

ISSN 1000-0933

CN 11-2031/Q

生态学报

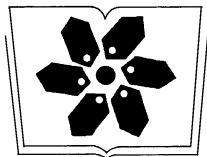
Acta Ecologica Sinica



第34卷 第2期 Vol.34 No.2 **2014**

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 34 卷 第 2 期 2014 年 1 月 (半月刊)

目 次

前沿理论与学科综述

- 连续免耕对不同质地稻田土壤理化性质的影响 龚冬琴, 吕 军 (239)
- 下辽河平原景观格局脆弱性及空间关联格局 孙才志, 闫晓露, 钟敬秋 (247)
- 完全水淹环境中光照和溶氧对喜旱莲子草表型可塑性的影响 许建平, 张小萍, 曾 波, 等 (258)
- 赤潮过程中“藻-菌”关系研究进展 周 进, 陈国福, 朱小山, 等 (269)
- 盐湖微微型浮游植物多样性研究进展 王家利, 王 芳 (282)
- 臭氧胁迫对植物主要生理功能的影响 列淦文, 叶龙华, 薛 立 (294)
- 啮齿动物分子系统地理学研究进展 刘 铸, 徐艳春, 戎 可, 等 (307)
- 生态系统服务制图研究进展 张立伟, 傅伯杰 (316)

个体与基础生态

- NaCl 胁迫下沙枣幼苗生长和阳离子吸收、运输与分配特性 刘正祥, 张华新, 杨秀艳, 等 (326)
- 不同生境吉首蒲儿根叶片形态和叶绿素荧光特征的比较 向 芬, 周 强, 田向荣, 等 (337)
- 小麦 LAI-2000 观测值对辐亮度变化的响应 王 龔, 田庆久, 孙绍杰, 等 (345)
- K^+ 、 Cr^{6+} 对网纹藤壶幼虫发育和存活的影响 胡煜峰, 严 涛, 曹文浩, 等 (353)
- 马铃薯甲虫成虫田间扩散规律 李 超, 彭 赫, 程登发, 等 (359)

种群、群落和生态系统

- 莱州湾及黄河口水域鱼类群落结构的季节变化 孙鹏飞, 单秀娟, 吴 强, 等 (367)
- 黄海中南部不同断面鱼类群落结构及其多样性 单秀娟, 陈云龙, 戴芳群, 等 (377)
- 苏南地区湖泊群的富营养化状态比较及指标阈值判定分析 陈小华, 李小平, 王菲菲, 等 (390)
- 盐城淤泥质潮滩湿地潮沟发育及其对米草扩张的影响 侯明行, 刘红玉, 张华兵 (400)
- 江苏省农作物最大光能利用率时空特征及影响因子 康婷婷, 高 苹, 居为民, 等 (410)
- 1961—2010 年潜在干旱对我国夏玉米产量影响的模拟分析 曹 阳, 杨 婕, 熊 伟, 等 (421)
- 黑龙江省 20 世纪森林变化及对氧气释放量的影响 张丽娟, 姜春艳, 马 骏, 等 (430)
- 松嫩草原不同演替阶段大型土壤动物功能类群特征 李晓强, 殷秀琴, 孙立娜 (442)
- 小兴安岭 6 种森林类型土壤微生物量的季节变化特征 刘 纯, 刘延坤, 金光泽 (451)

景观、区域和全球生态

- 黄淮海地区干旱变化特征及其对气候变化的响应 徐建文, 居 辉, 刘 勤, 等 (460)

我国西南地区风速变化及其影响因素 张志斌,杨 莹,张小平,等 (471)

青海湖流域矮嵩草草甸土壤有机碳密度分布特征 曹生奎,陈克龙,曹广超,等 (482)

基于生命周期评价的上海市水稻生产的碳足迹 曹黎明,李茂柏,王新其,等 (491)

研究简报

荒漠草原区柠条固沙人工林地表草本植被季节变化特征 刘任涛,柴永青,徐 坤,等 (500)

跨地带土壤置换实验研究 靳英华,许嘉巍,秦丽杰 (509)

SWAT 模型对景观格局变化的敏感性分析——以丹江口库区老灌河流域为例
..... 魏 冲,宋 轩,陈 杰 (517)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 288 * zh * P * ¥90.00 * 1510 * 29 * 2014-01



封面图说: 高原盐湖——中国是世界上盐湖分布比较稠密的国家,主要分布在高寒的青藏高原以及干旱半干旱地区的新疆、内蒙古一带。尽管盐湖生态环境极端恶劣,但它们依然是陆地特别是高原生态系统中十分重要的组成部分。微微型浮游植物通常是指粒径在 0.2—3 μm 之间的光合自养型浮游生物。微微型浮游植物不仅是海洋生态系统中生物量 and 生产力的最重要贡献者,也是盐湖生态系统最重要的组成部分。研究显示,水体矿化度是影响微微型浮游植物平面分布及群落结构组成的重要因子,光照、营养成分和温度等也会影响盐湖水体中微微型浮游植物平面分布及群落结构组成(详见 P282)。

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

DOI: 10.5846/stxb201304030599

刘铸,徐艳春,戎可,金志民,马建章.啮齿动物分子系统地理学研究进展.生态学报,2014,34(2):307-315.
Liu Z, Xu Y C, Rong K, Jin Z M, Ma J Z. The current progress in rodents molecular phylogeography. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(2): 307-315.

啮齿动物分子系统地理学研究进展

刘 铸^{1,2}, 徐艳春¹, 戎 可¹, 金志民², 马建章^{1,*}

(1. 东北林业大学野生动物资源学院, 哈尔滨 150040; 2. 牡丹江师范学院生命科学与技术学院, 牡丹江 157011)

摘要:系统地理学是研究种间及种内不同种群的形成、现有分布格局的历史原因和演化过程的一门学科。基于分子水平,能够更准确地界定物种分布格局,促进分子系统地理学的形成和发展。近年来,分子系统地理研究的开展,促进了对啮齿动物物种分布格局形成机制的理解。对啮齿动物的种内及种上分类阶元的系统演化关系、起源中心与演化历程、影响系统地理格局的因素、鼠害防控和保护生物学等分子系统地理学方面的研究进行了综述。并提出了啮齿动物分子系统地理学未来发展的四点展望:1)综合性系统地理学研究;2)区域系统地理学研究;3)物种演化的全面系统研究;4)新型分子标记和分析方法的发展。
关键词:啮齿动物;分子系统地理学;进展

The current progress in rodents molecular phylogeography

LIU Zhu^{1,2}, XU Yanchun¹, RONG Ke¹, JIN Zhimin², MA Jianzhang^{1,*}

1 College of Wildlife Resources, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China
2 College of Life Science and Technology, Mudanjiang Normal University, Mudanjiang 157011, China

Abstract: Phylogeography is the study of different formations of interspecific and intraspecific populations, as well as the existing historical reasons for those formations and the evolution of their distribution patterns. It is possible to define the species distribution patterns much more accurately on the molecular level so that we could effectively promote the formation and development of molecular phylogeography. In recent years, molecular phylogeographic studies were carried out to promote the understanding the distribution patterns and formation mechanisms of rodent species. In this study, five areas for phylogeography in rodents were reviewed. 1) The phylogenetic relationships between rodent species and species taxa; The studies of molecular phylogeography determining the taxonomic status of rodents were developed from the species level to the phylogenetic level, and had a good foundation for the accurate evaluation of distribution patterns about rodent species. Traditional morphological classification in some species can not fully reflect the real differentiation of phylogenetic geography, especially for widely distributed species or subspecies. The intraspecific phylogenetic studies were very helpful to understand the phylogenetic relation of subspecies or populations. Ecological environment may lead to the convergent evolution of species. The traditional morphological taxonomy standards may result in to the taxonomic status errors of species. The studies about taxonomic status of species on the molecular phylogenetic level can lay the better foundation to understanding the taxonomic status of species and their distribution pattern causes. Molecular phylogenetic analysis on species taxa can show the evolutionary history of a more accurate estimation on closely related taxa unit, which can reflect the geographic distribution of taxa pattern. 2) The center of origin and evolution of the course; Molecular phylogeography methods can provide rich evidences for determining centers of origin about the higher taxa unit of rodents. In the species distribution range, the studies of the different regions could help to understand the center of origin about a species in rodents

基金项目:林业公益性行业科研专项资助项目(200904012);黑龙江省自然科学基金资助项目(C201138);黑龙江省教育厅青年学术骨干资助项目(1252G060);黑龙江省高等学校科技创新团队(森林啮齿动物生态及危害控制)攻关课题资助项目

收稿日期:2013-04-03; 修订日期:2013-09-10

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

and its various lineages or subspecies evolutionary process after origin. Origin and evolution of the island rodents have their particularity, which included two aspects. The first aspect that the origin and evolution of the island rodent were closely linked with human activities, and on the other hand, the land bridge theory provide long-distance dispersal of animals theoretical basis. 3) The factors that influenced the geographical pattern of the systems: Because of different degrees and times of many ice ages during the Quaternary ice age, which influence on the geographical differences, distribution and post-glacial refuge diffusion path varies, as well as various rodent species to adapt to different forces that resulting in a variety of rodent animal patterns of biological systems. In addition to the temperature changes of many Quaternary glacial and interglacial, the indirect effects of other historical events of ancient climate changes also further affect terrestrial ecosystems, the same species formation, distribution evolution and formation of biological pattern. Many dramatic events occurred in the late Tertiary and Quaternary geology had significantly direct impact on the distribution patterns of extant rodent. 4) The application of rodent prevention: Molecular biogeography studies promote to investigate the formation of species and distribution evolution pattern, which provide a reliable basis for controlling the harmful rodents. The data and methods of some molecular phylogeography have a reference value for rodent prevention. 5) Conservation biology: The study of intraspecific molecular phylogeography on the spatial distribution of genetic diversity, which could evaluate the level of genetic diversity, the protection value of species and determining ESUs and MUs in some regions. It provides an effective research tool for conservation biology.. Four areas for consideration of the molecular phylogeography of rodents future development are proposed: 1) the comprehensive phylogeography; 2) the regional phylogeography; 3) the comprehensive and systematic studies of the evolution of the species; 4) the development of new molecular markers and new analysis methods.

Key Words: rodents; molecular phylogeography; current progress

生物地理学 (Biogeography) 是研究生命的地理学,是生物学和地理学的一个结合点,其重视对事实的收集和解释^[1]。生物地理学概念是生物的分布及其规律的科学,研究领域涉及物种的起源、扩散、分化和分布^[2]。现存生物分布格局表明,物种间和物种内不同种群的分布是非随机的,这种非随机性能够对该格局产生的过程作出解释。因此,解释现有近源种间和种内种群的分布状况,探讨其分布的起因,阐述其进化历程,分析区域类群的时空变化,从而重建生物区系的历史,这些研究作为生物地理学的一部分倍显重要^[3-4]。Avice 等首次将此研究领域命名为系统地理学,并定义系统地理学是研究物种间及物种内不同类群形成现有分布格局的历史原因和演化过程的一门科学^[5]。传统的系统地理学依赖于表型特征的比较,由于表型的趋同演化可能会导致错误的结论,而基于分子水平的研究能够更加准确地界定物种的分布格局,促使了分子系统地理学 (Molecular Phylogeography) 形成和发展^[6]。分子系统地理学 20 世纪 70 年代中期伴随着对线粒体 DNA (mtDNA) 的认识开始酝酿发展,早期研究主要利用

mtDNA 限制性酶切技术,通过对限制性片段长度多态性的比较分析,探讨物种间和种群之间的系统发育关系及其系统地理模式。20 世纪 90 年代以来,PCR 技术以及 DNA 测序技术的发展及广泛应用,产生了诸多可应用于分子系统地理学研究的分子标记,促进了此学科的发展。

分子系统地理学形成与发展离不开分子生态学的 3 个重要理论:分子钟理论^[7-8]、中性进化理论^[9-10]和溯祖理论^[11-13]。系统地理学是分子系统地理学形成与发展的源泉,因此系统地理学提出的模式与推论是分子系统地理学发展的重要理论支柱^[5],尤其是 2009 年 Avice 对系统地理学的发展进行回顾,并整合近些年分子系统地理的研究状况,重新归纳出 6 种模式:1) 低扩散能力的物种具有强烈的谱系结构特征;2) 那些具较强扩散能力的生物也具有谱系结构;3) 并非所有物种在系统地理结构上能细分;4) 历史进程对生物区系也有影响;5) 物种有时可以重复自己经历的历史;6) 即使一个单一的线粒体基因树也能提供重要的生物学见解^[14]。通过改进传统的统计和分析方法,目前广泛应用的巢式

支系分析法,使得分子系统地理学在分析法方面得以进步^[15-19]。

啮齿类动物是哺乳动物中种类最多、分化最大的类群,也是分布范围最广的哺乳动物。分子系统地理学研究的起始就是关于啮齿动物的研究,即1979年Avisé等关于囊鼠(*Geomys pinetis*)地理种群间系统发生关系的研究^[20],因此啮齿动物的分子系统地理学研究倍受关注。目前,啮齿动物分子系统地理学已成为国际上研究热点之一,尤其是近十几年,研究进展十分迅速。然而我国啮齿动物分子系统地理学的研究较为缓慢,只见较少物种和地区的报导,其阻碍了对啮齿动物物种分布格局及形成机制的理解。因此,本文就啮齿动物分子系统地理学的研究进展及前景作如下介绍,以作科学借鉴。

1 种内及种上分类阶元的系统演化关系

分子系统地理学研究为啮齿动物分类地位的确定提供了从物种水平到系统发育水平的证据,进而为准确地评价啮齿动物物种分布格局奠定良好基础。

传统的形态学分类在一些物种中不能完全地反映出亚种或种群真正的系统地理分化^[21],尤其对广布种或亚种分化较多的物种来说,进行种内分子系统研究十分有助于了解其亚种或种群系统演化关系。分布于北美的更格卢鼠科(*Heteromyid*)刚毛囊鼠属(*Chaetodipus*)的硬毛小囊鼠(*Chaetodipus hispidus*),形态学分析无法区分亚种差异,利用mtDNA的COIII、Cyt b和ND2序列的系统分化进行分析,发现起初被形态学划分的4个亚种(*C. h. hispidus*、*C. h. paradoxus*、*C. h. spilotus*和*C. h. zacatecae*)与系统分化分析不一致,而分子系统地理学研究结果显现的4个分化支与北美主要地理特征相吻合,因此重新修正了硬毛小囊鼠的4个亚种^[22]。建立在物种地理分布及地理特征基础上的研究,促进了分子系统学进一步揭示种群的格局及进化历程。广布种黑田鼠(*Microtus agrestis*)的种下分化一直存在争议,利用mtDNA的Cyt b基因全序列对广泛分布于欧洲的黑田鼠进行分子系统地理学研究,发现该物种在欧洲分为3个系统地理群:西部群、东部群和南部群,这3个群都有其明确的地理分布;西部系统地理群分布于欧洲的西部和中部,最有

可能是从冰期避难所喀尔巴阡山脉扩散后形成的;东部系统地理群涵盖了从立陶宛到中亚的广大区域,可能起源于一个东南欧源(例如,乌拉尔南部或高加索);南部系统地理群分布于从葡萄牙到匈牙利,分裂成两个亚群,推测来自独立的冰河期避难所伊比利亚半岛。在末次冰期时西部和东部系统地理群出现分离,而南方系统地理群的出现要再回溯0.5—0.9百万年^[23]。

生态环境会导致物种趋同进化,仅用传统的形态分类学标准可能导致物种分类地位出现差错,而分子系统发育水平上对物种分类地位的研究可为探讨物种分类地位及近缘类群分布格局的成因奠定了基础。我国西部的中华姬鼠(*Apodemus draco*)和澜沧江姬鼠(*Apodemus ilex*)的分类地位一直存在争议,而Cyt b基因分析,认为澜沧江姬鼠和中华姬鼠是位于姬鼠属的分支末端的两个姐妹种;澜沧江姬鼠大约在上新世末期2.25百万年前与中华姬鼠独立分化开;澜沧江姬鼠在更新世中期的玉龙冰期以澜沧江为界分化为东西两个大的支系;在更新世中晚期,澜沧江以西的种群又在丽江冰期以怒江为界分化为两个亚支系,澜沧江以东的种群在同期分化为两个亚支系^[24]。自然界中的姊妹种通常分布于同一区域,从形态学上较难区分,隔离机制发生在历史上,已经形成了生殖隔离,分子系统学为其种间区分及探讨其成因提供了良好途径。Nicolas等利用Cytb基因对西非非洲柔毛鼠属(*Praomys*)的两个姊妹种的塞内加尔柔毛鼠(*P. tullbergi*)和猪吻柔毛鼠(*P. rostratus*)的物种发生进行研究,研究显示在第四纪气候变化过程中,这两个邻近物种的系统发生历史是不同的;塞内加尔柔毛鼠遗传多样性明显低于猪吻柔毛鼠,塞内加尔柔毛鼠在干旱时期生活在一个非常小的森林存活区域中,干旱过后随着森林的恢复进行扩散;猪吻柔毛鼠在干旱时期生活在很多斑块中,斑块间存在着不同水平的基因流^[25]。

种上分类阶元的分子系统发育分析能够对近缘类群间的进化历史进行更加准确的估计,从而能够真实反映生物类群的地理分布格局。Hooper等报道了Cytb基因的一段有效序列对于姬鼠属(*Apodemus*)的遗传多样性、分类、系统地理学研究十分有效,并通过此方法鉴定了乌克兰分布的11种姬鼠属物种;研究显现乌克兰的小林姬鼠

(*A. sylvaticus*)存在明显的地理结构,分为南部和北部两个地理群,成因是源于1.5百万年前利用不同的冰河期避难所,乌克兰北部的德涅伯河岸是两个系统地理群二次接触点;在物种水平 *A. witherbyi* 被视为一个物种名一直存在争议,系统演化研究显示 *A. witherbyi* 要先于 *A. hermonensis* 和 *A. iconicus* 两个物种^[26]。Percequillo 等利用 *Cytb* 基因和核位点 *IRBP* 基因对巴西大西洋森林中的啮齿动物进行研究,研究发现了啮齿目(Rodentia)仓鼠科(Cricetidae)棉鼠亚科(Sigmodontinae)稻鼠族(Oryzomyini)下的一个新属和一些新物种,并分析了其分子系统演化关系,此新属具有一种小型陆生脊椎动物较为罕见的系统地理分布方式,为其进一步生物地理学研究奠定了基础^[27]。建立在化石研究和比较形态学研究基础上的分子系统地理学研究,能够进一步深入分析种上分类阶元的分子系统发育关系。跳鼠总科(Dipodoidea)的分子系统地理学研究就是建立在化石研究和比较形态学研究基础上,研究发现分子系统地理学研究结果与化石记录研究结果基本一致^[28]。

2 起源中心与演化历程

物种分布格局的成因目前在历史生物地理学领域有两种解释,即扩散学说和离散学说。扩散假说认为物种及物种类群存在特定的起源中心,障碍是先形成的,生物后来越过障碍扩散形成间断分布,再独立地演化。离散学说认为生物先形成了广泛的分布区,后来障碍出现,将原有的连续分布区隔离开,生物在隔离区内各自独立演化。陈宜瑜先生曾指出这两种假说的区别在于障碍是出现在扩散之前,还是出现在之后^[29],可见离散说和扩散说不是完全矛盾的,两者的优点是互相补充的,都认为存在起源中心的存在。围绕这两个传统学说,出现了诸多学说与理论观点:泛生物地理学^[30-31]、支序生物地理学^[32]、隔离分化生物地理学^[28,33]、衍进规则与衍生规则^[33]、避难所理论等^[28,33],为分子系统地理学对啮齿动物的不同类群演化历程分析提供了理论依据。

啮齿动物是进化速率非常快的类群,因此,采用分子系统地理学方法可以为确定啮齿动物高级阶元的起源中心提供丰富证据,进一步高级阶元的演化

历程分析有助于揭示研究对象分布区域的问题。Michaux 等利用两个核基因位点 *LCAT* 和 *vWF* 对鼠科(Muridae)的14个亚科和跳鼠科(Dipodidae)亚科的系统关系和演化关系进行研究,结果显示鼠科的14个亚科分化成5个明显的谱系,进一步分析支持5个明显的谱系都起源于亚洲^[34]。

在物种分布区域内,不同区域的研究联合起来,有助于了解啮齿动物中的单一物种起源中心及其后期各个谱系或亚种的演化历程。利用35个常染色体蛋白位点和核基因 *Vβ* 基因,分析了来自伊朗,巴基斯坦,印度北部和南部的小家鼠(*Mus musculus*),研究了其分子系统地理学问题,认为印度次大陆北部是该物种的起源地^[35]。利用 *mtDNA* 的控制区和侧翼 *tRNA* 基因对小家鼠的演化历程进行研究,发现4个主要的谱系,即 *domesticus*、*musculus*、*castaneus* 和新在也门发现的1个谱系(*Yemeni*);分析得出小家鼠起源于亚洲中西部,向外扩散时首先进入阿拉伯半岛南部,从此向东和向北进入中南亚,后来从中南亚到中北亚和东南亚,从中北亚进入欧洲北部各地^[36]。进一步利用 *mtDNA* 的分析检验小家鼠的起源和演化历程,确认在0.9百万年前小家鼠起源于印度次大陆北部,很可能从印度次大陆北部首先到达中东和里海,距今几十万年前,在这两个区域 *M. m. domesticus* 和 *M. m. musculus* 两个谱系分别产生分化,只是在最近才从该地区向外周的区域进行拓殖;*M. m. castaneus* 谱系是最近从印度北部种群产生的分支;经历多重渐进的辐射式扩散最终导致外围群体的第二次接触,就是所周知的欧洲杂交地带^[37]。

岛屿啮齿动物的起源与演化历程备受关注,主要由于影响岛屿啮齿动物起源与演化的因素有其特殊性,主要包括2个方面,第一方面岛屿啮齿动物起源与演化与人类的活动有关,由于啮齿动物多数种类形态较小,十分容易被人类利用船只无意识携带,进入岛屿进行入侵扩散。利用 *mtDNA* 的控制区和4个核基因位点(*Abpa*、*Btk*、*D11cenB2* 和 *Zfy2*)对新西兰及其偏远岛屿岛上的小家鼠的分子系统地理学问题进行研究,研究发现来自于多数新西兰样本中线粒体 DNA 控制区的2个单倍型与 *domesticus* 谱系下的英国单倍型一致,这是符合英国与新西兰长期的文化联系;但是 *castaneus* 谱系的 *mtDNA* 控制区的单倍型普遍存在于新西兰,新西兰 *castaneus* 谱系的起

源十分不容易确定^[38]。有的观点认为马达加斯加的动物起源于非洲,并获得过多次入侵性基因交流,另一方面,陆桥理论的提出为动物的长距离扩散提供了理论依据,与以往的理论多数都认为岛屿与邻近的大陆存在多次入侵性基因交流不同,例如:很可能印度洋中也有个桥形的次大陆联系着印度、马达加斯加和非洲。利用 *Cytb* 基因全序列对马达加斯加本土马岛鼠亚科 (*Nesomyinae*) 下 9 个属的啮齿动物亲缘关系及其演化历程进行了研究,进化树不支持南非的马岛白尾鼠属 (*Mystromys*) 与马达加斯加岛的各属合并,建议将岩攀鼠亚科 (*Petromyscus*) 与马岛白尾鼠属 (*Mystromys*) 合并为同源群,通过研究结果提出演化推论:啮齿动物入侵马达加斯加岛只发生 1 次;岛上啮齿动物来源于亚洲而不是非洲;第 2 次入侵由马达加斯加岛进入非洲^[39]。

3 影响系统地理格局的因素

第四纪冰期中的多次冰期与间冰期对物种形成、分布区演变、生物系统格局形成产生了重要影响^[40]。冰期时气候变冷,导致啮齿动物的分布区向低纬度和低海拔地区退缩,并在地形复杂的区域形成的适宜栖息地斑块,这些适合啮齿动物度过冰期的地域被称为冰期避难所 (refuge),不同避难所的种群在冰期时常保持隔离状态,从而促进了种群间的遗传分化。间冰期时气温回升,啮齿动物从避难所向高纬度和高海拔地区扩张,即冰期后扩散,为已分化的种群提供了二次融合的机会,进而降低了遗传分化的水平^[41]。由于冰期间冰期的强度和不同,对各地域的影响程度存在差异,避难所分布和冰期后扩散的路径不尽相同,以及啮齿动物各物种适应力不同,导致多样化的啮齿动物生物系统格局。利用 *Cytb* 基因的全序列对广布种根田鼠 (*Microtus oeconomus*) 的分子系统地理学进行研究,根田鼠被分为 4 个具有异域分布的系统地理群,在末次冰期之前的历史事件已经开始影响根田鼠形成明显的系统地理结构了。欧洲的根田鼠被分为北部和中部群,欧洲北部群利用经典的欧洲南部避难所度过末次冰期,现存欧洲中部的斑块化种群属于单独的一个系统群。中亚和北欧群是由乌拉尔山脉分开的,这种系统地理分隔在环颈旅鼠属 (*Dicrostonyx*) 和普通田鼠 (*Microtus arvalis*) 也被发现。白令谱系发生于俄

罗斯东部,后穿越阿拉斯加到达加拿大西北部地区,这种分布不但与传统的白令避难所的分界一致,而且与其它生物的系统地理学格局一致,例如分布于北极和亚北极的旅鼠,以及分布于更加温暖地区的鼠类都显示第四纪冰期的地质和气候事件在北方生物地理格局的形成中发挥了强有力的作用^[42]。避难所的数量影响着物种的分化和物种遗传多样性,北极兔 (*Lepus arcticus*) 和阿拉斯加兔 (*Lepus othus*) 通过两个独立北美北极避难所 (白令海峡和加拿大北极地区) 度过冰期,因此具有较少的种下分化,而雪兔 (*Lepus timidus*) 冰期具有多个欧亚避难所,具有较高的遗传多样性^[43]。研究松鼠 (*Sciurus vulgaris*) 发现意大利南部的卡拉布里亚是避难所中的避难所,其种群遗传分化明显区别于欧洲其它地区种群^[44]。

除了第四纪冰期中的多次冰期与间冰期直接影响的温度周期性的升降外,历史事件间接影响的其它古气候变化,这些变化进一步影响陆地生态,同样对物种形成、分布区演变、生物系统格局形成产生了一定影响。跳鼠科 (*Dipodidae*) 种类的分化与栖息地的改变,与全球和区域气候事件变化明显一致^[28]。红乳鼠 (*Mastomys erythroleucus*) 广泛分布于撒哈拉以南非洲的热带稀树草原中,其分子系统地理学研究结果发现单倍型分为 4 个主要的系统群,更新世的古气候导致的稀树草原的斑块化是产生系统群隔离分化的主要事件,全新世的干旱阶段导致热带稀树草原向南扩展,同时引起了红乳鼠近期的数量扩张^[45]。气候的不稳定,导致非洲主要生物分布区的周期性变化,包括撒哈拉沙漠的扩张和收缩,开放栖息地的出现,水文地形的更改,影响主河道,它会反过来影响新的选择压力或者地理隔离导致的遗传多样性,影响适应性和最后物种的形成。多乳鼠 (*Mastomys huberti*) 就是这种古气候模式影响下的典型例子,利用 *Cytb* 基因对其分子系统地理学问题进行研究,结果发现分布于西非的萨赫勒地区的这个物种的进化历史明显受到第四纪带来的间接气候变化和水文变化的影响,在干旱时期,两个避难所之间的基因流是通过邻近大西洋海岸的通道进行的,该物种后期的扩散也是受到气候影响从西向东进行的^[46]。

地理障碍的出现是离散学说解释物种分布格局成因的前提条件,发生在第三纪末期和第四纪中的

诸多剧烈的地质事件对现存啮齿动物的分布格局都有很大直接影响。在利用 mtDNA 的 COIII 和 Cytb 基因研究小囊鼠属 (*Perognathus*) 和刚毛囊鼠属 (*Chaetodipus*) 以及食蝗鼠中蝗鼠属 (*Onychomys*) 的系统地理学问题时,发现更新世中期至晚期周期性冰期对这些干旱地区啮齿动物的谱系结构影响不大,大多数谱系分歧和现存系统结构是由于第三纪末和第四纪初时期北美西部山脉的发展影响下产生的^[47]。喜马拉雅-横断山地区是世界性的生物多样性热点地区之一,也是中国西南山地生物多样性热点地区,还是生物多样性保护优先区。青藏高原地形的改变和横断山脉的走向被广泛认为是影响我国西南地区物种空间分布和遗传多样性的重要因素。因此,喜马拉雅-横断山地区不仅是动物孑遗的重要避难中心,还是研究生物地理学很好的模式系统。对分布于此地区的中华姬鼠 (*Apodemus draco*) 和澜沧江姬鼠 (*Apodemus ilex*) 的分子系统地理学研究发现,喜马拉雅-横断山地区复杂的地质地貌,尤其是水流湍急的纵谷对种群的隔离是造成这种小型啮齿类分化的主要原因,研究结果也从分子生物地理学的角度暗示了喜马拉雅-横断山地区部分水系形成先后的假说以及河流袭夺假说^[24],可见山脉形成的地理屏障是产生分化的一个重要因素。美洲豪猪科 (*Erethizontidae*) 祖先主要是顺着安第斯山脉分布的,至少有 2 次跨越和 2 次入侵安第斯山脉形成了目前的不同分化^[48]。河谷或裂谷形成的地理屏障对啮齿动物的分化同样具有重要作用,非洲豪猪亚目 (*Hystricomorpha*) 滨鼠科 *Bathyergidae* 的分化,起初不是来自于地理屏障,而后期的分化主要是受到肯尼亚西部裂谷形成的物理屏障影响^[49]。

4 在鼠害防控方面的应用

许多啮齿动物会对农、林、牧、粮食、仓库、建筑、运输等造成危害,因此对其进行防控是研究啮齿动物的一个重要目的,有效的防控对森林、草原和农田等的保护意义重大,在此方面也成为保护生物学的重要研究内容。分子生物地理学的研究有助于了解物种形成、分布区演变、生物系统格局的认识,进而为有害鼠类的监控提供了可靠依据,有些分子系统地理学资料和方法在鼠害防控研究中具有可借鉴的价值。小家鼠是一个高度共生的啮齿动物物种,人

类无意识的带入,已造成遍布世界各地,小家鼠已经对新西兰的生态系统产生严重破坏,防治鼠害的实验模式在新西兰的马鞍岛进行,采用分子系统地理学的研究方法,标记家鼠的来源,扩散途径等,此研究为鼠类防控措施提供了可借鉴的方法和途径^[50]。近期进一步采取分子系统地理学的方法作为亚种来源和单倍型标记,探讨鼠害的防治是否失败与小家鼠亚种来源有关,即与 mtDNA 控制区单倍型谱系有关,并进一步检验两个假设:没有消灭的 mtDNA 控制区单倍型谱系是来源于已被消灭的单倍型谱系;没有被消灭的谱系应该具有一个共同的 mtDNA 控制区单倍型来源,此单倍型具有较大的防灭抗性^[51]。

5 在保护生物学方面的应用

啮齿动物中具有一些受保护动物和在我国被认为是“三有”动物,世界自然保护联盟(IUCN)将遗传多样性保护与生态系统多样性保护、物种多样性保护列为全球生物多样性保护的 3 个优先内容^[52]。分子生物地理学的主要内容是评估濒危物种的种群间和种群内的遗传变异水平、分布及其遗传多样性水平。确定物种保护单元是制定、优化和实施保护策略的基础,是保护物种的前提。进化显著单元 (Evolutionary significant units, ESUs) 是指具有共同进化祖先但在进化过程中形成并保持着各自不同遗传结构的一些分类单元,代表那些组成一个分类单元的历史隔离种群,它们是保护生物学的保护焦点^[53]。管理单元 (Management units, MUs) 代表种群统计学上独立的种群,通常根据等位基因频率的显著差异而划分,因而可作为种群短期管理的功能单位^[54]。分子系统地理学的种内分子系统地理学通过研究物种遗传多样性的空间分布,评测某一区域遗传多样性水平,评价物种以及其所占有分布领域的保护学价值,确定 ESUs 和 MUs,从而为保护生物学提供了一个有效的研究手段。耐氏大鼠 (*Leopoldamys neilli*) 是生活在泰国特殊石灰质溶岩环境的濒危啮齿动物,利用 mtDNA 的 COI 和 Cytb 基因及核基因标记 (bflr) 研究石灰质溶岩环境对其影响,研究发现由于特殊溶岩环境的零散分布导致耐氏大鼠存在明显的地理结构,来自于泰国西部谱系与其它谱系的最早分歧早在更新世早起已经产生,

其它谱系间的分歧是在更新世中期产生的,研究结果对耐氏大鼠的 ESUs 和 MUs 进行了确定,并认为石灰质溶岩环境的保护不但对耐氏大鼠的保护有重要意义,而且对耐氏大鼠的种内遗传多样性更具有意义^[55]。由于适宜栖息地的斑块化或栖息地的改变常导致物种内的隔离或半隔离的小种群出现,这些小种群更容易受到数量、遗传和环境的随机性改变影响,使得自然分布区域已变得越来越分散和更小,进而增加了局部灭绝的风险。栉鼠属(*Ctenomys*)的 *Ctenomys lami* 就是处于此种情况的物种,在一个小的区域就具有 26 种核型,利用核型分析和 mtDNA 控制区和 COI 以及 14 个微卫星位点的分子系统地理学分析,实验结果没有显示出与核型分析那样明显的遗传结构,mtDNA 和核基因标记的研究结果显示存在 2 个同类群,同类群不是完全隔离的,*Ctenomys lami* 的脆弱性要比预想的大,数据支持指定一个 ESUs 和一个 MUs,将这个物种作为易危地位列入保护^[56]。

5 展望

由于分子系统地理学发展时间不长,因此目前还存在一些局限性和不足:诸多分子系统地理学研究只是利用分子生物学方法,单一分析系统地理学的问题;对某一地理区域的生物地理分布格局及成因进行的规律性总结较少;目前对啮齿动物的某个物种的演化研究存在明显的地域片段化;新型分子标记应用较少,分子系统地理学分析方法在分析核基因的数据显得乏力。针对以上问题提出未来啮齿动物分子系统地理学未来发展方向。

5.1 综合性系统地理学研究

分子系统地理学的未来取向将向综合性系统地理学分析迈进,有人将综合性系统地理学研究称为比较分子系统地理学研究,是在利用分子生物学单一分析系统地理学情况基础上,结合形态学研究、化石研究、研究区域的地质情况、古气候情况等方面解释分子系统地理学的研究结果。

5.2 区域系统地理学研究

目前对某一地理区域的生物地理分布格局及成因进行的规律性总结较少,这主要是由于针对某一地理区域的分子系统地理学研究涉及的物种及种类数量较少,缺乏充足的数据说明某一地理区域的规

律性问题,因此,未来区域系统地理学研究将是一个重要发展方向。

5.3 物种演化的全面系统研究

除了小家鼠的物种演化格局研究较为全面系统些,目前对啮齿动物的某个物种的演化研究存在明显的地域片段化,尤其对一些广布种,阻碍了对物种演化的深入认识,因此,未来物种演化的全面系统研究将是一个重要发展方向。

5.4 新型分子标记和分析方法的发展

线粒体 DNA 分子标记在未来的分子系统地理学研究依旧会发挥着重要作用,但带有大量核基因信息的简单序列重复区间 (inter-simple sequence repeat, ISSR) 和单核苷酸多态性 (Single-Nucleotide Polymorphism, SNP) 标记会进一步发挥重要作用。目前诸多核基因位点在不断尝试应用于啮齿动物分子系统地理学,未来多位点核基因标记也将是分子系统地理学研究主要发展方向之一。分子系统地理学分析方法在线粒体基因分析方面十分适用,在分析核基因的数据显得乏力,有待进一步发展。

References:

[1] Zhang R Z. New trends of historical biogeography——Vicariance Biogeography. Chinese Journal of Zoology, 1990, 25(5): 47-49.

[2] Riddle B R, Dawson M N, Hadly E A, Hafner D J, Hickerson M J, Mantooth S J, Yoder A D. The role of molecular genetics in sculpting the future of integrative biogeography. Progress in Physical Geography, 2008, 32(2): 173-202.

[3] Avise J C. Toward a regional conservation genetic perspective: phylogeography of faunas in the southeastern United States // Avise J C, Hamrick J L, eds. Conservation Genetics: Case Histories from Nature. New York: Chapman & Hall, 1996: 431-470.

[4] Avise J C. The history and purview of phylogeography: a personal reflection. Molecular Ecology, 1998, 7(4): 371-379.

[5] Avise J C, Arnold J, Ball R M, Bermingham E, Lamb T, Neigel J E, Reeb C A, Saunders N C. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. Annual Review of Ecology and Systematics, 1987, 18: 489-522.

[6] Dong L, Zhang Y Y. Theoretical backgrounds and recent advances in avian molecular phylogeography. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(14): 4082-4093.

[7] Zuckerkandl E, Pauling L. Evolutionary divergence and convergence in proteins // Bryson V, Vogel H J, eds. Evolving Genes and Proteins. New York: Academic Press, 1965: 97-166.

- [8] Brown W M, George M Jr, Wilson A C. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1979, 76 (4) : 1967-1971.
- [9] Kimura M. Evolutionary rate at the molecular level. *Nature*, 1968, 217(5129) : 624-626.
- [10] King J L, Jukes T H. Non-darwinian evolution. *Science*, 1969, 164(3881) : 788-798.
- [11] Kingman J F C. Origins of the coalescent: 1974—1982. *Genetics*, 2000, 156(4) : 1461-1463.
- [12] Kingman J F C. The coalescent. *Stochastic Processes and Their Applications*, 1982, 13(3) : 235-248.
- [13] Kingman J F C. On the genealogy of large populations. *Journal of Applied Probability*, 1982, 19 : 27-43.
- [14] Avise J C. Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*, 2009, 36(1) : 3-15.
- [15] Templeton A R, Crandall K A, Sing C F. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. III. Cladogram estimation. *Genetics*, 1992, 132(2) : 619-633.
- [16] Templeton A R, Sing C F. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping. IV. Nested analyses with cladogram uncertainty and recombination. *Genetics*, 1993, 134(2) : 659-669.
- [17] Templeton A R. Nested clade analyses of phylogeographic data: testing hypotheses about gene flow and population history. *Molecular Ecology*, 1998, 7(4) : 381-397.
- [18] Templeton A R. Nested clade analysis: an extensively validated method for strong phylogeographic inference. *Molecular Ecology*, 2008, 17(8) : 1877-1880.
- [19] Templeton A R. Statistical phylogeography: methods of evaluating and minimizing inference errors. *Molecular Ecology*, 2004, 13 (4) : 789-809.
- [20] Avise J C, Giblin D C, Laerm J, Patton J C, Lansman R A. Mitochondrial DNA clones and matriarchal phylogeny within and among geographic populations of the pocket gopher, *Geomys pinetis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1979, 76(12) : 6694-6698.
- [21] Hale M L, Lurz P W W. Morphological changes in a British mammal as a result of introductions and changes in landscape management: the red squirrel (*Sciurus vulgaris*). *Journal of Zoology*, 2003, 260(2) : 159-167.
- [22] Andersen J J, Light J E. Phylogeography and subspecies revision of the hispid pocket mouse, *Chaetodipus hispidus* (Rodentia: Heteromyidae). *Journal of Mammalogy*, 2012, 93 (4) : 1195-1215.
- [23] Jaarola M, Searle J B. Phylogeography of field voles (*Microtus agrestis*) in Eurasia inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Ecology*, 2008, 11(12) : 2613-2621.
- [24] Liu Q, Chen P, He K, Kilpatrick C W, Liu S Y, Yu F H, Jiang X L. Phylogeographic Study of *Apodemus ilex* (Rodentia: Muridae) in Southwest China. *PLoS One*, 2012, 7(2) : e31453.
- [25] Nicolas V, Bryja J, Akpatou B, Konecny A, Lecompte E, Colyn M, Lalisi A, Couloux A, Denys C, Granjon L. Comparative phylogeography of two sibling species of forest-dwelling rodent (*Praomys rostratus* and *P. tullbergi*) in West Africa: different reactions to past forest fragmentation. *Molecular Ecology*, 2008, 17(23) : 5118-5134.
- [26] Hofer S R, Gaschak S, Dunina-Barkovskaya Y, Makluk J, Meeks H N, Wickliffe J K, Baker R J. New information for systematics, taxonomy, and phylogeography of the rodent genus *Apodemus* (*Sylvaemus*) in Ukraine. *Journal of Mammalogy*, 2007, 88(2) : 330-342.
- [27] Percequillo A R, Weksler M, Costa L P. A new genus and species of rodent from the Brazilian Atlantic Forest (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with comments on oryzomyine biogeography. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 2011, 161(2) : 357-390.
- [28] Zhang Q, Xia L, Kimura Y, Shenbrot G, Zhang Z Q, Ge D Y, Yang Q S. Tracing the origin and diversification of Dipodoidea (Order: Rodentia): Evidence from fossil record and molecular phylogeny. *Evolutionary Biology*, 2013, 40(1) : 32-44.
- [29] Chen Y Y, Liu H Z. The new progress of biogeography. *Bulletin of Biology*, 1995, 30(6) : 1-4.
- [30] Croizat L. *Manual of Phytogeography*. The Hague: Junk W, 1952.
- [31] Croizat L. *Panbiogeography*. Caracas: Published by the Author, 1958.
- [32] Zhang D X. An introduction to several methods of vicarism biogeography. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 1995, 3 (2) : 36-46.
- [33] Zhang M L. Historical biogeography: Theory and method. *Earth Science Frontiers*, 2000, 7(B08) : 33-44.
- [34] Michaux J, Reyes A, Catzeffis F. Evolutionary history of the most speciose mammals: molecular phylogeny of muroid rodents. *Molecular Biology and Evolution*, 2001, 18(11) : 2017-2031.
- [35] Din W, Anand R, Boursot P, Darviche D, Dod B, Jouvin-Marche E, Orth A, Talwar G P, Cazenave P A, Bonhomme F. Origin and radiation of the house mouse: clues from nuclear genes. *Journal of Evolutionary Biology*, 1996, 9(5) : 519-539.
- [36] Prager E M, Orrego C, Sage R D. Genetic variation and phylogeography of central Asian and other house mice, including a major new mitochondrial lineage in Yemen. *Genetics*, 1998, 150 (2) : 835-861.
- [37] Boursot P, Din W, Anand R, Darviche D, Dod B, Von Deimling F, Talwar G P, Bonhomme F. Origin and radiation of the house mouse: mitochondrial DNA phylogeny. *Journal of Evolutionary Biology*, 1996, 9(4) : 391-415.
- [38] Searle J B, Jamieson P M, Gündüz İ, Stevens M I, Jones E P,

Gemmill C E C, King C M. The diverse origins of New Zealand house mice. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2009, 276(1655): 209-217.

[39] Jansa S A, Goodman S M, Tucker P K. Molecular phylogeny and biogeography of the native rodents of Madagascar (Muridae: Nesomyinae): a test of the single-origin hypothesis. *Cladistics*, 1999, 15(3): 253-270.

[40] Hewitt G. The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature*, 2000, 405(6789): 907-913.

[41] Lister A M,. The impact of Quaternary Ice Ages on mammalian evolution. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2004, 359(1442): 221-241.

[42] Brunhoff C, Galbreath K E, Fedorov V B, Cook J A, Jaarola M. Holarctic phylogeography of the root vole (*Microtus oeconomus*): implications for late Quaternary biogeography of high latitudes. *Molecular Ecology*, 2003, 12(4): 957-968.

[43] Waltari E, Cook J A. Hares on ice: phylogeography and historical demographics of *Lepus arcticus*, *L. othus*, and *L. timidus* (Mammalia: Lagomorpha). *Molecular Ecology*, 2005, 14(10): 3005-3016.

[44] Grill A, Amori G, Aloise G, Lisi I, Tosi G, Wauters L A, Randi E. Molecular phylogeography of European *Sciurus vulgaris*: refuge within refugia? *Molecular Ecology*, 2009, 18(12): 2687-2699.

[45] Brouat C, Tatard C, Bâ K, Cosson J F, Dobigny G, Fichet-Calvet E, Granjon L, Lecompte E, Loiseau A, Mouline K, Piry S, Duplantier J M. Phylogeography of the Guinea multimammate mouse (*Mastomys erythroleucus*): a case study for Sahelian species in West Africa. *Journal of Biogeography*, 2009, 36(12): 2237-2250.

[46] Mouline K, Granjon L, Galan M, Tatard C, Abdoulaye D, Atteyine S A, Duplantier J M, Cosson J F. Phylogeography of a Sahelian rodent species *Mastomys huberti*: a Plio-Pleistocene story of emergence and colonization of humid habitats. *Molecular Ecology*, 2008, 17(4): 1036-1053.

[47] Riddle B R. Molecular biogeography in the pocket mice (*Perognathus* and *Chaetodipus*) and grasshopper mice (*Onychomys*): the late Cenozoic development of a North American aridlands rodent guild. *Journal of Mammalogy*, 1995, 76(2): 283-301.

[48] Voss R S, Hubbard C, Jansa S A. Phylogenetic relationships of New World porcupines (Rodentia, Erethizontidae): Implications for taxonomy, morphological evolution, and biogeography. *American Museum Novitates*, 2013, 3769(3769): 1-36.

[49] Faulkes C G, Verheyen E, Verheyen W, Jarvis J U M, Bennett N C. Phylogeographical patterns of genetic divergence and speciation in African mole-rats (Family: Bathyergidae). *Molecular Ecology*, 2004, 13(3): 613-629.

[50] MacKay J W B. Improving the success of mouse eradication attempts on islands. *ResearchSpace @ Auckland*, 2011.

[51] MacKay J W B, Alexander A, Hauber M E, Murphy E C, Clout M N. Does genetic variation among invasive house mice in New Zealand affect eradication success? *New Zealand Journal of Ecology*, 2013, 37(1): 18-25.

[52] Avise J C, Hamrick J L. *Conservation Genetics: Case Histories from Nature*. New York: Chapman & Hall, 1996.

[53] Ryder O A. Species conservation and systematics: the dilemma of subspecies. *Trends in Ecology & Evolution*, 1986, 1(1): 9-10.

[54] Moritz C. Defining ‘evolutionarily significant units’ for conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 1994, 9(10): 373-375.

[55] Latinne A, Waengsothorn S, Herbreteau V, Michaux J R. Evidence of complex phylogeographic structure for the threatened rodent *Leopoldamys neilli*, in Southeast Asia. *Conservation Genetics*, 2011, 12(6): 1495-1511.

[56] Lopes C M, de Freitas T R O. Human Impact in Naturally Patched Small Populations: Genetic Structure and Conservation of the Burrowing Rodent, Tuco-Tuco (*Ctenomys lami*). *Journal of Heredity*, 2012, 103(5): 672-681.

参考文献:

[1] 张荣祖. 历史生物地理学新趋势——分衍生物地理学 (Vicariance Biogeography). *动物学杂志*, 1990, 25(5): 47-49.

[6] 董路, 张雁云. 鸟类分子系统地理学研究进展. *生态学报*, 2011, 31(14): 4082-4093.

[29] 陈宜瑜, 刘焕章. 生物地理学的新进展. *生物学通报*, 1995, 30(6): 1-4.

[32] 张奠湘. 替代学派生物地理学几种研究方法简介. *热带亚热带植物学报*, 1995, 3(2): 36-46.

[33] 张明理. 历史生物地理学的理论和方法. *地学前缘*, 2000, 7(B08): 33-44.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.34 ,No.2 Jan. ,2014 (Semimonthly)
CONTENTS

Frontiers and Comprehensive Review

Effects of soil texture on variations of paddy soil physical and chemical properties under continuous no tillage GONG Dongqin, LÜ Jun (239)

Evaluation of the landscape patterns vulnerability and analysis of spatial correlation patterns in the lower reaches of Liaohe River Plain SUN Caizhi, YAN Xiaolu, ZHONG Jingqiu (247)

Effects of light and dissolved oxygen on the phenotypic plasticity of *Alternanthera philoxeroides* in submergence conditions XU Jianping, ZHANG Xiaoping, ZENG Bo, et al (258)

A review of the relationship between algae and bacteria in harmful algal blooms ZHOU Jin, CHEN Guofu, ZHU Xiaoshan, et al (269)

Biodiversity and research progress on picophytoplankton in saline lakes WANG Jiali, WANG Fang (282)

Effects of ozone stress on major plant physiological functions LIE Ganwen, YE Longhua, XUE Li (294)

The current progress in rodents molecular phylogeography LIU Zhu, XU Yanchun, RONG Ke, et al (307)

The progress in ecosystem services mapping: a review ZHANG Liwei, FU Bojie (316)

Autecology & Fundamentals

Growth, and cationic absorption, transportation and allocation of *Elaeagnus angustifolia* seedlings under NaCl stress LIU Zhengxiang, ZHANG Huaxin, YANG Xiuyan, et al (326)

Leaf morphology and PS II chlorophyll fluorescence parameters in leaves of *Sinosenecio jishouensis* in Different Habitats XIANG Fen, ZHOU Qiang, TIAN Xiangrong, et al (337)

Response of change of wheat LAI measured with LAI-2000 to the radiance WANG Yan, TIAN Qingjiu, SUN Shaojie, et al (345)

Effects of K⁺ and Cr⁶⁺ on larval development and survival rate of the acorn barnacle *Balanus reticulatus* HU Yufeng, YAN Tao, CAO Wenhao, et al (353)

Diffusion of colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata*, adults in field LI Chao, PENG He, CHENG Dengfa, et al (359)

Population, Community and Ecosystem

Seasonal variations in fish community structure in the Laizhou Bay and the Yellow River Estuary SUN Pengfei, SHAN Xiujuan, WU Qiang, et al (367)

Variations in fish community structure and diversity in the sections of the central and southern Yellow Sea SHAN Xiujuan, CHEN Yunlong, DAI Fangqun, et al (377)

Research on the difference in eutrophication state and indicator threshold value determination among lakes in the Southern Jiangsu Province, China CHEN Xiaohua, LI Xiaoping, WANG Feifei, et al (390)

Effect of tidal creek system on the expansion of the invasive *Spartina* in the coastal wetland of Yancheng HOU Minghang, LIU Hongyu, ZHANG Huabing (400)

The spatial and temporal variations of maximum light use efficiency and possible driving factors of Croplands in Jiangsu Province KANG Tingting, GAO Ping, JU Weimin, et al (410)

Simulation of summer maize yield influenced by potential drought in China during 1961—2010 CAO Yang, YANG Jie, XIONG Wei, et al (421)

Forest change and its impact on the quantity of oxygen release in Heilongjiang Province during the Past Century ZHANG Lijuan, JIANG Chunyan, MA Jun, et al (430)

Soil macro-faunal guild characteristics at different successional stages in the Songnen grassland of China	LI Xiaoqiang, YIN Xiuqin, SUN Lina (442)
Seasonal dynamics of soil microbial biomass in six forest types in Xiaoxing'an Mountains, China	LIU Chun, LIU Yankun, JIN Guangze (451)
Landscape, Regional and Global Ecology	
Variation of drought and regional response to climate change in Huang-Huai-Hai Plain ...	XU Jianwen, JU Hui, LIU Qin, et al (460)
Wind speed changes and its influencing factors in Southwestern China	ZHANG Zhibin, YANG Ying, ZHANG Xiaoping, et al (471)
Characteristics of soil carbon density distribution of the <i>Kobresia humilis</i> meadow in the Qinghai Lake basin	CAO Shengkui, CHEN Kelong, CAO Guangchao, et al (482)
Life cycle assessment of carbon footprint for rice production in Shanghai	CAO Liming, LI Maobai, WANG Xinqi, et al (491)
Research Notes	
Seasonal changes of ground vegetation characteristics under artificial <i>Caragana intermedia</i> plantations with age in desert steppe	LIU Rentao, CHAI Yongqing, XU Kun, et al (500)
The experimental study on trans-regional soil replacement	JIN Yinghua, XU Jiawei, QIN Lijie (509)
Sensitivity analysis of swat model on changes of landscape pattern: a case study from Lao Guanhe Watershed in Danjiangkou Reservoir Area	WEI Chong, SONG Xuan, CHEN Jie (517)

《生态学报》2014 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,探索生态学奥秘,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,280 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 34 卷 第 2 期 (2014 年 1 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 34 No. 2 (January, 2014)

编 辑 《生态学报》编辑部
地址:北京海淀区双清路 18 号
邮政编码:100085
电话:(010)62941099
www.ecologica.cn
shengtaixuebao@rcees.ac.cn

主 编 王如松

主 管 中国科学技术协会

主 办 中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心
地址:北京海淀区双清路 18 号
邮政编码:100085

出 版 科 学 出 版 社
地址:北京东黄城根北街 16 号
邮政编码:100717

印 刷 北京北林印刷厂

发 行 科 学 出 版 社
地址:东黄城根北街 16 号
邮政编码:100717
电话:(010)64034563
E-mail: journal@cspg.net

订 购 全国各地邮局

国外发行 中国国际图书贸易总公司
地址:北京 399 信箱
邮政编码:100044

广告经营 京海工商广字第 8013 号

许 可 证

Edited by Editorial board of
ACTA ECOLOGICA SINICA
Add: 18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
Tel: (010)62941099
www.ecologica.cn
shengtaixuebao@rcees.ac.cn

Editor-in-chief WANG Rusong

Supervised by China Association for Science and Technology

Sponsored by Ecological Society of China
Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS
Add: 18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China

Published by Science Press
Add: 16 Donghuangchenggen North Street,
Beijing 100717, China

Printed by Beijing Bei Lin Printing House,
Beijing 100083, China

Distributed by Science Press
Add: 16 Donghuangchenggen North
Street, Beijing 100717, China
Tel: (010)64034563
E-mail: journal@cspg.net

Domestic All Local Post Offices in China

Foreign China International Book Trading
Corporation
Add: P. O. Box 399 Beijing 100044, China

