

ISSN 1000-0933

CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica

中国生态学会 2013 年学术年会专辑



第 33 卷 第 19 期 Vol.33 No.19 **2013**

中国生态学会
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19期

2013年10月 (半月刊)

目次

中国生态学会 2013 年学术年会专辑 卷首语

- 生态系统服务研究文献现状及不同研究方向评述 马凤娇, 刘金铜, A. Egrinya Eneji (5963)
- 非人灵长类性打搅行为研究进展 杨 斌, 王程亮, 纪维红, 等 (5973)
- 密度制约效应对啮齿动物繁殖的影响 韩群花, 郭 聪, 张美文 (5981)
- 食物链长度远因与近因研究进展综述 王玉玉, 徐 军, 雷光春 (5990)
- AM 真菌在植物病虫害生物防治中的作用机制 罗巧玉, 王晓娟, 李媛媛, 等 (5997)
- 保护性耕作对农田碳、氮效应的影响研究进展 薛建福, 赵 鑫, Shadrack Batsile Dikgwatlhe, 等 (6006)
- 圈养大熊猫野化培训期的生境选择特征 张明春, 黄 炎, 李德生, 等 (6014)
- 利用红外照相技术分析野生白冠长尾雉活动节律及时间分配 赵玉泽, 王志臣, 徐基良, 等 (6021)
- 风速和持续时间对树麻雀能量收支的影响 杨志宏, 吴庆明, 董海燕, 等 (6028)
- 白马雪山自然保护区灰头小鼯鼠的巢址特征 李艳红, 关进科, 黎大勇, 等 (6035)
- 生境片段化对千岛湖岛屿上黄足厚结猛蚁遗传多样性的影响 罗媛媛, 刘金亮, 黄杰灵, 等 (6041)
- 基于 28S, COI 和 Cytb 基因序列的薛荔和爱玉子传粉小蜂分子遗传关系研究
..... 吴文珊, 陈友铃, 孙伶俐, 等 (6049)
- 高榕榕果内 *Eupristina* 属两种榕小蜂的遗传进化关系 陈友铃, 孙伶俐, 武蕾蕾, 等 (6058)
- 镉胁迫下杞柳对金属元素的吸收及其根系形态构型特征 王树凤, 施翔, 孙海菁, 等 (6065)
- 邻苯二甲酸对萝卜种子萌发、幼苗叶片膜脂过氧化及渗透调节物质的影响
..... 杨延杰, 王晓伟, 赵 康, 等 (6074)
- 极端干旱区多枝桤柳幼苗对人工水分干扰的形态及生理响应 马晓东, 王明慧, 李卫红, 等 (6081)
- 贝壳砂生境酸枣叶片光合生理参数的水分响应特征 王荣荣, 夏江宝, 杨吉华, 等 (6088)
- 陶粒覆盖对土壤水分、植物光合作用及生长状况的影响 谭雪红, 郭小平, 赵廷宁 (6097)
- 不同林龄短枝木麻黄小枝单宁含量及养分再吸收动态 叶功富, 张尚炬, 张立华, 等 (6107)
- 珠江三角洲不同污染梯度下森林优势种叶片和枝条 S 含量比较 裴男才, 陈步峰, 邹志谨, 等 (6114)
- AM 真菌和磷对小马安羊蹄甲幼苗生长的影响 宋成军, 曲来叶, 马克明, 等 (6121)
- 盐氮处理下盐地碱蓬种子成熟过程中的离子积累和种子萌发特性 周家超, 付婷婷, 赵维维, 等 (6129)
- CO₂ 浓度升高条件下内生真菌感染对宿主植物的生理生态影响 师志冰, 周 勇, 李 夏, 等 (6135)
- 预处理方式对香蒲和芦苇种子萌发的影响 孟 焕, 王雪宏, 佟守正, 等 (6142)
- 镉在土壤-金丝垂柳系统中的迁移特征 张 雯, 魏 虹, 孙晓灿, 等 (6147)
- 马尾松人工林近自然化改造对植物自然更新及物种多样性的影响 罗应华, 孙冬婧, 林建勇, 等 (6154)
- 濒危海草贝克喜盐草的种群动态及土壤种子库——以广西珍珠湾为例
..... 邱广龙, 范航清, 李宗善, 等 (6163)
- 毛乌素沙地南缘沙丘生物结皮对凝结水形成和蒸发的影响 尹瑞平, 吴永胜, 张 欣, 等 (6173)
- 塔里木河上游灰胡杨种群生活史特征与空间分布格局 韩 路, 席琳乔, 王家强, 等 (6181)
- 短期氮素添加和模拟放牧对青藏高原高寒草甸生态系统呼吸的影响 宗 宁, 石培礼, 蒋 婧, 等 (6191)
- 松嫩平原微地形下土壤水盐与植物群落分布的关系 杨 帆, 王志春, 王云贺, 等 (6202)

广州大夫山雨季林内外空气 TSP 和 PM _{2.5} 浓度及水溶性离子特征	肖以华, 李 炯, 旷远文, 等 (6209)
马鞍列岛岩礁生境鱼类群落结构时空格局	汪振华, 赵 静, 王 凯, 等 (6218)
黄海细纹狮子鱼种群特征的年际变化	陈云龙, 单秀娟, 周志鹏, 等 (6227)
三种温带森林大型土壤动物群落结构的时空动态	李 娜, 张雪萍, 张利敏 (6236)
笔管榕榕小蜂的群落结构与物种多样性	陈友铃, 陈晓倩, 吴文珊, 等 (6246)
海洋生态资本理论框架下的生态系统服务评估	陈 尚, 任大川, 夏 涛, 等 (6254)
中国地貌区划系统——以自然保护区体系建设为目标	郭子良, 崔国发 (6264)
生态植被建设对黄土高原农林复合流域景观格局的影响	易 扬, 信忠保, 覃云斌, 等 (6277)
华北农牧交错带农田-草地景观镶嵌体土壤水分空间异质性	王红梅, 王仲良, 王 堃, 等 (6287)
中国北方春小麦生育期变化的区域差异性与气候适应性	俄有浩, 霍治国, 马玉平, 等 (6295)
中国南方喀斯特石漠化演替过程中土壤理化性质的响应	盛茂银, 刘 洋, 熊康宁 (6303)
气候变化对东北沼泽湿地潜在分布的影响	贺 伟, 布仁仓, 刘宏娟, 等 (6314)
内蒙古不同类型草地土壤氮矿化及其温度敏感性	朱剑兴, 王秋风, 何念鹏, 等 (6320)
黑河中游荒漠绿洲区土地利用的土壤养分效应	马志敏, 吕一河, 孙飞翔, 等 (6328)
成都平原北部水稻土重金属含量状况及其潜在生态风险评价	秦鱼生, 喻 华, 冯文强, 等 (6335)
大西洋中部延绳钓黄鳍金枪鱼渔场时空分布与温跃层的关系	杨胜龙, 马军杰, 张 禹, 等 (6345)
夏季台湾海峡南部海域上层水体的生物固氮作用	林 峰, 陈 敏, 杨伟锋, 等 (6354)
北长山岛森林乔木层碳储量及其影响因子	石洪华, 王晓丽, 王 媛, 等 (6363)
植被类型变化对长白山森林土壤碳矿化及其温度敏感性的影响	王 丹, 吕瑜良, 徐 丽, 等 (6373)
油松遗传结构与地理阻隔因素的相关性	孟翔翔, 狄晓艳, 王孟本, 等 (6382)
基于辅助环境变量的土壤有机碳空间插值——以黄土丘陵区小流域为例	文 雯, 周宝同, 汪亚峰, 等 (6389)
基于生命周期视角的产业资源生态管理效益分析——以虚拟共生网络系统为例	施晓清, 李笑诺, 杨建新 (6398)
生态脆弱区贫困与生态环境的博弈分析	祁新华, 叶士琳, 程 煜, 等 (6411)
“世博”背景下上海经济与环境的耦合演化	倪 尧, 岳文泽, 张云堂, 等 (6418)

期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 464 * zh * P * ¥ 90.00 * 1510 * 55 * 2013-10



封面图说: 毛乌素沙地南缘沙丘的生物结皮——生物土壤结皮广泛分布于干旱和半干旱区, 它的形成和发育对荒漠生态系统生态修复过程产生重要的影响。组成生物结皮的藻类、苔藓和地衣是常见的先锋植物, 它们不仅能在严重干旱缺水、营养贫瘠恶劣的环境中生长、繁殖, 并且能通过其代谢方式影响并改变环境。其中一个重要的特点是, 生物结皮表面的凝结水显著大于裸沙。研究表明, 凝结水是除降雨之外最重要的水分来源之一, 在水分极度匮乏的荒漠生态系统, 它对荒漠生态系统结构、功能和过程的维持产生着重要的影响。

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/stxb201306051338

罗媛媛, 刘金亮, 黄杰灵, 包华峰. 生境片段化对千岛湖岛屿上黄足厚结猛蚁遗传多样性的影响. 生态学报, 2013, 33(19): 6041-6048.

Luo Y Y, Liu J L, Huang J L, Bao H F. Effects of habitat fragmentation on the genetic diversity of *Pachycondyla luteipes* on islands in the Thousand Island Lake, East China. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(19): 6041-6048.

生境片段化对千岛湖岛屿上黄足厚结猛蚁遗传多样性的影响

罗媛媛^{1,*}, 刘金亮², 黄杰灵¹, 包华峰¹

(1. 中国计量学院生命科学院, 杭州 310018; 2. 浙江大学生命科学院, 杭州 310058)

摘要: 利用相关序列扩增多态性 (SRAP) 分子标记法, 对千岛湖片段化生境中 14 个岛屿上的黄足厚结猛蚁 (*Pachycondyla luteipes*) 种群遗传结构和多样性进行研究。利用 5 对 SRAP 引物对 42 份材料的基因组进行扩增, 共得到大小在 50—800 bp 之间的 71 个可重复位点, 其中 63 个为多态性位点, 多态性比率达 88.73%。AMOVA 分析结果显示, 65.03% 的遗传变异存在于种群间, 34.97% 的遗传变异来自种群内 ($P < 0.001$)。利用 PopGene Version 1.32 软件对 SRAP 多态性数据进行分析, 不同岛屿种群的多态位点比例和 Nei's 基因多样性指数变化范围分别介于 35.21%—91.55% 和 0.2662—0.4905 之间, 平均值分别为 58.25% 和 0.3729, 其中多态位点比率最高的岛屿为面积最大的 JSE 岛。多态位点比例和 Nei's 基因多样性指数与岛屿面积、海拔均无显著相关性, 但与隔离度呈显著正相关关系。种群间遗传分化指数介于 0.0777—0.9328 之间, 平均值为 0.4419, 基因流值介于 0.0360—5.9350 之间, 平均值为 1.0451, 种群间遗传分化程度较高, 基因流较低。利用 UPGMA 聚类分析法对 14 岛屿上的 42 个个体进行遗传聚类分析, 表明地理距离较近的个体和岛屿具有优先聚在一起的趋势。Mantel 检验表明黄足厚结猛蚁各种群间地理距离与遗传距离间存在显著相关性 ($r = 0.7757, P < 0.01$)。以上结果表明地理隔离是影响千岛湖黄足厚结猛蚁种群遗传结构和多样性的主要因素。

关键词: 陆桥岛屿; 遗传分化; 基因流; 土壤节肢动物; SRAP; 地理隔离

Effects of habitat fragmentation on the genetic diversity of *Pachycondyla luteipes* on islands in the Thousand Island Lake, East China

LUO Yuanyuan^{1,*}, LIU Jinliang², HUANG Jiuling¹, BAO Huafeng¹

1 College of Life Sciences, China Jiliang University, Hangzhou 310018, China

2 College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China

Abstract: Habitat fragmentation caused by human activity poses a serious threat to biodiversity worldwide, with severe negative impacts on species genetic diversity. In recent years, many attentions have been paid to the genetic effects of anthropogenic habitat fragmentation on plants and animals, mainly focusing on terrestrial habitat islands created by agricultural development, deforestation and so on. However, the habitat islands have confused history, fuzzy boundary, and varied matrix which can cause confusion of results. Conversely, known-age land-bridge islands in artificial lakes are more ideal model systems to elucidate the ecological, genetic and evolutionary consequences of habitat fragmentation. The Thousand Island Lake (TIL) in East China (Chunan County, Zhejiang Province) is a large reservoir, which was formed in 1959 by the damming of the Xinanjiang River for constructing a hydroelectric power station. So far, the fragmented islands are formed around 50 years. Based on this superiority, we studied a dispersal-limited species of soil arthropod *Pachycondyla luteipes* at TIL to explore the genetic consequences of recent habitat fragmentation of this species.

Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) molecular markers were used to study the genetic diversity on

基金项目: 浙江省自然科学基金资助项目 (LY12C03011, Y5080117)

收稿日期: 2013-05-04; 修订日期: 2013-07-25

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yyluo@cjlu.edu.cn

population levels. Five SRAP primer combinations were used to measure 42 individuals of *P. luteipes* from 14 islands to estimate the genetic diversity and structure. The result showed that 5 SRAP primer combinations amplified 71 bands with 63 (88.73%) polymorphic. The percentage of polymorphic bands (*PPB*) at the population level ranged from 35.21% to 91.55%, with an average of 58.25%, and the largest JSE island owned the highest percentage of polymorphic bands. The Nei's gene diversity index (*H*) ranged from 0.2662 to 0.4905, with an average of 0.4753. The islands attributes such as area and elevation, had no significant correlation with *PPB* and *H*, but the isolation degree among different islands had significant correlation with them. The analysis of AMOVA showed that the main variance between populations was 65.03%, and 34.97% within populations. The genetic differentiation coefficient (*G_{st}*) among populations ranged from 0.0777 to 0.9328, with an average of 0.4419. Gene flow (*N_m*) among populations, based on the genetic differentiation coefficient, ranged from 0.0360 to 5.9350, with an average of 1.0451. The *N_m* and *G_{st}* value implied that the gene flow was at a low level and genetic differentiation was high. The dendrogram obtained by UPGMA cluster analysis showed that populations with nearest distance were clustered firstly. In addition, Mantel test ($r=0.7757$, $P<0.01$) suggested that there was significant association between genetic distance and geographic distance.

These results indicate that the *P. luteipes* populations in the TIL had gene drift mainly due to the isolation between islands. However, the gene flow is still high between some adjacent islands, because these islands could connect each other when the water level is enough low. In this context, the corridor may play an important role in affecting the genetic diversity in this fragmented landscape. We suggest that beside the island attributes, other factors such as the physical and chemical properties of soils should also be considered into the future studies.

Key Words: land-bridge island; genetic differentiation; gene flow; soil arthropods; SRAP; isolation

由人类改造自然而产生的生境片段化现象日益严重^[1]。片段化过程中,随着栖息地面积的减少、隔离度的增加和环境的改变,同一物种不同种群间基因流下降,遗传漂变的作用突出,近交增加,遗传多样性降低,甚至可能导致物种的局域灭绝^[2]。除上述因素外,处于片段化阶段的世代数也影响片段生境中物种遗传多样性的变化,在经历相同片段化时间情况下,物种世代周期越短,则经历片段化的世代数越多,遗传多样性对生境片段化反应越敏感^[3]。

甲虫等节肢动物具有个体小、数量大、传代快、食性行为丰富、对环境变化高度敏感等特点,可以作为不同生态系统类型的指示生物,成为研究生境片段化对生物遗传多样性影响的理想材料^[4]。针对陆地生境岛屿(terrestrial habitat islands)对动物遗传结构和多样性的影响,已有一些研究报道^[5-7],结果发现生境片段化对不同种类遗传多样性的影响会有所差异。因陆地生境岛屿存在边界不清晰、片段化时间不一致或不清晰等原因,对种群遗传多样性影响的认识仍然存在一定的局限性^[8]。由水库大坝建设形成的人工湖泊型陆桥岛屿(land-bridge islands)组成的片段化景观,格局清晰、岛屿(片段/斑块)边缘明显、周围基质均为水对岛屿物种不亲和,能有效的避免基质效应和廊道作用(季节性相连岛屿除外)等,因而更具实验性,被认为是研究生境片段化极为难得的天然实验室^[9]。虽然已在委内瑞拉的 Lake Guri 等人工湖泊陆桥岛屿开展了一系列具有重要影响的研究^[10-11],但有关生境片段化对陆桥岛屿上动植物遗传多样性尤其是节肢动物的影响的研究极少。

千岛湖(新安江水库)地处浙江省西部,是 1959 年新安江水电站大坝建成蓄水形成的大型水库。水库面积约 580 km²,最高水位线(海拔 108 m)时有面积 2500 m² 以上的岛屿 1078 个,最大岛屿面积 13.2 km²。目前,湖中岛屿森林覆盖率为 88.5%,以天然马尾松林为主,基本上是由建坝前森林被伐后次生演替形成^[12-13]。50 多年的片段化历史、众多的岛屿、岛屿上森林植被的相似性,以及岛屿形成时间一致、基质都为湖水,使千岛湖成为研究生境片段化初期生态效应的理想场所^[9,12-13]。

黄足厚结猛蚁(*Pachycondyla luteipes*)为千岛湖库区岛屿地表常见昆虫,该蚁体长约 4.8 mm,寿命 1—2a(工蚁),每巢约有 30—100 只,每个蚁巢中可发现一两只比较大的蚁后(体长 5—6 mm)^[14-15]。本文利用序列相关扩增多态性(sequence-related amplified polymorphism, SRAP)分析采自千岛湖 14 个岛屿的黄足厚结猛蚁样本,该方法简便、高效、稳定^[16],已应用于植物^[17-18]、节肢动物^[19]和鱼类^[20]等物种遗传多样性研究,本文的研究目的为:1)生境片段化对黄足厚结猛蚁遗传分化和基因流的影响;2)岛屿特征与种群遗传结构和多样性的关系;3)探讨影响种群遗传结构和多样性的因素。

1 材料与方法

1.1 样地选取

根据最新高清晰度卫星照片(或航片资料)和地形图,结合实地勘查,选取了千岛湖中心湖区 14 个不同隔离程度的陆桥岛屿作为研究样地,编号分别为:I14、I15、I58、I59、I60、I63、I64、I72、I73、I74、I75、B7、B6、JSE(图 1),其中各岛屿特征参数详见表 1。在本研究中将面积最大的 JSE 岛作为大陆,隔离度为岛屿离大陆(JSE)的距离。

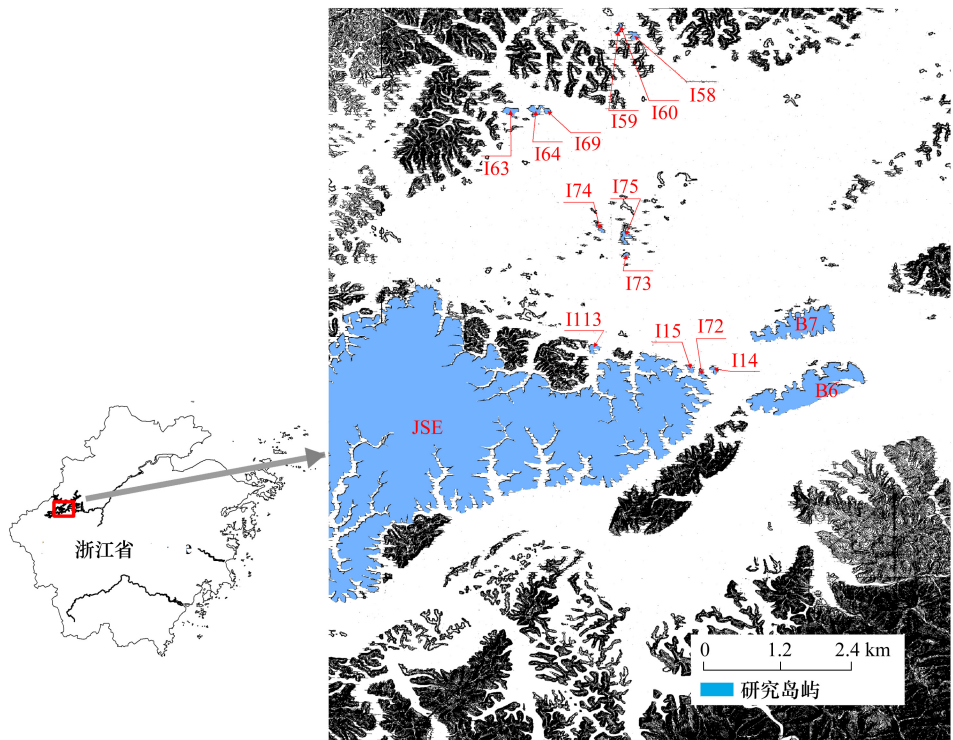


图 1 取样岛屿分布情况

Fig.1 The sampled islands distribution in the Thousand Island Lake region

表 1 取样岛屿概况和遗传多样性

Table 1 Overview of various sampled islands and genetic diversity in the Thousand Island Lake region						
岛屿号 Island number	面积/ m ² Area	隔离度/ m Isolation	海拔/ m Altitude	所属岛群 Chains of islands	多态位点比率/% Percentage of polymorphic bands	Nei's 多样性指数 Nei's gene diversity
I60	1396.07	387.10	100	梅峰 MF	52.11	0.3452
I59	1890.02	398.18	109	梅峰 MF	47.89	0.2997
I73	2538.00	1442.86	113	中心湖区 ZXQ	35.21	0.3069
I74	3949.11	1756.01	116	中心湖区 ZXQ	40.85	0.3282
I14	4637.51	189.55	118	拦网 LW	63.38	0.4550
I15	6181.01	34.13	119	拦网 LW	73.24	0.4713
I72	6875.92	34.01	115	拦网 LW	81.69	0.4905
I58	8388.43	690.03	121	梅峰 MF	45.07	0.3036
I75	8624.73	1664.07	114	中心湖区 ZXQ	54.93	0.3519
I64	13070.97	770.51	127	桐子坞 TZW	35.21	0.2662
I63	13263.93	710.43	126	桐子坞 TZW	40.85	0.2775
B7	274942.40	949.7	197	桥下 QX	64.79	0.4237
B6	479759.10	487.63	198	桥下 QX	70.42	0.4507
JSE	11538756.45	0	299	界首 JSE	91.55	0.4499
平均值 Mean					58.25	0.3729
标准误 St. Dev					16.45	0.0799

岛屿面积为湖水水位 105 m 时的面积;隔离度为岛屿离最近大陆的距离, JSE 岛在本研究中被作为大陆;海拔为岛屿最高处的海拔高度。

1.2 取样

实验所用材料分别采自图 1 中 14 个不同的岛屿,采集时间为 2011 年 5 月 24—26 日。在同一个岛屿的样品采集过程中,避免所取样品来自于同一巢穴的蚂蚁。每个岛屿随机选取 3 个不同地点的蚂蚁巢穴,每个蚂蚁巢穴中取 20 只黄足厚结猛蚁备

用,然后在此 20 只中随机选取 1 只工蚁,用于基因组 DNA 分析。

1.3 基因组 DNA 提取

将用于基因组 DNA 分析的黄足厚结猛蚁经 ddH₂O 反复清洗干净,用灭菌剪刀剪去腹部,晾干后参照上海生物工程有限公司试剂盒(产品编号 SK8251)提供的 DNA 提取方法进行总 DNA 的提取,并用浓度为 1.2%琼脂糖凝胶电泳检测总 DNA 含量与质量,最后将所有样本的浓度调整为 20 ng/μL。

1.4 SRAP-PCR 引物筛选

SRAP 引物序列参照 Li 和 Quiros 的标准引物^[16],由上海生物工程有限公司合成。使用由 5 条反向引物和 5 条正向引物分别组合所形成的 25 对引物对基因组进行扩增,最后筛选出扩增条带丰富、清晰、重复性好的 5 对引物组合(表 2),对样品进行扩增,每对引物重复 2 次。

1.5 样品 PCR 扩增

PCR 反应体系为:在总体积 25 μL 的反应体系中,含 2.5 μL 的 10×PCR buffer,1 μL 的模板 DNA,2.5 μL 的 Mg²⁺,2 μL 的 dNTPs,各 2 μL 的 SRAP 引物,0.16 μL 的 Taq DNA 聚合酶和双蒸水。

SRAP-PCR 扩增程序:94 ℃ 预变性 5 min,94 ℃ 变性 1 min,35 ℃ 退火 1 min,72 ℃ 延伸 1 min,5 个循环;94 ℃ 变性 1 min,50 ℃ 退火 1 min,72 ℃ 延伸 1 min,34 个循环;72 ℃ 延伸 10 min,4 ℃ 保存。

1.6 电泳检测

扩增产物采用 10%浓度的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,以 100 bp DNA ladder 作为 DNA 长度参比,固定、银染和显影,具体过程如下:

- (1)固定 利用体积分数为 10%的乙醇和 1%的冰乙酸固定 30 min 后,然后用蒸馏水漂洗 2 次;
- (2)银染 利用 0.2%的 AgNO₃,1%的冰醋酸,10%的乙醇染色 20 min,然后用蒸馏水漂洗 2 次;
- (3)显影 预备显影液 2 份(3%NaOH 溶液,每 200 mL 溶液中加 1 mL 甲醛),显影时第一份显影液倒入后出现黑色沉淀立即倒掉,然后倒入第二份显影液,直到条带清晰,用自来水冲洗停止显影,然后用数码相机对其照相保存图片。

表 2 SRAP 引物
Table 2 SRAP Primers

上游引物 Forward primers	下游引物 Reverse primers
me1 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'	em1 5'-GACTGCGTACGAATTAAT-3'
me2 5'-TGAGTCCAAACCGGAGC-3'	em2 5'-GACTGCGTACGAATTTGC-3'
me3 5'-TGAGTCCAAACCGGAAT-3'	em3 5'-GACTGCGTACGAATTGAC-3'
me4 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'	em4 5'-GACTGCGTACGAATTTGA-3'
me5 5'-TGAGTCCAAACCGGAAG-3'	em5 5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3'
me2 5'-TGAGTCCAAACCGGAGC-3'	em1 5'-GACTGCGTACGAATTAAT-3'
me2 5'-TGAGTCCAAACCGGAGC-3'	em4 5'-GACTGCGTACGAATTTGA-3'
me1 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'	em5 5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3'
me1 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'	em4 5'-GACTGCGTACGAATTTGA-3'
me3 5'-TGAGTCCAAACCGGAAT-3'	em2 5'-GACTGCGTACGAATTTGC-3'

加粗部分为筛选出的 5 对用于 SRAP-PCR 实验的引物

1.7 数据统计与分析

对稳定、可重复的 DNA 条带进行统计,将每个条带视为一个位点,同一电泳迁移位置上的条带将清晰可见的强带和反复出现的弱带记为“1”,无带记为“0”,记录 50—800 bp 范围内带的有无,形成原始数据矩阵。采用 PopGen Version 1.32 软件^[21]计算 Nei's 基因多样性指数(H)、遗传分化系数(G_{st})和基因流(N_m)。采用 AMOVApre 软件^[22]做种群间遗传差异的分子方差分析(AMOVA)。采用 NTSYSpc2.10e 软件^[23]进行基于 Jaccard 相似性指数矩阵的 UPGMA 聚类分析,通过 Treeplot 模块生成聚类图。R 2.11.1 for Windows^[24]做遗传多样性指数与环境因子的 Spearman 相关性分析和线性回归分析(逐步向前回归法),利用 Mantel test 法检验岛屿空间距离与黄足厚结猛蚁遗传距离(G_{st})之间的相关性,为避免非线性关系,测试前数据先做了对数处理(log10)。

2 结果与分析

2.1 SRAP 扩增片段的多态性

5 对 SRAP 引物共扩增出大小介于 50—800 bp 之间的 71 个稳定可重复位点,其中多态位点 63 个,总多态性比率为 88.73%。由以上结果可以看出,SRAP 标记在黄足厚结猛蚁种群中能检测出较多的遗传位点,有较高的多态性比率,适合黄足厚结猛蚁种群遗传学的分析研究。

2.2 遗传多样性和遗传结构

14 个岛屿黄足厚结猛蚁种群间多态位点比率(PPB)介于 35.21%—91.55%之间,平均值为 58.25%,其中多态位点比率最高

的岛屿为 JSE; Nei's 基因多样性指数介于 0.2662—0.4905 之间,平均值为 0.3729(表 1)。遗传分化指数介于 0.0777—0.9328 之间,平均值为 0.4419;基因流值介于 0.0360—5.9350 之间,平均值为 1.0451(表 3)。AMOVA 分析结果显示黄足厚结猛蚁 65.03% 的遗传变异来自种群间,34.97% 的遗传变异来自种群内 ($P<0.001$) (表 4)。

2.3 遗传多样性与岛屿特征相关性分析

遗传多样性指数和各岛屿特征参数的 Spearman 相关性和 Regression 回归分析结果显示(表 5),岛屿面积和海拔与多态位点比率和 Nei's 基因多样性指数间没有显著相关性 ($P>0.05$),岛屿隔离度与多态位点比率极显著负相关 ($P<0.01$),与 Nei's 基因多样性指数显著负相关 ($P<0.05$)。

表 3 种群间的基因流(对角线上方)和遗传分化指数(对角线下方)
Table 3 N_m (above diagonal) and G_{st} (below diagonal) between populations

	I60	I59	I58	I64	I63	I73	I74	I75	I14	I15	I72	B6	B7	JSE
I60	* * * *	2.9106	5.9350	1.1010	1.0581	0.7910	0.8441	0.7022	1.1145	0.9463	0.8812	0.6566	1.0596	0.0720
I59	0.1466	* * * *	2.9459	2.8535	1.9331	1.6882	1.3443	1.5593	0.7739	0.4968	0.4051	0.9096	0.5456	0.0748
I58	0.0777	0.1451	* * * *	1.3471	1.1915	0.8426	0.7435	0.7933	0.8168	0.6294	0.5860	0.4815	0.8401	0.0360
I64	0.3123	0.1491	0.2707	* * * *	2.9650	1.2973	1.0207	0.8466	0.4511	0.4656	0.2605	0.5060	0.2414	0.1085
I63	0.3209	0.2055	0.2956	0.1443	* * * *	1.7831	1.1790	1.0823	0.2806	0.6161	0.3127	0.3054	0.2735	0.1287
I73	0.3873	0.2285	0.3724	0.2782	0.2190	* * * *	4.8591	4.2483	0.2444	0.4927	0.3364	0.3917	0.1414	0.1522
I74	0.3720	0.2711	0.4021	0.3288	0.2978	0.0933	* * * *	2.0151	0.3216	0.6047	0.3897	0.6133	0.2517	0.1892
I75	0.4159	0.2428	0.3866	0.3713	0.3160	0.1053	0.1988	* * * *	0.1954	0.2503	0.3532	0.6463	0.2684	0.2166
I14	0.3097	0.3925	0.3797	0.5257	0.6405	0.6717	0.6086	0.7190	* * * *	1.9343	2.0893	1.0664	2.5285	0.2746
I15	0.3457	0.5016	0.4427	0.5178	0.4480	0.5037	0.4526	0.6664	0.2054	* * * *	3.8365	0.7758	1.5576	0.3812
I72	0.3620	0.5524	0.4604	0.6575	0.6152	0.5978	0.5620	0.5860	0.1931	0.1153	* * * *	1.1093	1.4920	0.4733
B6	0.4323	0.3547	0.5094	0.4970	0.6208	0.5607	0.4491	0.4362	0.3192	0.3919	0.3107	* * * *	3.0740	0.2487
B7	0.3206	0.4782	0.3731	0.6744	0.6464	0.7795	0.6652	0.6507	0.1651	0.2430	0.2510	0.1399	* * * *	0.2381
JSE	0.8742	0.8699	0.9328	0.8217	0.7953	0.7666	0.7255	0.6977	0.6455	0.5674	0.5137	0.6678	0.6774	* * * *

表 4 黄足厚结猛蚁 14 个种群间遗传差异的分子方差分析(AMOVA)
Table 4 AMOVA analysis of genetic variation among 14 *P. luteipes* populations

变异来源 Variation components	自由度 df	平方和 Sum of squares	变异组分 Variance component	%	<i>P</i>
种群间 Among populations	13	437.86	9.52	65.03	< 0.001
种群内 Within populations	28	143.33	5.12	34.97	< 0.001
总计 Total	41	581.19			

显著水平基于 999 次随机置换检验

表 5 遗传多样性指数与岛屿特征参数之间的相关性
Table 5 The correlation between island characteristics and Genetic diversity index

岛屿特征参数 Islands attributes 方法 Method	多态位点比率/% Percentage of polymorphic bands		Nei's 基因多样性指数 Nei's gene diversity index	
	Spearman	Regression	Spearman	Regression
面积 Area	0.363	$R^2=0.13$	0.121	$R^2=0.12$
隔离度 Isolation	-0.705 **	$R^2=0.50$ **	-0.552 *	$R^2=0.44$ *
海拔 Elevation	0.302	$R^2=0.16$	0.108	$R^2=0.12$

* 在 $P<0.05$ 水平上差异显著, ** 在 $P<0.01$ 水平上差异显著

2.4 种群间遗传聚类分析

用 NTSYS-PC 软件包中的 Shan 程序构建基于 Jaccard 相似性指数的 14 个岛屿 42 个黄足厚结猛蚁个体间聚类树状图(图 2)。在相似系数为 0.44 水平时, JSE 岛便可以与其他岛屿分开,与图 1、表 1 结合来看,黄足厚结猛蚁种群间呈现出空间距离相隔较近则遗传聚类优先聚在一起的趋势,如 B6 和 B7 同属于 QX, I14、I15 和 I72 同属于 LW, I73、I74 和 I75 同属于 ZXQ, I63 和 I64 同属于 TZW, I59、I60 和 I58 同属于 MF,它们都在空间距离上相隔较近,遗传聚类也聚在一起。若将 G_{st} 作为黄足厚结猛蚁种群间遗传距离的测度,岛屿间的空间距离与 G_{st} 之间的关系如图 3 所示,分别对其作对数($\log_{10}$)处理后,进一步利用 Mantel

检验得到,岛屿间的空间距离与遗传距离间存在显著相关性($r=0.7757, P<0.01$, 基于 999 次置换检验)。

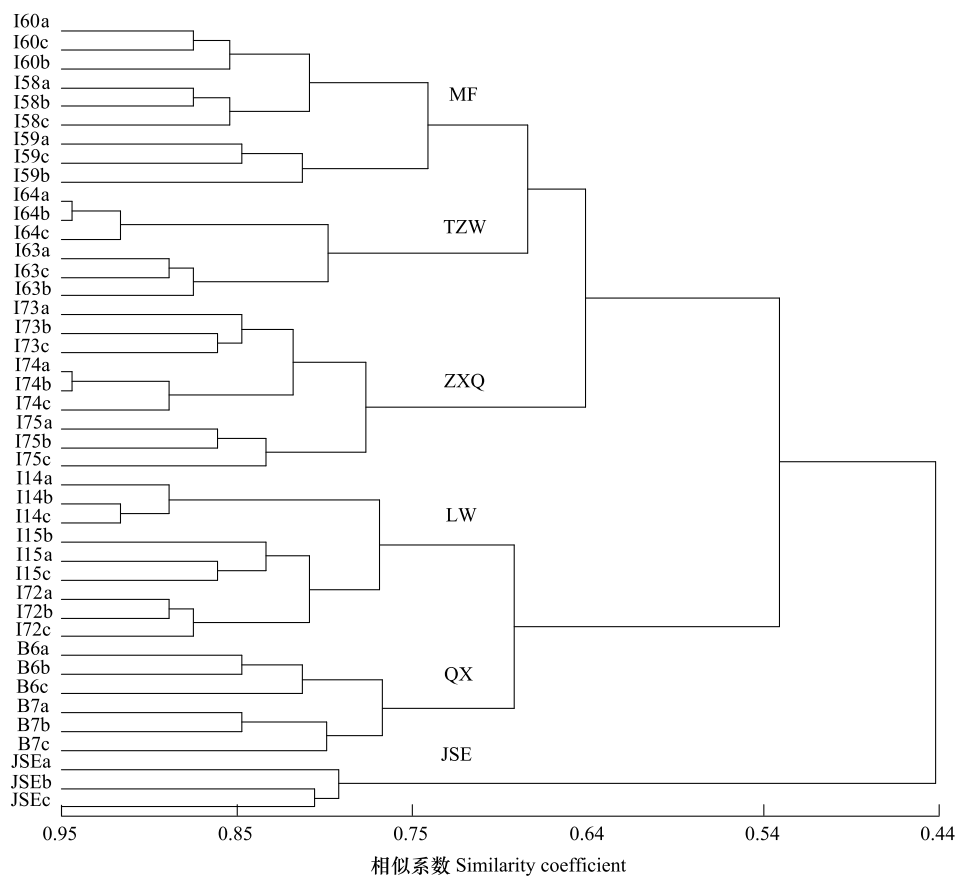


图2 黄足厚结猛蚁 14 岛屿 42 个个体的 UPGMA 聚类图 (I59a 表示 159 号岛屿上 a 蚁穴内的个体)

Fig.2 Dendrogram obtained by UPGMA cluster analysis among 42 individuals from 14 *P. luteipes* populations (I59a means the individual from the a anthill on the I59 island)

3 讨论

生境片段化后,片段化时间、面积、地理隔离以及片段化后局部环境的变化等因素均会对物种遗传多样性和遗传结构产生影响,在陆地生境岛屿的研究中发现,随着片段化时间的延长,一般会使得物种遗传多样性降低,基因流减少,遗传分化程度加大^[7]。种群间遗传分化系数 G_{st} 作为反映种群遗传分化的重要指标^[25],目前千岛湖各岛屿黄足厚结猛蚁种群间 G_{st} 介于 0.0777—0.9328 之间,平均值为 0.4419,可以看出种群间已经出现较高的遗传分化程度。同时,依赖于 G_{st} 计算各岛屿间的基因流值 N_m 后发现,千岛湖各岛屿黄足厚结猛蚁种群 N_m 介于 0.0360—5.9350 之间,平均值为 1.0451,大部分岛屿间 $N_m < 1$,基因流值较低^[26]。千岛湖已有近 50 多年的片段化历史 (1959—2011 年),岛屿形成后,由于周围基质均为水,不同岛屿的黄足厚结猛蚁种群间基因交流困难,并因其世代周期短、传代快和对生境干扰反应敏感等特点^[4],使得种群间遗传分化程度在短期内加剧。但是,有些邻近的岛屿间仍然存在较强的基因流,如 I58 与 I60 ($N_m = 5.9350$) 以及 I73 与 I74 ($N_m = 4.8591$) 等,可能是由于这些岛屿为季节性相连岛屿 (如 I58 和 I60),在冬春季水库水位最低时是连通的,或者湖面船只或漂浮物等媒介也会使邻近岛屿间种群基因交流成为可能。此外,片段化初期,高的 N_m 值可能反映的是生境片段化前高的基因流水平,并非当前基因流的实际情况^[5-7,26-27],这也暗示了在生境片段化之前,此片相邻区域内的黄足厚结猛蚁种群间存在较强的基因交流现象。由以上结果也可以看出,在片段化生境中,廊道的形成 (如季节性相连岛屿) 对于相互孤立种群间的基因交流和物种遗传多样性的维

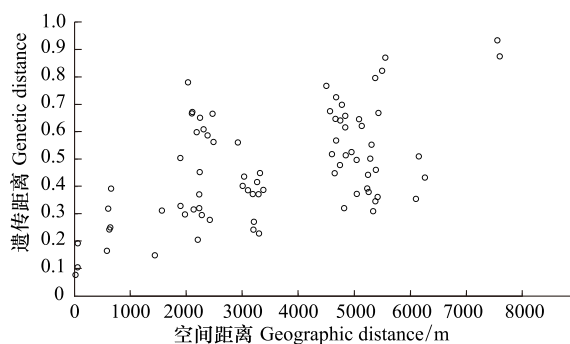


图3 黄足厚结猛蚁 14 个岛屿空间距离和基于 G_{st} 遗传距离的关系

Fig.3 Relationship between geographic distance and genetic distance based on G_{st} among 14 *P. luteipes* populations

持中具有重要作用。

在黄足厚结猛蚁种群遗传多样性的分析中,由于 JSE 岛在研究岛屿中所占面积(11538756.45 m²)最大,故本实验中将 JSE 岛作为连续的陆地,其拥有最高的多态位点比率(91.55%),表明生境片段化后岛屿与连续的陆地间遗传多样性已出现差异。在陆地生境岛屿的相关研究中发现,面积越大,种群的遗传多样性越高;隔离度越小,基因流越大,遗传多样性也越高^[28]。但是,千岛湖岛屿面积和海拔与黄足厚结猛蚁遗传多样性(*PPB/H*)之间并没有显著的相关性($P>0.05$),黄足厚结猛蚁为营社群土壤动物,已有研究发现,土壤动物的物种丰富度及多样性并不存在随片段化面积减小而降低的“种-面积效应”,反而对土壤的理化性质具有更大的依赖性^[29],是否土壤动物的物种遗传多样性也具有相似的效应,仍需要进一步分析研究。

地理隔离作为影响片段化生境中物种遗传多样性的主要因素,主要通过限制种群间的基因交流而起作用^[28]。千岛湖各岛屿黄足厚结猛蚁种群遗传多样性与隔离度呈显著负相关关系,且 AMOVA 分析显示黄足厚结猛蚁种群间遗传变异(65.03%)大于种群内(34.97%)遗传变异,表明岛屿间地理隔离对黄足厚结猛蚁种群间的遗传变异发挥着主要作用。进一步对黄足厚结猛蚁 14 个岛屿间种群遗传聚类分析发现,地理距离相隔较近岛屿优先聚在一起,说明属同一个岛群的岛屿在大坝还未建成时属同一片相连的区域,此时黄足厚结猛蚁种群间交流无障碍,根据以上分析也可以看出,种群在生境片段化前相邻区域间维持着较高的基因流。生境片段化后,同一岛群的岛屿间虽被水隔离,但由于黄足厚结猛蚁在隔离前具有较高的基因交流以及隔离后仍然存在基因交流的可能,使得遗传聚类上更易聚在一起。且利用 Mantel 检验后发现岛屿之间地理距离与遗传距离同样存在显著的正相关性,更进一步证明了地理隔离是影响陆桥岛屿种群遗传结构的重要因素。

总之,本研究依赖于千岛湖人工陆桥岛屿作为研究平台,发现黄足厚结猛蚁已经出现了明显的遗传漂变现象,种群间遗传分化程度较高,基因交流减弱。地理隔离成为影响遗传多样性和结构最主要的因素,隔离度越大,遗传多样性越低。Yuan 等^[12]以及孙波^[30]分别在千岛湖片段化生境岛屿中有关草本植物金毛耳草(*Hedyotis chrysotricha*)和社鼠(*Niviventer confucianus*)遗传多样性和遗传结构的研究中也发现,该物种正在经历遗传漂变的影响,由此可以看出,千岛湖生境片段化对动植物的遗传多样性和遗传结构均已产生明显的影响。通过以上分析可以看出,地理隔离、片段化生境之间的连通性、片段化时间以及种群自身特征等均是影响种群遗传结构和多样性主要的因素,对于全面了解生境片段化对种群遗传多样性的影响是不可或缺的。水库建设所形成的陆桥岛屿,由于形成历史清晰、基质分明等在片段化理论研究中具有优越地位。但是,以人工湖泊型路桥岛屿作为研究对象,针对土壤动物节肢动物的遗传结构和多样性的研究较少,缺乏实验对比,因而在以后的研究中,仍需要对其它营社群生活的土壤节肢动物作详细的研究,以便更加全面地了解岛屿生境片段化后不同因素包括土壤理化性质的变化对土壤节肢动物遗传结构和多样性的影响。

致谢:华东师范大学陈小勇教授对研究给予帮助,特此致谢。

References:

- [1] Vitousek P M, Mooney H A, Lubchenco J, Melillo J M. Human domination of Earth's ecosystems. *Science*, 1997, 277(5325): 494-498.
- [2] Primack R B. *Essentials of Conservation Biology*. 5th ed. Sunderland: Sinauer Associates Inc, 2010.
- [3] Chen X Y. Effects of habitat fragmentation on genetic structure of plant populations and implications for the biodiversity conservation. *Acta Ecologica Sinica*, 2000, 20(5): 884-892.
- [4] Majer J D, Orabi G, Bisevac L. Ants (Hymenoptera: Formicidae) pass the bioindicator scorecard. *Myrmecological News*, 2007, 10: 69-76.
- [5] Pedersen A A, Loeschke V. Conservation genetics of peripheral populations of the mygalomorph spider *Atypus affinis* (Atypidae) in northern Europe. *Molecular Ecology*, 2001, 10(5): 1133-1142.
- [6] Keller I, Nentwig W, Lurgiader R. Recent habitat fragmentation due to roads can lead to significant genetic differentiation in an abundant flightless ground beetle. *Molecular Ecology*, 2004, 13(10): 2983-2994.
- [7] Cheng H Y, Bao Y X, Ge B M, Zhen Y, Hu Y Z. Effects of habitat fragmentation on gene flow among animal populations and their measuring methods. *Chinese Journal of Ecology*, 2006, 25(7): 863-868.
- [8] Laurance W F. Theory meets reality: How habitat fragmentation research has transcended island biogeographic theory. *Biological Conservation*, 2008, 141(7): 1732-1744.
- [9] Moore P. Green and pleasant trials. *Nature*, 2006, 440(7084): 613-614.
- [10] Terborgh J, Lopez L, Nunez P, Rao M, Shahabuddin G, Orihuela G, Riveros M, Ascanio R, Adler G H, Lambert T D. Ecological meltdown in predator-free forest fragments. *Science*, 2001, 294(5548): 1923-1926.
- [11] Terborgh J W, Feeley K J. Ecosystem decay in closed forest fragments // Carson W P, Schnitzer S A, eds. *Tropical Forest Community Ecology*, 2008, 1(1): 308-321.
- [12] Yuan N, Comes H P, Mao Y R, Qi X S, Qiu Y X. Genetic effects of recent habitat fragmentation in the Thousand-Island Lake region of southeast China on the distylous herb *Hedyotis chrysotricha* (Rubiaceae). *American Journal of Botany*, 2012, 99(10): 1715-1725.
- [13] Yu M J, Hu G, Feeley J K, Wu J G, Ding P. Richness and composition of plants and birds on land-bridge islands: effects of island attributes and differential responses of species groups. *Journal of Biogeography*, 2012, 39(6): 1124-1133.

- [14] Bolton B. A New General Catalogue of the Ants of the World. New York: Harvard University Press, 1995.
- [15] Wu J, Wang C L. Chinese Ant. Beijing: China Forestry Publishing House, 1995: 1-214.
- [16] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica. TAG Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103(2/3): 455-461.
- [17] Guo D L, Luo Z R. Genetic relationships of some PCNA persimmons (*Diospyros kaki Thunb.*) from China and Japan revealed by SRAP analysis. Genetic Resources and Crop Evolution, 2006, 53(8): 1597-1603.
- [18] Ferriol M, Picó B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers. TAG Theoretical and Applied Genetics, 2003, 107(2): 271-282.
- [19] Fu H T, Qiao H, Yao J H, Gong Y S, Wu Y, Jiang S W, Xiong Y W. Genetic diversity in five *Macrobrachium hainanense* populations using SRAP markers. Biodiversity Science, 2010, 18(2): 145-149.
- [20] Zhang Z W, Han Y P, Zhong X M, Zhang Z Y, Cao Z M, Wu T T. Genetic structure analyses of grass carp populations between wild and cultured ones. Journal of Fishery Sciences of China, 2007, 14(5): 720-725.
- [21] Yeh F C, Boylet J B. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Belgian Journal of Botany, 1997, 129: 157.
- [22] Miller M P. A program for the preparation of AMOVA input files from dominant-marker raw data, Version 1.01. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, Flagstaff, 1998.
- [23] Rohlf F J. Statistical power comparisons among alternative morphometric methods. American Journal of Physical Anthropology, 2000, 111(4): 463-478.
- [24] R Development Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2009.
- [25] Buso G S C, Rangel P H, Ferreira M E. Analysis of genetic variability of South American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers. Molecular Ecology, 1998, 7(1): 107-117.
- [26] Slatkin M. Gene flow and the geographic structure of natural populations. Science, 1987, 236(4803): 787-792.
- [27] Qu R Z, Hou L, Lü H L, Li H Y. The gene flow of population genetic structure. Hereditas, 2004, 26(3): 377-382.
- [28] Frankham R. Conservation genetics. Annual Review of Genetics, 1995, 29(1): 305-327.
- [29] Yang X D, Sha L Q. Species composition and diversity of soil mesofauna in the 'Holy Hills' fragmentary tropical rain forest of Xishuangbanna, China. Chinese Journal of Applied Ecology, 2001, 12(2): 261-265.
- [30] Sun B. The Research on Genetic Diversity and Genetic Structure of Niviventer Confucianus Population in Land Bridge Islands of Qiandao Lake [D]. Zhejiang: Zhejiang Normal University, 2009.

参考文献:

- [3] 陈小勇. 生境片段化对植物种群遗传结构的影响及植物遗传多样性保护. 生态学报, 2000, 20(5): 884-892.
- [7] 程宏毅, 鲍毅新, 葛宝明, 郑祥, 胡一中. 栖息地片段化对动物种群间基因流的影响及其测定方法. 生态学杂志, 2006, 25(7): 863-868.
- [15] 吴坚, 王常禄. 中国蚂蚁. 北京: 中国林业出版社, 1995: 1-214.
- [19] 傅洪拓, 乔慧, 姚建华, 龚永生, 吴滢, 蒋速飞, 熊贻伟. 基于 SRAP 分子标记的海南沼虾种群遗传多样性. 生物多样性, 2010, 18(2): 145-149.
- [20] 张志伟, 韩曜平, 仲霞铭, 张志勇, 曹哲明, 吴婷婷. 草鱼野生群体和人工繁殖群体遗传结构的比较研究. 中国水产科学, 2007, 14(5): 720-725.
- [27] 曲若竹, 侯林, 吕红丽, 李海燕. 群体遗传结构中的基因流. 遗传, 2004, 26(3): 377-382.
- [29] 杨效东, 沙丽清. 西双版纳“龙山”片断热带雨林中小型土壤动物群落组成与多样性研究. 应用生态学报, 2001, 12(2): 261-265.
- [30] 孙波. 千岛湖陆桥岛屿社鼠种群遗传多样性和遗传结构研究 [D]. 浙江: 浙江师范大学, 2009.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.33, No.19 Oct., 2013 (Semimonthly)

CONTENTS

A review of ecosystem services and research perspectives	MA Fengjiao, LIU Jintong, A. Egrinya Eneji (5963)
Sexual interference in non-human primates	YANG Bin, WANG Chengliang, JI Weihong, et al (5973)
Density-dependent effect on reproduction of rodents; a review	HAN Qunhua, GUO Cong, ZHANG Meiwen (5981)
Proximate and ultimate determinants of food chain length	WANG Yuyu, XU Jun, LEI Guangchun (5990)
Mechanism of biological control to plant diseases using arbuscular mycorrhizal fungi	LUO Qiaoyu, WANG Xiaojuan, LI Yuanyuan, et al (5997)
Advances in effects of conservation tillage on soil organic carbon and nitrogen	XUE Jianfu, ZHAO Xin, Shadrack Batsile Dikgwatlhe, et al (6006)
Habitat selection of the pre-released giant panda in Wolong Nature Reserve	ZHANG Mingchun, HUANG Yan, LI Desheng, et al (6014)
Activity rhythm and behavioral time budgets of wild Reeves's Pheasant (<i>Syrnaticus reevesii</i>) using infrared camera	ZHAO Yuze, WANG Zhichen, XU Jiliang, et al (6021)
The energy budget of tree sparrows <i>Passer montanus</i> in wind different speed and duration	YANG Zhihong, WU Qingming, DONG Haiyan, et al (6028)
Nest site characteristics of <i>Petaurista caniceps</i> in Baima Snow Mountain Nature Reserve	LI Yanhong, GUAN Jinke, LI Dayong, HU Jie (6035)
Effects of habitat fragmentation on the genetic diversity of <i>Pachycondyla luteipes</i> on islands in the Thousand Island Lake, East China	LUO Yuanyuan, LIU Jinliang, HUANG Jiuling, et al (6041)
The molecular genetic relationship between the pollinators of <i>Ficus pumila</i> var. <i>pumila</i> and <i>Ficus pumila</i> var. <i>aukeotsang</i>	WU Wenshan, CHEN Youling, SUN Lingli, et al (6049)
The genetic evolutionary relationships of two <i>Eupristina</i> species on <i>Ficus altissima</i>	CHEN Youling, SUN Lingli, WU Leilei, et al (6058)
Metal uptake and root morphological changes for two varieties of <i>Salix integra</i> under cadmium stress	WANG Shufeng, SHI Xiang, SUN Haijing, et al (6065)
Effects of phthalic acid on seed germination, membrane lipid peroxidation and osmoregulation substance of radish seedlings	YANG Yanjie, WANG Xiaowei, ZHAO Kang, et al (6074)
The morphological and physiological responses of <i>Tamarix ramosissima</i> seedling to different irrigation methods in the extremely arid area	MA Xiaodong, WANG Minghui, LI Weihong, et al (6081)
Response characteristics of photosynthetic and physiological parameters in <i>Ziziphus jujuba</i> var. <i>spinosa</i> seedling leaves to soil water in sand habitat formed from seashells	WANG Rongrong, XIA Jiangbao, YANG Jihua, et al (6088)
Effects of ceramsite mulching on soil water content, photosynthetic physiological characteristics and growth of plants	TAN Xuehong, GUO Xiaoping, ZHAO Tingning (6097)
Dynamics of tannin concentration and nutrient resorption for branchlets of <i>Casuarina equisetifolia</i> plantations at different ages	YE Gongfu, ZHANG Shangju, ZHANG Lihua, et al (6107)
Sulfur contents in leaves and branches of dominant species among the three forest types in the Pearl River Delta	PEI Nancai, CHEN Bufeng, ZOU Zhijin, et al (6114)
Impacts of arbuscular mycorrhizal fungi and phosphorus on growth dynamics of <i>Bauhinia faberi</i> seedlings	SONG Chengjun, QU Laiye, MA Keming, et al (6121)
Characteristics of ion accumulation and seed germination for seeds from plants cultured at different concentrations of nitrate nitrogen and salinity	ZHOU Jiachao, FU Tingting, ZHAO Weiwei, et al (6129)
Physio-ecological effects of endophyte infection on the host grass with elevated CO ₂	SHI Zhibing, ZHOU Yong, LI Xia, et al (6135)
Effects of pretreatment on germination of <i>Typha domingensis</i> and <i>Phragmites australis</i>	MENG Huan, WANG Xuehong, TONG Shouzheng, et al (6142)
Transfer characteristics of cadmium from soil to <i>Salix × aureo-pendula</i>	ZHANG Wen, WEI Hong, SUN Xiaocan, et al (6147)
Effect of Close-to-Nature management on the natural regeneration and species diversity in a masson pine plantation	LUO Yinghua, SUN Dongjing, LIN Jianyong, et al (6154)
Population dynamics and seed banks of the threatened seagrass <i>Halophila beccarii</i> in Pearl Bay, Guangxi	QIU Guanglong, FAN Hangqing, LI Zongshan, et al (6163)
Effects of biological crusts on dew deposition and evaporation in the Southern Edge of the Mu Us Sandy Land, Northern China	YIN Ruiping, WU Yongsheng, ZHANG Xin, et al (6173)
Life history characteristics and spatial distribution of <i>Populus pruinosa</i> population at the upper reaches of Tarim River	HAN Lu, XI Linqiao, WANG Jiaqiang, et al (6181)
Interactive effects of short-term nitrogen enrichment and simulated grazing on ecosystem respiration in an alpine meadow on the Tibetan Plateau	ZONG Ning, SHI Peili, JIANG Jing, et al (6191)

- The correlation between soil water salinity and plant community distribution under micro-topography in Songnen Plain YANG Fan, WANG Zhichun, WANG Yunhe, et al (6202)
- Comparison of TSP, PM_{2.5} and their water-soluble ions from both inside and outside of Dafushan forest park in Guangzhou during rainy season XIAO Yihua, LI Jiong, KUANG Yuanwen, et al (6209)
- Fish community ecology in rocky reef habitat of Ma'an Archipelago II. Spatio-temporal patterns of community structure WANG Zhenhua, ZHAO Jing, WANG Kai, et al (6218)
- Interannual variation in the population dynamics of snailfish *Liparis tanakae* in the Yellow Sea CHEN Yunlong, SHAN Xiujuan, ZHOU Zhipeng, et al (6227)
- Spatial and temporal variation of soil macro-fauna community structure in three temperate forests LI Na, ZHANG Xueping, ZHANG Limin (6236)
- Community structure and species biodiversity of fig wasps in syconia of *Ficus superba* Miq. var. *japonica* Miq. in Fuzhou CHEN Youling, CHEN Xiaoqian, WU Wenshan, et al (6246)
- Marine ecological capital: valuation methods of marine ecosystem services CHEN Shang, REN Dachuan, XIA Tao, et al (6254)
- Geomorphologic regionalization of China aimed at construction of nature reserve system GUO Ziliang, CUI Guofa (6264)
- Impact of ecological vegetation construction on the landscape pattern of a Loess Plateau Watershed YI Yang, XIN Zhongbao, QIN Yunbin, et al (6277)
- Spatial heterogeneity of soil moisture across a cropland-grassland mosaic: a case study for agro-pastoral transition in north of China WANG Hongmei, WANG Zhongliang, WANG Kun, et al (6287)
- The regional diversity of changes in growing duration of spring wheat and its correlation with climatic adaptation in Northern China E Youhao, HUO Zhiguo, MA Yuping, et al (6295)
- Response of soil physical-chemical properties to rocky desertification succession in South China Karst SHENG Maoyin, LIU Yang, XIONG Kangning (6303)
- Prediction of the effects of climate change on the potential distribution of mire in Northeastern China HE Wei, BU Rencang, LIU Hongjuan, et al (6314)
- Soil nitrogen mineralization and associated temperature sensitivity of different Inner Mongolian grasslands ZHU Jianxing, WANG Qiufeng, HE Nianpeng, et al (6320)
- Effects of land use on soil nutrient in oasis-desert ecotone in the middle reach of the Heihe River MA Zhimin, LÜ Yihe, SUN Feixiang, et al (6328)
- Assessment on heavy metal pollution status in paddy soils in the northern Chengdu Plain and their potential ecological risk QIN Yusheng, YU Hua, FENG Wenqiang, et al (6335)
- Relationship between the temporal-spatial distribution of longline fishing grounds of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and the thermocline characteristics in the Central Atlantic Ocean YANG Shenglong, MA Junjie, ZHANG Yu, et al (6345)
- Biological nitrogen fixation in the upper water column in the south Taiwan Strait during summer 2011 LIN Feng, CHEN Min, YANG Weifeng, et al (6354)
- Storage and drivers of forests carbon on the Beichangshan Island of Miaodao Archipelago SHI Honghua, WANG Xiaoli, WANG Ai, et al (6363)
- Impact of changes in vegetation types on soil C mineralization and associated temperature sensitivity in the Changbai Mountain forests of China WANG Dan, LÜ Yuliang, XU Li, et al (6373)
- Analysis of relationship between genetic structure of Chinese Pine and mountain barriers MENG Xiangxiang, DI Xiaoyan, WANG Mengben, et al (6382)
- Soil organic carbon interpolation based on auxiliary environmental covariates: a case study at small watershed scale in Loess Hilly region WEN Wen, ZHOU Baotong, WANG Yafeng, et al (6389)
- Eco-management benefit analysis of industrial resources from life cycle perspective: a case study of a virtual symbiosis network SHI Xiaoqing, LI Xiaonuo, YANG Jianxin (6398)
- The game analysis between poverty and environment in ecologically fragile zones QI Xinhua, YE Shilin, CHENG Yu, et al (6411)
- The coupling development of economy and environment under the background of World Expo in Shanghai NI Yao, YUE Wenzhe, ZHANG Yuntang, et al (6418)

《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,300 页,国内定价 90 元/册,全年定价 2160 元。

国内邮发代号:82-7,国外邮发代号:M670

标准刊号:ISSN 1000-0933 CN 11-2031/Q

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

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

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

本期责任副主编 陈利顶

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 19 期 (2013 年 10 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 19 (October, 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