#### DOI: 10.5846/stxb201804030750

张宇,李丽,张于光,李佳,薛亚东,李迪强.人为干扰对神农架川金丝猴连通性及遗传多样性的影响.生态学报,2019,39(8): - . . Zhang Y, Li L, Zhang Y G, Li J, Xue Y D, Li D Q.Study on the effect of human disturbance on the connectivity and genetic diversity of Sichuan snubnosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*) in Shennongjia National Park.Acta Ecologica Sinica, 2019, 39(8): - .

## 人为干扰对神农架川金丝猴连通性及遗传多样性的 影响

### 张 宇1,李 丽2,张于光1,李 佳3,薛亚东1,李迪强1,\*

1 中国林业科学研究院森林生态环境与保护研究所/国家林业和草原局生物多样性重点实验室,北京 100091
2 云南财经大学野生动植物管理与生态系统健康研究中心/云南省高校灾害风险管理重点实验室,昆明 650221
3 中国林业科学研究院荒漠化研究所,北京 100091

摘要:川金丝猴湖北种群是川金丝猴分布的最东缘,现主要分布于神农架国家公园和巴东自然保护区,其作为单独的管理单元, 相对较低的遗传多样性、孤立的遗传状态和较小的种群数量,使得该种群面对环境变化脆弱性高。以神农架为研究区域,首先 基于物种分布模型获得川金丝猴移动的阻力图层,利用电路理论分析适宜生境连接度;其次,设置道路和旅游两个人为干扰情 景,运用最小费用距离模型与电路理论模型,分析道路和旅游活动对川金丝猴移动路径以及对不同亚群内和亚群间连通性的影 响;最后,利用 CDPOP 软件模拟道路对川金丝猴遗传多样性的影响。结果表明:(1)神农架川金丝猴适宜生境分布较集中,生 境斑块间存在多个潜在扩散区域;(2)道路改变了川金丝猴往来于南北生境间的最优路径,旅游干扰对川金丝猴移动路径无明 显影响,其干扰主要在于川金丝猴对其具有回避性,回避距离为 100 m;(3)道路显著降低金猴岭亚群内的连通性,并显著增加 了所有亚群间的移动阻力,旅游活动对亚群内和亚群间的连通性无显著影响;(4)川金丝猴种群在 150 年内的遗传多样性呈下 降趋势,道路的影响将加剧遗传多样性下降的程度。基于以上结果本文提出了针对性的保护建议,对于该物种的保护和其他濒 危物种的类似研究具有较强的参考价值和借鉴意义。

关键词:物种分布模型;景观连接度;景观遗传学;电路理论;最小费用模型

# Study on the effect of human disturbance on the connectivity and genetic diversity of Sichuan snub-nosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*) in Shennongjia National Park

ZHANG Yu<sup>1</sup>, LI Li<sup>2</sup>, ZHANG Yuguang<sup>1</sup>, LI Jia<sup>3</sup>, XUE Yadong<sup>1</sup>, LI Diqiang<sup>1,\*</sup>

1 Institute of Forest Ecology, Environment and Protection, Chinese Academy of Forestry, and Key Laboratory of Biodiversity of National Forestry and Grassland Administration, Beijing 100091, China

2 Wildlife Management and Ecosystem Health Center, Yunnan University of Finance and Economics and Key laboratory of disaster risk management of Yunnan provincial universities, Kunming 650221, China

3 Institute of Desertification Studies, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China

**Abstract**: The population of Sichuan snub-nosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*) in Hubei Province occurs in the eastern most edge of species distribution; it has a small population size, genetic isolation, and low genetic diversity, which makes it more vulnerable to environmental changes. Focusing on the Shennongjia Area, we built a species distribution model to identify suitable habitat and achieve resistance surface for movement. We then used circuit theory to analyze landscape

收稿日期:2018-04-03; 网络出版日期:2018-00-00

基金项目:"十二五"国家科技支撑计划课题(2013BAD03B03)

<sup>\*</sup> 通讯作者 Corresponding author.E-mail: lidq@ caf.ac.cn

connectivity between suitable habitats. To investigate the influence of human disturbance on the moving path of the monkey and the connectivity between and within subpopulations, we combined scenario analysis, i.e., the scenario of road and tourism activity, with least cost model and circuit theory. Using the CDPOP software, we simulated the influence of road on the genetic diversity of monkey in 150 a. The suitable habitat aggregated in Shennongjia, and multiple potential dispersal areas between habitat patches were identified. The road changed the optimal route of monkey between the northern and southern suitable habitats. The tourism activity had no obvious influence on the moving path of the monkey, but resulted in a certain avoidance effect on the distribution of monkey with a distance of 100 m. The road significantly affected the connectivity within the Jinhoulin subpopulation and between all subpopulations, and the tourism activity had not significant effect on the connectivity of monkey. The genetic diversity of meta-population in 150 a exhibited a declining trend, and the roads will likely exacerbate the magnitude of the decline in genetic diversity. According to these results, we put forward some suggestions for the conservation of snub–nosed monkey. The results possess the reference value and the importance to protect this species and others.

Key Words: species distribution model; landscape connectivity; landscape genetics; circuit theory; least-cost model

随着经济的快速发展,加之全球土地利用方式及气候变化的影响,野生动物的生存正面临着前所未有的挑战<sup>[1]</sup>。景观复杂性和异质性影响物种的种群结构、动态和进化,影响物种的长期生存。例如隔离斑块内的小种群由于景观基质渗透性差,失去与其他种群的功能连接,易遭受遗传多样性减少、种群适合度下降的威胁,增加近交与种群疾病感染的风险<sup>[2-3]</sup>,因此,阐明景观尺度物种遗传多样性维持机制意义重大。

景观遗传学是将种群遗传学、景观生态学、空间分析方法相结合,使用适应性或中性的种群遗传数据,量 化景观组成、格局及基质质量对微进化过程影响的研究<sup>[47]</sup>。理解景观特征如何对基因流、漂变、自然选择的 微进化过程产生影响<sup>[8]</sup>,将有助于确定物种抵御全球变化的能力,设计功能性生态网络,建立可持续管理策 略<sup>[9]</sup>。景观遗传学主要研究内容包括检验景观异质性对基因流的影响、评估源-汇种群动态、检验景观变化 对遗传连接度和遗传多样性的影响,预测遗传多样性对未来景观变化的响应等。

川金丝猴(Rhinopithecus roxellana)是我国特有珍稀濒危灵长类<sup>[10]</sup>,国家 I 级重点保护动物,被世界自然 保护联盟(IUCN)列为濒危物种<sup>[11]</sup>。川金丝猴目前分布于 3 个相互隔离的温带山地森林地区,包括四川-甘 肃种群约 16,000 只、陕西种群约 5,500 只及湖北种群约 1,200 只<sup>[12]</sup>。川金丝猴种群在过去半世纪里种群数 量下降超过 50%<sup>[13]</sup>,目前种群的主要威胁是与旅游活动相关的人为活动和持续的生境丧失<sup>[11]</sup>。湖北种群是 川金丝猴分布最东缘的种群,现主要分布于神农架国家公园和巴东自然保护区,其作为单独的管理单元,相对 较低的遗传多样性、孤立的遗传状态和较小的种群数量,使得该种群面对环境变化脆弱性高<sup>[14-16]</sup>。神农架在 20 世纪 50 至 80 年代曾遭受过森林砍伐<sup>[17]</sup>,保护区成立后,森林采伐的停止,以及进行的天然林保护工程和 退耕还林工程成为森林恢复的驱动因素<sup>[18]</sup>。近年来,神农架地区旅游人数节节攀升<sup>[19]</sup>,旅游景点附近的游 客活动伴随车流量的增加给川金丝猴造成了人为干扰,而旅游道路正好穿过川金丝猴分布区,道路与旅游活 动都可能影响川金丝猴在分布区内的自由移动,长期以往给该种群带来遗传多样性下降的风险,因此,本文基 于物种分布模型,借助景观遗传学的研究方法,设置道路和旅游两种干扰情景,模拟其对川金丝猴连通性以及 遗传多样性的影响,试图探讨以下问题(1)川金丝猴适宜生境连接度如何;(2)人为干扰是否对川金丝猴的移 动扩散产生影响;(3)道路是否会影响川金丝猴遗传多样性,以上问题的回答以期为濒危物种管理及遗传多 样性保护提供参考。

#### 1 研究方法

#### 1.1 研究区域与种群

研究区为神农架林区(含国家公园,图1),其中主要有3个亚群栖居,分别是大龙潭亚群、金猴岭亚群和

千家坪亚群<sup>[20]</sup>。根据神农架国家公园对金丝猴的跟踪调查及文献资料<sup>[20-21]</sup>,大龙潭亚群的活动范围主要为 大龙潭、观音洞以北区域,千家坪亚群活动区域为小神农架、小千家坪一带,依此划分大龙潭、观音洞以北为大 龙潭亚群活动区域,太子岩、关门山以南为千家坪亚群活动区域,大龙潭亚群和千家坪亚群之间区域为金猴岭 亚群活动区域(图 2)。

1.2 物种分布模型与景观连接度

川金丝猴出现点数据来源于神农架国家公园 2013 年 5—12 月野外巡护调查数据(N=930)、课题组红外 相机陷阱调查(N=52)和已发表文献(N=274)<sup>[22]</sup>,共计 N=1256 个点。为减小空间自相关的影响,仅在1 km ×1 km 的网格内随机保留一个出现点,过滤后共 201 个点用于模型的构建(图1)。环境变量数据来源于国家 公园提供的河流、道路、居民点、植被图数据以及 30 m DEM 数据,由此生成环境变量包括河流密度、道路密 度、居民点密度、植被类型和海拔。

Maxent模型是基于最大熵理论(Maximum entropy algorithm)的生态位模型,已被广泛用于预测物种分布研究中。该模型仅需出现点数据(Presence data)和环境数据即可模拟物种的适宜生境分布<sup>[23]</sup>。研究使用MaxEnt 3.3.3k模拟川金丝猴的适宜生境分布,模型随机选取 75%的川金丝猴分布数据作为训练数据建立模型,其余 25%作为检验数据;利用刀切法(Jackknife)来检验环境变量的重要性;采用重采样法(Subsample)来评估模型表现并重复模型 15 次,选择创建环境变化反应曲线(Response curves)<sup>[24]</sup>,其余参数设置使用默认值<sup>[25]</sup>。采用受试者工作特征曲线(Receiver operating characteristic,ROC)下的面积(Area under curve,AUC)评估模型精度。变量的重要性使用重要性排列方法进行评估<sup>[26]</sup>。

模型模拟输出结果为物种出现概率,可作为生境适宜性指数,采用灵敏度和特异度之和最大值 (Maximized training sensitivity plus specificity)作为阈值,将大于阈值的象元划分为川金丝猴的适宜生境<sup>[27]</sup>。 根据川金丝猴最小家域面积和日移动最大距离<sup>[28]</sup>过滤斑块面积小于 7.4 km<sup>2</sup>和距最近斑块距离大于 5 km 的 斑块以及距道路中心 100 m 内区域,最终得到适宜生境斑块。运用 Circuitscape 4.0 软件<sup>[29]</sup>分析生境斑块间 连接度,生境斑块作为节点(源-汇),生境适宜性指数取倒作后为川金丝猴移动的阻力图层<sup>[30]</sup>,该方法避免 了由于专家打分带来的主观性过强的缺点。



图 1 研究区域与物种分布点 Fig.1 Study area and species occurence

#### 1.3 人为干扰对川金丝猴连通性的影响

通过情景模拟分析不同人为干扰对川金丝猴移动的潜在影响,共设置4种情景,包括理想情景、道路干扰、旅游干扰、道路和旅游共同干扰情景模式,道路和旅游景点分布见图1。各情景的阻力图层设置如下:(1) 理想情景 S0,以生境适宜性指数取倒数后作为阻力图层;(2)道路干扰情景 S1,将主要道路的阻力值设置为 100、次要道路阻力值为 50,与情景 S0 阻力图层叠加作为情景 S1 的阻力图层;(3)旅游干扰情景 S2,在小于川 金丝猴景点回避距离区域内设置阻力为 100,叠加情景 S0 阻力图层作为情景 S2 的阻力图层;(4)道路和旅游 的共同干扰情景 S3,将 S1 和 S2 中的干扰阻力值与情景 S0 阻力图层叠加作为情景 S3 的阻力图层。

旅游景点回避距离的识别采用在旅游景点每 100 m 处设置统计检测点,利用 Mann-Whitey U 检验比较检测点前、后等距离范围内猴群出现点频数的变化。若某检测点前、后猴群分布出现了显著变化(P<0.05),该检测点即为旅游景点对猴群分布影响的突变点,即该点是景点对猴群分布的影响阈值<sup>[31-32]</sup>,此处猴群出现点为未过滤的野外巡护调查出现点和红外相机陷阱拍摄出现点。

为模拟川金丝猴在分布范围内的移动,根据其最小活动家域面积(7.4 km<sup>2</sup>)<sup>[28]</sup>进行过滤,即在3 km×3 km 公里网格内,随机选择一个川金丝猴分布点作为连接的节点(图3,共39个点),其中包含大龙潭亚群16个 点,金猴岭亚群13个点,千家坪亚群10个点。首先,通过绘制不同情景下节点间的最小费用路径与电流,比 较不同干扰对川金丝猴移动路径的影响。最小费用距离模型采用 Graphab 2.2.3<sup>[33]</sup>软件构建,并使用 ArcGIS 10.1 的 SDM 工具箱创建最小费用路径密度栅格图,用以识别通过频率最高的最小费用路径。基于电路理论 的模型采用 Circuitscape 4.0 软件,使用与最小费用距离模型相同的节点和阻力图层绘制节点间的电流图。其 次,根据川金丝猴日移动最大距离(5 km)为阈值,转化为费用距离后划分不同情景下的组分,分布在相同组 分内的节点连通。采用单因素方差分析对不同亚群内和亚群间的最小费用距离差异进行检验,分析不同干扰 对亚群内和亚群间连通性的影响。



Fig.2 Distribution and nodes of each subpopulations

#### 1.4 道路对川金丝猴遗传多样性的模拟

通过 CDPOP<sup>[34]</sup>软件模拟道路对川金丝猴遗传多样性的影响, CDPOP 是一个空间明确的、基于个体的景

观遗传学模型,模拟复杂环境中的基因流动,该模型运用孟德尔遗传定律和 k 等位基因突变模型,将种群和基因型随时间的变化作为连续阻力表面上的基于个体移动、繁殖、死亡和扩散的函数进行模拟。该模型有利于理解在复杂景观中生活史、散布力、不同的景观阻力模型对种群遗传结构的影响。

为模拟 3 个亚群 150 年内遗传多样性的变化趋势,根据 3 个亚群的空间分布范围,为各亚群初始化 100 个个体,利用 Graphab 软件计算个体间的最小费用距离作为个体在生境中扩散及寻找配偶的距离,使用川金 丝猴日移动最大距离 5 km 转化为费用距离后,设置为扩散的距离阈值。根据周芸芸等<sup>[35]</sup>利用 12 个微卫星 位点的研究结果,生成 3 个亚群的等位基因频率文件,每个位点最多包含 7 个等位基因。其他种群参数设置 如下:川金丝猴的婚配制度为一夫多妻制,雌性首次生育年龄为 5 岁,雄性为 7 岁,最高繁殖年龄为 20 岁<sup>[36-37]</sup>。虽然北京野生动物园川金丝猴曾成功产下一对双胞胎,但无产双胞胎的野外记录,因此在模拟中设 定每胎最大产仔数为 1。猴群新生婴猴的性比为 1:1;川金丝猴各年龄段死亡率见表 1<sup>[38]</sup>。软件设置蒙特卡 罗法模拟重复运行 10 次、模拟 150 年,采用期望杂合度(Expected heterozygosity)表示遗传多样性。

Table 1     Mortality of Sichuan snub-nosed monkeys in different age periods						
年龄段 Age period	雌性 Female Mean ± SD	雄性 Male Mean ± SD	年龄段 Age period	雌性 Female Mean ± SD	雄性 Male Mean ± SD	
0—1	55.0±10.0	55.0±10.0	4—5	5.0±2.0	5.0±2.0	
1—2	15.0±5.0	15.0±5.0	5—6	$3.0 \pm 1.0$	5.0±2.0	
2—3	$10.0 \pm 4.0$	$10.0 \pm 4.0$	6—7	$3.0 \pm 1.0$	5.0±2.0	
3—4	$5.0 \pm 2.0$	5.0±2.0	成年 Adult	3.0±1.0	3.0±1.0	

表1 川金丝猴各年龄段死亡率

#### 2 结果与分析

#### 2.1 生境适宜性模型

在模型结果中,模型平均训练数据集和验证数据集的 AUC 值分别为 0.9257±0.005 和 0.9013±0.016,表明 Maxent 模型对川金丝猴适宜生境的预测效果优秀。根据模型结果对各环境变量的重要性排序,从高到低依 次为:海拔(56.4%)、植被类型(15.5%)、居民点密度(8.9%)、道路密度(9%)、坡度(4.3%)、河流密度 (5.9%)。灵敏度和特异度之和最大时对应的川金丝猴生境适宜性划分阈值为 P=0.2897。

#### 2.2 适宜生境分布与连接度

研究区内潜在适宜生境总面积为 473.83 km<sup>2</sup>(图 3),目前适宜生境分布集中,神农架国家公园内潜在适



图 3 适宜生境间潜在扩散区域 Fig.3 The potential dispersal area between suitable habitat patches

2.3 旅游景点回避距离的识别

Mann-Whitey U 检验结果表明,在旅游景点 100 m 前、后猴群出现点频数发生显著变化(表 2),表明 0— 100 m 与 100—200 m 距离段内,旅游景点对川金丝猴出现具有显著影响,即 100 m 是旅游景点影响的距离阈 值,表明川金丝猴的出现对旅游景点具有一定的回避效应,回避距离为 100 m。

Table 2 Result of non-parameter testing on the frequency number of occurrence within varied distance to tourist attractions						
距景点距离/m Distance to tourist attractions	频数 Frequency number	Ζ	Р			
0—100	2	-2.177	0.029			
100—200	19					
0—200	21	-1.286	0.199			
200—400	57					
0—300	70	-0.671	0.502			
300—600	50					
0—400	78	-0.19	0.849			
400—800	95					

表 2 距离旅游景点不同距离范围内川金丝猴出现的非参数检验结果

#### 2.4 人为干扰对川金丝猴移动路径的影响

理想情境(S0)下,猴群在生境中移动畅通,电路理论与最小费用模型在研究区的中部和南部预测出相同 的、对于连通重要的区域(图4、图5),电路理论预测的区域更宽且有多种路径可以选择。道路干扰情境下 (S1),在中部和南部对于连通重要的区域与理想情境下一致,最小费用路径密度图(图5)显示高通过频率的 路径发生转移。旅游干扰情景下(S2),猴群的移动路径无变化,综合的干扰情景 S3 影响下,猴群迁移路径受 到的影响与情景 S1 一致。因此,道路干扰改变了最优的最小费用路径,旅游干扰对猴群的移动路径无明显 影响。

通过 Graphab 软件分别以川金丝猴日移动最大距离(欧式距离 5 km)和转化后的费用距离(109 费用单位)作为阈值划分各情景的组分,结果如图 6 所示,节点间欧式距离并未超出川金丝猴日扩散能力,无道路干扰时节点分布于 3 个组分中,道路干扰下节点分布于 5 个组分中,道路是导致南北连通丧失的原因。除少数 节点与相邻节点间最小费用距离大于川金丝猴日移动最大费用距离外,道路以南和以北区域内大部分节点的 连通性较好。

2.5 人为干扰对亚群连通性的影响

通过对不同干扰情境下各亚群内最小费用距离的差异性检验结果表明(图7):道路干扰对大龙潭和千家 坪亚群内连通性无显著影响,但显著改变了金猴岭亚群内的连通性;旅游干扰对三个亚群内的连通性均无显 著影响。

通过对不同干扰情境下各亚群间最小费用距离的差异性检验表明(图8):道路干扰存在时(S1和S3),亚 群间移动的最小费用距离显著大于无道路的情景(S0和S2),道路显著影响所有亚群间的连通性;旅游干扰 存在时(S2和S3),亚群间移动的最小费用距离与无旅游干扰的情景无显著差异(S0和S1),旅游干扰对亚群 间连通性无显著影响。对情景 S0及S1下3个亚群间的连通性进行差异性检验,结果显示在理想情景 S0下, 3个亚群间移动的最小费用距离存在显著差异(P<0.05):大龙潭和千家坪亚群间最小费用距离(450.6± 114.1)>金猴岭和千家坪亚群间最小费用距离(293.1±111.2)>大龙潭和金猴岭亚群间最小费用距离(248.7± 82.2);在道路干扰情境 S1下,大龙潭亚群和金猴岭亚群间(317.3±111.3)与金猴岭亚群和千家坪亚群间 (344.6±140.2)最小费用距离无显著差异(P>0.05),大龙潭亚群与千家坪亚群间(562.3±121.2)最小费用距离



图 4 不同干扰情景下电路理论模拟的移动

Fig.4 Potential movement using circuit theory of different disturbance scenarios



图 5 不同干扰情景下最小费用路径密度图 Fig.5 The least cost path density of different disturbance scenarios

显著大于(P<0.05)与其他亚群间移动的最小费用距离。

2.6 道路对遗传多样性的影响

理想情景 S0 和道路干扰情景 S1 下(图 9),大龙潭亚群与金猴岭亚群第150 年遗传多样性显著(P<0.05) 低于第1年,千家坪亚群无显著变化(P>0.05)。通过对每十年两个情景间遗传多样性差异进行检验,结果显示在第30、40 年道路影响下大龙潭亚群遗传多样性显著小于无道路影响情景;金猴岭亚群和千家坪亚群在两

7

 S0
 S1

 S0
 S1

 S0
 S1

 S0
 S1

 S0
 S1

 S0
 S1

 S1
 S1

 S1
 S1

 S1
 S1

 S1
 S1

 S2
 S1

 S1
 S1

 S2
 S2

 S3
 S2

 S4
 S2

 S2
 S2

 S2
 S2

 S2
 S2

 S2
 S2

 S3
 S2

 S4
 S2

 S2
 S2

 S3
 S2
</tr

图 6 不同干扰情景下组分划分

Fig.6 Map of component of different disturbance scenarios

个情景间无显著差异。对于整个异质种群而言,理想情景 S0 和道路干扰情景 S1 下,第 150 年川金丝猴遗传 多样性显著低于(P<0.05)第1年;S0 与 S1 情景在第 150 年遗传多样性无显著差异(P>0.05);通过对每十年 两个情景间遗传多样性差异进行检验,结果显示在第 30 年道路干扰显著降低了异质种群的遗传多样性。因 此,整个异质种群在 150 年内的遗传多样性呈下降趋势,道路的影响将加剧遗传多样性下降的程度。





Fig.7 The influence of different disturbance on the connectivity within subpopulation

同一亚群内不同的字母表示两组数据之间具有 P < 0.05 水平上的差异



图 8 不同干扰对亚群间连通性的影响



同一亚群间不同的字母表示两组数据之间具有 P < 0.05 水平上的 差异



\*表示两个情景间具有 P < 0.05 水平上的差异

#### 3 讨论

本文在生境适宜性分析的基础上探讨了人为干扰对神农架川金丝猴移动路径和连通性的影响,并利用景 观遗传学的方法结合物种种群参数预测了未来150年内整个异质种群在道路影响下遗传多样性的变化趋势, 对于小尺度下的濒危物种管理具有参考价值。

神农架川金丝猴的适宜生境面积为 473.83 km<sup>2</sup>,目前适宜生境分布集中,研究识别出多个生境斑块间潜 在扩散区域,可作为生境走廊的选址区域。增加生境斑块间连接度,有利于提高川金丝猴生境的可获得性,增 加环境容纳量。在不考虑人为干扰的情景下,川金丝猴在适宜生境中移动畅通,电路理论与最小费用模型在 研究区的中部和南部预测出相同的、对于连通重要的区域,电路理论预测的区域更宽且有多种路径可供选择。 电路理论相比最小费用距离模型而言,考虑了所有可能的路径,而最小费用距离模型仅产生唯一最优路径,基 于电路理论的连接度模型可以作为最小费用距离模型的补充。

通过最小费用距离模型对道路及旅游景点对川金丝猴移动路径的影响分析认为,道路改变了川金丝猴往 来于南北生境的最优路径,旅游景点对川金丝猴移动路径没有显著影响。进一步对亚群内和亚群间的最小费 用距离进行分析,表明道路显著影响金猴岭亚群内连通性,无道路时亚群内最小费用距离为122.54±60.35,道 路存在下为186.18±97.79 且分布于两个组分中;此外,道路显著增加了亚群间移动的阻力。旅游干扰的影响 主要是川金丝猴分布对其具有回避性,回避距离为100m。川金丝猴天性害羞,景区100m范围内游客嘈杂, 川金丝猴会避免靠近该区域,通过电路理论的分析认为川金丝猴在适宜生境内有多条路径可供选择,川金丝 猴可以选择其他路径绕行景点,因此,在神农架尺度上,旅游干扰对川金丝猴的连通性没有明显影响。

整个异质种群在150年内的遗传多样性呈下降趋势,道路的阻碍会加剧遗传多样性下降的程度,这与种 群本身遗传多样较低有关,该种群在种群历史上曾经历种群数量下降和长期的瓶颈<sup>[39-40]</sup>。大龙潭亚群与金 猴岭亚群遗传多样性预计会显著降低,在本研究使用的12个微卫星位点中,有多个低频率的等位基因[35],加

http://www.ecologica.cn

10

之道路的阻碍限制了基因流动,长期以往由于遗传漂变带来的等位基因丢失是物种遗传多样性下降的重要因素<sup>[41]</sup>。

根据研究结果提出以下建议:(1)潜在适宜生境间建立生境走廊,恢复适宜生境间连接度,生境走廊带除 了提供物种移动扩散的通道之外,还需要为物种提供必要的栖息环境,建议采用本地树种结合食源植物进行 生境恢复,包括以巴山冷杉、华山松为优势种的针叶林,以巴山冷杉和锐齿槲栎、华山松和水青冈、华山松和红 桦、华山松和紫枝柳为优势种的针阔混交林,及以红桦、漆树为优势种的落叶阔叶林<sup>[42]</sup>;(2)在川金丝猴移动 的最优路径与道路的重叠区域架设天桥、修建空中走廊,保证川金丝猴在生境间移动畅通;(3)将大龙潭和金 猴岭亚群作为保护和监测的重点,保持两个亚群间扩散路径的畅通;(4)建议控制进入川金丝猴主要活动区 域的景点人数,包括金猴岭、金猴飞瀑、大龙潭科普基地等,在川金丝猴活动区设立指示牌,禁止喧哗、不得私 自进入未开发地区;(5)对旅游景点影响的强度、时空特征等方面进行全面的调查监测,为生态旅游的合理布 局和调整提供依据。本文的研究针对单一物种,但该旗舰种的保护仍能使同域分布的物种受益。通过分析生 境间与川金丝猴分布点间的连通性,本文认为对于类似空间尺度较小的连通性研究,仅分析适宜生境间的连 通性会忽视对于物种移动的重要区域,建议结合两者同时分析。

本研究基于情景利用景观遗传学分析方法进行模拟分析,可用于预测干扰对物种未来遗传多样性的影响。景观遗传学未来的方向或从描述性的研究转移到预测性的研究,如全球变化过去、目前、未来如何影响中性和适应性遗传变异格局,Manel和Holderegger<sup>[43]</sup>给出了以下建议:(1)调查景观内环境因子的现时分布并确定环境因子如何影响适应性遗传变异的分布;(2)利用中性遗传变异分析当代的基因流以研究适应性基因通过景观扩散的潜力;(3)结合适应性遗传变异的空间格局和基因流的扩散信息,预测在不同的全球变化情境下物种与适应性遗传变异在未来空间分布<sup>[44]</sup>。

#### 参考文献(References):

- [1] Jordan S, Giersch J J, Muhlfeld C C, Hotaling S, Fanning L, Tappenbeck T H, Luikart G. Loss of Genetic diversity and increased subdivision in an endemic alpine stonefly threatened by climate change. PLoS One, 2016, 11(7): e0159931.
- [2] Frantz A C, Bertouille S, Eloy M C, Licoppe A, Chaumont F, Flamand M C. Comparative landscape genetic analyses show a Belgian motorway to be a gene flow barrier for red deer (*Cervus elaphus*), but not wild boars (*Sus scrofa*). Molecular Ecology, 2012, 21(14): 3445-3457.
- [3] Pérez-Espona S, McLeod J E, Franks N R. Landscape genetics of a top neotropical predator. Molecular Ecology, 2012, 21(24): 5969-5985.
- [4] Manel S, Schwartz M K, Luikart G, Taberlet P. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. Trends in Ecology & Evolution, 2003, 18(4): 189-197.
- [5] Holderegger R, Wagner H H. A brief guide to landscape genetics. Landscape Ecology, 2006, 21(6): 793-796.
- [6] Storfer A, Murphy M A, Evans J S, Goldberg C S, Robinson S, Spear S F, Dezzani R, Delmelle E, Vierling L, Waits L P. Putting the 'landscape' in landscape genetics. Heredity, 2007, 98(3): 128-142.
- [7] Balkenhol N, Cushman S A, Storfer A T, Waits L P. Landscape Genetics: Concepts, Methods, Applications. Chichester, UK: Wiley-Blackwell, 2015.
- [8] Holderegger R, Wagner H H. Landscape genetics. Bioscience, 2008, 58(3): 199-207.
- [9] Blair M E, Melnick D J. Scale-dependent effects of a heterogeneous landscape on genetic differentiation in the Central American Squirrel Monkey (Saimiri oerstedii). PLoS One, 2012, 7(8): e43027.
- [10] Li Y M. The effect of forest clear-cutting on habitat use in Sichuan snub-nosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*) in Shennongjia Nature Reserve, China. Primates, 2004, 45(1): 69-72.
- [11] Long Y, Richardson. *Rhinopithecus roxellana*. The IUCN Red List of Threatened Species (2008): e. T19596A8985735. DOI: 10.2305/IUCN.UK. 2008.RLTS.T39830A10273894.en. [2017-08-08]. http://www.iucnredlist.org/details/19596/0.
- [12] Chang Z F, Liu Z J, Yang J Y, Li M, Vigilant L. Noninvasive genetic assessment of the population trend and sex ratio of the Shennongjia population of Sichuan snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus roxellana*). Chinese Science Bulletin, 2012, 57(10): 1135-1141.
- [13] Li B G, Pan R L, Oxnard C E. Extinction of snub-nosed Monkeys in China during the past 400 years. International Journal of Primatology, 2002, 23(6): 1227-1244.
- [14] Li M, Liu Z J, Gou J X, Ren B P, Pan R L, Su Y J, Funk S M, Wei F W. Phylogeography and population structure of the golden monkeys (*Rhinopithecus roxellana*): inferred from mitochondrial DNA sequences. American Journal of Primatology, 2007, 69(11): 1195-1209.
- [15] Luo M F, Liu Z J, Pan H J, Zhao L, Li M. Historical geographic dispersal of the golden snub-nosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*) and the influence of climatic oscillations. American Journal of Primatology, 2012, 74(2): 91-101.
- [16] Pan D, Hu H X, Meng S J, Men Z M, Fu Y X, Zhang Y P. A high polymorphism level in Rhinopithecus roxellana. International Journal of

Primatology, 2009, 30(2): 337-351.

- [17] 朱兆泉. 神农架自然保护区金丝猴现状及保护. 野生动物, 1992, (3): 16-17, 19-19.
- [18] 王翠玲, 臧振华, 邱月, 邓舒雨, 冯朝阳, 谢宗强, 徐文婷, 刘蕾, 陈全胜, 申国珍. 湖北神农架国家级自然保护区森林和川金丝猴栖息 地的保护成效. 生物多样性, 2017, 25(5): 504-512.
- [19] 向左甫,禹洋,杨鹛,杨敬元,廖明尧,李明.神农架保护区的川金丝猴旗舰物种生态旅游有利于自然保护吗?科学通报,2011,56 (22):1784-1789.
- [20] 杨敬元, 廖明尧, 余辉亮, 姚辉. 神农架金丝猴保护与研究现状. 世界科技研究与发展, 2008, 30(4); 418-421.
- [21] 苏化龙,马强,林英华,陈千明,乔云高,谭明凤. 湖北省巴东县小神农架地区川金丝猴的种群调查. 兽类学报, 2004, 24(1): 84-87, 70-70.
- [22] Luo Z H, Zhou S R, Yu W D, Yu H L, Yang J Y, Tian Y H, Zhao M, Wu H. Impacts of climate change on the distribution of Sichuan snubnosed monkeys (*Rhinopithecus roxellana*) in Shennongjia area, China. American Journal of Primatology, 2015, 77(2): 135-151.
- [23] Elith J, Phillips S J, Hastie T, Dudík M, Chee Y E, Yates C J. A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. Diversity and Distributions, 2011, 17(1): 43-57.
- [24] Khatchikian C, Sangermano F, Kendell D, Livdahl T. Evaluation of species distribution model algorithms for fine-scale container-breeding mosquito risk prediction. Medical and Veterinary Entomology, 2011, 25(3): 268-275.
- [25] Phillips S J, Anderson R P, Schapire R E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. Ecological Modelling, 2006, 190(3/4): 231-259.
- [26] Searcy C A, Shaffer H B. Do ecological niche models accurately identify climatic determinants of species ranges? The American Naturalist, 2016, 187(4): 423-435.
- [27] Songer M, Delion M, Biggs A, Huang Q Y. Modeling impacts of climate change on Giant Panda habitat. International Journal of Ecology, 2012, 2012: 108752.
- [28] Tan C L, Guo S, Li B G. Population structure and ranging patterns of *Rhinopithecus roxellana* in Zhouzhi National Nature reserve, Shaanxi, China. International Journal of Primatology, 2007, 28(3): 577-591.
- [29] McRae B H, Shah V B, Mohapatra T K. 2013. Circuitscape 4 User Guide. The Nature Conservancy. [2014-03-28]. http://www.circuitscape.org.
- [30] Wang F, McShea W J, Wang D J, Li S, Zhao Q, Wang H, Lu Z. Evaluating landscape options for corridor restoration between Giant Panda reserves. PLoS One, 2014, 9(8): e105086.
- [31] 刘刚,龚明昊,官天培,谌利民,李惠鑫,张翼,周天元.生态旅游对大熊猫影响评价方法研究——以四川唐家河国家级自然保护区为例.动物学杂志,2016,51(5):724-733.
- [32] 李佳, 丛静, 刘晓, 周芸芸, 王秀磊, 李广良, 李迪强. 基于红外相机技术调查神农架旅游公路对兽类活动的影响. 生态学杂志, 2015, 34(8): 2195-2200.
- [33] Foltête J C, Clauzel C, Vuidel G. A software tool dedicated to the modelling of landscape networks. Environmental Modelling & Software, 2012, 38: 316-327.
- [34] Landguth E L, Cushman S A. cdpop: a spatially explicit cost distance population genetics program. Molecular Ecology Resources, 2010, 10(1): 156-161.
- [35] 周芸芸, 薛亚东, 张宇, 余辉亮, 杨林森, 蒋军, 张于光. 基于微卫星 DNA 的神农架川金丝猴遗传结构研究. 生态学报, 2018, 38(4): 1401-1410.
- [36] 梁冰, 戚汉君, 张树义, 任宝平. 笼养川金丝猴不同年龄阶段的发育特征. 动物学报, 2001, 47(4): 381-387.
- [37] Qi X G, Li B G, Ji W H. Reproductive parameters of wild female *Rhinopithecus roxellana*. American Journal of Primatology, 2008, 70(4): 311-319.
- [38] 肖文, 霍晟, 向左甫, 崔亮伟. 黑白仰鼻猴种群生存力初步分析. 动物学研究, 2005, 26(1): 9-16.
- [39] Chang Z F, Luo M F, Liu Z J, Yang J Y, Xiang Z F, Li M, Vigilant L. Human influence on the population decline and loss of genetic diversity in a small and isolated population of Sichuan snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus roxellana*). Genetica, 2012, 140(4/6): 105-114.
- [40] Zhou X M, Meng X H, Liu Z J, Chang J, Wang B S, Li M Z, Wengel P O, Tian S L, Wen C L, Wang Z M, Garber P A, Pan H J, Ye X P, Xiang Z F, Bruford M W, Edwards S V, Cao Y C, Yu S C, Gao L J, Cao Z S, Liu G J, Ren B P, Shi F L, Peterfi Z, Li D Y, Li B G, Jiang Z, Li J S, Gladyshev V N, Li R Q, Li M. Population genomics reveals low genetic diversity and adaptation to hypoxia in Snub-nosed monkeys. Molecular Biology and Evolution, 2016, 33(10): 2670-2681.
- [41] Luo M F, Pan H J, Liu Z J, Li M. Balancing selection and genetic drift at major histocompatibility complex class II genes in isolated populations of golden snub-nosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*). BMC Evolutionary Biology, 2012, 12: 207.
- [42] 王鹏程,滕明君,穆俊明,胡文杰,杨敬元,晏召贵.神农架自然保护区川金丝猴退化生境特征及恢复技术.华中农业大学学报,2017, 36(5):1-9.
- [43] Manel S, Holderegger R. Ten years of landscape genetics. Trends in Ecology & Evolution, 2013, 28(10): 614-621.
- [44] Balkenhol N, Gugerli F, Cushman S A, Waits L P, Coulon A, Arntzen J W, Holderegger R, Wagner H H. Identifying future research needs in landscape genetics: where to from here? Landscape Ecology, 2009, 24(4): 455-463.