

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

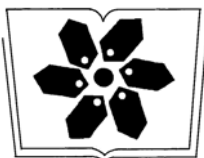
Acta Ecologica Sinica



第 33 卷 第 24 期 Vol.33 No.24 **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 24 期 2013 年 12 月 (半月刊)

目 次

前沿理论与学科综述

- 中国南方红壤生态系统面临的问题及对策 赵其国, 黄国勤, 马艳芹 (7615)
- 《生态学基础》: 对生态学从传统向现代的推进——纪念 E.P. 奥德姆诞辰 100 周年
..... 包庆德, 张秀芬 (7623)
- 食物链长度理论研究进展 张 欢, 何 亮, 张培育, 等 (7630)

个体与基础生态

- 天山盘羊夏季采食地和卧息地生境选择 李 叶, 余玉群, 史 军, 等 (7644)
- 松果梢斑螟对虫害诱导寄主防御的抑制作用 张 晓, 李秀玲, 李新岗, 等 (7651)
- 菹草附着物对营养盐浓度的响应及其与菹草衰亡的关系 魏宏农, 潘建林, 赵 凯, 等 (7661)
- 濒危高原植物羌活化学成分与生态因子的相关性 黄林芳, 李文涛, 王 珍, 等 (7667)
- 四年 O₃ 熏气对小麦根际土壤氮素微生物转化的影响 吴芳芳, 郑有飞, 吴荣军, 等 (7679)
- 重金属 Cd²⁺ 和 Cu²⁺ 胁迫下泥蚶消化酶活性的变化 陈肖肖, 高业田, 吴洪喜, 等 (7690)

种群、群落和生态系统

- 不同生境中橘小实蝇种群动态及密度的差异 郑思宁 (7699)
- 亚热带樟树-马尾松混交林凋落物量及养分动态特征 李忠文, 闫文德, 郑 威, 等 (7707)

景观、区域和全球生态

- 中国陆地生态系统通量观测站点空间代表性 王绍强, 陈蝶聪, 周 蕾, 等 (7715)
- 雅鲁藏布江流域 NDVI 变化与风沙化土地演变的耦合关系 李海东, 沈渭寿, 蔡博峰, 等 (7729)
- 高精度遥感影像下农牧交错带小流域景观特征的粒度效应 张庆印, 樊 军 (7739)
- 高寒草原土壤有机碳及土壤碳库管理指数的变化 蔡晓布, 于宝政, 彭岳林, 等 (7748)
- 芦芽山亚高山草甸、云杉林土壤有机碳、全氮含量的小尺度空间异质性
..... 武小钢, 郭晋平, 田旭平, 等 (7756)
- 湘中丘陵区不同演替阶段森林土壤活性有机碳库特征 孙伟军, 方 晰, 项文化, 等 (7765)
- 东北黑土区片蚀和沟蚀对土壤团聚体流失的影响 姜义亮, 郑粉莉, 王 彬, 等 (7774)
- 滇西北高原纳帕海湿地土壤氮矿化特征 解成杰, 郭雪莲, 余磊朝, 等 (7782)
- 红壤区桉树人工林炼山后土壤肥力变化及其生态评价 杨尚东, 吴 俊, 谭宏伟, 等 (7788)
- 2000—2010 年黄河流域植被覆盖的时空变化 袁丽华, 蒋卫国, 申文明, 等 (7798)
- 庐山森林景观格局变化的长期动态模拟 梁艳艳, 周年兴, 谢慧玮, 等 (7807)

暖温带-北亚热带生态过渡区物种生境相关性分析 袁志良,陈 云,韦博良,等 (7819)

不同生境和去趋势方法下的祁连山柏径向生长对气候的响应 张瑞波,袁玉江,魏文寿,等 (7827)

资源与产业生态

大小兴安岭生态资产变化格局 马立新,覃雪波,孙 楠,等 (7838)

生态环境移动数据采集系统研究与实现 申文明,孙中平,张 雪,等 (7846)

城乡与社会生态

城市遥感生态指数的创建及其应用 徐涵秋 (7853)

研究简报

大明竹属遗传多样性 ISSR 分析及 DNA 指纹图谱研究 黄树军,陈礼光,肖永太,等 (7863)

干旱胁迫下 4 种常用植物幼苗的光合和荧光特性综合评价 卢广超,许建新,薛 立,等 (7872)

基于 ITS2 和 16S rRNA 的西施舌群体遗传差异分析 孟学平,申 欣,赵娜娜,等 (7882)

两种苔藓无机碳利用对温度响应的机制 徐军田,王学文,钟志海,等 (7892)

北京山区侧柏林冠层对降雨动力学特征的影响 史 宇,余新晓,张建辉,等 (7898)

学术信息与动态

景观生态学研究:传统领域的坚守与新兴领域的探索——2013 厦门景观生态学论坛述评
..... 杨德伟,赵文武,吕一河 (7908)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 296 * zh * P * ¥ 90.00 * 1510 * 33 * 2013-12



封面图说:黄土丘陵农牧交错带——黄土丘陵是中国黄土高原的主要地貌形态,由于黄土质地疏松,加之雨季集中,降水强度较大,地表流水冲刷形成很多沟谷,斜坡所占的面积很大。这里千百年来的农牧交错作业,地表植被和生态系统均遭受了严重的破坏。利用高精度影像对小流域景观的研究表明,这里耕地、林地和水域景观相对比较规则简单,荒草地和人工草地景观比较复杂。农牧交错带小流域景观形态具有分形特征,各类景观斑块的分维数对粒度变化的响应不同,分维数随粒度的增大呈非线性下降趋势。

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/stxb201304100663

黄树军,陈礼光,肖永太,荣俊冬,黄婷,何天友,郑郁善.大明竹属遗传多样性 ISSR 分析及 DNA 指纹图谱研究.生态学报,2013,33(24):7863-7871.

Huang S J, Chen L G, Xiao Y T, Rong J D, Huang T, He T Y, Zheng Y S. Genetic diversity and DNA fingerprint of *Pleioblastus* by ISSR. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(24): 7863-7871.

大明竹属遗传多样性 ISSR 分析及 DNA 指纹图谱研究

黄树军¹, 陈礼光¹, 肖永太², 荣俊冬¹, 黄 婷¹, 何天友², 郑郁善^{1,2,*}

(1. 福建农林大学林学院, 福州 350002; 2. 福建农林大学园林学院, 福州 350002)

摘要:利用对竹类有较好多态性的 18 条引物及已优化的 ISSR 反应体系和扩增程序,分析大明竹属 25 种竹的遗传多样性。研究结果:共扩增出重复性好的多态位点高达 88.3%,平均每个引物扩增 8.61 个,DNA 分子量在 160—3000 bp,此 25 种竹类的平均遗传距离为 0.5006,变异幅度为 0.1486—0.7191,说明大明竹属具有高的遗传多样性,种间遗传相对复杂。ISSR 结果聚类分析,在遗传距离 0.5396 处将 25 种竹划分为 3 类,与形态分类结果大致一致,说明 ISSR 技术能精确检测大明竹属部分植物的遗传多样性及亲缘关系,有助于该属的分类。试验用 U807、U815、U835、U836、U840、U841、U844 7 条引物构建大明竹属 25 种竹的数字指纹识别码,为大明竹属部分植物的分类及种质鉴定提供参考。

关键词:大明竹属;遗传多样性;ISSR 标记;DNA 指纹图谱

Genetic diversity and DNA fingerprint of *Pleioblastus* by ISSR

HUANG Shujun¹, CHEN Liguang¹, XIAO Yongtai², RONG Jundong¹, HUANG Ting¹, HE Tianyou², ZHENG Yushan^{1,2,*}

1 College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China

2 College of Landscape, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China

Abstract: At present, there are more than one hundred scientific name all over the world and about twenty interiorly of *Pleioblastus* (Bambusoideae). Because of its graceful form, *Pleioblastus* can be used as landscaping and garden landscape, much more attention has been paid to its ecological and economical values. With the rapid development of modern molecular biology techniques, the molecular marker technology has widely been used in the aspect of bamboo taxonomy and genetic diversity, such as assistant classification at the molecular level, which is in favor of solving classification disputes and important to identify the germplasm resources. Recently, some *Pleioblastus* classifications have been quite controversial in the academic field, and just a few researches about applying molecular marker technology to genetic relationships in bamboo species have been covered. As is known to all, ISSR (Inter simple sequence repeats) is proposed by Zietkiewicz, better at stability and polymorphism, easy to operate, with low technical requirements and cost, and the ideal molecular marker technology to construct DNA fingerprinting. Currently, ISSR has been widely used to the identification of varieties, analysis of genetic diversity and so on.

Utilizing 18 screened primers with better polymorphism on bamboo and optimized ISSR reaction system and amplification program in this paper, the genetic diversities of twenty-five kinds of bamboo in *Pleioblastus* were analyzed, including *P. china* f. *hisauchii*, *P. gramineus* (Bean) Nakai, *P. amarus* (Keng) Keng f. var. *pendulifolius* S.Y.Chen, *P. amarus* (Keng) Keng f. var. *subglabratus* S.Y.Chen, *P. qingyuanensis*, *P. chino* f. *angustifolius*, *P. suichangensis*, *P. simonii* f. *albostriatus*, *P. longifimbriatus* S.Y.Chen, *P. dokgyoamus*, *P. oleosus* Wen, *P. amarus* var. (Keng) Keng f. var.

基金项目:福建省科技重点资助项目(2009N0006);福建省科技重大资助项目(2011N5002)

收稿日期:2013-04-10; 修订日期:2013-09-13

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zys1960@163.com

hangzhouensis S. L. Chen et S. Y. Chen (accepted name), *P. amarus* (Keng) Keng f., *P. kongosanensis* f. *aureostriatus*, *P. gozadakensis* Nakai, *P. hsienchuensis* Wen, *P. yunhoensis*, *P. maculatus* (McClure) C. D. Chu et C. S. Chao, *P. juxianensis* Wen, *P. intermedius* S. Y. Chen, *P. maculosoides* Wen, *P. yixingensis* S. L. Chen et, *P. longifimbriatus* S. Y. Chen, *P. graminens* f. *manstopiral*, *P. rugatus* Wen et S. Y. Chen.

The results showed that Eighteen ISSR primers amplified 155 DNA fragments, of which 137 (88.3%) showed polymorphic with good repeatability among the populations, which was to say “each primer amplified 8.61”. The DNA molecular weight was from 160 bp to 3000 bp. The average genetic distance of twenty-five kinds of bamboo in *Pleioblastus* was 0.5006, and the variation of its genetic distance was from 0.1486 to 0.7191, which indicated that the *Pleioblastus* were in a high genetic diversity, and relatively complex interspecific genetic. At the same time, ISSR cluster analysis revealed that the bamboos were divided into three categories at genetic distance 0.5396, and the results were generally consistent with the morphological classification, which illustrated that ISSR technology detected accurately genetic diversity and genetic relationship of some plants in *Pleioblastus*, to contribute to the classification of the genus. In the study, digital fingerprint identification code of twenty-five bamboos in *Pleioblastus* were built with 7 primers (U807, U815, U835, U836, U840, U841, U844), it will provide reference for classification and germplasm identification of some plants in *Pleioblastus*.

Key Words: *Pleioblastus*; genetic diversity; ISSR markers; DNA fingerprint

大明竹属(*Pleioblastus*) 隶属竹亚科(*Bambusoideae*), 主要分布东南亚, 目前已发表的学名有 100 余种, 我国有 20 余种, 零散分布, 长江中下游居多^[1]。该属竹笋可食, 但味苦, 竹竿通直壁厚, 可作毛笔杆、伞柄、支架等用。一些竹如川竹[*P. simonii* (Carriere) Naka]、大明竹[*P. gramineus* (Bean) Nakai] 等的形态优美, 被广泛用于园林绿化及庭院景观。该属的生态和经济价值越来越受人们关注。

竹类植物的生长发育规律都较为特殊, 以花、果实等形态为主的传统植物分类方法对竹子分类复杂困难, 竹子分类不一^[2-4], 在学术上颇有争议^[5]。随现代分子生物技术的飞速发展, 分子标记技术在竹子分类及遗传多样性研究得到了广泛应用^[6-11], 分子标记可检测部分竹种的基因差异, 在分子水平上辅助分类^[12], 助于解决分类争议, 对鉴定种质资源起重要作用。近年来, 常用的分子标记有 RFLP、RAPD、AFLP、ISSR、SSR、SNP 等。简单重复序列间扩增 (ISSR) 是由 Zietkiewicz 提出, 有较好的稳定性和多态性^[13-14], 其技术要求低, 操作简便, 成本低, 是构建基因图谱理想的分子标记技术。ISSR 技术已广泛应用于鉴定品种、分析遗传多样性、绘制指纹图谱等研究领域^[15-18]。目前大明竹属的部分植物分类还存在争议^[19], 应用分子标记技术大明竹属植物种间亲缘关系的研究报道不多。本试验利用 ISSR 技术分析大明竹属 25 个种的遗传多样性, 并用引物构建 25 个种的 DNA 数字指纹识别码, 为大明竹属部分竹种分类提供相关依据。

1 材料和方法

1.1 材料

在福建农林大学百竹园取大明竹属 25 个种含变种的嫩竹叶, 每种取样 3—5 株, 用放变色硅胶的冰壶干燥保鲜, 并速带回置于 -80 °C 低温保存, 以备提取 DNA。ISSR 引物为哥伦比亚大学公布的 100 条中经筛选对 25 个种具有较好多态性的 18 条 (见表 1)。25 个竹种依次编号 (1—25) 为: 长叶苦竹 *P. china* f. *hisauchii*、大明竹 *P. gramineus* (Bean) Nakai、垂枝苦竹 *P. amarus* (Keng) Keng f. var. *pendulifolius* S. Y. Chen、光箨苦竹 *P. amarus* (Keng) Keng f. var. *subglabratus* S. Y. Chen、庆元苦竹 *P. qingyuanensis*、白纹东根世 *P. chino* f. *angustifolius*、遂昌苦竹 *P. suichangensis*、白纹女竹 *P. simonii* f. *albostratus*、硬头苦竹 *P. longifimbriatus* S. Y. Chen、橙绿鞘苦竹 *P. dokgyoamus*、油苦竹 *P. oleosus* Wen、杭州苦竹 *P. amarus* var. (Keng) Keng f. var. *hangzhouensis* S. L. Chen et S. Y. Chen (accepted name)、苦竹 *P. amarus* (Keng) Keng f.、黄条金刚竹 *P. kongosanensis* f. *aureostriatus*、秋竹 *P. gozadakensis* Nakai、仙居苦竹 *P. hsienchuensis* Wen、云和苦竹 *P. yunhoensis*、斑苦竹 *P. maculatus* (McClure) C. D. Chu et C. S. Chao、衢县苦竹 *P. juxianensis* Wen、华丝竹 *P. intermedius* S. Y. Chen、丽水

苦竹 *P. maculosoides* Wen、宜兴苦竹 *P. yixingensis* S.L.Chen et、实心苦竹 *P. longifimbriatus* S.Y.Chen、螺节竹 *P. graminens f. manstopiral*、皱苦竹 *P. rugatus* Wen et S.Y.Chen。

1.2 主要试剂和仪器

10×PCR Buffer、DNA ladder Marker、dNTPs Mixture(各 2.5 mmol/L)、ISSR 引物、*Taq* DNA 聚合酶、RNA 酶、 $MgCl_2$ 、琼脂糖(Agarose)等购于上海生工生物工程技术有限公司(Sangon);核酸染料 Gold View 购于上海赛百盛公司;液氮购于福建省福州市第二化工厂;乙二胺四乙酸二钠($EDTA_{Na_2}$)、三羟基氨基甲烷(Tris)、硼酸、溴酚蓝、无水乙醇、蔗糖等为国产分析纯。主要实验仪器为:圣欧国际有限公司的 LabCycler PCR、上海培清科技有限公司的 JS-680 全自动数码凝胶成像分析仪、北京六一仪器厂 DYY-8C 电泳仪等。

1.3 方法

1.3.1 DNA 的提取

大明竹属 DNA 的提取采用杭州博日公司 Biospin 植物基因组 DNA 提取试剂盒(Cat#BSCI3S1),在含有 Gold View 核酸染料的 1.0%琼脂糖凝胶电泳,缓冲液为 1×TBE,电泳电压为 5 V/cm,电泳时间 30 min,并用凝胶成像分析仪检测 DNA 的完整性。用紫外分光光度计测定 DNA 纯度及浓度。显示 DNA 质量完好,条带明亮清晰完整,纯度合格,满足试验要求,于-20 °C 冰箱保存。

1.3.2 ISSR-PCR 反应体系和扩增程序

查阅资料^[20],PCR 设定反应体积 20 μ L,40 ng 模板 DNA、0.5 μ mol/L 引物、0.5 mmol/L dNTPs、2 μ L 的 10×PCR Buffer、1.0 U *Taq* DNA 聚合酶、2.0 mmol/L Mg^{2+} 。筛选时所应用的扩增程序固定为:94 °C 预变性 5 min,94 °C 变性 30 s,55 °C 复性 30 s,72 °C 延伸 90 s,循环 40 次,72 °C 延伸 7 min,4 °C 结束。以大明竹 DNA 样品为模板,利用 UBC811 引物优化 ISSR 扩增体系。以设定的原初体系为基础,单因素设计不同梯度的 Mg^{2+} 、*Taq* DNA、引物、dNTPs、模板 DNA 浓度,每次改变其中某一因素优化其体系。

经筛选,确定大明竹属部分植物的 ISSR-PCR 反应体系为 20 μ L 体系:2 μ L 的 10×Buffer;0.15 mmol/L 的 dNTPs;0.5 μ mol/L 的引物;2.5 mmol/L 的 $MgCl_2$;50 ng/20 μ L 的模板 DNA;1.0 U 的 *Taq* DNA 聚合酶;10.6 μ L 的灭菌 ddH₂O。其 ISSR 扩增程序为:94 °C 预变性 5 min,94 °C 变性 60 s,55 °C 复性 45 s,72 °C 延伸 90 s,循环 40 次,72 °C 延伸 7 min,4 °C 结束。PCR 产物检测用 1.5%琼脂糖凝胶电泳 1 h,电压 80 V,核酸染料染色,在紫外凝胶成像分析仪拍照观察。

1.3.3 ISSR 有效引物的筛选及反应体系的检验

用 100 条随机引物对任意一份 DNA 样品在优化的反应体系及扩增程序扩增以筛选引物,引物需符合(1)条带清晰,不模糊,不弥散;(2)空白中无或少假带;(3)对所有样品均有质量好的条带。最后,以 25 种竹子的 DNA 作为模版,用筛选的 18 条引物检验有效引物及反应体系(图 1)。

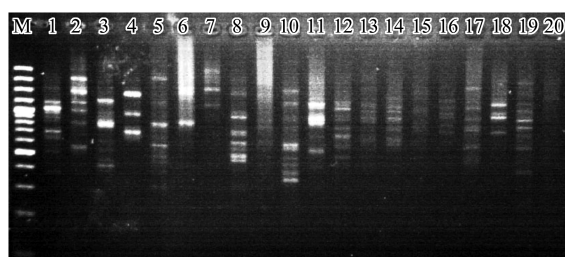


图 1 大明竹属植物 ISSR 部分引物筛选图

Fig.1 Preliminary selection of some ISSR primers on *Pleioblastus*

1.4 ISSR 条带分析与数据统计

ISSR 条带分析结果的记录过程,不能只依据带的

强弱取舍位点,位点的带应具较好的可重复性,对弱带的处理方式:若重复性好,仅因升高退火温度而消失,则视为退火位点不完全匹配造成,可记录;而弱带无规律可能为产物间退火、非专一性扩增或其他人为因素导致,不可记录。

采用 Jaccard 公式计算不同物种间随机扩增多态 DNA 片段相似性: $F = 2N_{xy} / (N_x + N_y)$,式中 F 为共享度, N_{xy} 为物种 X 和物种 Y 共有的 DNA 片段数, N_x 和 N_y 分别为物种 X 和物种 Y 的 DNA 片段数,任意两物种间的遗传距离(P)根据其共享的 ISSR 片段相似性 D 来计算, $D = -\ln F$ ^[21]。

ISSR 扩增带用“1”和“0”表示有或无,建立数据库。利用 DPS 7.05 软件统计分析,根据遗传距离(P)采

用 UPGMA 类平均法进行聚类分析,建立分析树状图。

2 结果与分析

2.1 大明竹属 25 种竹不同引物的 ISSR 标记多态性分析

利用筛选的 18 条引物对 25 种竹 ISSR 分析,引物的碱基序列如表 1 所示。多态位点百分率是衡量一个群体内遗传变异水平高低的重要指标,某群体的比值若高,则说明该群体的环境适应性强;反之则弱,经长期进化容易被淘汰。18 条引物在供试样品中共扩增出 155 个位点,其中多态位点 137 个,每个引物平均扩增 8.61 个位点,多态位点有 7.61 个,多态位点占扩增位点 88.3%。说明大明竹属种间有较大的遗传差异,该属作为一个群体具有强的环境适应能力。18 条引物对 25 种竹共扩增条带 1816 条,每条引物平均扩增条带 100.88 条,部分引物扩增如图 2—图 3 所示。扩增的 DNA 片段分子量在 160—3000 bp 之间。

表 1 大明竹属 ISSR 分析引物

Table 1 The sequence of ISSR primers on *Pleioblastus*

引物 Primer	引物序列(5'-3') Sequence of primer	引物 Primer	引物序列(5'-3') Sequence of primer
UBC807	AGAGAGAGAGAGAGT	UBC810	GAGAGAGAGAGAGAGA
UBC811	GAGAGAGAGAGAGAC	UBC812	GAGAGAGAGAGAGAGAA
UBC815	CTCTCTCTCTCTCTG	UBC825	ACACACACACACACAC
UBC826	ACACACACACACACACC	UBC827	ACACACACACACACACG
UBC828	TGTGTGTGTGTGTGTGA	UBC835	AGAGAGAGAGAGAGAGYC
UBC836	AGAGAGAGAGAGAGGYA	UBC840	GAGAGAGAGAGAGAGAYT
UBC841	GAGAGAGAGAGAGAGYC	UBC843	CTCTCTCTCTCTCTCTRA
UBC844	CTCTCTCTCTCTCTCTRC	UBC888	BDBCACACACACACACA
UBC889	DBDACACACACACACAC	UBC895	AGAGTTGGTAGCTCTTGATC

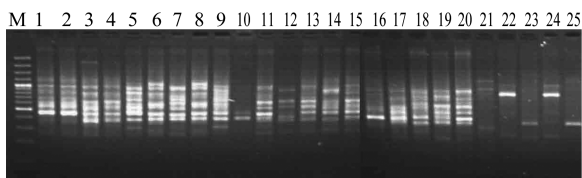


图 2 引物 U807 对 25 个大明竹属样品的 ISSR 扩增电泳图谱

Fig.2 The 25 samples for *Pleioblastus* amplified by ISSR U807

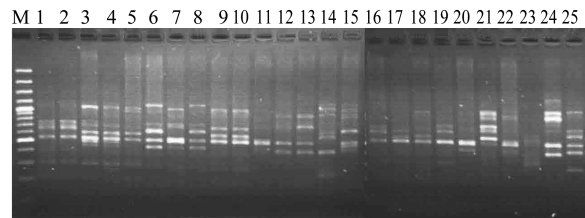


图 3 引物 U810 对 25 个大明竹属样品的 ISSR 扩增电泳图谱

Fig.3 The 25 samples for *Pleioblastus* amplified by ISSR U810

2.2 大明竹属部分竹类种间遗传距离及遗传多样性分析

通过比较扩增条带有无、数量及带型差异来分析种间的遗传多样性及亲缘关系。差异条带数量多,带型变化大,说明竹种间的遗传距离大,遗传多样性丰富,亲缘关系则较远,反之,遗传距离就小,亲缘关系则近。亲缘关系可通过遗传距离(0—1 之间)来判定,若为 1,则亲缘关系完全一样,若为 0 则无亲缘关系。依据 18 条引物扩增结果,量化基因组指纹图谱为数据矩阵,用 Jaccard 公式计算种间的遗传距离(表 2)。大明竹属 25 种竹的平均遗传距离为 0.5006,变异幅度在 0.1486—0.7191 之间,其遗传距离的平均值及变异幅度均较高,说明大明竹属具有较高的遗传多样性,表明该属在遗传进化过程,受各类因素影响,或地理位置变迁,或气候变化,种间的基因组 DNA 发生了变异,从而构成丰富的基因库。从 DNA 水平分析,若种间遗传距离的变异幅度大,则说明其遗传分化大,遗传多样性高,遗传背景复杂,该属的遗传距离大多在 0.5 范围内,说明了该属在遗传上的相对稳定性。表 2 可知同一竹种的变种的种间遗传距离小,不同种的种间遗传距离较大,大明竹亚属中的长叶苦竹、大明竹、螺节竹与苦竹组有较大的遗传距离,川竹亚属苦竹组的种间遗传距离小。种间遗传距离显示,大明竹属 25 种竹的亲缘关系与形态分类的分类结果基本一致,说明该形态分类方法比较合理,且用 ISSR 分析在分子水平检测该属部分植物的种间遗传多样性较为可靠。

表 2 大明竹不同种的遗传相似性(对角线上方)与遗传距离(对角线下方)

Table 2 Genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) of the 25 bamboo species of <i>Pleioblastus</i> analyzed by dps 7.05 software																									
样品 Sample	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
1	***	0.8553	0.6022	0.5506	0.5165	0.5102	0.5455	0.5258	0.41	0.4167	0.4842	0.4082	0.402	0.4388	0.4896	0.5116	0.5109	0.4737	0.48	0.449	0.3673	0.3402	0.3871	0.4021	0.3936
2	0.1618	***	0.6596	0.5761	0.5426	0.5347	0.5385	0.5347	0.4369	0.43	0.48	0.4356	0.4563	0.4653	0.5306	0.5393	0.4898	0.4848	0.5196	0.4608	0.3824	0.3564	0.3878	0.43	0.3663
3	0.4353	0.3721	***	0.8659	0.663	0.5825	0.6311	0.598	0.5758	0.5408	0.5294	0.4854	0.5048	0.5146	0.5644	0.5104	0.5876	0.6489	0.6139	0.5545	0.4466	0.4078	0.44	0.4245	0.4747
4	0.4938	0.4643	0.1486	***	0.6706	0.567	0.5859	0.5833	0.5591	0.5217	0.5104	0.4792	0.4848	0.5104	0.5474	0.5056	0.5889	0.6	0.567	0.5052	0.4526	0.4105	0.4149	0.4286	0.4516
5	0.5301	0.5	0.369	0.3636	***	0.6522	0.602	0.617	0.5591	0.5054	0.5263	0.5269	0.5638	0.5104	0.5806	0.5581	0.5714	0.6552	0.617	0.587	0.5506	0.4255	0.5287	0.4583	0.5
6	0.5333	0.5054	0.4526	0.4719	0.381	***	0.6869	0.8409	0.5347	0.4706	0.5049	0.505	0.5392	0.5196	0.5859	0.5158	0.5938	0.5556	0.5577	0.6082	0.5258	0.4118	0.4742	0.5152	0.5263
7	0.4945	0.5	0.4	0.4505	0.4333	0.3407	***	0.7396	0.6162	0.5657	0.6495	0.5243	0.5283	0.4953	0.5283	0.5204	0.6122	0.6061	0.6058	0.6429	0.53	0.4327	0.5417	0.4762	0.5306
8	0.5169	0.5054	0.4362	0.4545	0.4186	0.175	0.2841	***	0.5816	0.5152	0.5347	0.52	0.5243	0.5347	0.57	0.5319	0.6105	0.54	0.5728	0.6421	0.48	0.44	0.4742	0.5	0.5426
9	0.6413	0.6105	0.4615	0.4824	0.4824	0.5054	0.4176	0.4556	***	0.8101	0.5417	0.5263	0.5625	0.5417	0.5625	0.4271	0.5532	0.6897	0.55	0.5521	0.5495	0.4891	0.4624	0.4444	0.5333
10	0.6364	0.6196	0.5	0.5238	0.5412	0.5745	0.4725	0.5275	0.2113	***	0.4742	0.4583	0.4646	0.4592	0.4796	0.4348	0.5326	0.6136	0.5152	0.4845	0.5455	0.4667	0.4396	0.4526	0.5465
11	0.5632	0.5652	0.5106	0.5341	0.5172	0.5368	0.382	0.5054	0.5	0.573	***	0.6477	0.5957	0.5258	0.5957	0.5055	0.587	0.5978	0.6489	0.6932	0.4536	0.4574	0.6	0.4592	0.5
12	0.6444	0.6129	0.5579	0.5682	0.5176	0.5376	0.5158	0.5217	0.5172	0.5909	0.3875	***	0.8375	0.6111	0.7294	0.4725	0.5376	0.5158	0.567	0.5368	0.4526	0.4725	0.4149	0.4286	0.4211
13	0.6489	0.5895	0.5361	0.5604	0.4767	0.5	0.5102	0.5158	0.4773	0.5824	0.4419	0.1806	***	0.6854	0.7674	0.4632	0.5417	0.5851	0.602	0.5408	0.5213	0.4632	0.4375	0.4646	0.4433
14	0.6111	0.5806	0.5263	0.5341	0.5341	0.5213	0.5455	0.5054	0.5	0.5889	0.5169	0.4268	0.3457	***	0.7647	0.4271	0.5052	0.5638	0.55	0.49	0.4688	0.4891	0.4316	0.4592	0.4375
15	0.5568	0.5111	0.4731	0.4943	0.4588	0.4505	0.5102	0.4674	0.4773	0.5667	0.4419	0.2987	0.2564	0.2597	***	0.5618	0.6087	0.6196	0.6526	0.5729	0.5053	0.4479	0.5	0.4796	0.4737
16	0.5385	0.5062	0.5341	0.5432	0.4872	0.5287	0.5222	0.5116	0.625	0.619	0.5422	0.5783	0.5862	0.625	0.4815	***	0.6875	0.5814	0.618	0.6235	0.4607	0.4157	0.5432	0.4194	0.4941
17	0.5357	0.5556	0.4494	0.4512	0.4699	0.4432	0.4222	0.4253	0.4884	0.5119	0.4524	0.5059	0.5	0.5393	0.4286	0.3472	***	0.7262	0.7386	0.6897	0.5795	0.4674	0.5581	0.4242	0.5632
18	0.5747	0.5604	0.3837	0.439	0.3797	0.4835	0.4286	0.5	0.3418	0.425	0.4405	0.5287	0.4535	0.4767	0.4167	0.4615	0.3026	***	0.7303	0.7011	0.5909	0.5281	0.5882	0.4947	0.6118
19	0.5652	0.5213	0.4194	0.4719	0.4186	0.4792	0.4271	0.4632	0.4891	0.5275	0.3837	0.4719	0.4333	0.4891	0.3793	0.4198	0.2875	0.2963	***	0.7333	0.5914	0.5	0.6067	0.4706	0.5104
20	0.6	0.5851	0.4839	0.5393	0.4524	0.427	0.3889	0.3908	0.4886	0.5618	0.3375	0.5057	0.5	0.5543	0.4659	0.4156	0.3418	0.3291	0.2927	***	0.5435	0.5333	0.6707	0.5	0.5795
21	0.6889	0.6702	0.6	0.5977	0.4938	0.5169	0.5109	0.5652	0.494	0.5	0.5955	0.5977	0.5233	0.5795	0.5402	0.5926	0.4625	0.45	0.4471	0.5	***	0.5854	0.5542	0.5632	0.5595
22	0.7191	0.6989	0.6421	0.6437	0.6279	0.6383	0.6146	0.6087	0.5595	0.5854	0.593	0.5783	0.5862	0.5595	0.6023	0.642	0.5833	0.5185	0.5455	0.5122	0.4595	***	0.4706	0.6709	0.4767
23	0.6706	0.6667	0.6087	0.6395	0.519	0.573	0.5	0.573	0.5882	0.6145	0.4416	0.6395	0.6136	0.6207	0.5476	0.5068	0.4872	0.4545	0.4321	0.3649	0.4933	0.5844	***	0.4719	0.6154
24	0.6517	0.6196	0.6224	0.6222	0.5909	0.5275	0.567	0.5435	0.6044	0.5977	0.5889	0.6222	0.5824	0.5889	0.5667	0.6353	0.6264	0.5517	0.5745	0.5455	0.481	0.3662	0.5802	***	0.5287
25	0.6628	0.6882	0.5714	0.6	0.5488	0.5172	0.5111	0.5	0.5122	0.5	0.5476	0.6322	0.6067	0.6136	0.5747	0.5584	0.481	0.4286	0.5341	0.4625	0.4868	0.5769	0.4286	0.519	***

2.3 大明竹属 25 种竹的聚类分析

对扩增结果形成的基因型原始数据矩阵,运用 DPS 7.05 软件分析大明竹属亲缘关系,根据遗传距离采用 Nei_Li 最长距离法聚类分析,建立聚类分析树状图(图 4,表 3)。

聚类结果表明:大明竹、长叶苦竹的遗传距离最近 0.1618,先聚为第一类;在 0.3662 处宜兴苦竹、螺节竹聚为一起,并在 0.4702 处与丽水苦竹聚为第二类;在 0.1618 处同为苦竹变种的垂枝苦竹和光箨苦竹聚为一起,并在 0.3665 处与庆元苦竹聚为一枝;白纹东根世、白纹女竹在 0.1750 处聚在一起,并在 0.3124 处与遂昌苦竹聚为一枝;上述两枝在 0.4332 处聚为一枝;在 0.2113 处硬头苦竹、橈绿鞘苦竹聚在一枝;在 0.3319 处,杭州苦竹、苦竹、黄条金刚竹、秋竹聚为一枝;在 0.4286 处实心苦竹与皱苦竹聚为一枝;在 0.4337 处,油苦竹、云和苦竹、衢县苦竹、斑苦竹、华思竹、仙居苦竹聚为一枝;以上几枝最终在 0.5396 处合聚为第三类。在图 4 画线处(0.5396)可将 25 种竹划分为 3 组,即第 1 组遗传距离为 0.1618:长叶苦竹和大明竹;第 2 组遗传距离为 0.4702:丽水苦竹、宜兴苦竹及螺节竹;第 3 组遗传距离为 0.5634:垂枝苦竹、光箨苦竹、庆元苦竹、白纹东根世、白纹女竹、杭州苦竹、苦竹、硬头苦竹、橈绿鞘苦竹、黄条金刚竹、秋竹、云和苦竹、衢县苦竹、斑苦竹、遂昌苦竹、华思竹、油苦竹、仙居苦竹、实心苦竹和皱苦竹。

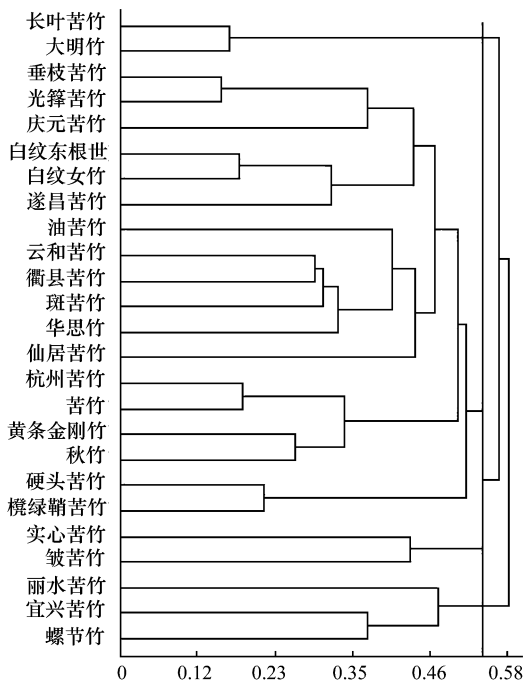


图 4 25 个大明竹属竹种间的聚类树状图

Fig. 4 Dendrogram of the cluster of 25 bamboo species of *Pleioblastus* based on ISSR markers

表 3 大明竹属植物个体的聚类次序及距离

Table 3 Clustering order and genetic distance of the 25 bamboo species of <i>Pleioblastus</i>			
T Number	I Linked level	J Indexing of cluterling order	距离 Distance
1	4	3	0.1486
2	2	1	0.1618
3	8	6	0.1750
4	13	12	0.1806
5	10	9	0.2113
6	15	14	0.2597
7	19	17	0.2875
8	18	17	0.2995
9	7	6	0.3124
10	20	17	0.3212
11	14	12	0.3319
12	24	22	0.3662
13	5	3	0.3663
14	17	11	0.4035
15	25	23	0.4286
16	6	3	0.4332
17	16	11	0.4373
18	11	3	0.4653
19	22	21	0.4702
20	12	3	0.5010
21	9	3	0.5124
22	23	3	0.5396
23	3	1	0.5618
24	21	1	0.5766

2.4 大明竹属 25 种竹基于 ISSR 技术的 DNA 数字指纹识别码

研究得出用 U807、U815 及 U835 可鉴定大明竹属 25 个竹种,还可与有较高多态性的 U836、U840、U841 和 U844 的 4 条引物共同构建大明竹属 25 种竹的 DNA 数字指纹识别码(表 4),可用于鉴别大明竹属部分竹类的分类。

3 结论与讨论

研究共扩增出重复性好的多态位点高达 88.3%,平均每个引物扩增 8.61 个,DNA 分子量在 160—3000 bp,大明竹属 25 种竹子的平均遗传距离为 0.5006,变异幅度为 0.1486—0.7191,说明大明竹属具有高的遗传

表 4 25 个大明竹属竹种的数字指纹码

Table 4 Fingerprints of the 25 provenances resources of *Pleioblastus* by ISSR

竹种编号 Number of bamboo	数字指纹码 Digital fingerprinting codes
1	001111110000100100010110100100011000000010111101100000101111
2	001111110000100100010110100100011000000010111101100000101111
3	101111111000000011110111110101010100001111011111100000111111
4	001111111000000011100111110001010100000011011111100000111111
5	001111111000000011000110110011011010000110010000100000111111
6	001111111001101110000110111111111010000111000000100001111111
7	011111111010101100100100111111011111000111011101110011011111
8	001111111000101100000110110111111110000111000011100001111111
9	011111111100000111010011111010111111000111011111000001111100
10	000000110100000111010011111010111111000111011111000011111101
11	001111111010100101100100100111011111100110111110010000111110
12	001011111000101101011101100011111111010110101000001001111010
13	001111111010111111011101100011111111010110101000001001111010
14	00111111100001111101101110001111111001011010101100101010110
15	001111111000011111011111100011111111010110101000001000111110
16	000011110000110100000110100001011111011111010000100000111111
17	001111111000111100000111111000011111001110011010000010111111
18	001111111000010010010111111001011111001110011110000000111110
19	001111111000011110000101100101111111111110011010000110111110
20	001111111000010100000100110111011111101110011010110001111110
21	001100000001001110001000111000111111000110011000100011111110
22	001100000000010100001001101001111100010110011011101001111110
23	000000001010010100000100110111011011100110011110010000111110
24	001100000000010100000100101001111100010110001111111001111111
25	000000001000000100000110111100011111000110001111000000110100

多样性,种间遗传相对复杂。ISSR 聚类分析结果,在遗传距离 0.5396 处将 25 种竹划分为 3 类,与形态分类结果大致一致。第 3 组大多竹种的遗传距离小于 0.5 (表 3),其表现出稳定的遗传性状,它们均为中国植物志传统分类学的川竹亚属苦竹组竹种,其中同为苦竹变种的垂枝苦竹和光箨苦竹在 0.1618 处相聚,苦竹和苦竹的变种杭州苦竹在 0.1806 处相聚,表现出较高的遗传相似性。大明竹、长叶苦竹和螺节竹都为大明竹亚属,和川竹亚属苦竹组存在着较大的遗传差异,其中大明竹和长叶苦竹亲缘关系非常接近。杨光耀^[22]用 RAPD 研究认为,宜兴苦竹与苦竹关系密切,大明竹与长叶苦竹、苦竹、斑苦竹、宜兴苦竹亲缘关系较远,本研究则认为大明竹与长叶苦竹关系密切,宜兴苦竹与苦竹组未聚一起,与其观点不一致。在传统分类学中,丽水苦竹和宜兴苦竹同属于川竹亚属苦竹组,但并未与苦竹组竹种相聚在一起,此结果有可能是因为竹种发生变异导致,或是人为因素促使,其具体原因及机理有待进一步研究。虽然大明竹属有些竹种未与其变种相聚在一起,划分在其他亚属里,但传统形态分类与聚类分析结果大致吻合,说明 ISSR 分析大明竹属部分竹类种间或种内的亲缘关系及遗传多样性较为精确可靠,有助于该属的分类。试验结果多态性丰富,说明大明竹属具有高的遗传多样性,其种间遗传相对复杂,而 ISSR 技术能灵敏精确检测多样遗传。试验用 U807、U815、U835、U836、U840、U841、U844 共 7 个引物建立大明竹属 25 个竹种的数字指纹识别码,为鉴定大明竹属提供相应依据。

利用形态学、细胞学及分子标记等手段对竹类分类研究已有一定成果,但还存在较多分歧。分子标记也具有一定的局限性,ISSR 是继 SSR 后发展的新技术,其重复性及稳定性高,被广泛用于分析遗传多样性及鉴定品种等方面。本研究利用 ISSR 技术对大明竹属部分竹种初步探究,分子技术在竹类领域的研究还值得继

续探索。利用分子标记开展竹种间分子水平上遗传变异研究,结合形态分类,对竹类辨别分类,能够更好地鉴定与解决某些种属分类混乱问题,研究遗传多样性等,为竹子分类提供分子依据,使分类更加合理。随生物技术不断发展,竹类研究也将运用生物技术解决更多难题,竹类的基因组研究、基因机理、转基因技术和克隆技术,都将成为竹类研究的新方向。

References:

- [1] World Bamboo Resources. World bamboo resources. World Bamboo and Rattan, 2005, 3(1): 30-30.
- [2] Gan X H, Ding Y L. Advances in the anatomic structure of bamboo. Journal of Bamboo Research, 2002, 21(1): 11-17.
- [3] Guo Z L, Li D Z. Advances in the systematics and biogeography of the *Bambusoideae* (Gramineae) with remarks on some remaining problems. Acta Botanica Yunnanica, 2002, 24(4): 431-438.
- [4] Chen S L, Ying J. The decorative value and utilization of bamboo. Journal of Bamboo Research, 2000, 19(2): 13-17.
- [5] Zhao Q Z, Tang G G. The present status and problems of bamboo classification in China. Journal of Nanjing Forestry University: Natural Sciences Edition, 1993, 17(4): 1-8.
- [6] Jin P L, Ruth K, Ohn S, Leong H G, Yik Y G. A study of genetic variation and relationships within the bamboo subtribe *bambusinae* using amplified fragment length polymorphism. Annals of Botany, 2000, 85(5): 607-612.
- [7] Hodkinson T R, Renvoize S A, Chonghaile G N, Stapleton C M, Chase M W. A comparison of its nuclear rDNA sequence data and AFLP markers for phylogenetic studies in *Phyllostachys* (*Bambusoideae*, *Poaceae*). Journal of Plant Research, 2000, 113(3): 259-269.
- [8] Lin X C, Ruan X S, Lou Y F, Guo X Q, Fang W. Genetic similarity among cultivars of *Phyllostachys pubescens*. Plant Systematics and Evolution, 2009, 277(1/2): 67-73.
- [9] Guo X Q, Li B, Ruan X S, Lou Y F, Lin X C, Tang D Q, Fang W. Genetic diversity of ten *Phyllostachys edulis* cultivars with ACGM markers. Scientia Silvae Sinicae, 2009, 45(4): 28-32.
- [10] Wu J Y, Deng Y Y, Ding Y L. RAPD analysis of the varieties of *Phyllostachys nidularia*. Journal of Changzhou Institute of Technology, 2008, 21(1): 59-63.
- [11] Lou Y F, Yang H Y, Zhang Y Z, Li X F, Lin X C, Fang W. Analysis of genetic variation of some bamboo species by AFLP, ISSR and SRAP. Journal of Fujian College of Forestry, 2011, 31(1): 38-43.
- [12] Zheng R, Zheng W P, Fang W. Application of DNA molecular markers in studying bamboo taxonomy. Journal of Fujian Forestry Science and Technology, 2006, 33(3): 162-165.
- [13] Fango Q D, Roose M L. Identification of closely related citrus cultivars with inter-simple sequence repeat markers. Theoretical and Applied Genetics, 1997, 95(3): 408-417.
- [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] Chen L, Wang J L, Yang X S. ISSR polymorphism and its application in plant molecular biology. Seed, 2007, 26(10): 49-52.
- [16] Joshi S P, Gupta V S, Aggarwal R K, Ranjekar P K, Brar D S. Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. Theoretical and Applied Genetics, 2000, 100(8): 1311-1320.
- [17] Zhou Y Q, Jing J Z, Li Z Y, Zhang B H, Jia J F. Assessment of genetic diversity of *Rehmannia glutinosa* germplasm detected by RAPDs and ISSRs. Hereditas, 2004, 26(6): 922-928.
- [18] Yu A L, Zhang M Q, Chen R K. Applicability of inter-simple sequence repeat polymorphisms in sugarcane and its related genera as DNA markers. Journal of Fujian Agriculture and Forestry University: Natural Science Edition, 2002, 31(4): 484-489.
- [19] Yang G Y, Zhao Q Z. Phylogenetic relationships among five *Pleioblastus* species (*Bambusoideae*) from China and Japan based on random amplified polymorphic DNA. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2000, 22(4): 551-553.
- [20] Sun Z J, Xiang Y, Wang J M, Shen Z G. The orthogonal optimization of ISSR amplification system in *Phyllostachys sulphurea*. Journal of Bamboo Research, 2007, 26(4): 17-21.
- [21] Yang R, Sun Z J, Xiang Y. ISSR analysis of genetic diversity among 14 bamboo species in *Phyllostachys*. Journal of Bamboo Research, 2010, 29(4): 11-14, 20-20.
- [22] Yang G Y, Zhao Q S. RAPD study on intergeneric relationships in *Shibataeae* Nakai emend Keng f. (*Gramineae*, *Bambusoideae*). Journal of Bamboo Research, 2001, 20(2): 1-5.

参考文献:

- [1] 国际竹藤组织编写组. 世界竹子资源概况. 世界竹藤通讯, 2005, 3(1): 30-30.

- [2] 甘小洪, 丁雨龙. 竹类结构植物学研究进展. 竹子研究汇刊, 2002, 21(1): 11-17.
- [3] 郭振林, 李德铤. 竹亚科系统学和生物地理学研究进展及存在的问题. 云南植物研究, 2002, 24(4): 431-438.
- [4] 陈双林, 应杰. 竹子的观赏价值及开发利用. 竹子研究汇刊, 2000, 19(2): 13-17.
- [5] 赵奇僧, 汤庚国. 中国竹子分类的现状和问题. 南京林业大学学报: 自然科学版, 1993, 17(4): 1-8.
- [9] 郭小勤, 李犇, 阮晓赛, 娄永峰, 林新春, 汤定钦, 方伟. 利用 ACGM 分子标记研究 10 个毛竹不同栽培变种的遗传多样性. 林业科学, 2009, 45(4): 28-32.
- [10] 武建云, 邓玉营, 丁雨龙. 簇竹变种的 RAPD 分析. 常州工学院学报, 2008, 21(1): 59-63.
- [11] 娄永峰, 杨海芸, 张有珍, 李晓芬, 林新春, 方伟. 部分竹类植物遗传变异的 AFLP、ISSR 和 SRAP 分析. 福建林学院学报, 2011, 31(1): 38-43.
- [12] 郑蓉, 郑维鹏, 方伟. DNA 分子标记在竹子分类研究中的应用. 福建林业科技, 2006, 33(3): 162-165.
- [15] 陈龙, 王家良, 杨贤松. ISSR 分子标记及其在植物分子生物学中的应用. 种子, 2007, 26(10): 49-52.
- [17] 周延清, 景建洲, 李振勇, 张宝华, 贾敬芬. 利用 RAPD 和 ISSR 分子标记分析地黄种质遗传多样性. 遗传, 2004, 26(6): 922-928.
- [18] 余爱丽, 张木清, 陈如凯. ISSR 分子标记在甘蔗及其近缘属分类上的应用. 福建农林大学学报: 自然科学版, 2002, 31(4): 484-489.
- [19] 杨光耀, 赵奇僧. 苦竹类植物 RAPD 分析及其系统学意义. 江西农业大学学报, 2000, 22(4): 551-553.
- [20] 孙志娟, 项艳, 汪结明, 沈周高. 刚竹 ISSR 反应体系的正交优化. 竹子研究汇刊, 2007, 26(4): 17-21.
- [21] 杨茹, 孙志娟, 项艳. 刚竹属 14 个品种遗传多样性的 ISSR 分析. 竹子研究汇刊, 2010, 29(4): 11-14, 20-20.
- [22] 杨光耀, 赵奇僧. 用 RAPD 分子标记探讨倭竹族的属间关系. 竹子研究汇刊, 2001, 20(2): 1-5.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.33, No.24 Dec., 2013 (Semimonthly)

CONTENTS

Frontiers and Comprehensive Review

- The problems in red soil ecosystem in southern of China and its countermeasures ZHAO Qiguo, HUANG Guoqin, MA Yanqin (7615)
- Fundamentals of Ecology: promoting ecology from tradition to modern: To Commemorate The 100th Anniversary of E. P. Odum's Birthday BAO Qingde, ZHANG Xiufen (7623)
- Food chain length theory: a review ZHANG Huan, HE Liang, ZHANG Peiyu, et al (7630)

Autecology & Fundamentals

- Foraging and bed site selection of Tianshan argali (*Ovis ammon karelini*) in Central Tianshan Mountains in Summer LI Ye, YU Yuqun, SHI Jun, et al (7644)
- Inhibition of pine coneworm, larvae *Dioryctria pryeri*, on herbivore-induced defenses of *Pinus tabulaeformis* ZHANG Xiao, LI Xiuling, LI Xingang, et al (7651)
- Response of periphyton to nutrient level and relationships between periphyton and decay degree of *Potamogeton crispus* WEI Hongnong, PAN Jianlin, ZHAO Kai, et al (7661)
- Correlative study between chemical constituents and ecological factors of *Notopterygii Rhizoma* Et Radix of endangered plateau plant HUANG Linfang, LI Wentao, WANG Zhen, et al (7667)
- Induced changes in soil microbial transformation of nitrogen in maize rhizosphere by 4-year exposure to O₃ WU Fangfang, ZHENG Youfei, WU Rongjun, et al (7679)
- Changes of digestive enzyme activity of *Tegillarca granosa* exposed to cadmium and copper CHEN Xiaoxiao, GAO Yetian, WU Hongxi, et al (7690)

Population, Community and Ecosystem

- Population dynamics and density of *Bactrocera dorsalis* (Hendel) in different habitats ZHENG Sining (7699)
- Litter fall production and nutrient dynamic of *Cinnamomum camphora* and *Pinus massoniana* mixed forests in subtropics China LI Zhongwen, YAN Wende, ZHENG Wei, et al (7707)

Landscape, Regional and Global Ecology

- Assessing the spatial representativeness of eddy covariance flux observation stations of terrestrial ecosystems in China WANG Shaoqiang, CHEN Diecong, ZHOU Lei, et al (7715)
- The coupling relationship between variations of NDVI and change of aeolian sandy land in the Yarlung Zangbo River Basin of Tibet, China LI Haidong, SHEN Weishou, CAI Bofeng, et al (7729)
- Effects of higher resolution image and spatial grain size on landscape pattern in a small watershed of the farming-pastoral zone ZHANG Qingyin, FAN Jun (7739)
- The changes of soil organic carbon and carbon management index in alpine steppe CAI Xiaobu, YU Baozheng, PENG Yuelin, et al (7748)
- Spatial heterogeneity of soil organic carbon and total nitrogen at small scale in subalpine meadow and *Picea meyeri* forest in Luya Mountain WU Xiaogang, GUO Jinping, TIAN Xuping, et al (7756)
- Active pools of soil organic carbon in subtropical forests at different successional stages in Central Hunan, China SUN Weijun, FANG Xi, XIANG Wenhua, et al (7765)
- The impact of sheet and gully erosion on soil aggregate losses in the black soil region of Northeast China JIANG Yiliang, ZHENG Fenli, WANG Bin, et al (7774)
- Net nitrogen mineralization in soils of Napahai wetland in Northwest Yunnan XIE Chengjie, GUO Xuelian, YU Leichao, et al (7782)

- Variation of soil fertility in *Eucalyptus robusta* plantations after controlled burning in the red soil region and its ecological evaluation YANG Shangdong, WU Jun, TAN Hongwei, et al (7788)
- The spatio-temporal variations of vegetation cover in the Yellow River Basin from 2000 to 2010 YUAN Lihua, JIANG Weiguo, SHEN Wenming, et al (7798)
- Long-term dynamic simulation on forest landscape pattern changes in Mount Lushan LIANG Yanyan, ZHOU Nianxing, XIE Huiwei, et al (7807)
- Species habitat correlation analysis in temperate-subtropical ecological transition zone YUAN Zhiliang, CHEN Yun, WEI Boliang, et al (7819)
- Responses of Qilian junipers radial growth of different ecological environment and detrending method to climate change in Qinghai Province ZHANG Ruibo, YUAN Yujiang, WEI Wenshou, et al (7827)
- Resource and Industrial Ecology**
- The pattern of ecological capital in Daxiaoxinganling, Heilongjiang Province, China MA Lixin, QIN Xuebo, SUN Nan, et al (7838)
- Research and implementation of mobile data collection system for field survey of ecological environment SHEN Wenming, SUN Zhongping, ZHANG Xue, et al (7846)
- Urban, Rural and Social Ecology**
- A remote sensing urban ecological index and its application XU Hanqiu (7853)
- Research Notes**
- Genetic diversity and DNA fingerprint of *Pleioblastus* by ISSR HUANG Shujun, CHEN Liguang, XIAO Yongtai, et al (7863)
- Comprehensive evaluation on photosynthetic and fluorescence characteristics in seedlings of 4 drought resistance species LU Guangchao, XU Jianxin, XUE Li, et al (7872)
- Stock difference of *Coelomactra antiquata* based on nuclear (ITS2) and mitochondrial (16S rRNA) DNA sequence and secondary structure MENG Xueping, SHEN Xin, ZHAO Nana, et al (7882)
- The mechanism of the characters of inorganic carbon acquisition to temperature in two *Ulva* species XU Juntian, WANG Xuwen, ZHONG Zhihai, et al (7892)
- Research on changes of dynamic characteristics of rainfall though *Platycladus Orientalis* plantation canopy in Beijing Mountain Area SHI Yu, YU Xinxiao, ZHANG Jianhui, et al (7898)

《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

本期责任副主编 丁 平

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 24 期 (2013 年 12 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 24 (December, 2013)

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	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
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 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	Sponsored by	Ecological Society of China Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS Add: 18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
出 版	科 学 出 版 社 地址:北京东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717	Published by	Science Press Add: 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷	北京北林印刷厂	Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
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	Distributed by	Science Press Add: 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel: (010)64034563 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 地址:北京 399 信箱 邮政编码:100044	Foreign	China International Book Trading Corporation Add: P.O.Box 399 Beijing 100044, China
广告经营 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