DOI: 10.20103/j.stxb.202408121898

杨颖,陈莹,周安强.利用稳定同位素技术探究福建过境白眉鸫和灰背鸫繁殖来源.生态学报,2025,45(19): - . Yang Y, Chen Y, Zhou A Q. The application of stable isotope technology to explore the breeding origins of Eyebrowed Thrush (*Turdus obscurus*) and Greybacked Thrush (*Turdus hortulorum*) migrating through Fujian. Acta Ecologica Sinica, 2025, 45(19): - .

利用稳定同位素技术探究福建过境白眉鸫和灰背鸫繁 殖来源

杨 颖1,陈 莹1,*,周安强1,2

1 福建农林大学林学院,福州 350007 2 广州市石门国家森林公园管理中心,广州 510980

摘要:利用候鸟羽毛中的稳定同位素技术可以预测中途停歇地未标记个体来源,有助于理解鸟类迁徙模式和中途停留生态。 2021年和 2022年秋季,在东亚-澳大利西亚迁徙通道的重要停歇地——福建省三明市明溪县,开展了鸫科候鸟环志工作,采集 优势物种白眉鸫(*Turdus obscurus*)和灰背鸫(*Turdus hortulorum*)各 20 枚个体尾羽样本,通过结合稳定同位素($\delta^2 H_f$ 和 $\delta^{18}O_f$)分析 和繁殖鸟类相对丰度数据,利用贝叶斯方法对鸫鸟的空间概率分布进行预测,并分析繁殖地纬度不同的鸫科候鸟在迁徙时序上 的差异。结果表明,秋季迁徙途经明溪的白眉鸫,其繁殖地主要分布在俄罗斯布里亚特共和国与伊尔库茨克州交界的贝加尔湖 区域,以及克拉斯诺亚尔斯克边疆区安加拉河周边地区;而灰背鸫的繁殖地则集中在中国黑龙江省与俄罗斯滨海边疆区交界的 兴凯湖周围及滨海边疆区沿海地带。并且分析发现,两种鸫科候鸟通过明溪的时间存在差异(*T* test,*P*<0.01),2021年和 2022 年白眉鸫抵达明溪县的日期均明晚于灰背鸫,表明繁殖地纬度的差异是导致迁徙距离不同的鸫科候鸟在秋季通过明溪县时间 差异的原因。稳定同位素技术的应用能够深入了解不同迁徙路径上候鸟的繁殖来源与迁徙时序,为鸟类保护和迁徙生态研究 提供了新的研究手段和理论依据。

关键词:白眉鸫;灰背鸫;繁殖来源;稳定同位素;贝叶斯法则

The application of stable isotope technology to explore the breeding origins of Eyebrowed Thrush (*Turdus obscurus*) and Grey-backed Thrush (*Turdus hortulorum*) migrating through Fujian

YANG Ying¹, CHEN Ying^{1,*}, ZHOU Angiang^{1,2}

1 Forestry Institute, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350000, China

2 Guangzhou Shimen National Forest Park Management Center, Guangzhou 510980, China

Abstract: The use of stable isotope technology to study the feathers of migratory birds has become an essential tool for understanding migration patterns. This technique enables researchers to pinpoint the origins of unmarked individuals at stopover sites, offering vital insights into migration routes, stopover behavior, and the environmental conditions influencing these journeys. By analyzing isotopic signatures in feathers, scientists can trace the geographical and ecological factors that shape the migration patterns of various species, even over long distances. In the autumns of 2021 and 2022, migratory bird banding efforts took place in Mingxi County, Sanming City, Fujian Province, which is located along the East Asia-Australasia migration route. This region is critical as a stopover site for numerous migratory species traveling between their breeding grounds and wintering areas. To better understand the migratory behaviors of birds in this area, researchers

收稿日期:2024-08-12; 网络出版日期:2025-00-00

基金项目:明溪县林业局鸟类环志与迁徙研究(一期)(KH210257A)

^{*} 通讯作者 Corresponding author.E-mail: yeye0914@ 163.com

collected tail feather samples from 20 individuals each of two dominant species; the Eyebrowed Thrush (Turdus obscurus) and the Grey-backed Thrush (Turdus hortulorum). These species were chosen due to their significant presence in the region and their relevance to migration studies. Stable isotope analysis, focusing on isotopes of hydrogen $(\delta^2 H_f)$ and oxygen (δ^{18}) O_{ℓ}), was conducted on the feather samples. These isotopes are sensitive to environmental factors such as water sources, precipitation patterns, and latitude, which provide unique chemical signatures revealing the birds' breeding origins. Additionally, data on the relative abundance of breeding birds were included to enhance understanding of migration dynamics. Researchers employed Bayesian statistical methods to estimate the spatial probability distribution for both species, aiding predictions about their likely breeding grounds. The study revealed notable differences in the breeding grounds of the two thrush species. The Eyebrowed Thrush primarily breeds in the Lake Baikal region, straddling the border of the Buryatia Republic and Irkutsk Oblast in Russia, with additional populations near the Angara River in Krasnoyarsk Krai. In contrast, the Grey-backed Thrush mainly breeds around Xingkai Lake, located at the border between Heilongjiang Province in China and Primorsky Krai in Russia, along with coastal areas in Primorsky Krai. Furthermore, the analysis uncovered significant differences in the timing of passage through Mingxi between the two species. Statistical testing (T-test, P<0.01) indicated that in both 2021 and 2022, Eyebrowed Thrushes arrived at the stopover site significantly later than Grey-backed Thrushes. This variation in migration timing is likely linked to differences in the latitudes of their breeding grounds, which affect their migration schedules. Overall, the study emphasizes the power of stable isotope technology in understanding migratory behavior and breeding sources. By elucidating migration timing, routes, and stopover behaviors, this approach contributes valuable insights that can inform future conservation efforts for migratory birds and their critical habitats.

Key Words: Eyebrowed Thrush; Grey-backed Thrush; breeding source; stable isotopes; Bayes' rule

鸟类为了探索和利用季节性的生物资源,常常存在往返于繁殖地、越冬地、换羽地和停歇地之间的迁徙行为^[1]。研究表明,迁徙物种在其越冬和繁殖地点的环境条件和栖息地质量会对个体的适应和生存产生影响^[2]。建立候鸟繁殖地、中途停歇地和越冬地之间的迁徙连通性,能够得到种群的运动轨迹信息,能有效的制定候鸟保护措施^[3]。因此,只有了解候鸟在繁殖地、越冬地和停歇地点之间科学合理的联系,才能更好地理解和揭示影响候鸟种群数量变化和健康状况的因素^[4]。

在研究鸟类个体的地理运动过程中使用的研究方法有很多种,包括环志,雷达监测和卫星追踪等传统的 外源性方法^[5]。环志方法虽然能够了解鸟类的迁徙路线、迁徙停歇地、迁徙范围等信息,但是能够回收的个 体数量非常的少,用于追踪繁殖来源需要几十年甚至上百年的数据积累^[6]。利用雷达监测鸟类迁徙,只能大 致区分鸟类体型大小,难以识别鸟类的种类,同时大部分研究工作都是结合机场或气象站的雷达设备开展合 作研究,研究地点的选择受到限制^[7]。卫星跟踪器的重量较大,往往无法满足小型鸟类的需求,并且附着在 鸟类身体上的外源性设备可能会改变其行为^[8]。因此,鉴于上述传统方法的技术和成本限制,不能适用于多 种迁徙鸟类的繁殖溯源研究,尤其针对小型鸟类,并且达到种群水平的样本数量。使用非侵入性的方法—— 稳定同位素技术降低在采样过程中的伤害程度^[9],并且之后无需持续追踪鸟类的运动,只需要采集羽毛样本 并分析其稳定同位素比值,就可以获得关于其繁殖来源的信息^[10]。

稳定同位素在不同地理环境中存在差异,能有效反映鸟类的取食地理信息^[11]。血液适用于一周以内稳定同位素变化的监测,而羽毛则能够保留长期稳定同位素特征,提供换羽地的地理信息^[12-14]。Wunder 和Brattström 发现不同地区内生长的羽毛反映了该地区降水的同位素值,通过调查 $\delta^2 H_f \pi \delta^2 H_p$ 之间的关系,利用它可以成功地将候鸟的繁殖或越冬来源联系起来,对鸟类的来源和运动方面有更深入的了解^[15-16]。Kahee利用尾羽中的 $\delta^2 H \pi \delta^{18} O$ 发现经过韩国朱南湿地公园的针尾鸭有(*Anas acuta*)两个以上的繁殖来源^[17]。祝芹利用物种分布模型(SDM)和羽毛稳定同位素分析越冬鸿雁(*Anser cygnoides*)的繁殖来源,发现来自中国江西省鄱阳湖越冬地的鸿雁存在多个繁殖来源^[18]。但 Hobson 发现羽毛内 H 与 O 和 N 形成弱键,导致羽毛角

蛋白中部分 H 与周围的水蒸气发生交换,测量出的实际数值存在误差^[19],而测量的稳定氧同位素($\delta^{18}O$)理论上可以克服这个问题,因为组织中的 $\delta^{18}O$ 并不与周围的水蒸气进行交换,因此测量误差通常更小(±0.4‰~± 3‰)^[20-21],但与 $\delta^{2}H$ 相比, $\delta^{18}O$ 的自然变化范围较小,例如:在欧洲 $\delta^{18}O$ 和 $\delta^{2}H$ 分别约为 17.2‰和 126‰^[22]。因此,同时使用多种稳定同位素有助于更精确的预测鸟类繁殖来源^[23]。

迁徙时间在个体迁徙中起着关键作用,需要根据出发地区、迁徙路线和到达时的环境条件进行调整^[23]。 迁徙距离会影响迁徙物候,离繁殖地较近的越冬物种通常在春季早到,秋季晚到^[24-25]。Wobker 分析了在迁 徙中途停留地的大量东亚鸣禽物种的迁徙物候模式,将物种间关系与迁徙距离联系起来,发现长距离迁徙的 物种比短距离迁徙的物种在秋季更早经过中途停留点,或者在高纬度地区繁殖的物种在春季更晚迁徙,在秋 季更早迁徙^[26]。根据 IUCN 濒危物种红色名录(IUCN: https://www.iucnredlist.org/)中记录的白眉鸫和灰背 鸫的繁殖范围,发现其繁殖纬度存在一定差异。因此,通过比较两种鸫科候鸟的预测繁殖来源地距离,分析其 迁徙时序的差异。

福建省三明市明溪县有着"千年鸟道"之称,位于东亚-澳大利西亚迁徙通道上,有着丰富的鸟类资源,每年都有大批鸟类在此停留,发现有许多的雀形目鸟类途径此地,如白眉鸫(Turdus obscurus)、灰背鸫(Turdus hortulorum)、乌灰鸫(Turdus cardis)、白腹鸫(Turdus pallidus)和斑鸫(Turdus eunomus)等^[27]。但有关鸫科候鸟在这条飞行路线上的繁殖、停歇和越冬信息都十分匮乏,关于其迁徙和迁徙连通性的研究存在较大空白。本研究在 2021 年和 2022 年在明溪县开展秋季鸟类环志工作,发现白眉鸫和灰背鸫是途经明溪县的优势物种。因此,选取优势物种白眉鸫和灰背鸫两种鸫科候鸟作为研究对象,利用氢氧稳定同位素技术对其尾羽样本进行繁殖来源研究,试图获取其地理来源。并且研究其繁殖来源,对于理解两种迁徙鸫鸟在时间调配上是如何集中通过迁徙停歇地的秋季迁徙策略至关重要,为白眉鸫和灰背鸫及其繁殖地的保护提供科学依据。

1 研究方法

1.1 研究区域概况和研究对象

1.1.1 研究区域概况

位于福建省西北部的明溪县(E116°47′—117°35′,N26°08′—26°39′)是我国生物多样性最为丰富的县份 之一,生态系统多样造就其拥有丰富的生物资源,濒危珍稀种群繁多,地处全球候鸟迁徙通道之一的东亚-澳 大利西亚迁徙通道上,每年在明溪越冬和迁徙过境的候鸟约160种100万只,迁徙高峰期集中在秋季(9月至 11月)和春季(3月至5月),迁徙过境和越冬的候鸟主要包括白眉鸫、灰背鸫、乌灰鸫、鸳鸯(Aix galericulata)、绿头鸭(platyrhynchos)等^[28]。

1.1.2 研究对象

明溪县在历史上曾存在长期捕捉鸫科候鸟的传统,揭示了明溪县是鸫科候鸟的重要迁徙停歇地。经过 2021年和2022年的鸟类环志工作,不仅揭示白眉鸫和灰背鸫是途经明溪县的优势物种,并且发现鸫科候鸟 在很短的时间内(11月1日—11月15日)高峰通过明溪^[29]。

(1) 白眉鸫(Turdus obscurus)

中等体型(21—23cm)的褐色鸫,脸部特征醒目,具有白色的眉纹和眼下月牙斑,上体橄榄褐,下胁部为橙 色,腹和尾下覆羽白色。繁殖于西伯利亚中部和东部(包括堪察加半岛)的大部分泰加林。越冬于亚洲东南 部和印度尼西亚。

(2) 灰背鸫(Turdus hortulorum)

中等体型(20—23cm)的灰色鸫,头部、上体和尾部呈现非常一致的灰色至棕灰色,下胸部两侧、胁部和翅下覆羽橙色。此外,与雄鸟不同的的部分在于雌鸟喉部和胸部有暗色斑点。繁殖区位于欧亚大陆的俄罗斯东南部和中国东北部,越冬于中国长江流域以南地区和东南亚地区。

1.2 样本采集

于 2021 年和 2022 年的 11 月秋季迁徙期间,通过在山林里架设粘网对通过研究区域的白眉鸫和灰背鸫

45 卷

进行捕捉,对捕获的个体进行测量和佩戴金属脚环,以及进行性别、年龄的鉴定。采集其最外侧尾羽后将其放归野外,随后将尾羽样品装入信封中进行保存。

1.3 稳定同位素分析

选取白眉鸫和灰背鸫的尾羽各 20 枚,其中幼雌、幼雄、成雌、成雄各 5 枚。将实验分析用的尾羽样本去除 表面污染物,浸泡于 2—3 倍的氯仿和甲醇(2:1)混合溶液进行脱脂处理,并使用相同容量的蒸馏水进行二次 清洗。清洗结束的样品放入通风橱中风干,以彻底去除残留的水分。将风干后的样品取其尖端 1cm 研磨至 60 目筛,放入元素分析与稳定同位素比值质谱联用仪(elemental analyzer-isotope ratio mass spectrometer, EA-IRMS)进行测定,在元素分析仪中高温裂解成 H₂和 CO,全过程在线自动进行。随后,H₂和 CO 通过气相进行 分离,分别经由 ConFlo IV 装置进入 IRMS,测定 H 和 O 同位素的比值。以上所有样品均送至中国农业科学院 农业质量标准与检测技术研究所稳定性同位素比率质谱实验室进行检测。

 $\delta R_{\text{sample}}(\%) = (\delta R_{\text{sample}} - \delta R_{\text{standard}}) / \delta R_{\text{standard}} \times 1000$

其中, δR_{sample} 为被测样品的稳定同位素值, $\delta R_{\text{standard}}$ 为标准物的同位素。

1.4 数据处理

在进行数据统计分析之前,使用 Shapiro-Wilk Normality Test 检验白眉鸫和灰背鸫尾羽样本 $\delta^2 H_f \pi \delta^{18} O_f$ 值的正态性。使用单因素方差分析相同地点但不同年份以及不同采集时间的羽毛样品 $\delta^2 H_f \pi \delta^{18} O_f$ 的差异性。使用双因素方差分析与 Kruskal-Wallis 分析,检验性别、年龄以及二者的交互作用对 $\delta^2 H_f \pi \delta^{18} O_f$ 值的影响。使用广义线性模型评价不同物种对 $\delta^2 H_f \pi \delta^{18} O_f$ 值的影响。以上所有统计分析均在 R 4.3.3 中进行^[30-32]

1.5 基于稳定同位素值的地理分配

Bowen 根据国际原子能机构(International Atomic Agency; IAEA)的全球降雨同位素网络(Global Network of Isotopes in Precipitation; GNIP)获取 $\delta^2 H_p \pi \delta^{18} O_p$ 数据进行插值计算,分别绘制了全球生长季节(气温>0°C) 降水 $\delta^2 H_p \pi \delta^{18} O_p$ 变化图(图1)^[33]。根据图1可知,与俄罗斯相比,中国不同地区的生长季节降水中的 $\delta^2 H \pi \delta^{18} O$ 较为复杂, $\delta^2 H \pi \delta^{18} O$ 跨度的范围也更大。从总体上看,中国与俄罗斯都呈现着 $\delta^2 H_p \pi \delta^{18} O_p$ 随着纬度的上升而下降的趋势,且沿海地区的高于内陆地区。



图 1 中国和俄罗斯不同地区降水 $\delta^2 H$ 和 $\delta^{18} O$ 比率空间分布图 Fig.1 Spatial distribution of precipitation $\delta^2 H$ and $\delta^{18} O$ ratios in different regions of China and Russia

Hobson 等学者研究了欧洲鸟类^[34]和北美鸟类^[35]羽毛稳定同位素值与当地降水之间的关系。然而,亚洲 地区缺乏降水和鸟类羽毛 $\delta^2 H$ 与 $\delta^{18}O$ 同位素值之间的关系。因此,在没有先验信息的情况下,使用描述欧洲 鸟类羽毛和降水稳定同位素相关关系的重调标度方程^[36],并根据 IUCN(国际自然保护联盟)濒危物种红色名

5

录中下载白眉鸫与灰背鸫繁殖范围分布图,随后根据重调标度方程校准的稳定同位素底图裁剪至繁殖范围。

通过公众科学数据库中收录(eBird: https://ebird.org; GBIF: https://www.gbif.org)的观测数据创建每个 物种繁殖丰度的基础图之后进行归一化处理,将原始丰度估计值转换成繁殖丰度概率面(图 2)^[37-38]。随后, 使用正态概率密度函数(Eq. 1)^[39-40],评估每个个体样本在稳定同位素底图中单个像元所代表的个体来源概 率。因此,假设任一像元所代表的个体来源概率值符合正态分布:

$$f(y^* | \boldsymbol{\mu}, \, \boldsymbol{\sigma}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi \, \boldsymbol{\sigma}^2}} \exp\left[-\frac{1}{2 \, \boldsymbol{\sigma}^2} (y^* - \boldsymbol{\mu})^2\right] \tag{1}$$

上式中, $f(y^* | \mu, \sigma)$ 代表在繁殖分布范围内未知来源个体(y^*)的潜在来源的概率; μ 代表期望均值为 μ 的像元, σ 由重调标度方程残差的标准差计算获得。并经由贝叶斯法则(Bayes'rules),将物种繁殖丰度纳入分配模型中:

$$f(b_i | y^*) = \frac{f(y^* | b_i)f(b_i)}{\sum_{i=1}^{B} f(y^* | b_i)f(b_i)}$$
(2)

上式中,f(b_i| y^{*})为未知来源个体(y^{*})在繁殖范围内任一像元所代表的个体来源的后验概率;f(b_i)代 表经由繁殖丰度转换的先验概率;f(y^{*}|b_i)由公式(1)计算得到。为了得到群体的繁殖来源,每个个体的后 验概率面,通过2:1的比值将个体分配到其潜在的繁殖来源,其中预测概率前66.7%的像元作为可能的繁殖 来源(赋值为1),剩余33.3%则被视为非繁殖来源(赋值为0)^[41]。以上所有的操作均在软件 R 4.3.3(R Core Team,2023)和 ArcGIS 10.8(Esri,2020)中进。





Fig.2 Breeding range prior probability surfaces generated from data observed during the breeding seasons of Eyebrowed Thrush and Grey-backed Thrush in 2021 and 2022

1.6 物种间迁徙时序比较

为了分析物种的迁徙模式,比较鸫科候鸟迁徙距离是否会影响迁徙时间,通过每个物种的平均繁殖纬度与研究地点纬度之间的差值计算物种的迁移距离,作为白眉鸫和灰背鸫从繁殖地迁徙至明溪县的地理距离。

2 结果与分析

2.1 羽毛稳定同位素差异性分析

根据 Shapiro-Wilk Normality Test 检验结果显示白眉鸫的 $\delta^2 H_f$ 符合正态分布(W = 0.93, P = 0.14),但是 $\delta^{18}O_f$ 显示不符合正态分布(W = 0.88, P = 0.015),根据直方图检查表明,这主要是由于缺乏靠近北端来源的样本。因此,所有后续分析均假设为正态分布。灰背鸫羽毛中的 $\delta^2 H_f(W = 0.93, P = 0.21)$ 和 $\delta^{18}O_f(W = 0.96, P = 0.016)$

0.70)均符合正态分布。

白眉鸫在 2021 年和 2022 年采集的两批样品, $\delta^2 H_f$ 具有显著性的差异(F=4.82,P=0.041),而并无 $\delta^{18} O_f$ 值 差异(F=0.69,P=0.41)。因此,随后的分析,将白眉鸫两批羽毛样品 $\delta^2 H_f$ 使用非参 Kruskal-Wallis 分析,分析 结果显示不同年份采样的尾羽样本的 $\delta^2 H_f$ 值不存在显著性差异(χ^2 =3.13,df=3,P=0.37)。而灰背鸫采集的 两批样品, $\delta^2 H_f$ (F=0.64,P=0.43)和 $\delta^{18} O_f$ (F=0.72,P=0.40)值均无显著性差异。

双因素方差分析结果显示,白眉鸫的 $\delta^2 H_f$ 对年龄(F=0.053,P=0.82)、性别(F=0.283,P=0.60)以及二者间的交互作用(F=1.01,P=0.32)无显著性差异; $\delta^{18}O_f$ (P>0.05)也不存在显著性差异。并且灰背鸫的年龄、性别以及二者间的交互作用对采样个体羽毛内的 $\delta^2 H_f$ 和 $\delta^{18}O_f$ 影响均不显著(P>0.05)。

在以上分析中均无显著差异的情况下,合并成一组进行分析。单因素方差分析结果显示,没有发现白眉 鸫羽毛 $\delta^2 H_f(F=1.867, P=0.18)$ 和 $\delta^{18}O_f(F=0.675, P=0.42)$ 随着羽毛采集时间发生变化的证据。同时也没发 现灰背鸫羽毛 $\delta^2 H_f(F=0.585, P=0.45)$ 和 $\delta^{18}O_f(F=0.3, P=0.86)$ 随着羽毛采集时间发生变化的证据。GLM 模型结果显示,白眉鸫和灰背鸫的 $\delta^2 H_f(t=6.37, P<0.001)$ 和 $\delta^{18}O_f(t=4.64, P<0.001)$ 存在显著的种间差异,即 两个物种的繁殖来源不同。

2.2 繁殖地来源预测

根据收集繁殖期间白眉鸫和灰背鸫的物种观测数据生成其繁殖区域的先验概率面(图2),以缩小分配来源的地理范围。随后,分别将白眉鸫与灰背鸫的样本稳定同位素值分配到δ²H_f和δ¹⁸O_f重调标度方程生成降水等值线上,并总结得出的后验来源概率,以确定种群水平上的来源。

根据最终生成的δ²H_f和δ¹⁸O_f后验来源概率面表明,白眉鸫大多数的个体主要集中在俄罗斯布里亚特共和国与伊尔库茨克州交接的贝加尔湖以及克拉斯诺亚尔斯克边疆区安加拉河的周围地区(图3)。灰背鸫大 多数个体主要来自繁殖范围的东南部,主要集中在中国黑龙江省与俄罗斯滨海边疆区交界处的兴凯湖周围以 及俄罗斯滨海边疆区沿海地区(靠近日本海)(图3)。

2.3 物种间迁徙时序

白眉鸫到研究地点的平均距离为 3500km,与灰背鸫相比其迁徙距离更长,灰背鸫到达研究地点的平均距 离为 2100km。结合迁徙时序与迁徙距离的结果可得知,2022 年白眉鸫和灰背鸫的迁徙中位数日期较 2021 年 都有所提前,2021 年灰背鸫的迁徙中位数日期比白眉鸫早了 2 天(T 检验,t=4.31,P<0.01),2022 年白眉鸫的 迁徙中位数日期则晚了 3 天(T 检验,t=2.83,P=0.01),结果显示 2021 年和 2022 年均是迁徙距离较近的灰背 鸫早于白眉鸫到达研究地点(图 4)。

3 讨论

3.1 物种内和物种间的稳定同位素值差异

不同年份和同一物种内的越冬鸫科候鸟 $\delta^2 H_f 与 \delta^{19} O_f$ 值均无显著差异,,这些结果说明 2021 年和 2022 年 经过研究地点的白眉鸫和灰背鸫在种群内部不同性别和年龄的个体具有相似繁殖来源和换羽策略。Wilson 和 Hobson 发现斯氏夜鸫(*Catharus ustulatus*)雌性幼鸟的 $\delta^2 H_f$ 低于雌性成鸟的 $\delta^2 H_f^{[42]}$ 。Elizabeth 和 Bridget 调 查了棕林鸫(*Hylocichla mustelina*)成鸟和幼鸟间 $\delta^2 H_f$ 的变化,发现了成鸟和幼鸟之间有发生年份的差异,以及 棕林鸫的年龄差异会影响利用 $\delta^2 H_f$ 分配繁殖来源的准确性^[43]。然而在本研究中并没有发现成鸟和幼鸟间稳 定同位素值的差异,这可能是由于鸫科候鸟的成鸟和幼鸟在繁殖后迁徙至同位素值相似的地方造成的,鸫科 候鸟的栖息地选择条件可能存在差异。因此,还需要探究更多与物种的相关信息,以充分了解物种内部不同 个体的繁殖后迁徙策略。

与此同时,本研究发现白眉鸫与灰背鸫的稳定同位素比率存在差异,其结果可能是由于经过研究地点的 白眉鸫与灰背鸫之间的繁殖范围存在着差异。由于不同物种在生态系统中的繁殖范围受多种因素的影响,包 括食物资源^[44-45]、栖息选择和竞争关系等因素,这些因素导致不同物种在稳定同位素比率上存在差异,导致



图 3 使用 $\delta^2 H_t n \delta^{18} O_t$ 推测白眉鸫和灰背鸫繁殖时期分布区域。图例值表示栅格中单个像元的潜在个体数。

Fig.3 Using $\delta^2 H_f$ and $\delta^{18} O_f$ to infer the distribution areas of Eyebrowed Thrush and Grey-backed Thrush. The legend values indicate the potential number of individuals present in each grid pixel

其繁殖范围之间的差异。但是,有关这一部分的结果还 需要进一步的验证,收集关于白眉鸫与灰背鸫物种之间 的关系以及有关物种的取食和栖息选择等额外信息进 行探究。

3.2 概率分配模型的精确性

许多研究证实了动物惰性组织中的 $\delta^2 H_f$ 与全球水 文 $\delta^2 H_p$ 等景观之间的关系^[46]。本文使用一种假设的校 正算法,将稳定同位素与观测数据相结合的方法预测鸫 科候鸟的繁殖来源,但在整个繁殖范围内鸫科候鸟预测 的繁殖来源与繁殖丰度并没有呈现太强烈的正相关关 系。共同使用多种同位素或同位素信息与非同位素信 息(例如,环志数据、个体跟踪数据、遗传学以及物种丰 度数据等)可以用于改进物种潜在繁殖地的分 配^[47-48]。Rushing 和 Marra 利用六种新热带候鸟的已 知来源的稳定氢同位素样本,发现分配误差大幅度的被 丰度模型的精度提高所抵消,证明适当地加权丰度和同





位素数据可以使模型具有更高的精度,在某些情况下,比仅基于同位素的模型误差更小^[49]。这些结果证实, 繁殖丰度可以作为研究候鸟和其他类群大规模迁徙的重要信息来源。然而,使用这一先验还需假设一只鸟从 其活动范围的任何地点通过研究区域的迁徙概率相等,从而忽略了来自其它迁徙路线飞行的鸟类。因此,这 样的先验可能会在分配时造成误差,有关这部分的研究还需要进一步的研究。因此,本研究还需要对所研究 物种的额外信息进一步完善,例如,更精细的物种分布、密度估计、迁徙路线和栖息地选择等信息可以作为贝 叶斯模型中的先验信息,以提高分配算法结果的准确性^[50]。

3.3 物种间迁徙时序差异

稳定同位素分析提供了一种方法来检验迁徙时间是否受到秋季迁徙前繁殖来源或春季预测的繁殖目的 地的影响^[51]。Bradley 发现长距离迁徙可能为了逃避竞争而进化的,形态相似的物种在迁徙距离和时间上存 在显著差异^[52]。Wieland 和 Jana 探究东亚候鸟迁徙物候对中途停留期间生态位的影响,发现长距离迁徙的 候鸟通过研究地点的时间较早,而迁徙距离短的物种则较晚^[53]。而本研究发现 2021 年和 2022 年都是迁徙 距离较近的灰背鸫比距离较远的白眉鸫更早经过研究地点,这可能是由于气候变化^[54]、风向和气流模式^[55] 影响鸟类种群的迁徙时间。此外,Marta 发现迁徙持续的时间、距离、路线直线度和能量消耗会影响长距离迁 徙鸟类的迁徙时间,鸟类迁徙的时间越长,在不同的环境条件下的潜在威胁越大^[56]。因此,未来的研究还需 对影响鸟类迁徙时序的因子进行评估,以全面了解持续的秋季物候和气候变化将如何影响白眉鸫与灰背鸫的 迁徙时间。

4 结论

越冬鸟类的繁殖来源和迁徙连通性对于了解越冬种群的年周期变化具有重要意义。利用稳定同位素技术追踪鸟类的迁徙路线、栖息地和繁殖来源等关键信息能够提供比传统标记方法更细致的数据,尤其在涉及 复杂的迁徙模式下具有无可比拟的优势。此外,随着技术的不断发展,稳定同位素方法的精度和应用范围也 在不断拓展,未来可以进一步结合气候变化、栖息地保护等领域的研究,为鸟类迁徙的管理和保护提供更加科 学的依据。

参考文献(References):

- [1] Thorup K, Tøttrup A P, Willemoes M, Klaassen R H G, Strandberg R, Vega M L, Dasari H P, Araújo M B, Wikelski M, Rahbek C. Resource tracking within and across continents in long-distance bird migrants. Science Advances, 2017, 3(1): e1601360.
- [2] Albert S, Wolfe J D, Kellerman J, Sherry T, Stutchbury B J M, Bayly N J, Ruiz-Sánchez A. Habitat ecology of Nearctic-Neotropical migratory landbirds on the nonbreeding grounds. The Condor, 2020, 122(4): duaa055.
- [3] Trierweiler C, Klaassen R H, Drent, R H, Exo K M, Komdeur J, Bairlein F, Koks B J. Migratory connectivity and population-specific migration routes in a long-distance migratory bird. 2014, 281(1778): 20132897.
- [4] Hobson K A, Bowen G J, Wassenaar L I, Ferrand Y, Lormee H. Using stable hydrogen and oxygen isotope measurements of feathers to infer geographical origins of migrating European birds. Oecologia, 2004, 141(3): 477-488.
- [5] 马志军. 追踪鸟类的迁徙. 科学, 2013, 65(1): 19-22.
- [6] Thorup K, Conn P B. Estimating the seasonal distribution of migrant bird species: can standard ringing data be used? //Modeling Demographic Processes In Marked Populations. Boston, MA: Springer US, 2009: 1107-1117.
- [7] Nilsson C, Dokter A M, Schmid B, Scacco M, Verlinden L, Bäckman J, Haase G, Dell'Omo G, Chapman J W, Leijnse H, Liechti F. Field validation of radar systems for monitoring bird migration. Journal of Applied Ecology, 2018, 55(6): 2552-2564.
- [8] Barron D G, Brawn J D, Weatherhead P J. Meta-analysis of transmitter effects on avian behaviour and ecology. Methods in Ecology and Evolution, 2010, 1(2); 180-187.
- [9] Hernout B V, McClean C J, Arnold K E, Walls M, Baxter M, Boxall A B A. Fur: a non-invasive approach to monitor metal exposure in bats. Chemosphere, 2016, 147: 376-381.
- [10] Han Z, Wang H T, Kardynal K J, Hobson K A, Shang W P, Zhang L S, Jiang Y L, Jiguet F. Stable isotopes (δ2H) in feathers identify nonbreeding origins of the endangered Jankowski's Bunting. Journal of Ornithology, 2021, 162(4): 987-995.
- [11] Inger R, Bearhop SJI. Applications of stable isotope analyses to avian ecology. Ibis, 2008, 150(3): 447-461.
- [12] 丛日杰.利用稳定性同位素氘建立斑背大尾莺的迁徙连接(migration connectivity)[D].哈尔滨:东北林业大学, 2013.
- [13] Hobson K A. Using stable isotopes to trace long-distance dispersal in birds and other taxa. Diversity and Distributions, 2005, 11(2): 157-164.
- [14] Ruhl P J, Flaherty E A, Dunning J B Jr. Using stable isotopes of plasma, red blood cells, feces, and feathers to assess mature-forest bird diet during the post-fledging period. Canadian Journal of Zoology, 2020, 98(1): 39-46.

- [15] Fox T, Bearhop S. The use of stable-isotope ratios in ornithology. British Birds, 2008, 101(3): 112.
- [16] Brattström O, Bensch S, Wassenaar L I, Hobson K A, Åkesson S. Understanding the migration ecology of European red admirals Vanessa atalanta using stable hydrogen isotopes. Ecography, 2010, 33(4): 720-729.
- [17] Jeong K, Bae I A, Kim J Y, Song K, Lee S W, Kang T H. Stable isotope analysis of northern pintail (Anas acuta) feathers wintering on junam reservoir. Asian Journal of Chemistry, 2014, 26(13): 4063-4066.
- [18] Zhu Q, Hobson K, Zhao Q S, Zhou Y Q, Damba I, Damba I, Batbayar N, Natsagdorj T, Davaasuren B, Antonov A, Guan J, Wang X, Fang L, Cao L, Fox A D. Migratory connectivity of Swan Geese based on species' distribution models, feather stable isotope assignment and satellite tracking. Diversity and Distributions, 2020, 26: 944-957.
- [19] Hobson K A, Koehler G. On the use of stable oxygen isotope (δ (18)O) measurements for tracking avian movements in North America. Ecology and Evolution, 2015, 5(3): 799-806.
- [20] Pekarsky S, Angert A, Haese B, Werner M, Hobson K A, Nathan R. Enriching the isotopic toolbox for migratory connectivity analysis: a new approach for migratory species breeding in remote or unexplored areas. Diversity and Distributions, 2015, 21(4): 416-427.
- [21] Qi H P, Coplen T B, Wassenaar L I. Improved online δ180 measurements of nitrogen- and sulfur-bearing organic materials and a proposed analytical protocol. Rapid Communications in Mass Spectrometry, 2011, 25(14): 2049-2058.
- [22] Heydarizad M, Minaei M, Ichiyanagi K, Sorí R. The effects of local and regional parameters on the δ180 and δ2H values of precipitation and surface water resources in the Middle East. Journal of Hydrology, 2021, 600: 126485.
- [23] Ambrosini R, Imperio S, Cecere J G, Andreotti A, Serra L, Spina F, Fattorini N, Costanzo A. Modelling the timing of migration of a partial migrant bird using ringing and observation data: a case study with the Song Thrush in Italy. Movement Ecology, 2023, 11(1): 47.
- [24] Hüppop O, Hüppop K. Bird migration on Helgoland: the yield from 100years of research. Journal of Ornithology, 2011, 152(1): 25-40.
- [25] Schmaljohann H. The start of migration correlates with arrival timing, and the total speed of migration increases with migration distance in migratory songbirds: a cross-continental analysis. Movement Ecology, 2019, 7: 25.
- [26] Wobker J, Heim W, Schmaljohann H. Sex, age, molt strategy, and migration distance explain the phenology of songbirds at a stopover along the East Asian flyway. Behavioral Ecology and Sociobiology, 2021, 75(1): 25.
- [27] 周安强. 福建省明溪县鸫科候鸟迁徙规律与食性的种内和种间差异分析[D]. 福州:福建农林大学, 2023.
- [28] 郭宁,肖书平.明溪县鸟类生物多样性分析及保护对策研究.生态科学,2015,34(5):196-204.
- [29] 尹莺. 明溪县鸟类资源及生态价值分析[D]. 厦门: 厦门大学, 2019.
- [30] Reed E T, Kardynal K J, Horrocks J A, Hobson K A. Shorebird hunting in Barbados: Using stable isotopes to link the harvest at a migratory stopover site with sources of production. The Condor, 2018, 120(2): 357-370.
- [31] Bridge E S, Fudickar A M, Kelly J F, Contina A, Rohwer S. Causes of bimodal stable isotope signatures in the feathers of a molt-migrant songbird. Canadian Journal of Zoology, 2011, 89(10): 951-959.
- [32] Bowen GJ. Isoscapes: spatial pattern in isotopic biogeochemistry. Annual Review of Earth Planetary Sciences, 2010, 38(1): 161-187.
- [33] Bowen G J, Wassenaar L I, Hobson K A. Global application of stable hydrogen and oxygen isotopes to wildlife forensics. Oecologia, 2005, 143 (3): 337-348.
- [34] Hobson K A, Van Wilgenburg S L, Wassenaar L I, Larson K. Linking hydrogen (δ2H) isotopes in feathers and precipitation: sources of variance and consequences for assignment to isoscapes. PLoS One, 2012, 7(4): e35137.
- [35] Hobson K A, Kardynal K J. An isotope (δ34S) filter and geolocator results constrain a dual feather isoscape (δ2H, δ13C) to identify the wintering grounds of North American Barn Swallows. The Auk, 2016, 133(1): 86-98.
- [36] Yong C C, Young N H, Gil P J, Chang B G. Migration pattern of Yellow-throated buntings revealed by isotope-based geographic assignment. International Journal of Geographical Information Science, 2020, 34(3): 504-519.
- [37] Andrew Royle J, Rubenstein D R. The role of species abundance in determining breeding origins of migratory birds with stable isotopes. Ecological Applications, 2004, 14(6): 1780-1788.
- [38] González-Prieto A M, Hobson K A, Bayly N J, Gómez C. Geographic origins and timing of fall migration of the veery in northern Colombia. The Condor, 2011, 113(4): 860-868.
- [39] Rushing C S, Marra P P, Studds C E. Incorporating breeding abundance into spatial assignments on continuous surfaces. Ecology and Evolution, 2017, 7(11): 3847-3855.
- [40] Roberts A J, Conover M R. Breeding origins of northern shovelers (Anas clypeata) wintering on the great salt lake, Utah. The Wilson Journal of Ornithology, 2015, 127(2): 233-238.
- [41] Rushing C S, Ryder T B, Saracco J F, Marra P P. Assessing migratory connectivity for a long-distance migratory bird using multiple intrinsic markers. Ecological Applications, 2014, 24(3): 445-456.

- [43] Gow E A, Stutchbury B J M, Done T, Kyser T K. An examination of stable hydrogen isotope (δD) variation in adult and juvenile feathers from a migratory songbird. Canadian Journal of Zoology, 2012, 90(5): 585-594.
- [44] Wunder M B, Ryan Norris D. Improved estimates of certainty in stable-isotope-based methods for tracking migratory animals. Ecological Applications, 2008, 18(2): 549-559.
- [45] Hobson K A, Bairlein F. Isotopic fractionation and turnover in captive Garden Warblers (Sylvia borin): implications for delineating dietary and migratory associations in wild passerines. Canadian Journal of Zoology, 2003, 81(9): 1630-1635.
- [46] Hobson K A, Wassenaar L I. Linking breeding and wintering grounds of neotropical migrant songbirds using stable hydrogen isotopic analysis of feathers. Oecologia, 1996, 109(1): 142-148.
- [47] Bowen G J, Liu Z F, Vander Zanden H B, Zhao L, Takahashi G. Geographic assignment with stable isotopes in IsoMAP. Methods in Ecology and Evolution, 2014, 5(3): 201-206.
- [48] Van Wilgenburg S L, Hobson K A. Combining stable-isotope (deltaD) and band recovery data to improve probabilistic assignment of migratory birds to origin. Ecological Applications, 2011, 21(4): 1340-1351.
- [49] Rundel C W, Wunder M B, Alvarado A H, Ruegg K C, Harrigan R, Schuh A, Kelly J F, Siegel R B, DeSante D F, Smith T B, Novembre J. Novel statistical methods for integrating genetic and stable isotope data to infer individual-level migratory connectivity. Molecular Ecology, 2013, 22 (16): 4163-4176.
- [50] Vander Zanden H B, Nelson D M, Nelson M B, Wunder T J, Conkling T K. Application of isoscapes to determine geographic origin of terrestrial wildlife for conservation and management. Biological Conservation, 2018, 228: 268-280.
- [51] Scott A C, Carlos M D R, Timothy J R. Feather isotope analysis reveals differential patterns of habitat and resource use in populations of whitewinged doves. The Journal of Wildlife Management, 2015, 79(6): 948-956.
- [52] Woodworth B K, Newman A E M, Turbek S P, Dossman B C, Hobson K A, Wassenaar L I, Mitchell G W, Wheelwright N T, Norris D R. Differential migration and the link between winter latitude, timing of migration, and breeding in a songbird. Oecologia, 2016, 181(2): 413-422.
- [53] Heim W, Eccard J A, Bairlein F. Migration phenology determines niche use of East Asian buntings (Emberizidae) during stopover. Current Zoology, 2018, 64(6): 681-692.
- [54] Carey C. The impacts of climate change on the annual cycles of birds. Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences, 2009, 364(1534); 3321-3330.
- [55] Grönroos J, Green M, Alerstam T. To fly or not to fly depending on winds: shorebird migration in different seasonal wind regimes. Animal Behaviour, 2012, 83(6): 1449-1457.
- [56] Acácio M, Catry I, Soriano-Redondo A, Silva J P, Atkinson P W, Franco A M A. Timing is critical: consequences of asynchronous migration for the performance and destination of a long-distance migrant. Movement Ecology, 2022, 10(1): 28.