        |          |

表 4 斑翅草蛉 9 个地理种群间的  $F_{ST}$  值

Table 4 The interpopulation  $F_{ST}$  values and genetic flow in *C. maculatus*

|     | CQ                   | SC                   | GX                   | JX <sup>*</sup> | FLB                  | HB                   | HN                   | XZ                   | YN      |
|-----|----------------------|----------------------|----------------------|-----------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|---------|
| CQ  |                      | 0.35476              | 0.13288              | 1.04547         | 0.03125              | 0.66171              | 0.11825              | 0.24841              | 0.19876 |
| SC  | 0.41339              |                      | 0.09364              | 0.00000         | 0.01127              | 0.31204              | 0.08010              | 0.18176              | 0.13646 |
| GX  | 0.65295 <sup>+</sup> | 0.72750 <sup>+</sup> |                      | 0.18937         | 2.38852              | 0.76375              |                      | 1.10811              |         |
| JX  | 0.19298              | 1.00000              | 0.56900              |                 | 0.03218              |                      | 0.17233              | 0.45520              | 0.35993 |
| FLB | 0.88889 <sup>+</sup> | 0.95685 <sup>+</sup> | 0.09475              | 0.88596         |                      | 0.41345              | 23.35718             | 0.54666              | 4.93457 |
| HB  | 0.27421 <sup>+</sup> | 0.44481 <sup>+</sup> | 0.24661 <sup>+</sup> | -0.05263        | 0.37682 <sup>+</sup> |                      | 0.71139              | 1.08198              | 1.32332 |
| HN  | 0.67889 <sup>+</sup> | 0.75735 <sup>+</sup> | -0.05122             | 0.59195         | 0.01059              | 0.26004 <sup>+</sup> |                      | 0.90144              |         |
| XZ  | 0.50160 <sup>+</sup> | 0.57903 <sup>+</sup> | 0.18408 <sup>+</sup> | 0.35451         | 0.31381 <sup>+</sup> | 0.18769 <sup>+</sup> | 0.21712 <sup>+</sup> |                      | 1.27541 |
| YN  | 0.55709 <sup>+</sup> | 0.64689 <sup>+</sup> | -0.03734             | 0.40988         | 0.04822              | 0.15890 <sup>+</sup> | -0.05290             | 0.16389 <sup>+</sup> |         |

+表示  $P < 0.05$ , \* 仅单头标本, 两两地理种群间的  $F_{ST}$  值差异显著性检验不做讨论

表 5 斑翅草蛉地理种群内和种群间核苷酸分歧 (下三角 Dxy, 上三角 Da)

Table 5 The intra-population and inter-population nucleotide divergence in *C. maculatus* (the lower triangle; Average number of nuc. subs. per site between populations, Dxy; the upper triangle; Number of net nuc. subs. per site between populations, Da)

|                                                 | CQ    | SC    | GX    | FLB   | HB    | HN    | XZ    | YN    |
|-------------------------------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| CQ                                              |       | 0.001 | 0.031 | 0.04  | 0.008 | 0.032 | 0.027 | 0.027 |
| SC                                              | 0.003 |       | 0.035 | 0.044 | 0.012 | 0.035 | 0.03  | 0.03  |
| GX                                              | 0.043 | 0.044 |       | 0.002 | 0.008 | n/c   | 0.005 | n/c   |
| FLB                                             | 0.045 | 0.047 | 0.014 |       | 0.015 | 0     | 0.011 | 0.002 |
| HB                                              | 0.025 | 0.027 | 0.032 | 0.032 |       | 0.008 | 0.007 | 0.006 |
| HN                                              | 0.042 | 0.043 | 0.017 | 0.012 | 0.032 |       | 0.006 | n/c   |
| XZ                                              | 0.044 | 0.045 | 0.029 | 0.028 | 0.036 | 0.029 |       | 0.005 |
| YN                                              | 0.041 | 0.042 | 0.02  | 0.017 | 0.032 | 0.019 | 0.031 |       |
| 种群内核 intra-population<br>核苷酸分歧 inter-population | 0.005 | 0     | 0.018 | 0.006 | 0.029 | 0.017 | 0.029 | 0.024 |

Dxy: 种群间平均每位点核苷酸替代数, Da: 种群间每位点净核苷酸替代数

### 2.3 系统进化关系

采用 NJ 法, 以长瓣草蛉、峨眉草蛉、悦鸣草蛉、竹草蛉为外群, 对斑翅草蛉 mtDNA 控制区的 46 种单倍型序列构建分子系统树 (图 1)。结果显示: 46 种单倍型被聚类形成 3 个自举支持度较高的分支。分支 A 由 28 种单倍体组成, 包括本研究中除四川峨眉山群体 (SC) 和重庆万州群体 (CQ) 以外的 7 个种群; 分支 B 由 12 种单倍体组成, 包含除菲律宾拉乌尼翁群体 (FLB) 和江西南昌群体 (JX) 以外的 7 个种群; 分支 C 由 6 种单倍型组成, 全部为来自西藏林芝群体 (XZ) 的单倍型。

### 3 讨论

mtDNA 控制区的扩增和测序一直是线粒体基因组全序列测定中最主要的难点, 在 GenBank 数据库中存

在大量的缺少控制区部分的线粒体基因组序列。Stewart 和 Beckenbach<sup>[25]</sup>通过降低延伸温度、延长延伸时间的扩增策略,成功扩增并测定了 *Crioceris duodecimpunctata* mtDNA 控制区。本研究中,我们借用该策略,并参考斑翅草螽线粒体基因组全序列(HQ711931)<sup>[18]</sup>对引物对 SR\_J14610 和 TM\_N200<sup>[19]</sup>修改后,成功扩增并测定了斑翅草螽 9 个地理种群 66 个个体和草螽属其它 4 种昆虫的 mtDNA 控制区序列。

mtDNA 控制区由于不编码基因,在进化过程中所承受的选择压力相对较小,存在较高频率的碱基替代、插入/缺失,其进化速率约为线粒体基因组其他部分的 3—5 倍<sup>[26]</sup>,是一种十分有效的进行亲缘关系较近的种间系统分类、种内遗传多样性和种群分化研究的分子标记。本研究通过对测序结果分析发现,斑翅草螽 9 个群体 66 个个体长度为 676bp 的控制区中,变异位点数为 98 个,占总数的 14.5%,高于其侧翼序列 *rns* (11.8%) 和 *trnI-trnQ-trnM* (9.1%)。再次证明,mtDNA 控制区的进化速率高于线粒体基因组的其他区域,包含着大量进行种群遗传分化研究的系统发育信号。共定义 46 个单倍型,单倍型数占实验个体总数的 69.7%,除四川峨眉山外,其余种群单倍型百分比均 > 50%,表明各种群内存在较高的单倍型多样性。

目前,由于不清楚自然种群间的系统进化关系,在推测种群间基因流时,多采用遗传结构来估计基因流,即  $F_{ST}$  法。当种群间遗传变异系数较大时,  $F_{ST}$  值通常为正数,可以通过公式得到种群间的基因流 ( $Nm$ ) 进行比较,以确定种群间基因流水平的强弱。根据基因流计算公式  $Nm = (1 - F_{ST}) / 4F_{ST}$ ,理论上  $Nm < 1$  时,遗传漂变是群体间遗传分化的主要因素;若每代迁入个体数  $Nm > 1$ ,基因流就足以抵制遗传漂变的作用,同时也可以防止种群分化的发生;  $Nm > 4$ ,表明群体间的基因交流比较频繁<sup>[27]</sup>。地理隔离和扩散能力是一个物种自然地理分布区域的重要历史决定因素。Wright<sup>[28]</sup>的距离隔离理论认为,物种遗传分化的程度会随着地理距离的增加而增加。斑翅草螽体型较小,不善于进行远距离迁飞,受限于其自身的扩散能力,理论上讲,中等程度的距离隔离即可显著限制种群间的基因交流,从而导致种群间产生遗传分化。但是,本研究发现,斑翅草螽种群的遗传分化主要体现于种群内,多数种群间的遗传分化并不显著。自然因素(如风力)或/和人类的生产活动有可能促进了种群间的基因交流,从而降低了遗传分化。有观点认为,群体分化程度主要是对所在的生态条件相适应的结果,如果生态条件所产生的环境作用强度和方向大体相同,则各分布区内的种群在遗传上将难以形成显著的分化<sup>[29]</sup>。本研究中,通过两两地理种群间的  $F_{ST}$  值差异显著性检验,将这些群体初步分为 4 个组,分别为 SC+CQ, GX+FLB+HN+YN, XZ 和 HB。其中,河北顺平(HB)是唯一来自中国北方的种群,无论是与其他种群间的地理距离间隔,还是生态条件,差异均较为明显。西藏林芝(XZ)由于青藏高原特殊的气候环境,同样与其他种群形成了天然的隔离。广西龙州(GX)、菲律宾拉乌尼翁(FLB)、海南鹦哥岭(HN)和云南勐腊(YN)在气候上均属于热带季风气候;而四川峨眉山(SC)和重庆万州(CQ)均属于亚热带季风气候;两组间生态环境差异较大,导致其产生遗传分化。

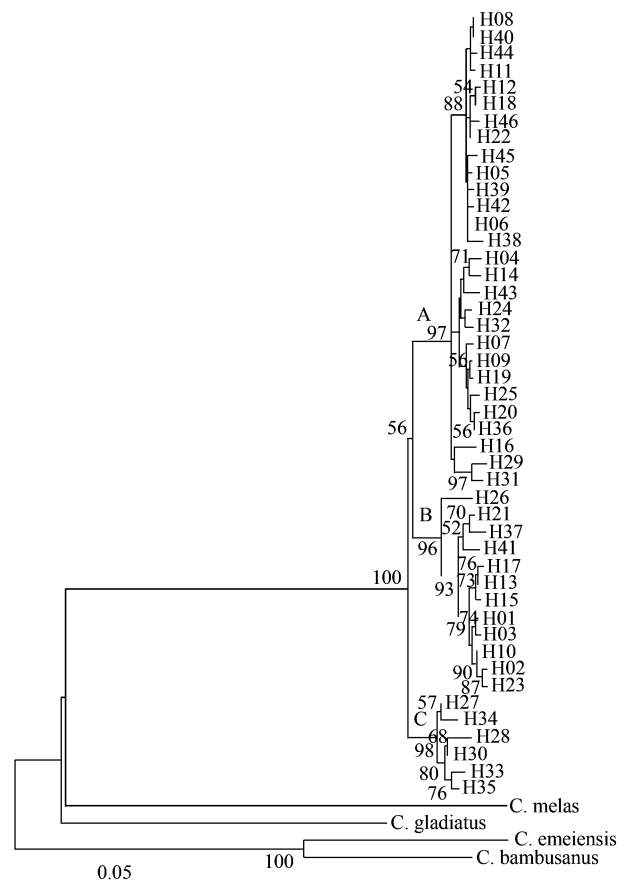


图1 斑翅草螽单倍型 NJ 聚类分析

Fig. 1 Neighbor-joining dendrogram of the 46 haplotypes from *C. maculatus*

采用 Kimura 2-Parameter 遗传距离,1000 次重复抽样自举,重抽样自举值(>50%)标于进化枝上方

以长瓣草螽、峨眉草螽、悦鸣草螽、竹草螽为外群,构建的斑翅草螽 mtDNA 控制区单倍型 NJ 系统树聚类结果显示,斑翅草螽遗传分化主要发生于种群内部,不同地理种群间的遗传分化并不明显,即使是两两群体间  $F_{ST}$  值差异显著的群体,也未能形成完全独立的分支。

#### 4 结论

通过 mtDNA 控制区的测定与分析,研究结果表明:斑翅草螽遗传分化较为明显,且主要体现于种群内。同时,研究结果表明 mtDNA 控制区的进化速率很快,是探讨种内种群间遗传分化和系统发生、近缘种间快速鉴定的有效分子标记。

**致谢:**山西大学应用生物学研究所马恩波教授提供采自菲律宾拉乌尼翁斑翅草螽标本,特此致谢。

#### References:

- [ 1 ] Ito K, Nishikawa H, Shimada T, Ogawa K, Minamiya Y, Tomoda M, Nakahira K, Kodama R, Fukuda T, Arakawa R. Analysis of genetic variation and phylogeny of the predatory bug, *Pilophorus typicus*, in Japan using mitochondrial gene sequences. *Journal of Insect Science*, 2011. 11: 18.
- [ 2 ] Zhou Z J, Zhang Y X, Chang Y L, Yang M R. Genetic differentiation among different geographic populations of *Gampsocleis sedakovii*. *Hereditas* (Beijing) 2011. 33(1): 75-80.
- [ 3 ] Li N N, Liu Z S, Wang Z H, Huang L H. Genetic diversity based on cytochrome b gene analysis of different geographic populations of blue sheep in China. *Acta Ecologica Sinica*, 2012. 32(8): 2381-2389.
- [ 4 ] Zhang L J, Shen D R, Sun Y X, Li Z Y, Zhang H R. Analysis of genetic differentiation among geographic populations of *Gynaikothrips ficorum* (Marchal) (Thysanoptera: Phlaeothripidae) in Yunnan, southwestern China, based on mtDNA CO I gene sequences. *Acta Entomologica Sinica*, 2012. 55(2): 199-207.
- [ 5 ] Martinsen L, Venanzetti F, Bachmann L. Phylogeography and mitochondrial DNA divergence in *Dolichopoda* cave crickets (Orthoptera, Rhahidophoridae). *Hereditas*, 2009. 146(2): 33-45.
- [ 6 ] Lunt D H, Ibrahim K M, Hewitt G M. mtDNA phylogeography and postglacial patterns of subdivision in the meadow grasshopper *Chorthippus parallelus*. *Heredity*, 1998. 80: 633-641.
- [ 7 ] Zhang D X, Hewitt G M. Insect mitochondrial control region: A review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 1997. 25(2): 99-120.
- [ 8 ] Zhang C F, Xu L J, Ji Q M, Xin J W, Zhong J C. Genetic diversity and evolution relationship on mtDNA D-loop in Tibetan yaks. *Acta Ecologica Sinica*, 2012. 32(5): 1387-1395.
- [ 9 ] Su J H, Zhang Y P, Lou Z Y, Liu H Z, Jiao W, Yang J B, Wei Y M. Genetic structure of *Gymnodiptychus pachycheilus* from the upper reaches of the Yellow River as inferred from mtDNA control region. *Acta Ecologica Sinica*, 2012. 32(13): 4191-4198.
- [ 10 ] Kim I, Cha S Y, Kim M A, Lee Y S, Lee K S, Choi Y S, Hwang J S, Jin B R, Han Y S. Polymorphism and genomic structure of the A+T-rich region of mitochondrial DNA in the oriental mole cricket, *Gryllotalpa orientalis* (Orthoptera: Gryllotalpidae). *Biochemical Genetics*, 2007. 45(7/8): 589-610.
- [ 11 ] Fenn J D, Cameron S L, Whiting M F. The complete mitochondrial genome sequence of the Mormon cricket (*Anabrus simplex*; Tettigoniidae; Orthoptera) and an analysis of control region variability. *Insect Molecular Biology*, 2007. 16(2): 239-252.
- [ 12 ] Zhang Y X, Zhou Z J, Chang Y L, Yang M R, Shi F M. The mtDNA control region structure and preliminary phylogenetic relationships of the genus *Gampsocleis* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Zootaxa*, 2011. 2780: 39-47.
- [ 13 ] Zhou M, Bi W X, Liu X W. The genus *Conocephalus* (Orthoptera, Tettigoniidae) in China *Zootaxa*, 2010. 2527: 49-60.
- [ 14 ] Eades D C, Otte D. Orthoptera Species File Online. Version 2.0/3.5. Available from: <http://Orthoptera.SpeciesFile.org>. 2010.
- [ 15 ] Liu X W, Zhang D J. A study of the genus *Conocephalus* Thunberg and descriptions of two new species from China (Orthoptera, Conocephalidae). *Acta Zootaxonomica Sinica*, 32(2): 438-444.
- [ 16 ] Xia K L, Liu X W. Descriptions of three new species of *Conocephalini* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Contributions from the Shanghai Institute of Entomology*, 1992. 9: 162-166.
- [ 17 ] Chang Y L, Yang P L, Mao S L, Shi F M. The song structure of four species of the genus *Conocephalus* from China. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 2007. 32(3): 637-642.
- [ 18 ] Zhou Z J, Shang N, Huang Y, Shi F M, Wei S Z. Sequencing and analysis of the mitochondrial genome of *Conocephalus maculatus* (Orthoptera: Conocephalinae). *Acta Entomologica Sinica*, 2011. 54(5): 548-554.

- [19] Simon C, Buckley T R, Frati F, Stewart J B, Beckenbach A T. Incorporating molecular evolution into phylogenetic analysis, and a new compilation of conserved polymerase chain reaction primers for animal mitochondrial DNA. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2006. 37(1): 545-579.
- [20] Burland T G. DNASTAR's Lasergene sequence analysis software. *Methods in Molecular Biology*, 2000. 132: 71-91.
- [21] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins D G. The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res.*, 1997. 25(24): 4876-4882.
- [22] Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol*, 2007. 24(8): 1596-1599.
- [23] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (ver. 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2005, 1: 47-50.
- [24] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 2009, 25 (11): 1451-1452.
- [25] Stewart J B, Beckenbach A T. Phylogenetic and genomic analysis of the complete mitochondrial DNA sequence of the spotted asparagus beetle *Crioceris duodecimpunctata*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2003, 26(3): 513-526.
- [26] Avise J C. *Phylogeography*. 2000: Cambridge, Moss: Harvard University Press.
- [27] Slatkin M. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*, 1995, 139(1): 457-462.
- [28] Wright S. Isolation by distance. *Genetics*, 1943, 31: 114-138.
- [29] Kelley S T, Farrell B D, Mitton J B. Effects of specialization on genetic differentiation in sister species of bark beetles. *Heredity*, 2000, 84: 218-227.

#### 参考文献:

- [2] 周志军, 张艳霞, 常岩林, 杨明茹. 暗褐蝽蛉不同地理种群间的遗传分化. *遗传*, 2011, 33(1): 75-80.
- [3] 李楠楠, 刘振生, 王正寰, 黄丽红. 基于细胞色素 b 基因的中国岩羊不同地理种群遗传差异分析. *生态学报*, 2012, 32(8): 2381-2389.
- [4] 张利娟, 沈登荣, 孙跃先, 李正跃, 张宏瑞. 基于 mtDNA CO I 基因序列的云南榕母管蓟马不同地理种群的遗传分化分析. *昆虫学报*, 2012, 55(2): 199-207.
- [8] 张成福, 徐利娟, 姬秋梅, 信金伟, 钟金城. 西藏牦牛 mtDNA D-loop 区的遗传多样性及其遗传分化. *生态学报*, 2012, 32(5): 1387-1395.
- [9] 苏军虎, 张艳萍, 娄忠玉, 刘焕章, 焦文龙, 杨建宝, 魏彦明. 基于线粒体控制区序列的黄河上游厚唇裸重唇鱼种群遗传结构. *生态学报*, 2012, 32(13): 4191-4198.
- [15] 刘宪伟, 张鼎杰. 中国草蛉属的研究及两新种记述(直翅目, 草蛉科). *动物分类学报*, 2007, 32(2): 438-444.
- [16] 夏凯龄, 刘宪伟. 中国草蛉族的新种记述(直翅目: 蛉科). *昆虫学研究集刊*, 1992, 9: 162-166
- [17] 常岩林, 杨培林, 毛少利, 石福明. 四种草蛉雄性鸣声的研究. *动物分类学报*, 2007, 32(3): 637-642.
- [18] 周志军, 尚娜, 黄原, 石福明, 韦仕珍. 斑翅草蛉线粒体基因组序列测定与分析. *昆虫学报*, 2011, 54(5): 548-554.

# ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 33, No. 6 March, 2013 (Semimonthly)

## CONTENTS

### Review and Monograph

- Forest health studies based on remote sensing: a review ..... GAO Guanglei, XIN Zhongbao, DING Guodong, et al (1675)
- Progress of agent-based agricultural land change modeling: a review ..... YU Qiangyi, WU Wenbin, YANG Peng, et al (1690)

### Autecology & Fundamentals

- Dynamic distribution of *Nemopilema nomurai* in inshore waters of the northern Liaodong Bay, Bohai Sea ..... WANG Bin, QIN Yubo, DONG Jing, et al (1701)
- Full length cDNA cloning and tissue expression of prophenoloxidase from *Oratosquilla oratoria* ..... LIU Haiying, LIU Lianwei, JIANG Yusheng, et al (1713)
- Morphometrics investigation of the skulls, mandibles and molar in *Tupaia belangeri* from Yunnan, Guizhou, Guangxi ..... ZHU Wanlong, JIA Ting, HUANG Chunmei, et al (1721)
- Effects of litter thickness on leaf litter decomposition and enzyme activity of three trees in the subtropical forests ..... JI Xiaoyan, JIANG Hong, HONG Jianghua, et al (1731)
- The photosynthetic carbon fixation characteristics of common tree species in northern Zhejiang ..... ZHANG Jiao, SHI Yongjun, ZHU Yueqing, et al (1740)
- Diurnal changes in the photosynthetic characteristics of two high yield and high quality grasses during different stages of growth and their response to changes in light intensity ..... GUO Chunyan, LI Jinchuan, YUE Jianying, et al (1751)
- Evaluation technology on drought disaster to yields of winter wheat based on WOFOST crop growth model ..... ZHANG Jianping, ZHAO Yanxia, WANG Chunyi, et al (1762)
- Genetic diversity of *Conocephalus maculatus* of different geographic populations based on mitochondrial DNA control region analysis ..... ZHOU Zhijun, SHANG Na, LIU Jing, et al (1770)
- Relationships among female body size, clutch size, and egg size in captive *Deinagkistrodon acutus* ..... HU Minghang, TAN Qunying, YANG Daode (1778)
- The field control of *Bactrocera dorsalis* (Hendel) with parasitoid and sterile male ..... ZHENG Sining, HUANG Juchang, YE Guanglu, et al (1784)
- Allelopathic effects of artemisinin on ectomycorrhizal fungi ..... LI Qian, YUAN Ling, WANG Mingxia, et al (1791)

### Population, Community and Ecosystem

- Establishment of integrated methodology for bay ecosystem health assessment and its application in Daya Bay ..... LI Chunhou, LIN Lin, XU Shannan, et al (1798)
- The influence of upwelling and water mass on the ecological group distribution of zooplankton in Zhejiang coastal waters ..... SUN Lufeng, KE Chang, XU Zhaoli, et al (1811)
- Identification of key ecosystem for ecological restoration in semi-arid areas: a case study in Helin County, Inner Mongolia ..... PENG Yu, GAO Ying, FENG Jinzhao, et al (1822)
- The great rainfall effect on soil respiration of *Pinus tabulaeformis* plantation in Taiyue Mountain ..... JIN Guanyi, ZHAO Xiuhai, KANG Fengfeng, et al (1832)
- The litter-fall characteristics and their response to drought stress in the Masson pins forests damaged by acid rain at Chongqing, China ..... WANG Yihao, WANG Yanhui, YU Pengtao, et al (1842)

### Landscape, Regional and Global Ecology

- Thermal environment effect of urban water landscape ..... YUE Wenze, XU Lihua (1852)
- Landscape ecological security pattern associated with the introduction of exotic tree species *Eucalyptus* ..... ZHAO Xiaoqing, HE Chunlan (1860)
- Ecological balance between supply and demand in Chongqing City based on cultivated land ecological footprint method ..... SHI Kaifang, DIAO Chengtai, SUN Xiufeng, et al (1872)
- Effect of elevated CO<sub>2</sub> on methanotrophs in the rhizosphere of rice plant ..... YAN Chen, XU Jing, ZHONG Wenhui, et al (1881)

## Resource and Industrial Ecology

- The seawater environment quality evaluation research base on variable fuzzy pattern recognition model ..... KE Lina, WANG Quanming, SUN Xinguo, et al (1889)
- An *in situ* study on biodeposition of ascidian (*Styela plicata*) in a subtropical aquaculture bay, southern China ..... YAN Jiaguo, QI Zhanhui, TIAN Ziyang, et al (1900)
- Distribution of soil NPK nutrient content in deep soil profile of typical apple orchards on the Loess Plateau ..... ZHANG Lina, LI Jun, FAN Peng, et al (1907)
- Soil respiration and its responses to soil moisture and temperature under different tillage systems in dryland maize fields ..... ZHANG Dingchen, CAI Dianxiong, DAI Kuai, et al (1916)
- Photosynthetic characteristics of soybean and salvia in an agroforestry system in the Hilly Region, Shangluo, China ..... PENG Xiaobang, ZHANG Shuoxin (1926)
- Regulation of exogenous brassinosteroid on growth and photosynthesis of *Helianthus tuberosus* seedlings and cadmium biological enrichment under cadmium stress ..... GAO Huiling, LIU Jinlong, ZHENG Qingsong, et al (1935)
- Calibration coefficients of Granier original formula based on sap flow of *Platycladus orientalis* ..... LIU Qingxin, MENG Ping, ZHANG Jinsong, et al (1944)

## Research Notes

- An evaluation index system classifying the conservation value of wetland nature reserves based on AHP ..... SUN Rui, CUI Guofa, LEI Ting, et al (1952)
- Root biomass and its distribution of *Azadirachta indica* and *Acacia auriculiformis* plantations in the Dry-hot Valley ..... GAO Chengjie, TANG Guoyong, LI Kun, et al (1964)
- Physiological response of *Vitex trifolia* to sand burial in the sand coast ... ZHOU Ruilian, WANG Jin, YANG Shuqin, et al (1973)
- Soil fertility under different forest types in the Helan and Liupan Mountain ranges of Ningxia Province ..... JIANG Lin, GENG Zengchao, ZHANG Wen, et al (1982)

## Opinions

- Dynamic of litterfall in ten typical community types of Xiaoxing'an Mountain, China ..... HOU Lingling, MAO Zijun, SUN Tao, et al (1994)

# 《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

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)

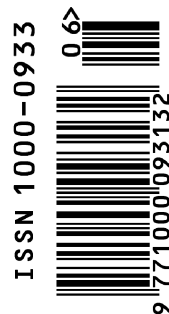
第 33 卷 第 6 期 (2013 年 3 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 6 (March, 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