

第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会

会议手册 论文摘要集

主办单位

国际生物多样性计划中国委员会
中国科学院科技促进发展局
国家环境保护部自然生态保护司
国家教育部科学技术委员会
国家农业部科技教育司
国家海洋局生态环境保护司
国家自然科学基金委员会生命科学部
中国科学院生物多样性委员会

承办单位

中国科学院大学生命科学学院
中国科学院怀柔生态环境综合观测研究站

中国科学院生物多样性委员会
国际生物多样性计划中国委员

办公室编辑

目 录

目 录.....	I
一、会议须知	1
1、会议组委会	
2. 报到	1
3. 用餐安排	1
4. 宾馆信息	1
5. 接送站信息	1
6. 会务组	2
二、简明日程	3
三、开幕式及大会报告	4
四、专题研讨会	4
专题 1. 森林生物多样性与群落构建机制	4
专题 2. 生物多样性编目与信息管理的	5
专题 3. 微生物多样性	6
专题 4. 海洋生物多样性	7
专题 5.东亚鸟类多样性	8
专题 6.东亚植物多样性与信息化	9
专题 7.生物多样性对全球变化的响应	10
专题 8.生物地理学与宏生态学	10
专题 9.濒危动植物评估及应用	11
专题 10.国家公园与自然保护地	12
专题 11.生物资源开发利用与生物多样性保护政策和法规	12
专题 12.全球变化与动植物种间相互作用研究	13
五、大会报告人简介（按姓氏拼音顺序）	14
白永飞	14
傅伯杰	14
高福	14
高吉喜	15
洪德元	15
马克平	16
樋口広芳 (HIROYOSHI HIGUCHI)	16
杨锐	17
王丁	16
六、专题召集人简介	18

第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会

北京·怀柔 2016年10月9-12日

七、关于编辑出版《第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会论文集》的通知	20
八、附录：会场示意图	23
九、大会报告摘要	24
生物多样性与物种划分	24
生物多样性与生态系统服务评估指标与方法	错误!未定义书签。
野生动物与人类疾病	错误!未定义书签。
BIRD MIGRATION AND BIODIVERSITY CONSERVATION IN EAST ASIA.....	28
CONSERVATION OF BIO-DIVERSITY OF YANGTZE RIVER: A STORY OF BAIJI AND YANGTZE FINLESS PORPOISE 中国	
中国生态保护红线划定与生物多样性保护	26
长江流域生物多样性保护-从长江江豚讲起	27
中国国家公园向何处去?	28
从世界自然保护大会看生物多样性保护的新趋势	29
草地生物多样性的生态系统功能：研究进展与展望	
十、专题报告摘要	
专题 1. 森林生物多样性与群落构建机制（召集人：郝占庆）	30
Power-law size distribution predicts mean-variance scaling of individual aboveground mass of	
woody plants in a tropic forest.....	30
温带森林生物多样性与碳库关系：以长白山阔叶红松林为例	30
亚热带山地森林 59 个物种树结构分析	31
性别系统多样性的共存机制探讨	32
中国山地森林群落构建机制与植物多样性分布格局	32
云南森林动态样地土壤真菌群落的构建机制研究进展	33
热带景观中植物多样性精确预测昆虫多样性	33
浙江古田山亚热带常绿阔叶林开花和结实物候的种间种内差异	34
武夷山常绿阔叶林分布格局及其空间变异性	35
古田山常绿阔叶林种内功能性状变化和物种稀有度关系的研究	35
生态位过程，而非扩散限制，决定凉水 9 公顷阔叶红松林群落功能和系统发育结构在空间和径	
级尺度上的变化	36
复杂森林的生物多样性与群落构建机制	36
Stochastic dilution effects weaken deterministic effects of nichebased processes in species rich	
forests	37
玉龙雪山海拔梯度森林群落的构建机制探讨：整合物种、系统发育和功能维度	38
THE RELATIONSHIP BETWEEN STEM (BRANCH&SPROUT) AND ENVIRONMENT... 错误!未定义书	
签。	
寄主树种多度对土壤病原菌致病力的影响	39
真菌病原菌、根瘤共生菌和拮抗细菌在亚热带豆科树种光叶红豆根际的相互作用	40
灵空山油松林天然更新过程与时空格局的初步研究	错误!未定义书签。
Conspecific Leaf Litter-Mediated Effect of Conspecific Adult Neighborhood on Early-stage	
Seedling Survival in A Subtropical Forest	41
提高用鱼眼照片来分析林下光环境和林隙比例的准确度	42
鼎湖山亚热带常绿阔叶林林窗分布格局研究	42
基于无人机航拍影像对林窗数据的提取及分析	43

第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会

北京·怀柔 2016年10月9-12日

专题 2.生物多样性编目与信息 管理（召集人：纪力强）	44
生物多样性数据整合与服务研究	44
生物多样性数据 GAP 评估的方法与流程	44
亚洲生物多样性信息和保护网络（ABCDNet）	45
通用生态观测数据管理平台的设计与实现	45
国家标本资源共享平台（NSII）运行机制与发展方向的探索	45
2016 版《中国生物物种名录》的新进展	46
高阶元昆虫图像识别	46
专题 3. 微生物多样性（召集人：褚海燕）	48
土壤微生物多样性监测：揭示地下生态系统的结构和功能	48
微生物功能多样性响应环境变化的特征	48
青藏高原高寒草甸土壤微生物群落结构对停止施肥的响应	49
青藏高原草地生态系统生物多样性研究案例：土壤真菌与地上植物的多样性耦合	50
我国华北平原麦田土壤微生物生物地理分布	50
三江湿地生态系统小叶章 AMF 初探	51
秭归张家冲水土保持站土壤微生物多样性研究	51
中亚重要雁形目物种——斑头雁的肠道微生物多样性分析	52
专题 4.海洋生物多样性（召集人：孙军，林茂，徐奎栋）	53
走进深海——深海生物圈的科学问题和想象	53
西太平洋雅浦-马里亚纳海山区底栖生物多样性综合探测研究	53
Bacterial Diversity and Distribution in Headwaters: a Meta-Ecosystem Approach	54
Genotyping Algal Endosymbiont Diversity of Reef Corals along China’s Southeast Coast with High Throughput Pyrosequencing	55
全球气候变化下的海洋生物多样性	55
我国近海海马遗传多样性及其环境适应	56
褐藻比较细胞器基因组学研究	57
Hidden diversity and phylogeographic history provide conservation insights for the edible seaweed <i>Sargassum fusiforme</i> in the Northwest Pacific	58
冲绳海槽热液区大型底栖生物多样性调查研究	58
Role of the genus <i>Oithona</i> (Copepoda: Cyclopoida) in South China Sea	59
中国海浮游植物种组成与分类体系调整	60
东印度洋水体可培养真菌多样性初探	60
“蓬杂 2 号”海带线粒体全基因组研究	61
环礁造礁石珊瑚物种多样性格局特征及其对珊瑚礁生物多样性保护的启示	61
中国近海海马属鱼类群体遗传与系统进化	62
南沙群岛海域中小型浮游动物的昼夜变化	63
黄海大型底栖动物多样性变化	63
中国近海及西太平洋深海线虫多样性比较研究	64
中国海不倒翁虫科 的分类与动物地理学研究	65
Baseline study of plankton copepods composition in the Lembeh Strait of North Sulawesi, Indonesia, in 2012	65
西沙群岛岛礁区大型底栖动物多样性调查初报	66
Accurate identification of the seahorses (genus <i>Hippocampus</i>) using cross-species	

第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会

北京·怀柔 2016年10月9-12日

microsatellites.....	66
Implications for seahorse stock enhancement from a genetic effects perspective	67
专题 5.东亚鸟类多样性（召集人：曹垒）	68
中亚迁徙路线越冬水鸟多样性研究.....	68
迁徙鸟类运动模式的分析	68
Effect of conservation efforts and ecological variables on waterbird population sizes in wetlands of the Yangtze River	69
Assessing the consequences of habitat loss and degradation in a long-distance migratory shorebird using tracking technology.....	69
Big birds under time stress: size-dependent strategies when migrating to and from the breeding grounds in long-distance migratory shorebirds	70
云贵高原水鸟组成及对人工湿地的生境利用——以滇池为例.....	71
东方白鹳生境恢复研究.....	72
黑水鸡迁徙动态和种群遗传结构分析	72
巢址选择：联接个性和繁殖成功的潜在作用通路.....	73
基于四种柳莺鸟声特征的物种识别研究	73
鸭绿江口春季北迁期迁徙鸕鹚类的种群动态及其原因.....	74
中国沿海湿地迁徙水鸟保护空缺分析	74
专题 6. 东亚植物多样性与信息化（召集人：马金双）	76
东南亚植物多样性信息平台建设	76
生物多样性 e-science 云平台基础框架设计与实现	76
中国报春花属植物的多样性及其分布格局.....	76
上海辰山植物园活植物信息管理与信息化.....	77
中国植物种质资源保藏及资源库建设现状.....	77
罗霄山脉及大陆东部邻近区域植物多样性及其信息化问题	78
中国植物分类学百年回顾：机遇与挑战	79
专题 7.生物多样性对全球变化的响应（召集人：王艳芬）	80
酸性土壤氮素转化与微生物多样性.....	80
青藏高原草地土壤固碳微生物多样性与潜力	80
甲烷氧化菌对大气 CO ₂ 浓度升高和湿地退化的适应机制	80
土壤甲烷氧化能力对干旱胁迫的响应	81
全球变化对菌根真菌多样性及功能的影响.....	82
生物质收割改变了草原土壤微生物对增温的响应机制.....	82
土地利用/土地覆盖对上海市城乡梯度上植物多样性分布格局的影响	83
Geographic characteristics of sable (<i>Martes zibellina</i>) distribution over time in Northeast China	84
Rumen prokaryotic communities of ruminants under different feeding paradigms on the Qinghai-Tibetan Plateau.....	84
Mammalian geographic characteristic in the arid region of Northwest China.....	85
Mammalian geographic distribution change with Future Perspective in Northwest China.....	86
专题 8.生物地理学与宏生态学（召集人：沈泽昊）	87
东亚特有子遗植物分布符合中心-边缘假说的遗传学证据——以领春木为例.....	87
No slope exposure effect on alpine treeline position in the Three Parallel Rivers Region, SW	

China.....	87
Plant Diversity along the Eastern and Western Slopes of Baima Snow Mountain, China.....	88
中国远盲蚓属 (Amyntas Kinberg, 1867) 蚯蚓物种多样性和地理分布	89
Determinants of richness patterns differ between rare and common species: a case study of Chinese Gesneriaceae.....	89
中国常绿木本植物物种多样性和特有性格局及保护热点分析.....	90
结合保护植物和动物为指示物种确定云南省保护优先区的研究	错误!未定义书签。
秦岭生物多样性保护优先区研究	91
专题 9.濒危动植物评估及应用 (召集人: 覃海宁)	92
珍稀濒危物种望天树生境遥感监测与评估.....	92
生物多样性保护优先区域物种资源现状与生境适宜性评价	92
盐城保护区丹顶鹤生境选择和适宜性变化分析.....	93
中国生物多样性红色名录评估的实践与意义	93
基于标本和分布信息评估中国虾脊兰属植物的濒危状况	94
中国植物红色名录及后续评估建议	错误!未定义书签。
The Study of Red List for Chinese Reptiles.....	95
专题 10.国家公园与自然保护地 (召集人: 何思源)	97
初心、核心、重心--中国国家公园体制建设的三个关键问题.....	97
基于全球 300 m 分辨率地表覆盖 (GlobCover 2009) 等多源数据集的全球陆地 Top 500 国家公园保护优先性初步分析.....	97
关于建立国家公园体制的思考与建议	98
National Park Management system and ecotourism development in Russian.....	98
三江源国家公园体制试点的路径探索	99
国家公园国际案例比较研究及对中国国家公园体制建设的建议	99
生态系统服务评估与自然资本保护.....	99
国家公园财政事权和支出责任划分的研究.....	100
从社会选择看生态系统服务需求	101
基于管理目标的国家级自然保护区新分类方法研究	101
生态保护与地区发展: 以重庆金佛山自然保护区珙桐保护现状与方竹林经营策略为例.....	102
中国珍稀濒危药用植物多样性的分布热点及保护空白	102
国家公园内传统村落保护发展的现状与对策——以中国最后一个原始部落翁丁古寨为例	103
专题 11.生物资源开发利用与生物多样性保护政策和法规 (召集人: 武建勇)	104
生物资源与生物多样性政策规划及发展态势	104
生物遗传资源获取与惠益分享国家立法进展	104
论种质资源国家惠益分享法律机制.....	105
生物多样性丧失监测实践: 典型物种丧失的市场监测与野外监测.....	105
对外合作与交流中的遗传资源保护	106
全球生物剽窃案例分析与中国应对措施	106
我国生物多样性保护政策中的检验检疫制度分析.....	107
获取与惠益分享制度适用于中医药领域的研究.....	107
专题 12.全球变化与动植物种间相互作用研究 (召集人: 肖治术)	108
高山草甸群落传粉者混访网络与异种花粉传递网络的关系	108
生态位分化形成促进性的传粉互作与群落结构的维持.....	108

第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会

北京·怀柔 2016年10月9-12日

玉龙雪山传粉网和植物特化水平的生态进化影响	109
全球植物损伤纬度梯度格局及影响因素分析	110
气候变化影响“植物-昆虫”互作关系——以 CO ₂ 倍增对“棉花-棉蚜”互作关系的影响为例	110
Defense pattern of Chinese cork oak across latitudinal gradients: influences of ontogeny, herbivory, climate and soil nutrients.....	111
土壤动物群落多度-大小关系的背景依赖性研究	111
Intra-and inter-specific variation in alarm pheromone produced by Solenopsis fire ants.....	112
从个体到种群解析种子存活与扩散权衡机制	113

其他摘要

十一、往届研讨会

会议须知

1. 会议组委会

主 任：马克平

副主任：王艳芬 刘忆南

成 员：田永生 纪力强 覃海宁 张元勋 丁文军 崔骁勇

2. 报到

报到时间和地点：10 月 9 日 13:00-20:00 中国科学院大学国际会议中心一楼大厅
10 月 10 日 08:00-12:00 地址同上

* 注册缴费时，学生请出示学生证或其它有效证件享受优惠注册费。

8 月 10 日前缴费：1200 元（学生 900 元）

9 月 10 日前缴费：1500 元（学生 1200 元）

10 月 9 日现场缴费：1800 元（学生 1500 元）

3. 用餐安排

早餐：所住宾馆含早餐（单早）。

午餐/晚餐：请佩戴胸卡用餐（9 日晚餐；10 日午餐/晚餐；11 日午餐/晚餐；12 日午餐）。

用餐地点：国科大国际会议中心宴会厅（地下一层）

4. 宾馆信息

1) 国科大国际会议中心酒店 <http://iccucas.ac.cn>

地址：北京怀柔京加路雁栖湖北岸 中国科学院大学雁栖湖校区

电话：010-69671111, 69672222

2) 栖湖饭店

地址：怀柔区雁栖湖雁秀路 11 号(雁栖湖边)

电话：010-69661188

3) 格林兄弟假日酒店 ([tp://www.hyyhotel.com](http://www.hyyhotel.com))

地址：北京市怀柔区雁栖湖景区

电话：010-69668816

5. 接送站信息

机场至目的地：打车约 210 元。为方便大家参会，承办单位友情提供接送服务，请在此处 <https://www.wenjuan.com/s/IruaE3> 填写“接送申请表”，会务组根据填写信息统一组织大

第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会

北京·怀柔 2016年10月9-12日

巴车进行接送。

10月9日接站时间表						
首都机场-会场（发车时间与次数）						
发车时间	13:00	15:00	16:00	17:00	19:00	22:00
抵达时间	14:30	16:30	17:30	18:30	20:30	23:30
接站志愿者：	T1 航站楼：于晓丹 15611529950，刘利娟 15611533736 T2 航站楼：秦连松 15652336966，刘一鸣 13260311299 T3 航站楼：英 琪 18810158968，刘饷进 17710262298					
国科大玉泉路校区-会场						
发车时间	14:00	15:00	16:00	17:00	19:00	21:00
抵达时间	16:00	17:00	18:00	19:00	21:00	23:00
接站志愿者：	左丹丹 15228135895，刘子嘉 15611552335					

10月12日送站时间表			
目的地	首都机场	国科大玉泉路校区	枫林绿洲 (奥运村校区)
发车时间	14:00	14:00	14:00
抵达时间	15:30	16:00	15:30

6. 会务组人员及联系方式

姓名	负责事务	单位	联系方式
刘忆南	统筹	中科院生物多样性委员会	13810310467
霍鹏	接送站、志愿者	中科院大学资环学院	13693596411
张金	交费、发票领取		18611889971
仝政威	住宿		18611880021
康欢	用餐、会场		18611880023

第十二届生物多样性科学与保护研讨会简明日程

(北京·怀柔 2016年10月10-12日)

时间	10月10（第一天）	时间	10月11日（第二天）	时间	10月12日（第三天）
08:30-09:00	大会开幕式	08:30-12:00（茶歇 10:30-10:40）		08:30-09:05	大会报告：王丁研究员
09:00-09:35	大会报告：洪德元院士	专题 1. 森林生物多样性与群落构建机制（全天） 专题 2. 生物多样性编目与信息管理 专题 4. 海洋生物多样性（全天） 专题 8. 生物地理学与宏生态学 专题 11. 生物资源开发利用与生物多样性保护政策和法规		09:05-09:40	大会报告：杨锐教授
09:35-10:10	大会报告：傅伯杰院士			09:40-10:15	大会报告：马克平研究员
10:10-10:25	茶歇			10:15-10:30	茶歇
10:25-11:00	大会报告：高福院士			10:30-11:05	大会报告：白永飞研究员
11:00-11:35	大会报告：樋口広芳教授			11:05-11:55	闭幕式/总结报告 “自然保护新秀奖”颁奖仪式
11:35-12:10	大会报告：高吉喜研究员				
12:10-13:30	午餐	12:00-13:30	午餐	12:00-13:30	午餐
13:30-18:00	专题研讨会	13:30-18:00	专题研讨会	14:00-16:00 1. 乘车前往第二届全国生物多样性监测研讨会 会场：中科院地理所 入住：海淀区塔里木石油酒店 2. 乘车前往机场	
专题 3、微生物多样性 专题 5、东亚鸟类多样性 专题 7、生物多样性对全球变化的响应 专题 10、国家公园与自然保护地		专题 1. 森林生物多样性与群落构建机制（全天） 专题 4. 海洋生物多样性（全天） 专题 6. 东亚植物多样性与信息化 专题 9. 濒危动植物评估及应用 专题 12. 全球变化与动植物种间相互作用研究			
18:30-19:30	晚餐	18:30-19:30	晚餐		
19:30-22:00	1. “自然保护新秀奖”评选 * 参赛者准时到指定地点，评委对海报进行提问及评审。 地点：海报展区	19:30-22:00	林冠专项网专项工作会议 （内部）		
	2. 《生物多样性》杂志编委、作者、读者交流会				

开幕式及大会报告

10月10日（星期一）上午，报告厅（一楼）

时间	开幕式（主持人：马克平）		
08:30-09:00	共同主办单位代表致辞		
时间	报告人	单位	报告题目
09:00-09:35	洪德元院士	中国科学院植物研究所	生物多样性与物种划分
09:35-10:10	傅伯杰院士	中国科学院生态研究中心	生物多样性与生态系统服务评估指标与方法
10:10-10:25	茶歇		
10:25-11:00	高福院士	中国科学院微生物研究所	野生动物与人类疾病
11:00-11:35	樋口広芳教授	日本慶應義塾大学	Bird migration and biodiversity conservation in East Asia
11:35-12:10	高吉喜研究员	环保部南京环境科学研究所	中国生态保护红线划定与生物多样性保护

专题研讨会

专题 1. 森林生物多样性与群落构建机制

时间：10月11日全天 地点：多功能厅（一楼）

负责人：郝占庆（中科院沈阳应用生态研究所）			
时间	报告人	单位	报告题目
09:00-09:20	赖江山	中国科学院植物研究所	生物多样性与物种划分
09:20-09:40	原作强	中国科学院植物研究所	Power-law size distribution predicts mean-variance scaling of individual aboveground mass of woody plants in a tropic forest
09:40-10:00	徐耀粘	中国科学院沈阳应用生态研究所	温带森林生物多样性与碳库关系：以长白山阔叶红松林为例
10:00-10:20	王芸芸	中国科学院武汉植物园	亚热带山地森林 59 个物种树结构分析
10:20-10:40	茶歇		
10:40-11:00	唐志尧	中国科学院沈阳应用生态研究所	基于五个森林群落对性别系统多样性的共存机制的探讨
10:20-10:40	胡跃华	北京大学城市与环境学院	中国山地森林 beta 多样性与群落构建
10:40-11:00	张凯	中国科学院西双版纳热带植物园	云南森林动态样地土壤真菌群落的构建机制研究进展
11:00-11:20	赵袁	中国科学院昆明动物研究所	热带景观中植物多样性精确预测昆虫多样性

11:20-11:40	陈婷婷	中国科学院华南植物园	浙江古田山亚热带常绿阔叶林开花和结实物候的种间种内差异
11:40-12:00	宋云峰	环境保护部南京环境科学研究所	武夷山常绿阔叶林分布格局及其空间变异性
12:00-13:30	午餐		
13:30-13:50	姜峰	中国科学院植物研究所	古田山常绿阔叶林种内功能性状变化和物种稀有度关系的研究
13:50-14:10	丁易	东北林业大学	生态位和扩散限制过程对系统发育和功能扩散的影响机制
14:10-14:30	王绪高	中国林业科学研究院森林生态环境与保护研究所	复杂森林的生物多样性与群落构建机制
14:30-14:50	罗亚皇	中国科学院沈阳应用生态研究所	Stochastic dilution effects weaken deterministic effects of nichebased processes in species rich forests
14:50-15:10	王中清	中国科学院昆明植物研究所	玉龙雪山海拔梯度森林群落的构建机制探讨：整合物种、系统发育和功能维度
15:10-15:30	刘宇	中国林业科学研究院	The Relationship Between Stem (Branch & Sprout) and Environment
15:30-15:50	茶歇		
15:50-16:10	刘兰	中山大学	寄主树种多度对土壤病原菌致病力的影响
16:10-16:30	郭东罡	山西大学	灵空山油松林天然更新过程与时空格局
16:30-16:50	刘何铭	华东师范大学生态与环境科学学院，浙江天童森林生态系统国家野外科学观测研究站	Conspecific Leaf Litter-Mediated Effect of Conspecific Adult Neighborhood on Early-stage Seedling Survival in A Subtropical Forest
16:50-17:10	赵康宁	中山大学	提高用鱼眼照片来分析林下光环境和林隙比例的准确度
17:10-17:30	隋丹丹	中科院华南植物园	鼎湖山南亚热带常绿阔叶林林窗分布格局研究
17:30-17:50	王悦	中国科学院华南植物园	基于无人机航拍影像对林窗数据的提取及分析

专题 2. 生物多样性编目与信息管理

时间：10月11日上午 地点：第二会议室（三楼）

负责人：纪力强（中国科学院动物研究所）

时间	报告人	单位	报告题目
09:00-09:20	许哲平	中国科学院植物研究所	生物多样性数据整合与服务研究

09:20-09:40	林聪田	中国科学院动物研究所	生物多样性数据 GAP 评估的方法与流程
09:40-10:00	罗茂芳	中国科学院生物多样性委员会	亚洲生物多样性信息和保护网络 (ABCDNet)
10:00-10:20	陈灿	中国科学院计算机网络信息中心	通用生态观测数据管理平台的设计与实现
10:20-10:40	茶歇		
10:40-11:00	肖翠	中国科学院植物研究所	国家标本资源共享平台 (NSII) 运行机制与发展方向的探索
10:20-10:40	纪力强	中国科学院动物研究所	2016 版《中国生物物种名录》的新进展
10:40-11:00	席天宇	中国科学院动物研究所	高阶元昆虫图像识别

专题 3. 微生物多样性

时间：10 月 10 日下午 地点：第七会议室（四楼）

负责人：褚海燕（中国科学院南京土壤研究所）			
时间	报告人	单位	报告题目
13:30-13:50	李香真	中国科学院成都生物所	土壤微生物多样性监测：揭示地下生态系统的结构和功能
13:50-14:10	杨云锋	清华大学环境学院	微生物功能多样性响应环境变化的特征
14:10-14:30	陈小云	南京农业大学	青藏高原高寒草甸土壤微生物群落结构对停止施肥的响应
14:30-14:50	杨腾	中国科学院南京土壤研究所	青藏高原草地生态系统生物多样性研究案例：土壤真菌与地上植物的多样性耦合
14:50-15:10	时玉	中国科学院南京土壤研究所	我国华北平原麦田土壤微生物生物地理分布
15:10-15:30	杨立宾	黑龙江省科学院自然与生态研究所	三江湿地生态系统小叶章 AMF 初探
15:30-15:50	茶歇		
15:50-16:10	徐琳	中国地质大学（武汉）环境学院	秭归张家冲水土保持站土壤微生物多样性研究
16:10-16:30	王稳	中国科学院西北高原生物研究所，高原生物适应和进化重点实验室	中亚重要雁形目物种——斑头雁的肠道微生物多样性分析
16:30-17:50	讨论		

专题 4. 海洋生物多样性

时间：10月11日全天 地点：第八会议室（四楼）

负责人：孙军（天津科技大学） 林茂（国家海洋局第三海洋研究所） 徐奎栋（中国科学院海洋研究所）			
时间	报告人	单位	报告题目
09:00-09:20	林茂	国家海洋局第三海洋研究所	走进深海——深海生物圈的科学问题和想象
09:20-09:40	徐奎栋	中国科学院海洋研究所	西太平洋雅浦-马里亚纳海山区底栖生物多样性综合探测研究
09:40-10:00	阚金军	Stroud Water Research Center	Bacterial Diversity and Distribution in Headwaters: a Meta-Ecosystem Approach
10:00-10:20	石拓	厦门大学	Genotyping Algal Endosymbiont Diversity of Reef Corals along China's Southeast Coast with High Throughput Pyrosequencing
10:20-10:40	茶歇		
10:40-11:00	孙军	天津科技大学	全球气候变化下的海洋生物多样性
10:20-10:40	林强	中国科学院南海海洋研究所	我国近海海马遗传多样性及其环境适应
10:40-11:00	刘峰	中国科学院海洋研究所	褐藻比较细胞器基因组学研究
11:00-11:20	胡自民	中国科学院海洋研究所	Hidden diversity and phylogeographic history provide conservation insights for the edible seaweed <i>Sargassum fusiforme</i> in the Northwest Pacific
11:20-11:40	沙忠利	中国科学院海洋研究所	冲绳海槽热液区大型底栖生物多样性调查研究
11:40-12:00	王亮根	中国水产科学研究院南海水产研究所	Role of the genus <i>Oithona</i> (Copepoda: Cyclopoida) in South China Sea
12:00-13:30	午餐		
13:30-13:50	张晓东	天津科技大学	中国海浮游植物种组成与分类体系调整
13:50-14:10	王静	天津科技大学	东印度洋水体可培养真菌多样性初探
14:10-14:30	刘娜	中国海洋大学	“蓬杂2号”海带线粒体全基因组研究
14:30-14:50	赵美霞	中国科学院南海海洋研究所	环礁造礁石珊瑚物种多样性格局特征及其对珊瑚礁生物多样性保护的启示
14:50-15:10	张艳红	中国科学院南海海洋研究所	中国近海海马属鱼类群体遗传与系统进化
15:10-15:30	杜飞雁	中国水产科学研究院南海水产研究所	南沙群岛海域中小型浮游动物的昼夜变化
15:30-15:50	茶歇		
15:50-16:10	张均龙	中国科学院海洋研	黄海大型底栖动物多样性变化

		究所	
16:10-16:30	史本泽	中国科学院海洋研究所	中国近海及西太平洋深海线虫多样性比较研究
16:30-16:50	吴旭文	中国科学院海洋研究所	中国海不倒翁虫科的分类与动物地理学研究
16:50-17:10	王彦国	国家海洋局第三海洋研究所	Baseline study of plankton copepods composition in the Lembeh Strait of North Sulawesi, Indonesia, in 2012
17:10-17:30	曾晓起	中国海洋大学水产学院	西沙群岛岛礁区大型底栖动物生物多样性初步研究
17:30-17:50	罗伟	中国科学院南海海洋研究所	Accurate identification of the seahorses (genus Hippocampus) using cross-species microsatellites
17:50-18:10	屈宏越	中国科学院南海海洋研究所	Implications for seahorse stock enhancement from a genetic effects perspective

专题 5.东亚鸟类多样性

时间：10月10日下午 地点：第八会议室（四楼）

负责人：曹垒（中国科学院生态环境研究中心）

时间	报告人	单位	报告题目
13:30-13:50	李来兴	中国科学院院西北高原生物研究所	中亚迁徙路线越冬水鸟多样性研究
13:50-14:10	李欣海	中科院动物所	迁徙鸟类运动模式的分析
14:10-14:30	张永	Nanjing Forestry University	Effect of conservation efforts and ecological variables on waterbird population sizes in wetlands of the Yangtze River
14:30-14:50	Rotman Yaara	Research Centre for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences	Assessing the consequences of habitat loss and degradation in a long-distance migratory shorebird using tracking technology
14:50-15:10	赵美娟	Deakin University	Big birds under time stress: size-dependent strategies when migrating to and from the breeding grounds in long-distance migratory shorebirds
15:10-15:30	王荣兴	1.中国科学院昆明动物研究所遗传资源与进化国家重点实验室；2.中国科学院大学昆明生命科学学院	云贵高原水鸟组成及对人工湿地的生境利用——以滇池为例
15:30-15:50	茶敬		

15:50-16:10	王强	中国科学与东北地理与农业生态研究所	东方白鹳生境恢复研究
16:10-16:30	阮禄章	南昌大学生命科学学院	黑水鸡迁徙动态和种群遗传结构分析
16:30-16:50	赵青山	中国科学院生态环境研究中心	巢址选择：联接个性和繁殖成功的潜在作用通路
16:50-17:10	郑岩	中国科学院北京动物研究所	基于四种柳莺鸟声特征的物种识别研究
17:10-17:30	张守栋	复旦大学	鸭绿江口春季北迁期迁徙鸻鹬类的种群动态及其原因
17:30-17:50	贾亦飞	中国科学院地理科学与资源研究所	中国沿海湿地迁徙水鸟保护空缺分析

专题 6.东亚植物多样性与信息化

时间：10月11日下午 地点：第十会议室（四楼）

负责人：马金双（中国科学院上海辰山植物科学研究中心）

时间	报告人	单位	报告题目
13:30-13:50	许哲平	中科院植物所	东南亚植物多样性信息平台建设
13:50-14:10	陈建平	上海辰山植物园	生物多样性 e-science 云平台基础框架设计与实现
14:10-14:30	杨斌	中科院昆明植物所 /云南环境科学研究院	中国报春花属植物的多样性及其分布格局
14:30-14:50	高燕萍	上海辰山植物园	上海辰山植物园活植物信息管理与信息化
14:50-15:10	许丽	中国科学院上海生命科学信息中心	中国植物种质资源保藏及资源库建设现状
15:10-15:30	廖文波	中山大学生命科学学院	罗霄山脉及大陆东部邻近地区植物物种多样性及其信息化问题
15:30-15:50	茶歇		
15:50-16:10	马金双	中国科学院上海辰山植物科学研究中心	中国植物分类学百年回顾：机遇与挑战
16:10-17:30	讨论		

专题 7.生物多样性对全球变化的响应

时间：10月10日下午 地点：多功能厅（一楼）

负责人：王艳芬（中国科学院大学）

时间	报告人	单位	报告题目
13:30-13:50	姚槐应	中国科学院城市环境研究所	酸性土壤氮素转化与微生物多样性
13:50-14:10	孔维栋	中国科学院青藏高原研究所	青藏高原草地土壤固碳微生物多样性与潜力
14:10-14:30	贾仲君	中国科学院南京土壤研究所	甲烷氧化菌对大气 CO ₂ 浓度升高和湿地退化的适应机制
14:30-14:50	周小奇	华东师范大学	土壤甲烷氧化能力对干旱胁迫的响应
14:50-15:10	纪宝明	北京林业大学	全球变化对菌根真菌多样性及功能的影响
15:10-15:30	薛凯	清华大学	生物质收割改变了草原土壤微生物对增温的响应机制
15:30-15:50			
15:50-16:10	王萌	华东师范大学生态与环境科学学院	土地利用/土地覆盖对上海市城乡梯度上植物多样性分布格局的影响
16:10-16:30	张睿	北京林业大学	Geographic characteristics of sable (<i>Martes zibellina</i>) distribution over time in Northeast China
16:30-16:50	薛丹	中国科学院成都生物研究所	Rumen prokaryotic communities of ruminants under different feeding paradigms on the Qinghai-Tibetan Plateau
16:50-17:10	栾晓峰	北京林业大学自然保护区学院	Mammalian geographic characteristic in the arid region of Northwest China
17:10-17:30	杨立	北京林业大学自然保护区学院	Mammalian geographic distribution change with Future Perspective in Northwest China
17:30-17:50	讨论		

专题 8.生物地理学与宏生态学

时间：10月11日上午 地点：第七会议室（四楼）

负责人：负责人：沈泽昊（北京大学）

时间	报告人	单位	报告题目
09:00-09:20	魏新增	中国科学院武汉植物园	东亚特有孑遗植物分布符合中心-边缘假说的遗传学证据——以领春木为例
09:20-09:40	王文礼	云南大学	No slope exposure effect on alpine treeline position in the Three Parallel Rivers Region, SW China

09:40-10:00	沈泽昊	北京大学	Plant Diversity along the Eastern and Western Slopes of Baima Snow Mountain, China
10:00-10:20	孙静	南京农业大学	中国远盲蚓属 (Amyntas Kinberg, 1867) 蚯蚓物种多样性和地理分布
10:20-10:40	茶歇		
10:40-11:00	刘云鹏	北京大学	Determinants of richness patterns differ between rare and common species: a case study of Chinese Gesneriaceae
10:20-10:40	许玥	中国林业科学院	中国常绿木本植物物种多样性和特有性格局及保护热点分析
10:40-11:00	王宇卓	山西大学	秦岭生物多样性保护优先区研究
11:00-11:20	胡自民	中国科学院海洋研究所	Hidden diversity and phylogeographic history provide conservation insights for the edible seaweed Sargassum fusiforme in the Northwest Pacific
11:20-12:00	讨论		

专题 9. 濒危动植物评估及应用

时间：10月11日下午 地点：第七会议室（四楼）

负责人： 覃海宁（中国科学院植物研究所） 赵莉娜（中国科学院植物研究所）			
时间	报告人	单位	报告题目
13:30-13:50	刘慧明	环境保护部卫星环境应用中心	珍稀濒危物种望天树生境遥感监测与评估
13:50-14:10	乐志芳	环境保护部南京环境科学研究所	生物多样性保护优先区域物种资源现状与生境适宜性评估
14:10-14:30	曹铭昌	环境保护部南京环境科学研究所	盐城保护区丹顶鹤生境选择和适宜性变化分析
14:30-14:50	蒋志刚	中国科学院动物研究所	中国生物多样性红色名录评估的实践与意义
14:50-15:10	黄卫昌	上海辰山植物园	基于标本和分布信息评估中国虾脊兰属植物的濒危状况
15:10-15:30	覃海宁	中国科学院植物研究所	中国植物红色名录及后续评估建议
15:30-15:50			
15:50-16:10	蔡波	中国科学院成都生物研究所	The Study of Red List for Chinese Reptiles
16:10-17:30	讨论		

专题 10.国家公园与自然保护地

时间：10月10日下午 地点：第二会议室（三楼）

负责人：何思源（世界自然基金会，WWF）

时间	报告人	单位	报告题目
13:30-13:50	吴承照	同济大学	初心、核心、重心--中国国家公园体制建设的模式创新
13:50-14:10	郑姚闽	中国科学院遥感与数字地球研究所	基于全球300m分辨率地表覆盖(GlobCover 2009)等多源数据集的全球陆地 Top 500 国家公园保护优先性初步分析
14:10-14:30	朱彦鹏	中国环境科学研究院	关于建立国家公园体制的思考和议
14:30-14:50	张玉钧	北京林业大学	National Park Management system and ecotourism development in Russian
14:50-15:10	马洪波	青海省委党校	三江源国家公园体制试点的路径探索
15:10-15:30	万旭生	天恒可持续发展研究所	国家公园国际案例比较研究及对中国国家公园体制建设的建议
15:30-15:50	茶歇		
15:50-16:10	郑华	中国科学院生态环境研究中心	生态系统服务评估与自然资本保护
16:10-16:30	邓毅	湖北经济学院	国家公园财政事权和支出责任划分的研究
16:30-16:50	何思源	北京师范大学	从社会选择看生态系统服务需求
16:50-17:10	黄木娇	北京林业大学	基于管理目标的国家级自然保护区新分类方法研究
17:10-17:30	钱深华	重庆大学	生态保护与地区发展：以重庆金佛山自然保护区珙桐保护现状与方竹林经营策略为例
17:30-17:50	池秀莲	中国中医科学院中药资源中心	中国珍稀濒危药用植物多样性的分布热点及保护空白
17:50-18:10	欧阳志勤	云南省环境科学研究院	国家公园内传统村落保护发展的现状与对策——以中国最后一个原始部落翁丁古寨为例

专题 11.生物资源开发利用与生物多样性保护政策和法规

时间：10月11日上午 地点：第十会议室（四楼）

负责人：武建勇（环保部南京环科所）

时间	报告人	单位	报告题目
09:00-09:20	王玥	中国科学院上海生命科学信息中心	生物资源与生物多样性政策规划及发展态势
09:20-09:40	武建勇	环境保护部南京环境科学研究所	生物遗传资源获取与惠益分享国家立法进展
09:40-10:00	李一丁	贵州大学法学院	论种质资源国家惠益分享法律机制

10:00-10:20	侯满福	北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室(广西师范学院); 广西师范大学环境与资源学院	生物多样性丧失监测实践: 典型物种丧失的市场监测与野外监测
10:20-10:40	茶歇		
10:40-11:00	赵富伟	环境保护部南京环境科学研究所	对外合作与交流中的遗传资源保护
10:20-10:40	王艳杰	中国农业科学院作物科学研究所	全球生物剽窃案例分析与中国应对措施
10:40-11:00	李明福	中国检验检疫科学研究院	我国生物多样性保护政策中的检验检疫制度分析
11:00-11:20	戴蓉	环境保护部南京环境科学研究所	获取与惠益分享制度适用于中医药领域的研究
11:20-11:40	王玥	中国科学院上海生命科学信息中心	生物资源与生物多样性政策规划及发展态势

专题 12.全球变化与动植物种间相互作用研究

时间: 10月11日下午 地点: 第二会议室(三楼)

负责人: 肖治术(中国科学院动物研究所)

时间	报告人	单位	报告题目
13:30-13:50	方强	河南科技大学	高山草甸群落传粉者混访网络与异种花粉传递网络的关系
13:50-14:10	叶忠铭	中国科学院武汉植物园, 江西省水土保持科学研究院	生态位分化形成促进性的传粉互动与群落结构的维持
14:10-14:30	赵延会	中科院昆明植物研究所	玉龙雪山传粉网和植物特化水平的生态进化影响
14:30-14:50	张霜	中国科学院生态环境研究中心	全球植物损伤纬度梯度格局及影响因素分析
14:50-15:10	江守林	南京农业大学植物保护学院	气候变化影响“植物-昆虫”互作关系——以CO ₂ 倍增对“棉花-棉蚜”互作关系的影响为例
15:10-15:30	刘建锋	中国林业科学研究院林业研究所	Defense pattern of Chinese cork oak across latitudinal gradients: influences of ontogeny, herbivory, climate and soil nutrients
15:30-15:50	茶歇		
15:50-16:10	徐国瑞	中国科学院西双版纳热带植物园	土壤动物群落多度-大小关系的背景依赖性研究
16:10-16:30	陈立	中国科学院动物研究所	Intra- and inter-specific variation in alarm pheromone produced by Solenopsis fire ants
16:30-16:50	肖治术	中国科学院动物研究所	从个体到种群解析种子存活与扩散权衡机制
16:50-17:50	讨论		

大会报告人简介

白永飞

中国科学院植物研究所研究员、博士生导师，中国科学院特聘研究员，中国科学院大学岗位教授。2008年国家“杰出青年基金”获得者，2010年入选中科院“百人计划”，2014年入选“百千万人才工程”国家级人选。主要研究方向：草原生物多样性与生态系统功能的维持机制；生态系统功能和服务对全球变化关键驱动因子的响应与适应机制；退化草地恢复、人工草地建植与生态系统管理。近年来，主持“973”项目课题、自然科学基金重点和面上项目、中国科学院战略先导专项课题等10余项，共发表各类研究论文130余篇，其中在Nature、Ecology、Global Change Biology等SCI期刊发表论文70余篇。目前担任中国植物学会植物生态专业委员会主任、中国生态学会长期生态学研究专业委员会副主任，先后担任《Rangeland Ecology & Management》、《植物生态学报》、《植物学报》和《草业科学》副主编，《科学通报》、《生态学报》、《生物多样性》、《植物科学学报》、《生命世界》编委等学术兼职。

傅伯杰

中国科学院院士、第三世界科学院院士、英国爱丁堡皇家学会外籍院士，中国科学院生态环境研究中心研究员。兼任国家自然科学基金委员会地球科学部主任、中国科学院地学部主任。现任国际生态学会副主席，国际长期生态系统研究网络副主席，中国地理学会理事长，国家生态保护与建设专家咨询委员会副主任，国家环境咨询委员会委员。主要从事自然地理学和景观生态学研究，在土地利用结构与生态过程、景观生态学和生态系统服务等方面取得了系统性创新成果。发表论文400余篇，其中在Science、Nature Geoscience, Nature Climate Change等SCI收录刊物发表论文200余篇，出版著作10部。曾获国家自然科学基金二等奖，国家科技进步二等奖和国际景观生态学会杰出贡献奖。任Chinese Geographical Science主编，Landscape Ecology、Landscape and Urban Planning、Current Opinion in Environmental Sustainability等SCI刊物编委。

高福

中国科学院院士，病原微生物与免疫学家，中国科学院“百人计划”入选者，“国家杰出青年基金”获得者，“国家973项目”首席科学家。

1983年毕业于山西农业大学，1986年北京农业大学获硕士学位，1994年英国牛津大

学获博士（DPhil-Oxon）学位。先后在加拿大卡尔加里大学、英国牛津大学，美国哈佛大学 / 哈佛医学院从事博士后研究工作。2001-2004 年任英国牛津大学讲师、博士生导师、研究组长。2004-2008 年任中国科学院微生物研究所所长。现任中国科学院病原微生物与免疫重点实验室主任，中国科学院北京生命科学研究院副院长，牛津大学客座教授。

高福研究员的主要研究方向为病原微生物跨种间传播机制与结构免疫学，尤其是有关 T 细胞识别、艾滋病病毒等囊膜病毒侵入的分子机制、禽流感等动物源性病原跨种间传递的机制的研究。在 Nature, Nature Medicine, Nature Structural and Molecular Biology, Science, Lancet, PNAS-USA, PLoS Medicine, Journal of Immunology, Journal of Virology, Journal of Infectious Diseases, J. Exp. Med., JBC 等在内的 SCI 国际刊物上发表论文 280 余篇。

高吉喜

研究员，现任环保部南京环科所所长。全国政协委员。入选“第一批国家环境保护专业技术领军人才”、“国家百千万人才工程”、“全国杰出专业人才”，享受国务院政府特殊津贴。长期从事生态保护工作，研究成果在我国区域生态保护、生态文明建设理论与实践、生态红线划定技术等领域得到广泛应用，取得显著社会、经济和生态效益。先后获国家级、部级科技进步奖 20 项，其中国家科技进步二等奖 5 项，部级一等奖 5 项，二等奖 5 项。累计发表科研论文 300 余篇，编写中英文著作 15 部，培养博、硕士研究生 40 余人。

洪德元

中国科学院院士，中国科学院植物研究所研究员、1991–2001 年任系统与进化植物学开放研究实验室主任。在玄参科、桔梗科和鸭跖草科植物分类和系统学研究中做出了突出贡献，提出了多个属的新系统，发现 8 个新属、50 多个新种；在英文专著“Taxonomy and Evolution of the tribe Veroniceae, Scrophulariaceae”《婆婆纳族的分类和进化》（1984：哥本哈根）运用了新方法，提出了起源和进化的新观点，建立了该族的进化系统；对毛茛科、桔梗科和百合科的细胞分类学和物种生物学研究有新发现；1990 年出版的《植物细胞分类学》是世界上该领域的第一部专著，为植物细胞分类学的发展做出了贡献。1991 年被选为中科院院士（学部委员）。90 年代起集中精力从事世界的牡丹、芍药和桔梗科植物的专著研究。在国外出版英文专著“*Peonies of the World*”（世界的牡丹芍药）（系列 1，和 2：2010，2011，英国）；2015 年由 Elsevier 和 Science Press 联合出版“*A Monograph of Codonopsis and Allied Genera*”（党参属及近缘属专著）。现致力于主持重大国际合作项目“泛喜马拉雅地区植物志”(*Flora of Pan-Himalaya*)，将由剑桥大学出版社和科学出版社联合出版。

已发表研究论文 291 篇部，其中近百篇发表在 SCI 刊物；专著 19 部(国外 8 部)。已培养博士 32 名，其中 4 位获中科院院长奖学金优秀奖，1 位获特等奖，1 位获得全国首届优秀博士论文奖。目前正指导博士研究生 1 名。获 2000 年度何梁何利基金科学与技术进步奖；

全国优秀博士研究生导师奖；2012年获澳大利亚悉尼皇家植物园首届拉·麦考瑞奖。

马克平

中国科学院植物研究所研究员，现任世界自然保护联盟（IUCN）亚洲区域主席。发表了320多篇学术论文和主持出版专著/文集20多部，其中国际SCI论文135篇，在生物多样性监测与编目、生物多样性维持机制、生物多样性的生态系统功能等方面在国内外产生了重要影响。他牵头于2004年发起的生物多样性维持机制研究的森林大样地途径，开创了我国生物多样性研究的新方向，是我国生物多样性及其相关领域的标志性工作。建成的样地覆盖从温带到热带的主要地带性森林类型，是全球纬度梯度最典型的大型森林样地网络平台在亚洲处于领先地位，是全球森林监测网络最有活力的区域网络。马克平积极推动建立的中国生物多样性监测与研究网络（Sino BON）、亚热带生物多样性与生态系统功能实验平台（BEF-China）和国家标本资源共享平台（NSII）成为中国生物多样性保护研究的有力的支撑体系。他联合印度、东盟生物多样性中心（ACB）、马来西亚、印度尼西亚、国际山地综合发展中心（ICIMOD）、韩国、哈萨克斯坦等国科学家于2013年建立了亚洲生物多样性保护与信息网络（ABCDNet），成为区域生物多样性保护的基础数据平台。

樋口広芳 (Hiroyoshi Higuchi)

Dr. Hiroyoshi Higuchi is Professor Emeritus to the University of Tokyo and Project Professor at Keio University. He received a Ph.D. in the study of island birds from the University of Tokyo, and served as a visiting research scientist at the University of Michigan and as Professor of Biodiversity Science at the University of Tokyo. He is interested in various aspects of Avian Biology, ranging from the ecology and conservation of migratory birds through the conflicts between crows and humans to the effects of climate change on the life of birds and plants. He has published many books including “Ecology and Evolution of Birds” (Shisakusha, Tokyo), “The Journey of Birds–Satellite-tracking Bird Migration–” (SELC, Tokyo), “Birds, Humans, and Nature –Celebrating the Diversity of Life–” (University of Tokyo Press), and Natural History of Japanese Birds (Heibonsha, Tokyo).

王丁

中国科学院水生生物研究所研究员，博士生导师，从事白鱀豚、江豚和其它一些珍稀水生野生动物的行为学、生态学和保护生物学研究。曾任中国科学院水生生物研究所党委书记、副所长。现任中国科学院水生生物研究所学位委员会主任、鲸类保护生物学学科组组长，中

国人与生物圈国家委员会秘书长，武汉白鱀豚保护基金会理事长；IUCN 鲸类专家组成员等多个学术组织成员；担任《水生生物学报》、《兽类学报》、《Integrative Zoology》等杂志编委。获省科技进步一等奖、二等奖和国家科技进步三等奖各一次，先后获“中科院院长奖学金”特别奖、“中科院青年科学家奖”二等奖和“WWF Bernhard 亲王殿下自然保护奖学金”，1994年起享受政府特殊津贴。发表论文 200 余篇，专著三部（合著）。

杨锐

清华大学建筑学院景观学系主任、教授、博士生导师。高等学校风景园林学科专业教育指导委员会主任、中国风景园林学会副理事长兼理论和历史专业委员会主任。1989 年、1991 年、1995 年先后获得清华大学建筑学学士、工学硕士（城市规划）和工学博士（风景园林）学位。博士学位论文《建立完善中国国家公园和保护区体系理论与实践研究》获得清华大学优秀博士学位论文一等奖。1997 年-1998 年美国哈佛大学设计学研究院访问学者。作为首席专家，主持国家社科基金重大项目《中国国家公园建设的理论和实践研究》；作为专家组组长起草了《国家自然文化遗产保护十一五专项规划》；作为项目负责人，承担了 2 项自然科学基金项目以及泰山、黄山、九寨沟、五台山、梅里雪山、镜泊湖、五大连池、北京市风景名胜區体系等重要实践项目。其中梅里雪山风景名胜区总体规划获得 2012 年华夏建设科学技术奖一等奖,中国风景园林学会第一届优秀风景园林规划设计一等奖。在国家公园、自然遗产保护和风景园林教育领域影响广泛。

专题召集人简介

郝占庆

研究员，中国科学院沈阳应用生态研究所
研究领域：森林生物多样性
Email: hzq@iae.ac.cn

纪力强

研究员，中国科学院动物研究所
研究领域：生物多样性信息学
Email: ji@ioz.ac.cn

褚海燕

研究员，中国科学院南京土壤研究所
研究领域：微生物生态学
Email: hychu@issas.ac.cn

孙军

教授，天津科技大学
研究领域：海洋生物
Email: phytoplankton@163.com

曹垒

研究员，中国科学院生态环境研究中心
研究领域：生态学，环境变化对水鸟种群动态的影响机制及保护对策
Email: caolei@ustc.edu.cn

马金双

研究员，中国科学院上海辰山植物科学研究中心
研究领域：植物分类学
Email: majinshuang@sibs.ac.cn

王艳芬

研究员，中国科学院大学
研究领域：微生物生态学
Email: yfwang@ucas.ac.cn

沈泽昊

副教授，北京大学
研究领域：生态学
Email: shzh@urban.pku.edu.cn

覃海宁

研究员，中国科学院植物研究所
研究领域：生物多样性信息学
Email: hainingqin@ibcas.ac.cn

何思源

工程师，世界自然基金会(WWF, World Wide Fund for Nature)
研究领域：生态学
Email: she@wwfint.org

武建勇

副研究员，环保部南京环科所

研究领域：生物多样性保护

Email: wujy10@hotmail.com

肖治术

研究员，中国科学院动物研究所

研究领域：生物多样性、协同进化与生态系统管理

Email: xiaozs@ioz.ac.cn

关于编辑出版《第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会论文集》的通知

为介绍生物多样性研究进展,为广大生物多样性领域研究人员、青年学者及一线工作者持续提供交流成果的共享平台,国际生物多样性计划中国委员会将继续组织出版《第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会论文集》(已被CNKI收录)。现特面向全国从事生物多样性研究的人员征集论文,热忱欢迎来稿(本论文集不收版面费,无稿费)。

一、征稿对象

从事生物多样性研究的人员,以第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会参会人员为主。

二、征稿内容

符合第十二届全国生物多样性科学与保护研讨会主题。

三、征稿时间与要求

1. 征稿时间:2016年10月12日至2017年4月30日;

2. 要求:

- 1) 稿件一律按规范要求书写,具体格式要求请见附件:征稿简则;
- 2) 稿件末尾请附作者简介(姓名、所在单位、职称、联系电话、电子邮箱);

联系人:徐学红 电话:010-62836603 Email: strawberry@ibcas.ac.cn

附件:征稿简则

1. 题目:

1.1 中文题目:

简洁明了,突出文章创新之处,一般不超过20个字。

1.2 英文题目:

中文题目的翻译,每个单词的首字母大写。

2. 作者和地址

2.1 中文作者姓名和地址的写法

(1) 作者

按次序列出作者姓名,每个作者间加空格,通讯作者在姓名加右上标“*”。不同研究机构的作者在姓名右上标以数字序号区分。

(2) 地址

列出作者所在研究机构地址,并放在括号中,不同研究机构作者相应作者序号标在单位名称前,地址包括单位名称全称、所在城市及邮政编码。

2.2 英文作者姓名和地址的写法

(1) 姓名

姓全部大写, 名首字母大写, 其余字母小写, 姓在前, 名在后, 姓和名之间空一格, 双名间不空格; 每个作者用逗号分开, 在最后一个作者前加“and”; 通讯作者在姓名右上标“*”。不同研究机构的作者在姓名右上角标以数字序号区分。

(2) 地址

列出作者所在研究机构地址, 并放在括号中, 不同研究机构作者用相应作者序号标在单位名称前, 地址包括单位名称全称、所在城市及邮政编码。

3. 摘要

3.1 中文摘要

字数一般不超过 400 字, 要求能准确反映论文的研究目的、方法、结果和结论。摘要中不应包括文中没有出现的内容; 并能自成一体, 独立成篇, 需要对特殊的术语、所有的缩写、省略语作出说明, 新术语或尚无合适中文术语的, 可用原文或译出后加括号注明原文。

3.2 英文摘要

准确反映论文的研究目的、方法、结果和结论, 可比中文摘要稍长, 并注意时态的使用。

4. 关键词

要求列出 3-5 个关键词, 其中一个为该论文的研究领域, 需要中英文。

5. 正文

(1) 标题: 文中各级标题的序号按下列形式标注: 1, 1.1, 1.2……, 2, 3……;

(2) 脚注: 未公开发表的文献和资料在当页用脚注通栏列出, 并在所在页用横线同正文分开, 并用序号列出, 文下脚注需与文中引用序号一致; 基金资助与致谢请在正文第一页脚注;

(3) 种属名: 文中第一次出现的种名和属名均需在中文名后其拉丁学名, 种名、属名斜体, 并请核对无误;

(4) 计量单位: 请准确使用法定计量单位, 如浓度单位用 $\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 、 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 其它标准计量单位如 s、min、h、d 等, 度量衡单位一律采用最新方案;

(5) 正斜体: 稿中的外文字母、数学符号请标明文种, 大、小写, 上、下标, 正、斜体。需斜体的外文部分请在下面划横线, 论文中表示变量的符号一律用斜体列出, 如: *NDVI*、*LAI* 等。

6. 参考文献

(1) 作者保证每一条文献引用的准确性及在文中的相应引用参考文献在文中的引用: 文后参考文献在正文中相应位置一一对应引用, 中文文献在文内的引用格式为 (方精云等, 2000); 英文文献在文内的引用格式: 如三个以上作者, 则为 (Jones *et al.*, 2001), 如二个作者则是 (Jones & Peeter, 2001), 请作者仔细核实。

(2) 文后参考文献: 采用著者出版年制, 要求列出全部作者, 与英文文献一起按第一作者姓氏英文字母顺序排列;

期刊的引用格式

张斌, 张桃林. 1997. 低丘红壤区农林间作系统的水分生态特征及生产力. 生态学杂志, 16(4): 1-5.

Sait, S. M., W. C. Liu, D. J. Thompson, H. C. J. Godfray and M. Begeon. 2000. Invasive sequence affects predator-prey dynamics in a multi-species interaction. *Nature*, 405:448-450.

书的引用格式

王仁卿, 周光裕主编. 2000. 山东植被. 北京: 山东科学技术出版社.

Kevin J.Gaston(ed.).1996.Biodiversity:A biology of numbers and difference. Oxford: Blackwell Science.

论文集等的引用格式

李哈尔滨, 伍业钢. 1992. 景观生态学的数量研究方法.见: 刘建国(主编). 当代生态学博论. 北京:中国科学技术出版社,209-223.

Sandlund, O. T., P. J. Schei and A.Viken.1999.Introduction:the many aspects of the invasive alien species problem. In Sandlund, O. T., P. J. Schei and A. Viken. eds. Invasive species and biodiverstiy management. Dordrech/Boston/London:Kluwer Academic Publishers,1-7.

学位论文的引用格式:

蒋延龄,2001.全球变化的中国北方林生态系统生产力及其生态系统公益.博士学位论文.中国科学院植物研究所,北京,102-109.

译著的引用格式

McNeely,J.A.1990.中国科学院生物多样性委员会译.1992.保护世界的生物多样性.北京:中国科学技术出版社.

网络文献

International Union for Conservation of Nature and Natural Resources (IUCN) (2000) Authority Files for Habitats & Threats. [http: //www.iucn.org/themes/ssc/sis/authority.html](http://www.iucn.org/themes/ssc/sis/authority.html)

7. 表格与插图

表题与图题要准确描述表图的内容,包括中英文对照表题与图题。表中用三线,不用竖线,图表中的所用内容均用宋体6号字排。表图中运用的缩写及不明的公式符号要在表图下注列出中英文对照说明。

附录：会场示意图



大会报告人摘要

草地生物多样性的生态系统功能：研究进展与展望

白永飞

中国科学院植物研究所植被与环境变化国家重点实验室 北京 100093

在过去的几十年中,强烈的人类活动干扰以前所未有的速度和广度改变着我们赖以生存的生态系统,引起了全球范围内生物多样性的丧失和生态功能与服务的退化,进而对人类的福祉产生了重要影响。生物多样性与生态系统功能的关系及其维持机制,成为近30年来生态学研究的热点领域。在生物多样性与生态系统功能的关系(BEF)及其维持机制的研究中,草地是最受瞩目的生态系统类型,在相关理论和假说的提出与验证中占有重要的地位。这是因为草地是陆地生态系统的重要组成部分,世界草地总面积为52.5亿公顷,约占地球陆地总面积的40.5%。草地生态系统不仅为人类提供了肉、奶、皮、毛等具有直接市场价值的产品,同时具有维持大气组分、改善区域气候、生物基因库、碳固持、保持土壤、降低水土流失、养育和维系多民族文化等极其重要的服务功能。同时,草地也是承受人类活动影响最剧烈的陆地生态系统之一。世界草地主要分布在干旱和半干旱地区,约占干旱、半干旱区总面积的88%,养育了近20%的世界人口,由于人类活动的干扰,特别是过度放牧和气候变化,导致该区域73%的草地发生了不同程度的退化。在生物多样性与生态系统功能关系的机理研究中,草地最具有可操作性。在欧美一些国家开展的生物多样性与生态系统功能和稳定性的关系实验研究中,大多数以草地作为模式生态系统。

目前,国内外有关生物多样性与生态系统功能的关系及其维持机制的研究,主要存在如下几方面的不足之处:1)欧美开展的大多数生物多样性与生态系统功能关系的实验研究,均以人工草地为模式生态系统,实验多为单因子实验,没有考虑环境因子、干扰及其交互作用(如水分、养分和干扰强度)。其研究结果不仅在学术界引起了很大争议,同时也很难外推到自然生态系统;2)大部分实验研究只考虑一个营养级水平,即植物多样性,而且生态系统功能的测度也仅限于初级生产力或少数几个生态系统属性,不仅没有考虑生态系统的多功能性,而且忽视了植物的地下部分、食草动物和土壤微生物等对生态系统过程的调控作用。只有少数几个室内控制实验考虑了不同营养级组分之间的相互作用;3)小尺度机理研究没有同较大空间尺度的生物多样性格局及其在气候和人类活动干扰综合作用下的维持机制研究进行整合,降低了这些研究成果对生物多样性保育和生态系统管理的实际指导意义。

未来研究中的几个重要方向是:1)基于植物功能性状(functional traits)和谱系(phylogeny)的功能多样性(functional diversity)与生态系统多功能性(ecosystem multifunctionality)之间的关系;2)全球变化因子(如降水波动、气候变暖、氮沉降、CO₂浓度升高、过度放牧等)驱动下的生物多样性与生态系统功能维持机制;3)生物多样性的水平组分(一个营养级内)与垂直组分(不同营养级间)之间的相互作用、调控与反馈机制;4)基于大量BEF实验的

Meta-analyses, 基于功能性状的BEF模型, 以及集合群落(metacommunity)理论应用到BEF研究; 5) BEF联网控制实验、生物多样性大样地监测网络与区域尺度野外调查相结合的多尺度整合研究。

生物多样性与生态系统服务评估指标与方法

傅伯杰 于丹丹 吕楠

中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085

人类生活依赖于生物多样性和生态系统服务, 随着人口增加和经济社会的快速发展, 对其造成了日益增长的压力, 面临生物多样性丧失、生态系统服务低下和贫困的恶性循环。过去几十年, 全球各界努力应对生物多样性丧失和生态系统服务的退化。在联合国环境署(United Nations Environment Programme, UNEP)的主导下, 生物多样性和生态系统服务政府间科学政策平台(Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services, IPBES)于2012年正式宣布成立, 体现了千年生态系统评估(Millennium Ecosystem Assessment, MA)之后世界各国对于生态系统服务的再次高度关注, 也是继应对联合国政府间气候变化专门委员会(Intergovernmental Panel on Climate Change, IPCC)气候变化评估之后又一个政府间全球性环境评估计划。我国开展生物多样性保护和生态系统服务的研究已有几十年历史, 在自然保护区建设、生态功能区划、生物多样性监测与评价、生物多样性数据管理和信息网络化等方面开展了大量的基础研究和应用研究。然而, 在生物多样性与生态系统服务评估的指标和技术体系建设方面, 目前仍没有形成统一的指标体系和技术规范, 不同区域间的评估结果可比性差, 区域和全国的集成研究难以开展。

本研究是在充分吸收国内外研究成果的基础上, 对现有的指标体系和技术方法进行系统梳理和筛选, 旨在构建一套适用于我国国家和区域尺度的科学化、系统性和规范化的生物多样性和生态系统服务评估指标体系和方法体系, 为国家和区域评估以及全球综合评估奠定理论和技术基础。

生物多样性与生态系统服务评估是生态系统管理和决策的重要依据, 指标和数据、模型和情景是开展评估的主要工具, 评估指标体系和模型方法还存在很多问题和挑战, 构建标准化的指标体系和综合评估模型系统是其研究重点。

野生动物与人类疾病

高福

中国科学院微生物研究所, 北京100101

2003年始发于我国的严重急性呼吸道综合征(SRAS)的暴发和流行, 2005年出现并持续至今的H5N1高致病力禽流感感染人事件, 2012年始发于中东的中东呼吸综合征(MERS)的暴发和流行, 2013年我国出现并持续流行至今的H7N9禽流感病毒感染人事件, 2014年西

非暴发和流行的埃博拉(Ebola)疫情, 2015年西非暴发的拉沙热(Lassa fever)疫情, 2015-2016年寨卡(Zika)在南美的暴发和世界范围内的传播, 2016年黄热病(Yellow Fever)、裂谷热(Rift Valley Fever)案例在我国的输入, 一系列事件必须让我们重新审视新发突发传染病, 重视新发突发传染病的源头——野生动物, 以及日新月异的社会和环境因素。目前, 在已经确认的人类1415种传染病中, 61%为人兽共患病; 1940年后出现的300余种新发传染病中, 约60%是动物源性传染病, 其中约70%最先在野生动物中被发现。

人类活动范围的扩大, 与野生动物接触的机会不断增加, 是新发突发传染病近年持续出现的重要原因之一。为了应对新发突发传染病, 我们围绕病原微生物的跨宿主传播进行了一系列研究, 阐明动物源性病毒如何传到人类的分子机制。率先揭秘H5N1和H7N9等禽流感病毒感染人的奥秘, 揭示了它们是如何从动物传播到人的, 为禽流感的防控奠定了理论基础; 同时对中东呼吸综合征病毒的入侵机制进行了研究, 阐明病毒表面囊膜蛋白与受体的相互作用基础, 了解病毒侵染不同宿主的内在机制。2014年, 对西非塞拉利昂地区的埃博拉病毒基因组进行了准确分析, 发现其进化速度与以往的疫情暴发一致, 但是遗传多样性明显增加, 为疫苗和药物研发提供了重要信息; 继而阐明Ebola病毒表面激活态糖蛋白与内吞体膜上NPC1受体结合的分子基础, 首次从分子水平证实第五种膜融合激活机制的存在, 并为抗病毒药物研发提供了新的靶点。2015年, 对寨卡病毒中和抗体的作用机制以及寨卡病毒分泌蛋白NS1的结构信息和致病机制进行了研究。针对MERS疫情的传播途径和模式, 利用流感预警模型, 对MERS在亚洲及我国流行的潜在风险进行了分析和预警。发现SARS、Ebola、MERS的传播和暴发有共有的特征——存在“超级传播者”。

中国生态保护红线划定与生物多样性保护

高吉喜

环保部南京环境科学研究所, 江苏南京 210042

我国自然资源丰富, 生态系统类型多样, 是世界上生物多样性最为丰富的国家之一。但随着人口增加, 经济快速发展, 城镇化、工业化扩张使物种栖息地受到扰动和侵占, 资源过度利用和无序开发对生态系统的破坏和影响加剧, 严重威胁生态安全。生态保护红线是具有特殊保护价值的生态空间和最基本的生态用地, 是维护国家和区域生态安全, 促进经济社会可持续发展的生命线。为此, 我国提出了通过划定红线强化生态保护的战略部署, 生态保护红线成为加强国土生态空间保护, 维护生物多样性, 构建生态安全格局的重要举措。本报告介绍了生态保护红线划定的背景和重大意义, 界定了生态保护红线的概念、内涵与类型划分。基于生物多样性保护现状与问题, 提出了动物、植物和生态系统保护红线的划定方法与具体案例, 明确了生物多样性保护与生态保护红线的关系。最后, 根据“性质不改变、面积不减少、功能不降低”的基本管控要求, 按照源头严防、过程严管、后果严惩的要求, 提出了严守生态及生物多样性保护红线的对策措施。

生物多样性与物种划分

洪德元

中国科学院植物研究所, 北京 100093

生物多样性是人类的现在,更是未来所依赖的,因此人类的未来在很大程度上决定于对生物多样性的研究、有效保护和合理利用。物种是生物多样性的基本单元;物种划分是否合理直接影响生物多样性其他领域的研究,特别是生物多样性的有效保护。但是物种划分的人为性在全世界都还存在,但在中国这样一个生物多样性大国里,问题更加突出。山茶属这样一个重要类群,物种数目在不同的分类处理中却象过山车一样变动,这绝非个例。《中国植物志》和“Flora of China”中有不少分种检索表难于使用,这反映物种划分欠合理、种间关系未理清。问题的根源一是客观因素:我国分类历史短暂而且条件困难;二是主观因素:准备不足,人才培养欠缺,学科认识不到位。现在是分类学发展的良机。如何抓住良机,促进分类学发展,大大提高物种划分的科学性,是我们面临的问题。我认为:一、加强人才队伍建设,通过研讨班、论坛、学报讨论等多种途径,提高年轻一代对有关物种科学本质的认识,具有遗传学、居群生物学、进化等相关学科的扎实基础;二、争取更多经费支持,争取较大项目,加强团队协作精神,完成有重要影响、高水平的专著和志书,使以物种划分为核心的分类处理面目一新。

从世界自然保护大会看生物多样性保护的新趋势

马克平

中国科学院植物研究所 北京 100093

2016年9月1-10日,世界自然保护联盟(IUCN)第六届世界自然保护大会(World Conservation Congress, WCC)在美国夏威夷举行,主题为“站在十字路口的地球--决定可持续的未来之路”。来自IUCN会员国政府机构、国际组织和非政府组织等190多个国家和地区的11000多名代表参加,是历届参会人数最多的大会。大会包括两个部分:(1)自然保护论坛;(2)世界自然保护联盟(IUCN)会员大会和相关活动。自然保护论坛是对外开放的,有近1300场活动,收到与会者的好评。会员大会审议通过了105项决议和未来四年的工作方案,发表了夏威夷宣言。这次会议为未来四年甚至更长的时间指明了发展方向。对于我国而言,有几个方面值得关注:

1.无论是可持续发展目标的实现,还是应对气候变化以及其他环境危机,基于自然的解决方案是长远的战略选择,我国应该重视;

2.基于目前南海、东海等周边政治环境的复杂性,我国应该考虑自然保护和可持续发展的国际大趋势,采取积极的应对策略,包括联合周边国家建立和平公园(Peace Park)的利弊分析及应对策略;

3.大多数参会者对进一步加强海洋保护热情很高,提出保护比例不低于30%海域的目标;我国目前的海域保护比例远远低于这个数值,相关部门应组织专业团队开展研究,提出

既适合我国国情又与国际大趋势相一致的对策；

4.我国在气候变化等领域积极参与全球治理，树立了负责人大国的形象。鉴于我国在自然保护领域在国际上处于先进行列在亚洲处于领先地位，应该在一带一路等框架内在亚洲积极主导若干重大保护和培训项目。既为亚洲自然保护做出贡献展示我国的科学成就，又可以为我国社会经济发展创造良好的政治环境。根据这次大会的成果，可以考虑基于IUCN新近发布的保护工具如生态系统红色名录（Red List of Ecosystems）、生物多样性关键地区（Key biodiversity areas），为实施世界自然保护联盟的基于自然的解决方案在亚洲建立示范样板。

Bird migration and biodiversity conservation in East Asia

樋口広芳

Graduate School of Media and Governance Keio University, Japan（日本庆应义塾大学）

Migratory birds encounter habitat destruction, hunting, chemical pollution, and collisions with aircraft and wind turbines during their migration. As a consequence, migratory birds are declining in many areas of the world. It is therefore quite important to study their migration routes, migration patterns through time, and habitat use. In the early 1990s, satellite tracking became available for the study of birds. For nearly 20 years I have collaborated with Russian, Mongolian, Chinese, Korean, Indian and American scientists on satellite tracking of migrating birds. Satellite tracking is especially well suited to Asian-based research because of the extremely large land area, sensitive political situations, and many urgent conservation problems in the region. Recently, we also used tiny light-level geolocators to track smaller birds such as passerines. So far, we studied the migration of more than 20 species using such technologies in East Asia. The focal species include endangered cranes, storks, swans, and hawks. In this presentation, I review the main results obtained, such as migration routes, important stopover sites and the relevant conservation issues. During the course of these studies, I realized that bird migration links not only nature in different countries but also people living along the migration routes. These important messages will be shown in later sections of the presentation.

Conservation of Bio-diversity of Yangtze River: A Story of Baiji and Yangtze Finless Porpoise

Ding Wang（王丁）

The Key Laboratory of Aquatic Biodiversity and Conservation, Institute of Hydrobiology of the Chinese Academy

Two species of cetaceans are endemic to the Yangtze River, the Baiji or Yangtze River Dolphin *Lipotes vexillifer*, and the Yangtze Finless Porpoise *Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis*. Over the past several decades, both species have suffered dramatic declines in abundance and concomitant reductions in the extent of their geographic ranges. In 2006, the Baiji was presumed to be extinct when an extensive survey of the Yangtze River failed to find any evidence of its continued existence. Data from that same survey further indicated that the population size of the Yangtze Finless Porpoises (YFP) had decreased from 2,700 in 1991 to approximately 1,800 individuals by 2006. Results of a more recent population survey of the Yangtze River conducted in 2012 revealed that this rapid decline has continued, with only approximately 1,000 YFP remaining across their former range. The population viability of both species is threatened primarily by overfishing and illegal fishing of their prey, heavy boating traffic, sand dredging, construction projects in or near the water, and pollution throughout the Yangtze River ecosystem. In an attempt to protect these species, several conservation strategies including *in situ* conservation (i.e., on-site conservation), *ex situ* conservation (i.e., off-site conservation), and captive breeding programs have been implemented. In this review, we examine the effectiveness of these conservation strategies over the last three decades, and synthesize these findings to make recommendations for the future protection of the YFP.

Key words: Yangtze Finless Porpoise, Yangtze River Dolphin, environmental changes, habitat loss, Yangtze River

中国国家公园向何处去？

杨锐

清华大学，北京 100093

报告回顾了世界国家公园运动的发展历史和趋势，总结了我国自然保护地发展的三个阶段，分析了我国自然保护地在体制机制和空间分布上存在的问题，在此基础上，提出了我国国家公园体制建设的方向、难点、和思路，并就如何防止我国国家公园变形变质提出建议。

专题 1. 森林生物多样性与群落构建机制（召集人：郝占庆）

Power-law size distribution predicts mean-variance scaling of individual aboveground mass of woody plants in a tropic forest

赖江山¹, Meng Xu²

1 中国科学院植物研究所, 北京 100093

2 Department of Mathematics, Pace University, America

Power-law relationship between the mean and variance of species population abundance is a widely confirmed quantitative pattern in ecology. Here, we apply the mean-variance power-law scaling to individual body size, called mass allometry (MA), and confirm it empirically using aboveground mass (AGM) of individual trees in a tropic forest. By classifying trees into spatially contiguous blocks, we test MA and interpret its slope using individual size distribution (ISD) of AGM within a block. Our results show that the exponent of a truncated Pareto model of ISD per block analytically predicts the slope of MA when the spatial scale of blocks is large. Success of the prediction largely relies on the constancy of truncated Pareto exponent and minimum individual AGM among blocks, and the variability of maximum individual AGM among blocks. This finding reveals the dominant role of large individuals in regulating fluctuation scaling of traits at the individual level.

Keywords: Power-law, mass allometry

温带森林生物多样性与碳库关系：以长白山阔叶红松林为例

原作强

中国科学院沈阳应用生态研究所, 辽宁 沈阳 110016

The relationship between biodiversity and ecosystem functioning has mainly been studied in local-scale, controlled homogeneous environments. However, natural ecosystems undergo varying environments both temporally and spatially, and can be affected by human disturbances. In this paper, we established 12 permanent forest plots in broad-leaved Korean pine forest plots in northeastern China, with five in intact, relatively undisturbed forests and seven suffering from disturbance such as logging. We investigated the effects of (taxonomic, phylogenetic and functional) diversity, functional dominance and topographic factors, both singly and in combination, on forest carbon

storage, under both disturbed and undisturbed conditions. Our results indicated that taxonomic diversity and functional dominance, particularly the dominance of maximum height, best explained the variation in carbon storage, in both disturbed and undisturbed forests. Variation partitioning further showed that functional dominance is the most important factor regulating carbon storage, which may suggest that selection effect was more important in this temperate forest. Furthermore, our results showed that the effects of diversity and functional dominance were much stronger in undisturbed plots, indicating that the importance of niche complementarity and selection effects in BEF both increase over time. Taken together, when it comes to maximizing forest carbon storage, conservation priorities should focus on protection of species with traits associated with higher maximum height in temperate mixed forest.

Keywords: Biodiversity and ecosystem functioning, Carbon storage, Disturbance, Selection effect, Complementarity effect

亚热带山地森林 59 个物种树结构分析

徐耀粘¹, Yoshiko Iida²

1 中国科学院武汉植物园, 湖北 武汉 430074

2 Kyushu Research Center, Forestry and Forest Products Research Institute (FFPRI), Japan

树结构与光的捕获, 碳的再分配密切相关, 且潜在的促进森林群落的物种共存。在不同的生活史阶段, 物种由于不同的生活史策略, 从而表现出不同的树结构。通过应用层次贝叶斯模型的方法, 我们检验了中国亚热带山地森林59个常见种的树结构, 以及与成年体大小和光需求能力之间的关系。研究发现, 亚热带山地森林59个物种的树结构方程(H-D, H-F, H-W1)变量没有明显偏离于群落趋势, 在树高-胸径方程中有部分物种表现出物种差异。部分结构参数在种子传播方式和叶类型间表现出差异。基于物种水平的Kendall秩相关分析表明, 高大物种在林下有较纤细的树干和较浅和窄的树冠, 而在林冠上则没有物种差异。物种的需光性与树结构变量表现出一定的相关性。我们在亚热带山地森林的研究结果支持大部分物种的树结构再群落水平上仍然表现出收敛的结论。树种对于成年体大小和光的需求能力表现出相对清晰和灵活的生活史策略, 也透漏出物种可以通过不同的生长策略来促进物种间的共存。

关键词: 层次贝叶斯模型, 成年体大小, 光需求能力, 亚热带山地森林

性别系统多样性的共存机制探讨

郝占庆

中国科学院沈阳应用生态研究所, 辽宁 沈阳 110016

与雌雄同体或同株的植物相比, 多度相同且性别比例为1:1时, 雌雄异株植物只有一半的有效生殖种群。因此, 在以雌雄同株或雌雄同花为主的森林生态系统中, 不同植物性系统的共存问题一直以来都是植物学家关注的热点。而更大的种子质量或者更多的单位个体种子产量, 以及更高的种群密度都被假定为雌雄异株植物潜在的补偿机制。然而, 由于缺乏大尺度、多种森林类型的相关研究, 这些机制是否具有普遍性我们并不清楚。本研究中, 我们以跨温带、亚热带及热带的五个森林动态样地为平台, 尝试验证雌雄异株植物在平均种子质量, 单位个体种子产量及种群密度三个性状较其他性系统植株是否有优势。运用Blomberg's K和Fritz and Purvis's D, 我们首先统计了平均种子质量、单位个体种子产量、物种多度, 性系统及生长型的谱系发育情况。而后, 运用谱系校正的一般线性模型检测了性系统及相关因子对种子质量、单位个体种子产量及种群多度的影响程度。研究结果表明, 在五个不同类型的森林中, 无论是否考虑谱系的影响, 雌雄异株植物不一定都在种子质量, 产量及种群密度等方面产生优势, 也就是说, 不同森林类型中开花植物的性系统都表现出明显的生态与进化的多变性。这个结果意味着性系统多样性的维持是诸多, 而非几个因子, 生物与非生物因素相互作用的结果。本研究表明了性系统多样性维持的复杂性, 为今后针对该研究的探讨指明了方向, 应注重进化与生态因子间的诸多相互作用而非仅仅几个因子。

关键词: 植物性别系统, 森林动态样地

中国山地森林群落构建机制与植物多样性分布格局

唐志尧

北京大学城市与环境学院生态学系, 北京 100871

群落构建机制是群落生态学研究的核心问题, 不同群落构建机制的影响可以在植物群落多样性分布格局中得到充分的体现。中国的森林分布跨越了从寒温带针叶林到热带雨林的几乎所有的植被带, 为研究森林植物群落构建机制提供了优越的条件。本文基于北京大学山地植物多样性调查计划(PKU-PSD计划)长期以来的调查数据, 采用群落多元统计、零模型以及群落谱系分析等方法, 分析了中国山地森林beta多样性分布格局、种-面积关系与种-多度分布的区域分异以及群落谱系多样性的梯度变化, 阐述中国山地森林群落的构建机制及其区域分异, 并进一步通过森林生长监测探讨邻体竞争对森林植物群落构建的影响。

云南森林动态样地土壤真菌群落的构建机制研究进展

胡跃华

中国科学院西双版纳热带植物园, 云南 西双版纳 650223

真菌是地球上多样性最高的类群之一,在森林生态系统的碳循环和养分循环过程中发挥着重要作用。近年来,DNA测序技术的发展使得真菌的生物多样性研究更为精准高效。本研究基于大尺度的森林动态监测样地,以Illumina MiSeq测序获取的云南热带雨林、亚热带常绿阔

叶林和亚高山针叶林中的土壤真菌群落为研究对象,从谱系和物种双重维度分析影响真菌空间分布格局的内、外因素:即其与生态位和中性过程的关系;及其内部的种间关系。具体地,从谱系和物种纬度分析控制真菌空间分布、以及调节其多样性高低(α)和变异(β)的关键因素;同时分析真菌之间的共现格局;最终理解构建土壤真菌群落的本质机制。研究成果将为揭示森林生态系统中真菌多样性的维持机制提供可靠的理论依据,并为真菌群落生态学的发展奠定坚实的基础。

关键词: 土壤真菌, 群落构建

热带景观中植物多样性精确预测昆虫多样性

张凯¹, 林思亮², 季吟秋¹, 杨晨雪¹, 王晓阳¹, 杨春燕¹, 王合升³, 江海声², Rhett Harrison⁴,
Douglas Yu¹

1 中国科学院昆明动物研究所, 云南 昆明 650223

2 华南师范大学生命科学学院

3 海南鹦哥岭国家级自然保护区

4 World Agroforestry Center

昆虫具有宿主特异性,因此植物多样性应能预测昆虫多样性,但整合分析并不支持该结论;直到Basset *et al.* (2012, *Science* 338: 1481-1484) 在一个热带森林里发现植物物种丰富度确实能够精确预测节肢动物(主体为昆虫)物种丰富度。

然而,由于其浩大的采样和分类规模, Basset *et al.* (2012) 的研究不可避免地限制在小区域且难以复制,但其结论亟待在大尺度上检验,所以我们采用高通量的方法来使该研究方案具有可操作性。

在海南和西双版纳的两个热带山地景观中利用样方调查植物多样性和昆虫多样性。植物多样性采用形态鉴定,昆虫多样性使用马氏网(Malaise trap)采集并采用宏条形码技术(metabarcoding)鉴定。使用常用的皮尔森相关分析和Basset *et al.* (2012)的“植物模型”分析物种丰富度间的关系(α 多样性),使用Procrustes分析检验群落组成间的关系(β 多样性)。

结果表明(1)植物模型与非参数估计(nonparametric estimator)得出的昆虫物种丰富度非常接近,但是常用的皮尔森相关分析发现样方水平上植物物种丰富度和昆虫物种丰富度的相关性较低;(2)Procrustes分析发现植物和昆虫的群落组成高度相关。以上结果均在两个景观、两个季节(旱季、雨季)、昆虫的不同目间保持一致。

本研究强烈支持:热带森林中植物物种丰富度能够精确预测昆虫物种丰富度。此外,本研究将植物模型的方法从热带美洲拓展到热带亚洲,从一个60 km²的均质森林扩展到两个~100-500 km²异质的、人为干扰的景观,从耗费劳力的标本形态鉴定的样本扩展到有效的宏条形码技术处理的样本。

本研究潜在的应用是:在植被评估上越来越有前景的遥感技术,将可能有效管理大部分的动物多样性。此外,更重要的一项应用可能在于,高通量的方法使大规模检验热带植食性节肢动物的超高多样性(megadiversity)的不同假说变得可行。

关键词: 宏条形码, 节肢动物, 生物监测, 宿主特异性, 动植物关系, 指示种

浙江古田山亚热带常绿阔叶林开花和结实物候的种间种内差异

赵袁¹, 杜彦君²

¹中国科学院华南植物园, 广州 510650

² 中国科学院植物研究所 北京 100093

植物物候学主要研究植物的生活史事件发生时间和环境因子之间的关系。物候作为植物重要的功能性状,却未见有在群落水平上将植物物候变异和群落结构特征(多度)联系起来探究植物物候变异规律的报道。为了探索物候性状的种间种内变异规律,2012年4月~2015年8月期间在中国东部地区浙江省古田山国家级自然保护区亚热带常绿阔叶林24ha大样地(GTS; 29° 10' 19.4" ~ 29° 17' 41.4" N, 118° 03' 49.7" ~ 118° 11' 12.2" E)内,对106种植物的物候进行连续观测,用标准差定性分析物候的种间和种内差异。结果表明,影响开花物候的气候因子为降水,群落开花高峰集中在5月,结实成熟高峰集中在10月。群落结实物候种间差异小于开花物候,其中结实物候种间差异为41天,开花物候种间差异为52天;群落水平植物开花和结实物候的种内变异小于种间;大部分物种开花物候的种内变异小于结实物候。本次研究首次探讨了物候期种内变异系数和物种多度的关系,也是首次研究物候种内变异系数与物候期早晚的关系,发现群落物候种内变异与物种的多度不相关,群落开花物候种内变异与物候期的关系不显著,群落结实物候的种内变异和物候期具有显著负相关关系,即物候期早的结实物候种内变异大,物候期晚的结实物候种内变异小。将植物物候变异和群落结构特征(多度)联系起来探究植物物候变异规律,有利于我们理解物候的改变是怎样影响物种的相互作用和适合度,这对于在气候变化大背景下理解植物性状变异及物种分化和群落动态变化具有重要意义。

关键词: 开花, 结实, 群落结构

武夷山常绿阔叶林分布格局及其空间变异性

陈婷婷, 丁晖

环境保护部南京环境科学研究所, 江苏 南京 210042

为深入探究武夷山常绿阔叶林树种多样性特点及其空间分布特征, 环境保护部南京环境科学研究所等3家单位于2013年在武夷山自然保护区星村镇四新村附近的常绿阔叶林建立了9.6 ha的森林动态监测样地, 并开展第1次植物群落调查。基于7个取样尺度(5 m×3 m, 10 m×6 m, 20 m×12 m, 40 m×24 m, 80 m×48 m, 133.3 m×80 m, 200 m×120 m), 分别计算出Simpson、Shannon-wiener和Pielou均匀度等物种多样性指数, 并采用方差、变异系数描述各指数与取样尺度的关系, 探讨尺度效应对物种多样性指数空间布局的影响; 再采用winkelmass1.0对样地中的角尺度、大小比数等空间结构参数进行分析, 探讨群落微观结构特征。结果表明: 3种指数均与取样尺度相关, 且表现出较强的区域性分布特征。物种多样性的多寡不仅与空间尺度密切相关, 其分布特征也具有尺度推演规律。此外, 乔木层中优势度高的树木不多, 群落内的优势树种多呈集聚分布; 而不同生长阶段的树木以集聚分布为主, 随机分布为辅, 幼龄林特征最为显著, 中、老龄林次之。群落整体上呈高度混交、中庸的轻度集聚分布, 林分结构还很不稳定, 处于演替的初级阶段。

关键词: 物种多样性指数, 空间变异, 空间结构参数

古田山常绿阔叶林种内功能性状变化和物种稀有度关系的研究

宋云峰¹, 米湘成¹, 陈建华²

1 中国科学院植物研究所, 北京 100093

2 浙江师范大学, 浙江 金华 321004

森林群落是由大量稀有种和少数优势种组成的。现有的研究表明: 种内功能性状变化的大小与物种多度密切相关。我们收集了古田山亚热带常绿阔叶林样地2000多株木本植物的功能性状, 包括叶面积、比叶面积、木质密度、叶的氮、磷含量、相对叶绿素含量、气孔密度、树高和冠幅等, 我们分析了物种多度与功能性状方差及物种性状的平均值与群落性状均值偏差的关系。结果分析表明: 物种多度与叶氮含量等的方差呈显著负相关, 物种的多度也和物种性状的平均值与群落性状均值偏差呈显著负相关。这表明: 常见种占据群落生境的优势资源, 而稀有种只能利用生境中的非优势资源, 稀有种的性状偏离群落性状的均值较大。这表明, 在同质性生境中, 常见种的种内性状变异小于稀有种的。这项工作的重要性是采用功能生态位的宽度和位置解释了群落多度格局。

关键词: 功能性状, 物种丰度, 亚热带常绿阔叶林

生态位过程，而非扩散限制，决定凉水 9 公顷阔叶红松林群落功能和系统发育结构在空间和径级尺度上的变化

姜峰，蔡慧颖，朱宇，金光泽

东北林业大学，黑龙江 哈尔滨 150040

生态学家通常利用比较随机群落的方法探索系统发育和功能扩散格局，而很少把这些格局联系到精确的环境和空间结构，从而进一步推断生态位与扩散限制过程对群落构建的相对影响程度。

研究实施于中国东北地区一个9公顷温带森林动态监测样地。首先跨空间和径级尺度分别定量群落内41个共存物种的系统发育和功能结构；然后，利用环境因子（地形、土壤）与空间结构（多尺度特征向量）对系统发育和功能结构方差分解；最后，对系统发育、功能结构的平均值与其方差分解后各组分别解释的百分比（即各组分解解释的调整R²）分别进行线性和指数回归。

所有树木、小径级与中径级树木一致地显示出聚集的系统发育和功能结构，而大径级树木则显示出发散的格局，并且两种扩散格局随空间尺度增大而加强。生态位过程对小径级与大径级群落构建起主导作用，并随空间尺度增加而加强，然而扩散限制过程仍影响着小尺度、呈聚集格局群落的构建。系统发育与功能结构的变化更紧密地联系于环境变量而非空间结构的变化。

本研究显示出生态位而非扩散限制过程诱导系统发育和功能结构在空间和径级尺度上的变化。即使如此，扩散限制过程仍在呈聚集格局的幼树群落中扮演着重要角色。综上，强烈的生态位过程和微弱的扩散限制过程都影响着凉水温带阔叶红松林群落的构建。

关键词：系统发育和功能扩散，方差分解，群落构建

复杂森林的生物多样性与群落构建机制

丁易，臧润国

中国林业科学研究院森林生态环境与保护研究所，北京 100091

复杂森林是指物种丰富、结构复杂的森林，它们在全球生物多样性保护和生态系统服务功能维持中具有重要作用。近年来通过功能性状来探索不同环境梯度和干扰体系下的生物多样性变化规律及其内在的群落构建机制，已经成为当前群落生态学和生物地理学研究中的重要研究领域。通过对我国热带林和亚热带区域内典型的复杂森林研究表明，在局域地理尺度下，干扰强度是影响群落功能多样性的主要因素。通常在干扰较为强烈或者环境条件恶劣（如低温）的生境中，生境筛选在群落构建过程中发挥的主导作用，而且通过一系列的性状特征和权衡来适应不利生境或演替过程中的变化环境。在轻度干扰和老龄林中，多个过程同时驱动群落构建，但生物过程主要在小尺度上占主导地位。来源于种内个体间的性状变异对于局域

条件下群落构建过程具有重要的影响，因此在研究群落构建机制过程中，需要同时考虑种间性状变异、种内性状变异、环境因子、生物竞争强度等因素的共同作用机制和相对贡献。

关键词：复杂森林，群落构建

Stochastic dilution effects weaken deterministic effects of nichebased processes in species rich forests

王绪高

中国科学院沈阳应用生态研究所，辽宁 沈阳 110016

Recent theory predicts that stochastic dilution effects may result in species-rich communities with statistically independent species spatial distributions, even if the underlying ecological processes structuring the community are driven by deterministic niche differences. Stochastic dilution is a consequence of the stochastic geometry of biodiversity where the identities of the nearest neighbors of individuals of a given species are largely unpredictable. Under such circumstances, the outcome of deterministic species interactions may vary greatly among individuals of a given species. Consequently, nonrandom patterns in the biotic neighborhoods of species, which might be expected from coexistence or community assembly theory (e.g., individuals of a given species are neighbored by phylogenetically similar species), are weakened or do not emerge, resulting in statistical independence of species spatial distributions. We used data on phylogenetic and functional similarity of tree species in five large forest dynamics plots located across a gradient of species richness to test predictions of the stochastic dilution hypothesis. To quantify the biotic neighborhood of a focal species we used the mean phylogenetic (or functional) dissimilarity of the individuals of the focal species to all species within a local neighborhood. We then compared the biotic neighborhood of species to predictions from stochastic null models to test if a focal species was surrounded by more or less similar species than expected by chance. The proportions of focal species that showed spatial independence with respect to their biotic neighborhoods increased with total species richness. Locally dominant, high-abundance species were more likely to be surrounded by species that were statistically more similar or more dissimilar than expected by chance. Our results suggest that stochasticity may play a stronger role in shaping the spatial structure of species rich tropical forest communities than it does in species poorer forests. These findings represent an important step towards understanding the factors that govern the spatial configuration of local biotic communities. The stochastic dilution effect is a simple geometric mechanism that can explain why species' spatial distributions in species-rich communities approximate independence from

their biotic neighborhood, even if deterministic niche processes are in effect.

Keywords: coexistence theory, forest dynamics plot, functional dissimilarity, habitat filtering, individual species–area relationship, null model

玉龙雪山海拔梯度森林群落的构建机制探讨：整合物种、系统发育和功能维度

罗亚皇^{1,2}, 刘杰¹, 高连明¹, 李德铎²

1 中国科学院昆明植物研究所生物多样性与生物地理学重点实验室, 云南 昆明 650201

2 中国科学院西南野生生物种质资源库, 云南 昆明 650201

将系统发育信息和功能性状整合到群落生态学研究, 为探讨群落构建机制等科学问题提供了新的视角和思路。海拔梯度包含了多种环境因子的梯度效应, 是影响山地森林群落结构和物种组成的重要因素之一。本研究以丽江玉龙雪山海拔梯度亚高山森林群落为研究对象, 综合系统发育、功能性状 (考虑种内变异) 及环境因子分析群落中不同生活型 (乔木、灌木和草本) 沿海拔梯度的变化及驱动因子, 研究发现不同生活型的群落的构建存在差异, 乔木层在低海拔和高海拔系统发育和功能聚集, 中海拔呈离散, 干扰和最低温是显著影响乔木群落结构的主要因子; 而灌木和草本在中低海拔呈离散结构, 高海拔呈现聚集, 表明中低海拔林下物种间的竞争可能起主导作用, 高海拔受到环境过滤的作用, 林冠郁闭度和坡向是影响灌木群落结构的显著因子, 而土壤水分和养分是影响林下草本植物结构的主要环境因子。研究还表明考虑种内变异的性状对更精确的揭示群落构建机制具有重要的重作用。

关键词: 群落构建, 海拔梯度, 玉龙雪山

The relationship between stem (Branch & Sprout) and environment

王中清

中国林业科学研究院, 北京 100091

As we all know, kinds of plants have branches and sprouts or only one stem. It is a common feature and an important part in forest aspect. The permanent plot-based approach to community analysis is fundamentally important for revealing mechanisms of biodiversity maintenance. Our research explored the reason why plants have branches and sprouts in different environment conditions. Our results were as follows: (1) By analyzing 290 recorded species in a 60ha plot which is a virgin rain forest in Jianfengling, Hainan, southern China, totality of 260 species showed sprouting ability. (2) In different soil element or organic material, topography (elevation, convex, slope), illumination, competition, so far as to survival of the fittest in natural selection, plants have completely

different plans for stems. (3) The sprouting ability is positive correlation of slope and convex. Actually, in soil, N/P ratio is also one of the restraining factors of sprouting ability. Henceforward we should support more researches and collect more long-term dynamic monitoring data. It is necessary to realizing deep-seated between stem and environment factors.

Keywords: 生物多样性, 分支萌条

寄主树种多度对土壤病原菌致病力的影响

刘宇¹, 方素琴¹, Peter Chesson^{2,3}, 何芳良^{1,4}

¹ 中山大学, 广州 510275

² 亚利桑那大学, 美国

³ 台湾国立中兴大学, 台湾

⁴ 阿尔伯塔大学, 加拿大

自然群落通常由大量的稀有种和少数的常见种组成,但稀有种在自然界如何生存是至今一直没有回答的问题。其中稀有种优势(rare species advantage),即物种多度降低时其适合度增加,是物种稳定共存的重要前提。如果没有这一优势,物种间相同的适合度会导致稀有种灭绝。研究稀有种优势的首要任务就是探讨当一个物种变得稀有时其适合度如何增加,Janzen-Connell效应能够帮助我们回答这个问题。该效应指出母树周围的同种幼苗更容易遭受寄主专化性天敌的危害,这为其他物种的幼苗提供空间,从而促进物种共存。土壤病原菌有限的扩散能力、快速的繁殖能力和较强的寄主专化性,是引起Janzen-Connell效应的主要因素,并得到大量的研究证实。如果在物种多度高的地点,幼苗更新受到较强的Janzen-Connell效应;如果在低密度的地点,不受该效应控制或该效应较弱。这种效应强度差异产生稀有种优势。为了在森林生态系统中检验稀有种优势,我们利用一个亚热带树种光叶红豆(*Ormosia glaberrima*)自然存在的多度差异,探讨该物种在低密度时适合度(幼苗存活率)如何增加(Janzen-Connell效应减弱)。研究结果如下:在光叶红豆成年个体丰富的地点,其幼苗更新受到土壤病原菌尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)的抑制。从光叶红豆病苗上分离到的*F. oxysporum*菌株(strain)只能引起光叶红豆幼苗发病,而不能浸染其他与光叶红豆共存物种的幼苗。而在光叶红豆成年个体稀有的地点,其幼苗更新不受该病原菌的影响或者影响较小,大量光叶红豆幼苗存活下来,表现出稀有种优势。因此,本研究证实寄主物种多度依赖的病原菌致病效应导致了光叶红豆在丰富、稀有地点间幼苗更新的差异。

关键词: 稀有种优势, Janzen-Connell效应, 密度制约, 土壤病原菌

真菌病原菌、根瘤共生菌和拮抗细菌在亚热带豆科树种光叶红豆根际的 相互作用

刘兰

中山大学, 广州 510275

Janzen和Connell提出了物种特异性天敌是维持热带森林生物多样性的主要机制的假说(JC)。近年的实验不断证实了由土传真菌病原菌导致的JC效应,即由病原菌导致的距离或密度依赖的幼苗死亡。然而,在病原菌为主导控制幼苗演替的条件下,有益微生物的作用却少有报道。本人的研究以JC假说为背景,探讨了在病原菌为关键种控制幼苗演替的条件下,真菌病原菌、共生细菌与寄主间的相互作用。

种植在近母树距离土壤中的幼苗,存活率远低于远母树距离土壤中的幼苗;杀菌能够显著提高近母树距离土壤中幼苗的存活率。平行的结瘤实验发现,越近母树距离的土壤中种植的幼苗,结瘤数越少。将分离得到的根瘤菌回接到野外带回土壤中进行结瘤实验,仅有近距离的土壤中种植幼苗的结瘤数明显增加。

共培养实验发现,导致幼苗死亡的特异性病原菌尖孢镰刀菌*Fusarium oxysporum*能够通过代谢物分泌直接抑制根瘤菌的活性。同时,从根际分离得到的细菌中,多株伯克氏菌属*Burkholderia*的细菌具有抑制尖孢镰刀菌生长的能力,这些真菌抗性菌的分布也表现出距离相关性,表明真菌病原菌与根际细菌之间存在竞争。

在温室内和野外样地进行的杀菌实验证实,杀灭真菌后,幼苗结瘤数比不杀菌对照显著增加。

本研究表明,在亚热带森林树种根际积累的土传真菌病原菌作为土壤微生物中的关键种,影响了母树周围土壤中细菌与寄主的共生互作和幼苗存活。

关键词: 土传病原菌, 根瘤共生菌, Janzen-Connell 假说, 拮抗细菌

灵空山油松林天然更新过程与时空格局的初步研究

郭东罡

山西大学, 太原 030006

山西灵空山国家级自然保护区是世界油松集中分布的主要区域,素有“油松之乡”的美称。于2011年在此建立的4 hm²的天然油松林长期固定监测样地,当年共挂牌监测14765株活的独立木本个体,分属于19科、36属、58种。样地内DBH≥1 cm的木本植物平均胸径为14.23 cm,其中群落中占绝对优势的2个物种,油松(*Pinus tabulaeformis*)平均胸径为15.16 cm,辽东栎(*Quercus wutaishanica*)平均胸径为14.94 cm,二者胸高断面积之和占总胸高断面积的95.76%。

基于此平台,在国家自然科学基金(山西太岳山油松林天然更新过程与时空格局)的资

助下,以三次幼苗调查数据为研究对象,对固定样地内2个优势种油松和辽东栎的天然更新过程做了初步研究。研究表明:(1) 2014年8月的本底数据共记录到油松幼苗2061株,辽东栎幼苗6163株。从2015年6月和2015年10月的新增幼苗来看,辽东栎幼苗的新增量是油松的2倍。(2) 经过2次跟踪调查发现,油松死亡个体854株,辽东栎死亡个体1412株,油松幼苗的死亡率(41.4%)几乎是辽东栎幼苗死亡率(22.9%)的2倍。(3) 通过分析地形因子(坡向、坡度、坡位和凹凸度)对幼苗死亡率的影响发现,辽东栎、油松幼苗的死亡率均受到部分地形因子的影响。辽东栎幼苗死亡率与坡度和坡位呈显著正相关,油松幼苗的死亡率与坡度呈极显著负相关。进一步比较2个物种幼苗死亡率在不同坡度和坡位等级间的差异性发现,辽东栎幼苗死亡率在不同坡位下差异显著,且在中坡位死亡率最大;而油松幼苗死亡率则在不同坡度下差异显著,并且在缓坡死亡率最大。综合来看,辽东栎更新状况要好于油松。地形因子是导致油松和辽东栎幼苗死亡的重要因素之一。此外,油松1年生新增幼苗多着生于凋落物层,并未真正扎根于土壤,也是导致油松幼苗死亡率较高的原因之一。

Conspecific Leaf Litter-Mediated Effect of Conspecific Adult Neighborhood on Early-stage Seedling Survival in A Subtropical Forest

刘何铭, 沈国春, 马遵平, 杨庆松, 夏建阳, 方晓峰, 王希华

华东师范大学生态与环境科学学院, 浙江天童森林生态系统国家野外科学观测研究站, 上海 200062

Conspecific adults have strong negative effect on the survival of nearby early-stage seedlings and thus can promote species coexistence by providing space for the regeneration of heterospecifics. The leaf litter fall from the conspecific adults, and it could mediate this conspecific negative adult effect possibly. However, field evidence for such effect of conspecific leaf litter remains absent. In this study, we used generalized linear mixed models to assess the effects of conspecific leaf litter on the early-stage seedling survival of four dominant species (*Machilus leptophylla*, *Litsea elongata*, *Acer pubinerve* and *Distylium myricoides*) in the stage of newly germinated seedlings in a subtropical evergreen broad-leaved forest in eastern China. Our results consistently showed that the conspecific leaf litter of three species negatively affected the seedling survival. Meanwhile, the traditional conspecific adult neighborhood indices failed to detect this negative conspecific adult effect. Our study revealed that the accumulation of conspecific leaf litter around adults can largely reduce the survival rate of nearby seedlings. In addition, ignoring it could result in underestimation of the importance of negative density dependence and negative species interactions in the natural forest communities.

Keywords: Evergreen broad-leaved forest, Conspecific interactions, Generalized linear mixed models, Janzen-Connell hypothesis, Neighborhood indices, Plant-plant interactions, Species coexistence, Tiantong

提高用鱼眼照片来分析林下光环境和林隙比例的准确度

赵康宁

中山大学, 广州 510275

林隙 (Gap) 在生物多样性维持中扮演着非常重要的角色。因为它决定着林下的光环境, 从而影响下层植物的生长、存活和竞争关系。鱼眼照片分析技术是非常流行的用来分析林冠并估计林下光环境的方法, 然而它的分析准确度会受到拍照时天空亮度变化的影响。比如, 天空亮度变暗, 分析照片得到的林隙就会变少, 变小。我们提出了一个新的分析鱼眼照片的阈值模型, 解决了这一问题。我们根据拍摄时刻的天空亮度来计算分析照片时采用的灰度阈值, 天空变亮, 会得到一个相对较大的阈值, 天空变暗, 则会得到一个相对较小的阈值, 从而抵消了天空亮度变化对照片曝光情况的影响。通过与两种传统阈值选择方法比较, 我们发现新的阈值选择方法, 能够最准确的估计林下光环境。即使是在天空亮度发生了很大的变化, 照片曝光程度差异很大时, 新的照片处理方法依然能够得到可靠的分析结果。

关键词: 林下光环境, 林隙, 鱼眼照片

鼎湖山南亚热带常绿阔叶林林窗分布格局研究

隋丹丹

中科院华南植物园, 广州 510650

研究林窗的几何特征, 确定林窗的空间分布对南亚热带森林生态系统的动态变化、物种共存及生物多样性维持机制等具有重要意义。

本研究基于鼎湖山南亚热带常绿阔叶林20 ha固定监测样地2015年植被调查的数据, 通过无人机航拍图像处理技术, 结合地理信息系统软件分析了样地的林窗几何特征和地理分布格局。结果表明: 该样地林窗空隙率为13.72%, 林窗密度为35.5个 $\cdot$ hm⁻², 林窗平均面积为38.37m²。区域内林窗呈负指数分布, 即多为较小面积、边缘效应不太显著的林窗。过熟林林窗数量虽少于成熟林, 但林窗平均面积显著大于成熟林。因台风带来的强降雨极易引起小范围滑坡, 使得沟谷的林窗空隙率和密度也显著大于山坡和山脊。通过这些比较分析, 进而建立利用无人机进行森林群落林冠变化与格局的监测技术体系, 以期实现林窗与林下群落动态变化的同步监测。

关键词: 常绿阔叶林, 无人机航拍, 林窗空隙率, 林窗平均面积

基于无人机航拍影像对林窗数据的提取及分析

王悦

中国科学院华南植物园, 广州 510650

林窗是维持森林生态系统长期变化的重要因素之一。以合适的手段准确描述林窗面积等几何特征, 并与森林固定样地监测数据有效地结合, 更好地回答群落更新理论问题, 使森林群落物种多样性维持机制得到更全面的认识, 是亟待解决的问题。本文采用2016年6月所拍摄的鼎湖山无人机遥感影像进行分类处理。利用可见光波段差异植被指数对鼎湖山大样地林窗作提取。结果表明传统地面方法提取林窗和无人机遥感航拍提取法结果存在显著差异 ($p < 0.05$), 基于植被指数的提取方法适合RGB波段的航片提取, 适用于大面积的林窗提取, 且准确度和效率较高。同时对所得到的714个林窗依据不同树种组成分类, 探讨中度干扰假说以及补员限制对南亚热带常绿阔叶林林窗下物种的影响与群落演替研究。植被遥感的迅速发展, 为森林动态监测提供了重要支持, 对森林群落物种多样性维持机制的探讨将更为准确。

关键词: 航拍, 林窗

专题 2.生物多样性编目与信息管理的（召集人：纪力强）

生物多样性数据整合与服务研究

许哲平

中国科学院植物研究所，北京 100093

生物多样性数据具有多源异构的特点，随着科研和决策方面的强烈需求，国内外的生物多样性数据平台和技术发展有了长足的进步。本报告首先结合国内外的相关进展，介绍了生物多样性观测的框架、数据类型以及科学目标，并对不同时期的汇总方案做了对比分析。然后以国家标本资源共享平台、中国生物多样性监测与研究网络、东南亚植物多样性信息平台为例，介绍生物多样性数据建设、整合与服务方面的规划设计、建设路线和应用服务方面的实践和思考。

关键词：生物多样性数据，整合，共享，服务

生物多样性数据 GAP 评估的方法与流程

林聪田

中国科学院动物研究所，北京 100010

随着生物多样性信息学的发展，作为最基础的生物多样性数据—物种分布数据得到不断积累，并在生物保护、生物分类与生物地理学等领域发挥重要的作用。尽管如此，人们对这些数据的覆盖度和准确度能否科学地反映生物多样性模式及有效地支持生物多样性保护决策仍然感到疑虑。因此，对现有的生物分布数据进行全面的准确的GAP评估成为生物多样性信息学的重要课题之一。本研究尝试整合目前已有的GAP分析方法，实现生物分布数据GAP分析的标准流程；并以GBIF中的中国鸟类分布数据为例，从整个类群及单个物种两个层次，对类群覆盖度、地理覆盖度及时间覆盖度等多个维度进行评估。研究表明，GBIF中关于中国鸟类的分布数据无论在类群覆盖还是在地理分布都有很大的缺失和偏差，需要进一步收集、整合数据才能有效地应用于分析中国鸟类多样性分布模式及支持鸟类多样性保护的决策。通过实例表明，本文提出的生物分布数据GAP分析的标准流程能够指出目前生物分布数据缺失的地方，除了评估现有数据的适用性外，还能够为下一步的生物多样性调查提供指导作用。

关键词：生物多样性数据，物种分布数据，GAP分析，中国鸟类

亚洲生物多样性信息和保护网络（ABCDNet）

罗茂芳

中国科学院生物多样性委员会，北京 100093

自生物多样性信息学（Biodiversity informatics）概念提出以来的二十多年来，在全球，尤其是在欧洲、北美洲得到了快速的发展。亚洲地区也取得了一些成绩，但相比之下，在发展水平、数据的共享水平等方面仍有较大差距，且发展不均衡。可用的亚洲生物多样性信息分散的存在于现有的一些网络资源中：各国的综合性和专题数据库、区域信息平台 and 全球性数据库。在此基础上，中国科学院生物多样性委员会倡导建立了亚洲生物多样性保护与信息网络（ABCDNet），将通过整合多方可用资源将分散的生物多样性在线资源（目前主要是物种名录信息和红色名录信息）联系起来，建立一个区域生物多样性信息网络，并对外提供数据服务。本报告将从背景、进展及计划等方面来介绍ABCDNet。

关键词：生物多样性信息学，亚洲生物多样性，亚洲红色名录，数据共享

通用生态观测数据管理平台的设计与实现

陈灿，秦刚，付海静

中国科学院计算机网络信息中心，北京 100195

随着生态学研究尺度的不断扩大，现有的数据采集管理系统已不能满足生态系统观测数据的跨学科、大规模等转变。我们针对现代生态学研究的要求，设计了一种通用的跨学科观测数据模型，采用NoSQL的技术方案构建了支持分布式大规模存储的数据库，并设计实现了通用的生态观测数据管理平台。解决了跨学科异构数据的融合存储、数据模型的高度可扩展、数据管理中的I/O密集操作等科学问题。

关键词：生态观测数据管理，跨学科异构数据，NoSQL

国家标本资源共享平台（NSII）运行机制与发展方向的探索

肖翠

中国科学院植物研究所，北京 100093

报告从国际上同类型的大数据网站出发，包括Species 2000、BHL（Biodiversity Heritage Library）、GBIF（Global Biodiversity Information Facility）、EOL（Encyclopedia of Life）、iBOL（国际生命条形码计划）等，总结出在大数据年代，原始数据积累，特别是历史数据数字化的重要性。由此引出国家标本资源共享平台（简称NSII）。进而重点介绍我国

同类型的大数据平台-----NSII。报告从NSII的背景基础、共享体系、服务功能、管理模式、发展方向等方面详细展开。特别是NSII办公室作为六个子平台的管理部门，针对以往数据提交周期长，数据审核抽查量大，网站数据更新滞后等问题，作者提出了自己的对策和建议。并结合当前国内外大数据网站的发展趋势，提出了NSII发展的新方向。

关键词：大数据、NSII、运行机制、发展方向

2016 版《中国生物物种名录》的新进展

纪力强

中国科学院动物研究所，北京 1000101

2016年5月22日国际生物多样性日，中国科学院与国家环保部联合发布了《中国生物物种名录》2016年度名录。该名录收录了中国已知物种及种下单元数86575种。其中，动物界35905种，植物界41940种，细菌界469种，色素界2239种，真菌界3488种，原生动物界1729种，病毒805种。自2008年以来，中国科学院每年组织国内外的分类学家，编辑并不断完善《中国生物物种名录》的内容，为我国生物多样性工作的开展奠定了坚实的基础，并使得我国成为世界上唯一一个每年发布年度生物物种名录的国家。在2016版名录中，动物界节肢动物门下新增了蛛形纲中气门目和前气门目；昆虫纲下新增了半翅目姬蝽科、毛唇花蝽科、细角花蝽科、花蝽科和盲蝽科，同翅目斑蚜科，鞘翅目阎甲科，鳞翅目蝙蝠蛾科和蛱蝶科；脊索动物门下两栖纲和爬行纲采用了《中国生物多样性红色名录》脊椎动物卷的分类系统，科属系统有较大变化。真菌界下新增了壶菌门。植物界和色素界也有很多更新。与往年相同，2016版名录也通过光盘和网站两个途径同步发布，内容完全一致。为了满足网络用户多样化的数据需求，我们对物种2000中国节点网站（<http://www.sp2000.org.cn/>）进行了全面改版，经过软件开发、数据导入、软件平台测试和安全漏洞检测，新版网站已上线开放。新网站重新编写了全部的软件程序，使用了可跨平台运行的java环境，增加了用户注册功能。注册用户可批量下载物种数据，还可以通过信息反馈功能在线提问。针对越来越多的手机用户的移动查询需求，专门设计了适应手机屏幕的页面和菜单。下一步，将增加以往年度的名录数据，完善webservice功能，并根据中国节点的需要增加板块。

关键词：物种名录，2016版，数据更新，在线数据库

高阶元昆虫图像识别

席天宇，王江宁，纪力强

中国科学院动物研究所，北京 1000101

昆虫识别在社会经济、生产生活和科学研究中有重要作用，传统的昆虫识别方法需要耗

费大量的时间及人力物力，且实用性较低。因此，设计一个可以简易、快速分类的计算机识别系统，是解决这个问题较为行之有效的方法。现今基于计算机图像的昆虫识别系统发展较快，如ABIS、DrawWing、DAIS、BugVisux、SPIR等，这些工具在种级水平已经可以较好的鉴定水准。但是现有系统不适用于海量昆虫标本的快速鉴定，而高阶元水平的物种图像鉴定可以弥补这方面的需求，而且对科研、生产等有重要意义。目前为止，我们设计完成了一种可以在目级阶元上鉴定昆虫的图像识别系统。这个系统的设计是基于模式识别理论中的典型处理方法进行物种自动鉴别，包含图像预处理，特征提取以及模式分类，这些过程都已模块化，并且可以存储在数据库中。我们使用形状特征，利用人工神经网络，对7目8个类群221种昆虫的225幅图的测试集的检验测试中，系统表现出良好的准确性和稳定性，识别率达80%左右，最高正确识别率可以达到95%。这个模型我们也将其设计成网络版供学习和研(<http://bes.biodinfo.org/Pages/ByImage/imgCommonOrder1.aspx>)。在科阶元识别研究中，以蝴蝶图像为例，我们利用基于内容的图像检索(CBIR)技术，构建了“蝴蝶科级标本图像在线鉴定系统(<http://bes.biodinfo.org/Pages/ByImage/imgButterfly1.aspx>)”。该系统主要根据蝴蝶图片的形状，颜色以及纹理特征对蝴蝶图像进行检索。测试结果反映，图像资源较为丰富的凤蝶科识别率达到84%，在12科60个随机样本图片中识别率达到82%。测试所得到的数据结果可以直观反映出一些问题，如图片的质量，物种多样性程度等。在实验过程中，对于鉴定结果影响最大的是图片特征和匹配算法。对于科级的识别鉴定来讲，图片的形状特征比其颜色和纹理特征更重要。这套系统随着模板图像库的不断丰富，对蝴蝶识别能力也会逐渐提高，目前本系统已经收录4000多幅蝴蝶图像作为模板图像库，对中国分布的科可以进行较准确的识别。

关键词：昆虫鉴定，图像识别，高阶元，模式识别

专题 3. 微生物多样性（召集人：褚海燕）

土壤微生物多样性监测：揭示地下生态系统的结构和功能

李香真

中国科学院成都生物所，四川 成都 610041

土壤微生物是地球上多样性最高、物种最丰富的生物类群，土壤是最丰富的“菌种资源库”，同时也是一个巨大的“基因资源库”。揭示土壤微生物物种和基因多样性的形成规律、时空分布格局等，对于微生物多样性资源的保护和利用具有重要意义。由于手段的限制，以往的研究常把微生物系统当做一个黑匣子来处理，对微生物多样性的监测研究是整个生态系统研究中最薄弱的环节。高通量测序技术与生物信息学方法为监测土壤微生物的多样性、群落结构、土壤基因组的变化提供了强有力的手段。本报告将对土壤微生物多样性监测的技术、方法、重要研究进展进行介绍，结合我们在中国草原生态系统及贡嘎山山地生态系统中开展的土壤微生物多样性研究的结果，阐述土壤微生物的组成、多样性、空间分布格局及其重要的驱动机制，预测微生物群落的结构、功能及其对全球气候变化的响应。

关键词：微生物多样性，动态监测，草地生态系统

微生物功能多样性响应环境变化的特征

杨云锋

清华大学环境学院，北京 100084

长期以来，环境微生物学界的重大基础问题包括：环境微生物是什么？在做什么？为什么？对环境微生物的研究，有助于通过环境条件判断、甚至预测微生物群落结构。环境微生物通过几十亿年的进化而来，在遗传上具有或远或近的亲属关系，形成了极为繁杂的物种多样性。但是一般认为，亲属关系较近的环境微生物的生态位比较类似，对外界环境扰动的响应也比较一致。但目前也有数据表明，亲属关系较远的环境微生物对外界扰动也可能有类似响应，使得通过物种预测环境微生物响应较为困难。而相对于物种而言，微生物功能基因情况更为复杂。由于微生物之间大量的水平基因转移，使得微生物物种和功能基因之间出现明显的脱节。因此，微生物物种、功能基因对外界环境的响应规律，是环境微生物学界的一个重要问题，但由于技术手段的限制，相关研究才刚刚起步。

我们近年来的一些研究表明，微生物功能基因的DNA丰度和环境中的功能过程存在显著的关联性。为进一步揭示微生物功能基因与外界环境的关系，我们研究了我国神农架自然保护区不同海拔梯度的土壤微生物多样性。通过高通量测序获得了微生物物种信息，通过基因芯片（GeoChip）获得了微生物功能基因信息。结果表明，在较小范围内，微生物物种和

功能基因群落结构对外界响应比较一致。如在林线两侧，温度决定了微生物物种、功能基因群落结构，而未检测到植被对微生物群落结构的影响。在阔叶林中，土壤有机质含量则是形成微生物物种、功能基因群落结构的主要因素。但是在更大范围内，微生物物种、功能基因表现出不同的距离-衰减（distance-decay）规律。受空间限制的影响，微生物物种结构具有明显的空间差异性，主要由中性理论中的随机过程驱动。而微生物功能基因主要受土壤异质性的影响，没有明显的生物地理学分布规律。这些结果说明，通过对环境介质的理化参数进行检测，可以判断微生物功能基因群落结构，但无法预测微生物物种结构。

为了检验这个观点的普适性，我们对迥异的另一系统 – 养殖场畜禽废弃物的厌氧消化过程进行了控制研究。当进料改变时，微生物不同的门、纲相对丰度变化各异，但对微生物 16s rRNA 基因的拷贝数这一功能特征（functional trait）进行估算，发现与进料中的可利用碳存在强烈的正相关性，说明进料条件可以预测功能特征，而微生物物种变化没有一致规律。对反应器进行连续 735 天的稳定运行，发现随着时间推移，反应器中的微生物物种呈现出时间-衰减（time-decay）规律。而微生物功能基因结构保持稳定。以 mcrA 基因表征的微生物产甲烷过程的相对丰度不变，解释了运行中观测到的稳定甲烷产量。这些工作进一步揭示了微生物功能基因与环境理化参数的关联性，以及功能基因对功能过程的表征作用，说明了从微生物物种研究转向功能基因研究的重要性。

关键词：微生物功能基因，环境扰动

青藏高原高寒草甸土壤微生物群落结构对停止施肥的响应

陈小云，蔡冰杰，刘满强，胡锋

南京农业大学，江苏 南京 210095

“施肥”在高寒草甸生态系统中，能够显著提高土壤肥力和植物生产力，但同时也会造成土壤生态系统结构功能及土壤微生物的变化。然而“停止施肥”对高寒草甸土壤生态系统，尤其是对土壤微生物群落的结构和功能的影响少有研究。本研究使用末端限制性片段长度多态性（T-RFLP）和磷脂脂肪酸分析方法测定了土壤微生物生物量和群落结构，结果显示，在长达 10 施用氮磷肥的寒草甸土壤中，停止氮磷肥 3-5 年后，原低氮磷施用量（30 g m⁻² y⁻¹, R30）和高氮磷施用量（120 g m⁻² y⁻¹, R120）土壤中的微生物的数量及群落结构与不施肥对照（F0）相比，都存在着显著的差异。其中，R30 和 R120 处理中的微生物数量显著低于 F0 处理中的微生物数量，其中又以 R120 中微生物数量最少。随着停止施肥年限的增加，R30 中微生物数量和群落结构逐渐接近 F0 处理，而 R120 中微生物各类群的数量和群落结构与 F0 之间的差异相对较大，且并不随停施时间的延长而改变。而以酶活性来表征的土壤功能变化中，在停施 3-5 年后，土壤中参与碳、氮和磷循环的酶活性和不施肥对照处理间仍存在很大的差异，同时，由于受到前期氮磷肥施用的影响，不同处理参与碳、氮、磷循环的酶活性差异各不相同，表明长期单一施用氮磷肥会导致土壤功能的改变。总之，在典型高寒草甸生态系统中，土壤微生物群落结构和功能对施肥干扰终止的响应研究可为青藏高原

高寒草甸生态系统可持续利用提供一定的理论依据。

关键词：高寒草甸土壤，停止施肥，微生物群落结构，土壤功能

青藏高原草地生态系统生物多样性研究案例：土壤真菌与地上植物的 多样性耦合

杨腾¹，时玉¹，井新²，贺金生²，陈立同³，褚海燕¹

1 中国科学院南京土壤研究所，江苏 南京 210008

2 北京大学，北京 100871

3 中国科学院西北高原生物研究所，青海 西宁 810008

先前，全球尺度的研究表明土壤真菌的alpha多样性沿着植物生产力和植物丰富度的梯度微弱地上升。然而区域尺度下的土壤真菌多样性的水平分布规律与全球尺度下的规律是否一致尚无相应的报道。在此，我们利用MiseqPE250二代测序平台，通过靶标真菌的特异基因区段——ITS2区，系统地探究了青藏高原高寒草原生态系统下的土壤真菌多样性在区域尺度内的分布规律。结果表明：总的真菌多样性，包括alpha多样性和beta多样性，与植物多样性呈极显著的正相关；即使当我们控制了所有的真菌和植物的共同的环境驱动因子，以及空间距离的影响后，这种极显著的正相关关系仍然存在。除了植物多样性以外，土壤碳氮比，年均降雨量以及植物生产力亦能够极佳地预测真菌alpha和beta多样性的变化。真菌的优势门类的多样性（担子菌门，子囊菌门，球囊菌门和接合菌门）也与植物的多样性和生产力显著正相关。就真菌的主要功能类群（植物共生真菌，植物病原菌，腐生菌）来说，相同的与植物多样性的耦合规律也存在。这种极显著的植物与真菌多样性的耦合一方面由共同的环境因子驱动，而这种机制从本质上说是一种非因果的联系。而另一方面，我们也发现上升的植物宿主多样性和营养底物多样性，伴随着生产力的提高，也能够直接地提高土壤真菌的多样性，通过直接的生物个体间的相互作用以及扩大的真菌生态位存量。

关键词：土壤真菌多样性，植物多样性，初级生产力，多样性耦合，种能量理论，青藏高原

我国华北平原麦田土壤微生物生物地理分布

时玉，李云涛，张考萍，范坤坤，褚海燕

中国科学院南京土壤研究所，江苏 南京 210008

21世纪以来，随着微生物研究技术手段的革命性突破，土壤微生物分布格局及其驱动机制的研究成为国际上的研究热点，同时也是难点。近年来，草地、森林以及湖泊生态系统的微生物分布机制已得到了广泛的研究，而农田生态系统的土壤微生物的分布规律还不清楚。华北平原是中国乃至亚洲最重要的粮食作物产区之一。然而，该区域土壤微生物分布规

律还未揭示。基础此，利用Illumina Miseq高通量测序以及生物信息学技术，我们开展了我国华北平原小麦土壤微生物分布规律的研究。结果发现，土壤细菌群落的分布主要受到土壤pH值的影响；空间距离也是影响土壤细菌群落分布的重要因素。在此基础上，我们对小麦土壤微生物群落分布进行了预测，绘制了我国华北平原小麦土壤微生物分布图。本研究将阐明我国华北平原麦田土壤微生物的空间分布格局、多样性的形成机制及其潜在生态功能，为提升农田生态系统生产力、稳定性提供理论依据。

关键词：华北平原，微生物地理分布，高通量测序，生物信息，分布图预测

三江湿地生态系统小叶章 AMF 初探

杨立宾，隋心，倪红伟

黑龙江省科学院自然与生态研究所，黑龙江 哈尔滨 150040

以三江湿地生态系统主要建群种植物小叶章为研究对象，采用酸性品红染色法、湿筛倾析法和454 焦磷酸测序技术对其根和根际土进行研究，发现其根部有明显的丛枝、根内菌丝、泡囊等丛枝菌根结构，泡囊为球形、椭圆形及不规则形；菌根侵染率在不同的根段粗度上明显不同，根系菌根的侵染率为21-31%；经形态鉴定共发现14种孢子，初步鉴定无梗囊霉属4种，球囊霉属4种，盾巨孢囊霉属1种，未知菌5种；测序结果显示小叶章AMF分布在1纲（球囊霉纲）3目（球囊霉目、多孢囊目、巨孢囊目）10科（球囊霉科、多孢囊科、巨孢囊科、盾孢囊科、无梗囊霉科等）13属（球囊霉属、多孢囊属、巨孢囊属、盾孢囊属、无梗囊霉属等）。三江湿地生态系统小叶章AMF种属的进一步鉴定、多样性、以及与植物和环境因素间的相互关系等研究还在进行中。

关键词：三江湿地，小叶章，AMF

秭归张家冲水土保持站土壤微生物多样性研究

徐琳，程丹丹，王铭心，田忠赛

中国地质大学（武汉）环境学院，湖北 武汉 430074

秭归县张家冲小流域生态环境脆弱，为填补该处土壤微生物研究空白，以水土保持站试验田坡耕地有无树篱及三种典型作物处理搭配共计6种样地为研究对象，测定其土壤理化性质，通过16S rDNA测序法对土壤微生物多样性进行了研究，并利用多元统计的方法探索了土壤微生物群落组成与土壤理化性质的关系。结果表明该处为酸性贫瘠土壤，不同作物及有无树篱均对土壤微生物群落组成有显著影响，花生样地含有最多种类的土壤微生物。该地土壤微生物优势种类有变形菌门（Proteobacteria）、酸杆菌门（Acidobacteria），DA101属和慢生根瘤菌属（Bradyrhizobium）。土壤微生物分布受土壤理化性质影响，pH为显著影响因子。

基于以上结果得出结论：在该地贫瘠的土壤中，土壤理化性质、土壤微生物多样性同时受树篱与作物影响；花生地最为贫瘠且土壤微生物多样性最高；土壤微生物分布与环境因子有关联。研究结果可为探索三峡地区典型坡耕地作物种植、树篱设置、土壤理化性质以及微生物之间的适应机制，和农业生态系统的可持续发展提供参考。

关键词：三峡库区，16S rDNA，土壤细菌，高通量测序，植被与土壤微生物，坡耕地

中亚重要雁形目物种——斑头雁的肠道微生物多样性分析

王稳¹，郑思思^{1,2}，孙浩¹，杨芳¹，王雪莲¹，Sharshov Kirill³，李来兴^{1*}

¹ 中国科学院西北高原生物研究所，高原生物适应和进化重点实验室，西宁 810001

² 中国科学院大学，北京 100049

³ 临床及实验医学研究中心，俄罗斯，新西伯利亚市 630117

斑头雁 (*Anser indicus*) 是亚洲特有的高原雁类，极具科研和保护价值。同时作为雁鸭类养殖的新秀，具有很高的经济利用价值。国内，斑头雁的人工驯化及养殖刚刚起步，面临诸多难题，尤其是繁殖率低的问题亟待破解。近年来，越来越多肠道微生物组学的研究发现，寄生于肠道的微生物参与对宿主的发育，免疫平衡，能量代谢，繁殖以及疾病等诸多生理过程的调控。因此，基于 16S rRNA 和宏基因组 (metagenome) 测序技术，我们开展了斑头雁肠道微生物组学的研究。研究一，对西藏 3 个越冬区的野生斑头雁核心肠道微生物进行了分析。在门的分类水平，斑头雁肠道微生物隶属于 14 个门，以厚壁菌门，变形菌门，放线菌门，拟杆菌门为主，共占到 96% 以上。在属的分类水平，斑头雁肠道微生物隶属于 150 个属，其中 19 个属出现在所有样本中，确定为斑头雁的核心肠道微生物。其中，含量最高的前 7 个核心属，分别隶属于上述含量最高的 4 个门，分别是：Lactococcus, Bacillus, Solibacillus, Streptococcus (属于厚壁菌门)；Pseudomonas (属于变形菌门)；Arthrobacter (属于放线菌门) 和 Bacteroidetes (属于拟杆菌门)。研究二，对比分析了野生与人工养殖斑头雁肠道微生物组的差异。研究发现：人工养殖斑头雁肠道微生物菌群的丰度及多样性均高于野生斑头雁；野生斑头雁肠道微生物隶属于 4 个门，分别是厚壁菌门 (58.33%)，变形菌门 (30.67%)，放线菌门 (7.33%)，拟杆菌门 (3.33%)；人工养殖斑头雁肠道微生物隶属于 5 个门，分别是厚壁菌门 (62.00%)，拟杆菌门 (28.67%)，变形菌门 (4.20%)，放线菌门 (3.27%)，梭杆菌门 (1.51%)。其中，野生斑头雁肠道微生物菌群中有显著增加的变形菌门 (77.00% 为假单胞菌属) 和放线菌门 (91.00% 为节杆菌属)，而人工养殖斑头雁肠道微生物菌群则有显著增加的拟杆菌门 (59.00% 为拟杆菌属)。进一步地，借助宏基因组测序，我们构建了迄今最为详尽的斑头雁肠道微生物参考基因集，这些基因主要涉及碳水化合物、氨基酸、核苷酸和能量的代谢。这些肠道微生物组成的差异，提示肠道微生物的改变与人工养殖斑头雁的繁殖生理改变存在一定的相关性。

关键词：斑头雁，肠道微生物

专题 4.海洋生物多样性（召集人：孙军，林茂，徐奎栋）

走进深海——深海生物圈的科学问题和想象

林茂

国家海洋局第三海洋研究所，福建 厦门 361005

深海生物圈：深海生物生存和活动的范围（包括水圈、岩石圈和大气圈所构成的综合体）。由于为地球生命提供约99%栖息和生存空间的海洋大部分都未经探索，所以，海洋生态系统的生物多样性呈现在我们面前的是“极端是正常的，难得是常见的” [Brigitte Ebbe, David S. M. Billett, Angelika Brandt et al. 2010]的景观。正因为人类对海洋生物种类多样性及其所栖息环境的未知远大于已知，所以，虽然海洋可能有比陆地丰富的生物分类多样性[Ward Appeltans, Shane T. Ahyong, Gary Anderson et al., 2012]，但目前已知的海洋物种仅占全球物种的 18%[Census of Marine Life, 2011]。通常可将海洋分为水层和底层两大生态系统（北冰洋还包括浮冰生态系统），本文侧重就水层和底层生物圈的种类多样性、丰度和分布开展初步探讨。

关键词：深海，大洋，深海生物圈，水层生物，底层生物，关键科学问题

西太平洋雅浦-马里亚纳海山区底栖生物多样性综合探测研究

徐奎栋

中国科学院海洋研究所，山东 青岛 266071

海山是指自海底高度超过1000米但仍未突出海面的隆起。高耸海底的海山由于其特殊的地形和水文特征，造就了丰富且独特的生物群落，成为深海大洋生物多样性的热点区域。热带西太平洋是典型的寡营养海域，是全球海洋生物量和生产力的一个明显低值区。因调查欠缺，该区域的大部分海洋生物多样性仍然未知，对海山的生物多样性尚缺基本认知。本研究在中国科学院战略性科技先导专项“热带西太平洋海洋系统物质能量交换及其影响”下属重点任务五“深海系统探测与技术体系建设”课题(XDA11030201)的支持下，于2013-2015年利用“发现号”ROV，对热带西太平洋雅浦-马里亚纳海山区两座海山的海底环境和生物多样性进行了首次原位探测和取样，取得了系列重要发现。采获了约320种巨型/大型底栖生物及巨量超高清影像资料，涉及了珊瑚、海绵、棘皮动物、甲壳动物及鱼类等底栖生物，许多都是未曾发现和描述的种类。初步的分类研究发现了1新属、10多个大型底栖生物新物种。研究显示，海山的底栖生物随海山底质和水深呈明显的梯度分布，海山的巨型动物以软珊瑚/黑珊瑚及海绵最具数量优势，而多样性最高的类群依次为甲壳动物、刺胞动物、棘皮动物、海绵动物。由于底质以岩石及有孔虫砂或珊瑚砂为主，因此软体动物和多毛类多样性不高，

但仍有特异性种类。同时，利用18S高通量测序技术，对采自沉积物中的微型真核生物群落结构和多样性进行了研究，比较分析了其在海山区、周边深海平原、热液区及陆架区的多样性异同及分布特点。

关键词：热带西太平洋，海山，深海，大型底栖生物，ROV，微型底栖生物

Bacterial Diversity and Distribution in Headwaters: a Meta-Ecosystem

Approach

阚金军

Stroud Water Research Center, US

Understanding the microbial (mainly Bacteria) composition and distribution is important because microbes are critical for maintaining and supporting ecosystem function/ integrity. Linking the terrestrial and marine ecosystems, headwaters and rivers contribute significant amount of nutrients, organic matters and microorganisms to downstreams including estuaries and oceans. Microbes (mainly Bacteria) attached to surfaces ('microbial skin') dominate microbial life in headwaters. Stream biofilms from rock surface and sediments were collected from three well-characterized catchments: White Clay Creek (PA, USA), Neversink River (NY, USA) and Rio Tempisquito (Costa Rica). Detailed bacterial community structure and dissolved organic matter (DOM) molecular composition were characterized with high-throughput sequencing of 16S rRNA genes and FT-ICR Mass Spectrometry, respectively. Metadata including comprehensive water chemistry and physical measurements were also included. Our results demonstrated bacterial/DOM richness and diversity decreased from upstream to downstream within a stream network. Geographic distributions of bacteria were primarily driven by substrate, watershed, season, and stream order. Along the fluvial network within each watershed, heterotrophic bacteria on rock surfaces were more variable than on the sediments, however sediment-associated Cyanobacteria were more variable than those found on rock surfaces. Multivariate statistics suggested bacterial distribution was strongly correlated to DOM structures and water chemistry. In addition to "mass effects" from stream waters (potential inputs from terrestrial), "species sorting" is likely a major mechanism explaining the geographic distribution of stream biofilm bacterial communities. The results also provide a resolution of longitudinal linkage of bacterial communities and DOM composition throughout a stream network, which revise the microbial and DOM portions of the River Continuum Concept (RCC).

Keywords: Microbial diversity, geographic distribution, DOM, headwaters, metaecosystem

Genotyping Algal Endosymbiont Diversity of Reef Corals along China's Southeast Coast with High Throughput Pyrosequencing

石拓, 孙丹晔, 秦巧昀, 王路, 李凌, 林森杰

厦门大学, 福建 厦门 360015

Photosynthetic dinoflagellates in the genus *Symbiodinium* (collectively called zooxanthellae) are typical coral endosymbionts consisting of at least nine phylogenetically discrete clades (A–I). The study of *Symbiodinium* diversity offers critical insight into the flexibility and specificity of coral-algal symbiosis. In order to better understand the community structure and functional diversity of coral reef ecosystem in South China Sea, we collected wild corals from geographically contrasting regions, as well as corals cultivated in aquarium. Using high throughput 454 pyrosequencing, we sequenced the PCR-amplified chloroplast 23S rDNA (cp23S) and ITS of nuclear rDNA of *Symbiodinium* species extracted from the corals. Our NGS deep sequencing results reveal *Symbiodinium* diversity and host specificity in different corals at an extraordinarily fine scale. This study provides a means of evaluating the coral-*Symbiodinium* diversity and plasticity with improved sensitivity and resolution, expanding our understanding of the genetic basis underlying the coral responses to environmental changes.

Keyword: *Symbiodinium*, Coral-Algal Symbiosis, Species Diversity, Climate Change

全球气候变化下的海洋生物多样性

孙军

天津科技大学, 天津 300022

全球气候变化(Global Climate change)的主要表现在人为活动造成的化石燃料向大气排放过多的CO₂, 继而引起一系列环境改变, 进一步影响海洋生态系统和生物多样性。在全球气候变化的影响下, 海洋的水体和底栖两大类生态系统都发生了或多或少的变化, 多样性的变动也是其中的变化之一。全球气候变化对海洋生物多样性的作用多集中于从浮游植物为起点的食物链关系及其相关生物多样性。研究表明, 全球气候变化下, 浮游植物暖水种的分布范围扩大, 向两极扩张, 冷水种分布范围缩小; 一些地区的优势类群发生变化, 由冷水种转变为暖水种, 由真核生物逐渐演变为原核生物。同时, 大气CO₂分压升高造成的海水酸化会影响颗石藻的钙化过程, 也会降低浮游植物多样性。海水表层暖化造成的上层海水层化及紫外线辐射的增强会促进浮游植物群落向尺寸更小的方向演替。浮游动物是海洋生态系统中的初级消费者, 连接着浮游植物与高营养级生物类群, 在海洋生态系统扮演转换者的重要角色。全球气候增温下, 大西洋西北部的暖水性中型浮游动物的分布范围北移了1000 km,

而冷水性物种分布范围缩小,在中国,东海浮游动物冷温种和暖温种数量大幅下降,亚热带种及热带种丰度增加,优势种发生变化。在海水酸化的影响下,一些有壳浮游动物的壳生长减缓,退化加强。在高CO₂分压下,桡足类的繁殖成功率有所下降,而群落结构的变化不明显,不同物种的摄食率表现不同。人为活动下造成的海水酸化现象,会造成局地浮游生物群落的极大改变,会降低浮游植物、浮游动物、虾、蟹幼体及鱼卵-仔鱼的丰度。同样的,由于全球气候变化影响,全球鱼类的分布将发生大规模的变化,海洋鱼类每10年会偏离它们的传统栖息地40km以上,一些主要分布在南海海域的暖水种,这在台湾海峡也能检测到。海水温度升高使黄海冷温性和冷水性的鱼类得不到冷水团的保护,进而出现衰退的迹象,也会引起肉食性鱼类数量增加,而使小型鱼类、虾类和螃蟹的数量减少。不同物种的鱼类对酸化的响应不同,酸化会抑制一些鱼类幼体的生长及增加死亡。另外,全球气候变化将引起紫外线辐射增强,使得大西洋鳕鱼卵的死亡率增加。太平洋温度上升引起海龟繁殖的后代雌性比例增加,雄性比例降低,进而影响海龟种群的发展。而海平面上升会威胁海龟的栖息地,使海龟面临灭绝的危险。由于温度升高以及风向、风速的变化,北海浮游生物群落结构发生改变,进而通过食物链影响到海鸟的繁殖习性、生存以及种群稳定性。海冰的融化会造成海鸟及一些海洋生物(如企鹅、海豹)的栖息地的损失,进而对其数量及分布造成影响,甚至灭绝。海平面上升导致红树林的分布向陆地萎缩,改变红树林生物的物种组成。大气CO₂分压升高,向海端生物受到的侵蚀加强,导致红树提前成熟。温度升高会降低红树林生物的存活率,促进其繁殖与生长,影响分布、群落组成以及生物多样性,同时,降雨的变化会改变红树林生物的物种组成及生长,改变红树林动物的生物多样性。温度升高导致珊瑚分布在北半球向北移,而CO₂浓度的增加会降低珊瑚礁的钙化,弱化珊瑚骨骼,不利于珊瑚礁的生长,进而导致珊瑚礁物种组成、群落结构发生变化。

关键词: 气候变化, 海洋生物多样性

我国近海海马遗传多样性及其环境适应

林 强

中国科学院南海海洋研究所, 海洋生物资源与生态学重点实验室, 广州 510301

海马隶属海龙科、海马属 (*Synagathidae Hippocampus*), 主要分布在热带或亚热带浅海海域。国际范围内至少有48种, 世界自然保护联盟和濒危野生动植物种国际贸易公约组织都已将海马列为保护对象, 由于海马的高贵药源和观赏等价值, 国际海马资源保护已经面临巨大压力。近10年来, 本团队基于对我国海马资源的连续性调研, 发现我国沿海至少有18种海马 (原始记录只有6种), 包括1个新种和11个新记录种; 其中86-94%的海马分布在热带海域。其中, 日本海马 (*Hippocampus mohnikei*) 是我国沿海的代表种, 个体较小, 主要分布在渤海、黄海北部等, 是遗传信息保存比较完整的群体。三斑海马 (*H. trimaculatus*) 是主要优势种, 分布范围最广, 它的繁殖习性受到地域环境影响较大。本研究部分重要发现已发表在本领域内多个主流期刊, 得到了国际同行的关注。

海马体型是鱼类界中非常特异的一个分化类型，在长期的进化过程中，海马已经形成了优美的“符号”结构，这与它的基因型直接相关。在45个Hox基因家族中，基于转基因验证等研究发现其部分基因都有其明显的进化特征。海马泳动能力弱，其主要栖息于近岸海草床或红树林等区域，以捕食小型活动的浮游生物或甲壳类动物，生理学研究发现其视觉异常发达，而嗅觉退化严重；而相关的嗅觉基因数（OR）也是目前所有已报道鱼类中最少的。海马体表没有鳞片，亦没有牙齿，对其相关基因研究发现其SCPP家族基因的数目和排列都与其他鱼类差异非常大。海马的“雄性育儿”特征是目前所有动物繁殖类型中的“异类”，最新研究表明Patristacin基因的多拷贝和排列是影响其雄性个体繁殖的重要基因。本研究的相关成果近期已经在Nature主刊上发表，也引起国际同行的关注。

关键词：遗传多样性，适应性，海马

褐藻比较细胞器基因组学研究

刘峰^{1,2,*}

1 中国科学院海洋研究所，实验海洋生物学重点实验室，山东青岛 266071

2 青岛海洋科学与技术国家实验室，海洋生物学与生物技术功能实验室 山东 青岛 266237

褐藻门（Phaeophyta）是一群较高级的多细胞海洋光合生物，在形态和生理上展现出丰富的多样性。褐藻经过2亿多年的独立进化，目前全球有2000多个物种，分在19个目62个科472个属中。褐藻细胞器（叶绿体和线粒体）基因组对我们认识褐藻生物多样性和进化有重要的价值和意义，然而目前仅有有限的的数据。在褐藻中，有7个物种的叶绿体基因组完成测序，已知的叶绿体基因组大小为124.1-140.0 kb，含有173-185个基因，包括6个rRNA基因、28-31个tRNA基因、139-148个蛋白编码基因。褐藻叶绿体基因组的结构在目内水平上非常保守，如墨角藻目（Fucales）、海带目（Laminariales）；在目间水平却发生多次的重排，但核心基因较一致。褐藻叶绿体基因组含有大量的反向重复序列（IR）和串联重复序列（TR）。褐藻的线粒体基因组在近20个物种中完成测序，其大小为31.6-58.5 kb，含有3个rRNA基因、24-26个tRNA基因、37-52个蛋白编码基因。褐藻线粒体基因组的结构在水云目（Ectocarpales）、海带目（Laminariales）、酸藻目（Desmarestiales）、墨角藻目（Fucales）高度一致，ELDF目间的不同点仅仅是ORF的含量和1-2个tRNA基因的位置。ELDF四个目的结构却不同于网地藻目（Dictyotales），后者代表一个更为原始的褐藻支系。褐藻线粒体基因组的间隔区序列与基因组大小呈正相关。对褐藻细胞器基因组数据的获得和深入分析，将更为全面完整的阐释褐藻的进化、分子系统发育、分类等科学问题。

关键词：褐藻，生物多样性，细胞器基因组，叶绿体，线粒体

Hidden diversity and phylogeographic history provide conservation insights for the edible seaweed *Sargassum fusiforme* in the Northwest Pacific

Zi-Min Hu^{1,2*}, Jing-Jing Li^{1,2}, Xu Gao³ and De-Lin Duan^{1,2}

1 Key Laboratory of Experimental Marine Biology, Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Shandong Qingdao 266071

2 Laboratory for Marine Science and Technology, Shandong Qingdao 266071

3 Research Centre for Inland Seas, Kobe University, Rokkodai, Kobe 657-8501

The premise of biodiversity conservation is to not only preserve the species itself, but also the evolutionary processes that have created diversity and the genetic potential of species to adapt to environmental change. Herein, we used mitochondrial trnW–M and cox3 and plastid rbcL–S data sets to analyze population genetic variation and phylogeographic history of the brown alga *Sargassum fusiforme* whose natural resource has been largely exterminated in the Asia-Northwest Pacific in the past decades. Phylogenetic trees and network analysis consistently revealed three major clades (A, B and C) in *S. fusiforme*, with A and B distributed in the Japan-Pacific Ocean. Clade C consisted of three sub-clades (C1, C2 and C3) which distributed in the Sea of Japan, Korea and China coasts, respectively. IMA analysis revealed an approximate mid-Pleistocene genetic divergence (c. 0.858–1.224 Ma) between the three clades, while the divergence within the clade C was c. 0.106–0.128 Ma. Extended Bayesian skyline plots (EBSP) showed that clades A and B underwent relatively long-term stable population size and a subsequent rapid demographic expansion at c. 0.13 Ma, and sub-clades C2 and C3 underwent a sudden expansion at c. 0.26 Ma. F_{ST} and AMOVA analysis detected low population-level genetic variation and high degrees of divergence between clades. The cryptic diversity and phylogeographic patterns found in *S. fusiforme* are prerequisites to understand how environmental shifts and evolutionary processes shaped diversity and distribution of coastal seaweeds, which in turn can provide crucial insights for conserving and managing seaweed resource and facilitate predictions of their responses to future climate change and habitat loss.

Keywords: Asia-Northwest Pacific, biodiversity conservation, climate change, cryptic lineage, phylogeographic process, *Sargassum fusiforme*

冲绳海槽热液区大型底栖生物多样性调查研究

沙忠利

中国科学院海洋研究所, 山东 青岛 266071

本文是对中科院海洋先导专项2014年冲绳海槽热液区大型底栖生物多样性调查研究的总结。本次调查发现冲绳热液区存在两个不同的化能生态生物群落：“潜铠虾—貽贝”群落，主要分布在热液喷口附近，其优势种类为柯氏潜铠虾 *Shinkaia crosnieri* Baba & Williams, 1998和深海偏顶蛤 *Bathymodiolus platifrons* Hashimoto & Okutani, 1994；“管虫蠕虫—阿尔

文虾—潜铠虾”群落，主要分布在溢流区附近，其优势种类为*Alaysia* sp.、长角阿尔文虾*Alvinocaris longirostris* Kikuchi & Ohta, 1995和柯氏潜铠虾*Shinkaia crosnieri* Baba & Williams, 1998。通过ROV和底栖拖网，共采集到大型无脊椎和鱼类49科58属66种，其中29种为冲绳海槽首次发现；发现了1新科1新属6新种。

关键词：冲绳热液区，大型底栖生物，物种多样性，深海，科学号

Role of the genus *Oithona* (Copepoda: Cyclopoida) in South China Sea

Lianggen Wang¹⁻⁴, Feiyan Du¹⁻⁴, Xuehui Wang¹⁻⁴, Yafang Li¹⁻⁴, Jiajia Ning¹⁻⁴, Yangguang Gu¹⁻⁴, Xinxian Wang¹⁻⁴, Yuanyuan Zhen¹⁻⁴

1 South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300

2 Guangdong Provincial Key Laboratory of Fishery Ecology and Environment, Guangzhou 510300

3 Scientific Observing and Experimental Station of South China Sea Fishery Resources and Environments, Ministry of Agriculture, Guangzhou 510300

4 Key Laboratory of South China Sea Fishery Resources Development and Utilization, Ministry of Agriculture, Guangzhou 510300

The genus *Oithona* is the most numerous pelagic copepods in the world ocean and a dominant group of the small planktonic marine copepods. Small copepods often play a linking role in marine food webs with feeding on the phytoplankton and being preyed on by ichthyoplankton. The role of the genus *Oithona* in marine food webs was evaluated using the data obtained in South China Sea in summer 2014. The genus abundance ranged from 6.00ind·m⁻³ to 93.75ind·m⁻³ with high abundance band sited to the branch of SCS Monsoon Jet. The lower temperature and higher salinity in the surface water of the band than other zones indicated that deep water intrusion was a positive factor for aggregation of the genus. The community structure of the genus was dominated by *O. plumifera* and *O. similis* made up 97% of the genus abundance associated with *O. tenuis*. The result of db-RDA analysis showed that the community structure of the genus was affected by temperature, Chl a, fish larvae and spawns. Temperature was the most important limiting factor that was negatively corrected with abundance of *O. plumifera* and copepodites of the genus. The relationship between the genus and Chl a was significant. Results of GAM analysis showed that abundance of *O. tenuis*, and copepodites were affected by Chl a, fish larvae and spawns; abundance of *O. similis* was affected by Chl a and fish spawns; and abundance of *O. plumifera* was affected by Chl a and larval fishes. Therefore, we suggest that the branch of SCS Monsoon Jet and deep water intrusion favor aggregation of plankton in SCS in summer and confirm that the temperature is the limiting factor to

the reproduction of the genus *Oithona* in tropic seas and the genus *Oithona* is a food-web linker between primary production and ichthyoplankton in CSCS.

Keywords: *Oithona*, Monsoon Jet, deep water intrusion, temperature, ichthyoplankton, db-RDA, GAM

中国海浮游植物种组成与分类体系调整

张晓东, 刘海娇, 薛冰, 孙军

天津科技大学, 天津 300022

本研究参考历史资料以及国内外正式发表的文献,对已报道的中国海浮游植物所有现存物种进行了收集整理,整理出一份中国海浮游植物物种完全名录。其中甲藻门4纲,10目,共计577种,褐植门Ochromyza共7纲,47目,1904种。定鞭藻门Haptophyta现存8目,共145种;蓝藻门Cyanobacteria,1纲,5目,57种;隐藻门Cryptophyta,1纲,2目,共17种(包含1变种);绿藻门Chlorophyta,6纲,12目,共62种;裸藻门(眼藻门),1纲,裸藻纲Euglenoidea现存1目,共10种。同时参考国外最新的分类体系,对中国海部分门类的浮游植物分类地位进行了调整,并参考有关文献以及WoRMS网站的数据信息,对中国海浮游植物中存在的一些中文命名混乱,分类地位调整以及拉丁名谬误等现象进行了梳理,对中国海域现存的浮游植物同物异名(synonym)和错误命名(basionym)现象的规范化命名给出了建议,整理出包含642个物种的需要修改命名的物种名录,给相关研究者提供参考。

关键词: 中国海,浮游植物,种名录,分类

东印度洋水体可培养真菌多样性初探

王静^{1,2}, 张晓东^{1,2}, 苗燕熠¹, 张学成¹, 夏志强¹, 孙军^{1,2*}

1 天津科技大学 海洋与环境学院, 天津 300457

2 天津市海洋资源与化学重点实验室 天津科技大学, 天津 300457

作为生态系统的分解者,海洋真菌在海洋生态系统,特别海洋腐生生物食物链中占据着重要地位。同时从海洋真菌中得到的次生活性代谢产物在医学、工农业等方面都有重要应用,因此研究可培养真菌,并获得其纯分离株具有重要的意义。目前已有的研究报道中,分离自海洋环境中的可培养微生物多数为细菌,关于海洋真菌的研究和报道较少。本研究搭载2014年国家自然科学基金委开放航次,于3月-5月季风间期,选取了东印度洋赤道区域5个站位的真光层海水进行分层采集,共获得7层35份样品,4℃带回实验室进行后续的分离、纯化和培养,并利用形态学和分子生物学特征共同对物种进行鉴定。经统计,东印度洋5个站点的35份水样中一共分离得到了87个分离株,鉴定得到4个属,分别是: *Aspergillus* (曲霉属),

Arthrinium (节菱孢属), *Chaetomium* (毛壳菌属), *Debaryomyces* (德巴利酵母属)。其中*Debaryomyces*的丰富度最高,出现了74次,相对优势度为85.06%。其次为*Aspergillus*,分离出现次数为8次,优势度为9.2%。*Arthrinium*和*Chaetomium*的丰富度较低,分别出现了2次和3次,优势度为2.3%和3.45%。通过对东印度洋丰度最高的德巴利酵母属的垂直分布进行分析后发现,在100m深度的水层中*Debaryomyces*的丰度最高。这可能是由于100m更接近叶绿素最大层,生物量比较丰富,而溶解氧在真光层也随着深度的增加而减少,从而为分解者提供了较适宜的生存环境。本研究结果显示,高温且寡营养的东印度洋水体中可能存在着未知的可培养真菌种类,这为今后这一资源的开发和应用提供了基础。

关键词: 东印度洋, 海洋真菌, 多样性

“蓬杂2号”海带线粒体全基因组研究

刘娜¹, 张静², 张磊¹, 刘涛¹

1 中国海洋大学 海洋生命学院, 山东 青岛 266003

2 齐鲁工业大学 轻工学部生物工程学院, 山东 济南 250353

“蓬杂2号”海带为“早厚成”(♂)与“平板菜”(♀)海带杂交选育获得的养殖品种,藻体表面有褐色颗粒状斑点分布,同时还具有早熟的生产特性。本研究采用PCR同源扩增的方法,首次测定了“蓬杂2号”海带的线粒体全基因组序列。“蓬杂2号”海带的线粒体基因组全长37657 bp,构型为环状双链,其中A+T含量64.66%,该基因组包括35个蛋白编码基因,3个核糖体RNA基因(rRNA),25个转运RNA基因(tRNA)以及3个ORF,所有的编码基因均不含有内含子。

通过与“早厚成”、“平板菜”海带线粒体全序列对比,我们发现“蓬杂2号”nad6基因在25、81两个核苷酸位点处与母本“平板菜”保持一致(分别为C、A),而与父本“早厚成”存在差异,选取16个具有多态性的蛋白编码基因构建氨基酸贝叶斯系统发育树,系统进化分析结果将六个养殖品种(种群)分为两大分支,其中“蓬杂2号”与“爱伦湾”、“早厚成”、“平板菜”海带聚类为一支,“福建”、“荣福”海带聚类为另一支。

关键词: 海带, 蓬杂2号, 线粒体DNA, 变异位点, 亲本鉴别

环礁造礁石珊瑚物种多样性格局特征及其对珊瑚礁生物多样性保护的启示

赵美霞¹, 余克服^{1,2*}, 施祺¹, 杨红强¹, Bernhard Riegl³, 张乔民¹, 严宏强¹, 陈天然¹,
林紫云¹

1 中国科学院南海海洋研究所, 广州, 510301

2 广西大学珊瑚礁研究中心, 南宁, 530004

3 Nova Southeastern University, Florida 33004, USA

珊瑚礁因其较高的生物多样性和初级生产力被誉为“海洋中的热带雨林”、“蓝色沙漠中的绿洲”。珊瑚礁不仅向人类社会提供食物、药品和工业原材料等资源，还具有保护海岸、维持生物多样性等生态功能，是重要的生命支持系统。

永乐环礁和羚羊礁位于南海西沙群岛的西南部，是典型的大、小环礁。本文分别对其珊瑚礁区的造礁石珊瑚物种多样性及格局特征进行研究，并对属丰富度和活造礁石珊瑚覆盖率作为物种多样性替代指标分别评价。结果显示：（1）本次研究共记录永乐环礁 12 科 37 属 144 种造礁石珊瑚，羚羊礁 12 科 33 属 119 种造礁石珊瑚；（2）大、小环礁的造礁石珊瑚群落聚类结果类似，均可归为 Clu1-RS, Clu2-RF 和 Clu3-LS 三类，分别与外礁坡、礁坪、泻湖坡三个珊瑚礁地貌带一致；（3）大、小环礁的珊瑚多样性格局类似，Clu1-RS 具有最高生物多样性，Clu3-LS 具有最低生物多样性；（4）属丰富度是比活造礁石珊瑚覆盖度更优良的指示造礁石珊瑚物种多样性状况的替代指标。

关键词：珊瑚礁，物种多样性

中国近海海马属鱼类群体遗传与系统进化

张艳红、黄良民、林强

中国科学院热带海洋生物资源与生态重点实验室，中国科学院南海海洋研究所，广州 510301

海马是珍稀的海洋药源动物，隶属于海龙科（*Syngnathidae*）海马属（*Hippocampus*），是重要的小型海洋硬骨鱼类，广泛分布于热带或亚热带的浅海海域，国际范围内共记录 41 种不同的海马；目前，所有的海马种都被世界动物保护联盟列入海洋濒危保护动物。利用形态学和线粒体分子标记方法，对中国沿海海马进行系统学分类研究，明确中国沿海存在 10 种海马、其中 1 种拟是新种。通过对三斑海马分布区内 9 个群体（92 个样本）和渤海沿海 2 个日本海马群体（50 个样本）的线粒体 DNA 控制区和 *Cyt b* 基因序列进行了测定和分析，研究三斑海马和日本海马群体遗传多样性水平、遗传结构现状及其群体动态历史。线粒体 *Cyt b* 基因序列检测到高的单倍型多样性，发现三斑海马和日本海马均存在较高水平的遗传多样性，但在所研究范围内不存在显著的遗传结构；Median-joining 网络图、中性检验和核苷酸不配对分布分析结果显示，三斑海马和日本海马均经历了近期的群体扩张事件，日本海马扩张时间稍早于三斑海马。

关键词：海马属，系统发育，遗传结构，群体动态

南沙群岛海域中小型浮游动物的昼夜变化

杜飞雁^{1,2*}, 王亮根^{1,2}, 王雪辉^{1,2}, 张鹏^{1,2}, 陈森^{1,2}

1 中国水产科学研究院南海水产研究所, 广州 510300

2 广东省渔业生态环境重点开放实验室 农业部南海渔业资源环境科学观测实验站, 广州 510300

浮游动物是海洋生态系统中的关键环节, 将浮游植物、浮游微生物等有机粒体与鱼类衔接, 在生态系统结构和生源要素循环中扮演着重要的偶联角色。浮游动物有明显的昼夜垂直迁移现象, 这种生态习性不仅改变了周围的环境, 而且也导致了摄食浮游动物的某些经济鱼类昼夜垂直移动。根据南沙群岛中部海域连续三昼夜(2014年8月8~10日)的浮游动物定点调查数据, 首次分析表层中小型浮游动物昼夜变化特征, 为探明南沙群岛海域鱼类垂直迁移习性提供基础资料。研究海域共鉴定出浮游动物209种(包含6种不确定种和30种浮游幼虫), 平均生物量和栖息密度分别是 162.47mg/m^3 和 693.33个/m^3 。种类数、栖息密度与生物量分布具有显著相关($r \geq 0.705$, $p < 0.01$), 基本呈现白天低于夜晚, 天黑后3小时左右达到峰值, 但其日间周期变化趋势差异度明显强于近岸水域。桡足类与浮游幼虫占到浮游动物栖息密度的 $87.49 \pm 7.30\%$; 桡足类、水螅水母、管水母、栉水母、端足类、毛颚类、翼足类、有尾类、海樽类、浮游幼虫等与浮游动物昼夜变化一致。优势种有9种, 分别是桡足类幼虫、驼背羽刺大眼水蚤 *Farranula gibbula*、桡足类无节幼体、梭形住囊虫 *Oikopleura fusiformis*、拟哲水蚤 *Paracalanus* sp.、羽长腹剑水蚤 *Oithona plumifera*、小纺锤水蚤 *Acartia negligens*、微驼隆哲水蚤 *Acrocalanus gracilis* 和瘦拟哲水蚤 *P. gracilis*。多样性水平为丰富, 无明显昼夜变化。随昼夜变化, 浮游动物分成上午、中午、下午与晚间四个类群。四个类群的种类数、生物量、丰富度与生物多样性阈值呈“V”分布, 中午类群处于谷底, 晚间类群居于顶端; 栖息密度则呈现逐渐递增分布趋势, 晚间类群明显高于其他类群。四类群共有优势种4种, 分别是桡足类幼虫、驼背羽刺大眼水蚤、羽长腹剑水蚤和拟哲水蚤; 类群间优势种组成差异明显, 尤其是午间类群与其他类群间。中小型浮游动物受光驱动形成明显昼夜垂直迁移特征, 因受海流与捕食影响日间周期变化差异明显。

关键字: 栖息密度, 生物量, 优势种, 生物多样性

黄海大型底栖动物多样性变化

张均龙

中国科学院海洋研究所, 山东 青岛 266071

上世纪六十年代的全国海洋普查为我国大型底栖生物多样性研究提供了本底资料, 并由此开创了我国的底栖生物生态学研究。而自此之后的几十年, 受我国经济社会快速发展的压力以及全球变化的影响, 我国近岸生态环境发生了显著改变。黄海以其重要的地理位置、独特的水文环境特点和复杂的生物区系组成而备受关注。在黄海中央的冷水团控制区, 大型底

栖生物虽仍以冷水性种类占优势,但分布范围缩小,数量减低。在近岸浅水区,以前的优势种显著降低、有些优势种甚至消失,取而代之的是小的多毛类等对环境污染适应能力较强的物种,其数量明显增多。软体动物在黄海的改变尤为突出。随着调查的增多和分类研究的深入,在黄海的报道的软体动物较之于以前有显著的增加,有些原来分布北界在东海的种类,其分布范围北移到黄海南部。但其在黄海的多样性显著降低,并且向小型化、种群数量减少和生长周期缩短趋势发展。

关键词: 黄海, 大型底栖动物, 软体动物, 多样性, 数量

中国近海及西太平洋深海线虫多样性比较研究

史本泽, 徐奎栋

中国科学院海洋研究所, 山东 青岛 266071

对南麂列岛砂质潮间带、东寨港红树林泥质潮间带、东海陆架泥沙质沉积物、冲绳海槽泥质沉积物、雅浦海山周边深海平原和雅浦海沟泥质沉积物的线虫多样性进行了比较研究。结果显示,我国近海线虫的丰度分布由北向南呈降低趋势;东海陆架的线虫丰度高于深海,深海中冲绳海槽高于雅浦海山周边深海平原,而雅浦海沟的线虫丰度略高于邻近的深海平原。总体上,线虫丰度随深度增加急剧减少,但在海沟略有增加。东寨港红树林潮间带的线虫平均丰度高于南麂列岛潮间带。线虫群落结构和分布主要受沉积物粒度、有机质含量和水深的影响。在上述生境中,共鉴定出海洋线虫114属、202种。在南麂列岛共鉴定出海洋线虫60属、70种,建立3新属、10新种,优势属主要有Epacanthion, Enoplolaimus, Enoploides和Steineridora,其中Epacanthion hirsutum 数量上占46%;在营养结构上,捕食性/杂食性(2B)海洋线虫占绝对优势。在东寨港红树林共鉴定出海洋线虫48属、63种,优势属主要有Comesoma, Daponema, Pseudosteiridora, Metadesmolaimus和Steineridora等;营养结构上,红树林生境中的线虫主要为非选择性食沉积物者(1B)和刮食者(2A)。在冲绳海槽深海区,共鉴定出线虫34属、51种,优势属为Acantholaimus, Parasphaerolaimus, Metasphaerolaimus和Desmoscolex等;营养结构上,冲绳海槽的线虫主要为选择性食沉积物者(1A)和刮食者(2A)。在雅浦海山周边深海共鉴定出线虫16属、37种,优势属为Acantholaimus, Desmoscolex, Cervonema和Halalaimus等;营养结构上,雅浦海山区周边深海的线虫主要为选择性食沉积物者(1A)和刮食者(2A)。利用体积换算法对不同生境中的线虫个体干重进行了测算,结果显示线虫个体干重值在西太平洋深海(约0.02-0.06 μg)远低于黄东海浅海陆架(约0.2 μg),且都低于常用的经验估算值(0.4 μg)。中国科学院战略性科技先导专项重点任务五“深海系统探测与技术体系建设”课题(编号:XDA11030201)资助。

关键词: 自由生线虫, 多样性, 东海, 冲绳海槽, 西太平洋深海平原, 海沟

中国海不倒翁虫科的分类与动物地理学研究

吴旭文, 徐奎栋

中国科学院海洋研究所, 山东 青岛 266071

不倒翁虫是中国近海十分常见且数量常占优势的多毛类。腹盾近年来被视为关键的分类依据,但在以往的研究中被忽视或否认。我国对该类存在诸多分类误识,采自近海各海域的样品均被鉴定为不倒翁虫*Sternaspis scutata* (Ranzani, 1817)。本研究基于中国科学院海洋生物标本馆收藏的历史标本,结合腹盾的形态特征,首次对中国海的不倒翁虫科进行了系统整理,共发现5新种和两新纪录种:中华不倒翁虫*Sternaspis chinensis* Wu et al., 2015、刘氏不倒翁虫*S. liui* Wu et al., 2015、南海不倒翁虫*S. nanhaiensis* sp. nov.、吴氏不倒翁虫*S. wui* sp. nov.、萨氏彼得虫*Petersenaspis salazari* sp. nov.、多肋不倒翁虫*S. costata* Marenzeller, 1879、棘刺不倒翁虫*S. spinosa* Sluiter, 1882。研究显示,不倒翁科种类在中国海域有较明确的限定性分布:原报道于地中海的不倒翁虫*S. scutata*在我国并无分布;中华不倒翁虫是黄渤海常见的优势种,其分布向南可达长江口和东海北部;棘刺不倒翁虫为典型的热带种,主要分布在南海和印度尼西亚海域,向北扩散至东海地区;其他几种均限定于某些特定区域,且在南海的多样性最高。本研究厘清了该科种类在中国近海的多样性和分布状况,可为多毛类的分类学和动物地理学研究提供参考资料。

关键词: 多毛纲, 不倒翁虫科, 分类学, 多样性, 地理分布

Baseline study of plankton copepods composition in the Lembeh Strait of North Sulawesi, Indonesia, in 2012

王彦国, 邢炳鹏, 孙柔鑫, 项鹏, 林茂

国家海洋局第三海洋研究所, 福建 厦门 361005

Based on oceanographic survey data in June 2012 in the Lembeh Strait, the copepods ecological characteristics such as species composition, individual density, dominant species and distribution were analyzed. The result showed that 85 pelagic copepods species had been recognized, which most of them belong to Calanodia. The higher species number occurred in northern waters of the study area. The average density of pelagic copepods was 33.24 ± 49.25 ind.m⁻³. As to the horizontal distribution, the density of the copepods was higher in the southern waters than in the northern waters. The dominant species in the study area were *Cnathocalanus pauper*, *Subeucalanus subcrassus*, *Temora discaudata*, *Undinula vulgaris*, *Copilia mirabilis*, *Cosmocalanus darwinii*, *Labidocera bataviae*, *Candacia catula*, *Calanopia elliptica*, *Candacia bradyi* and *Candacia discaudata*. The copepods biodiversity indexes were higher in study area than

previous study in the other regions. As to the ecological character, all the copepods in this paper belong to tropic coastal groups and tropic oceanic groups. Either species number or the density of copepods, the tropic oceanic groups are the dominant groups. The findings from this study provide important baseline information for future research and monitoring programs.

Keywords: Copepods, species composition, dominant species, distribution, Lembeh Strait

西沙群岛岛礁区大型底栖动物多样性调查初报

曾晓起 孙世春 郑晓东 李国强

中国海洋大学, 山东青岛 266003

2013年5月、2014年5月和2015年12月对西沙群岛岛礁区进行了3个航次的大型底栖动物调查。调查断面分别设于宣德群岛的永兴岛、七连屿和宣德群岛的晋卿岛、鸭公岛、全富岛、珊瑚岛、琛航岛、羚羊礁、银屿和石屿, 包括潮间带和浅海珊瑚礁区。3个航次调查共采集大型底栖动物样品超过800号, 目前已鉴定280种大型底栖动物, 包括15种海绵动物、5种纽形动物、158种软体动物、57种甲壳动物和45种棘皮动物。其中, 发现5种中国海域新记录种, 西沙群岛海域新记录种超过20种。

关键词: 西沙群岛, 珊瑚礁, 大型底栖动物, 生物多样性

Accurate identification of the seahorses (genus *Hippocampus*) using cross-species microsatellites

Wei Luo, Liangmin Huang, Qiang Lin

中国科学院南海海洋研究所, 广州 510301

Seahorses (genus *Hippocampus*) are flagship species for marine conservation and evolutionary studies. Wild seahorse populations have declined sharply because of overfishing or other disrupting activities, which are attracting increasing global concern for their threatened status. For study of their population status, the identification of young seahorses by morphological examination has been controversial and remains a difficult task due to overlapping of meristic and morphological characters. Here we reported a simple and sensitive method to identify seahorse species from China based on cross-species microsatellites. The cross-species amplification success rate varied from 40.0% to 90.0% depending on the species, with a mean value of 59.6%. According to allele presence/absence of cross-species microsatellites, all of the individuals that representing 10 seahorse species from China's coast could be identified by one or more

loci accurately. In addition, we found both genome size and genetic distance between the source and target species negatively correlated with microsatellite cross-species amplification success. Moreover, a Neighbor-Joining dendrogram was constructed based on genetic similarity and it suggested that the 10 seahorse species could be divided into four groups. These results demonstrate our method could improve the identification of seahorses, providing data to understand seahorse stock structure and recruitment dynamics, and therefore resources conservation.

Keyword: seahorse, microsatellite, cross-amplification, species identification

Implications for seahorse stock enhancement from a genetic effects perspective

Wei Luo¹, Hongyue Qu^{1, 2}, Geng Qin¹, Qiang Lin¹

1 CAS Key Laboratory of Tropical Marine Bio-resources and Ecology, South China Sea Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou, 510301

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100049

Stock enhancement is one of the positive fishing management strategies for protecting the wild animal species. However, the possibility and effectiveness to wild stocks has been controversial due to the potential risks of genetic structure, morphology and behavior to wild stocks. In this study, we first compared the genetic diversity of hatchery and wild populations, and then evaluated the impact of hybrid (wild population × hatchery strain) on the genetic structure of wild stocks in a simulative stock enhancement. Results showed that the mean effective numbers of alleles (N_A) and observed heterozygosity (H_O) of hatchery strains were 6.00-6.82 and 0.62-0.72, respectively, which were both lower than the wild stocks (8.00-8.45 and 0.67-0.71, respectively). The inbreeding coefficient (F_{IS}) of hatchery populations was 0.07-0.08, which was higher than that of wild (0.03-0.05), suggesting a potential risk of serious inbreeding depression in farmed seahorses. Similar with the hatchery strains, the values of N_A and N_{AE} of hybrid strains tapered over generations, and the number of alleles of F_{4-Hy} strain reduced by a quarter compared to SP12 population. The genetic diversity of hybrid strains in terms of heterozygosity became lower and lower, while the inbreeding coefficient gradually accumulated with the generation increasing. In addition, F_{ST} indicated that the genetic differentiation between F_{4-Hy} strain and SP12 population reached at medium level, which could lead to substructuring in wild populations. Overall, these findings reveal a big potential risk in terms allele loss, genetic diversity reduction, inbreeding depression and genetic differentiation to release hatchery strains into the wild populations.

Key words: Stocking enhancement, genetic diversity, population genetics, microsatellite, seahorse

专题 5.东亚鸟类多样性（召集人：曹垒）

中亚迁徙路线越冬水鸟多样性研究

郑思思^{1,2}, 王稳¹, 孙浩¹, 杨芳¹, 王雪莲¹, 李来兴¹

1 中国科学院西北高原生物研究所, 高原生物适应和进化重点实验室, 青海 西宁 810001

2 中国科学院大学, 北京 100049

2016年1月, 结合中国科学院生物多样性监测网启动工作和国家林业局主持的全国第二次动物普查项目的越冬水鸟同步调查, 中国科学院西北高原生物研究所, 以鸟类专业研究人员为骨干, 组织、协调和动员了较为广泛的鸟类观赏、拍摄和自然保护爱好者, 共计约140余人, 在中国境内的共328个观测点, 进行了越冬水鸟普查。本次活动范围, 以生物地理概念上的青藏高原为主体, 向东南外延到云贵高原, 向北扩展到天山南北, 其行政区域覆盖了河西走廊、新疆全境、川西、黔西、滇西北和滇东北以及青海、西藏全境。共记录到越冬水鸟50种, 总计249303只个体。其中的黑颈鹤 (*Grus nigricollis*)、斑头雁 (*Anser indicus*) 和赤麻鸭 (*Tadorna ferruginea*), 分别统计到了超过该种群数量的90%、85%和70%以上的个体。在塔里木盆地西南角, 首次记录到越冬灰鹤 (*Grus grus*), 数量超过2000只。有关的生物学、生态学和环境科学方面的意义, 有待进一步探索。相关的越冬水鸟的监测, 需要得到持续关注。

关键词: 中亚鸟类迁徙路线, 越冬水鸟

迁徙鸟类运动模式的分析

李欣海, 骆倩倩

中国科学院动物研究所, 北京 100101

随着卫星GPS在鸟类研究中的大量应用, 精确的鸟类迁徙动态的数据越来越多。本研究的目的是利用这些数据建立工具量化运动的参数。通过分析鸟类个体运动的速度、方向、运动持续时间、运动的周期性、迁徙的范围等参数, 可以判别鸟类是在迁徙、中途停留还是繁殖或越冬。我们将用R语言编写软件包分析鸟类的运动模式, 以便量化鸟类迁徙过程中各种参数, 为进行种间比较和种内个体间比较提供工具。

关键词: 运动模式, 鸟类, 迁徙, R

Effect of conservation efforts and ecological variables on waterbird population sizes in wetlands of the Yangtze River

Yong Zhang^{1,2}, Qiang Jia³, Herbert H. T. Prins², Lei Cao⁴ & Willem Frederik de Boer²

1 Collage of Biology and Environment, Nanjing Forestry University, Jiangsu Nanjing 210037

2 Resource Ecology Group, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands

3 School of Life Science, University of Science and Technology of China, Anhui Hefei 230026

4 Research Center for Eco- Environmental Sciences, Chinese Academic of Sciences, Beijing 100085

Forage quality and availability, climatic factors, and a wetland's conservation status are expected to affect the densities of wetland birds. However, the conservation effectiveness is often poorly studied. Here, using twelve years' census data collected from 78 wetlands in the Yangtze River floodplain, we aimed to understand the effect of these variables on five Anatidae species, and evaluate the effectiveness of the conservation measures by comparing population trends of these species among wetlands that differ in conservations status. We showed that the slope angle of a wetland and the variation thereof best explain the differences in densities of four species. We also found that the population abundances of the Anatidae species generally declined in wetlands along the Yangtze River floodplain over time, with a steeper decline in wetlands with a lower protection status, indicating that current conservation policies might deliver benefits for wintering Anatidae species in China, as population sizes of the species were buffered to some extent against decline in numbers in wetlands with a higher level protection status. We recommend several protection measures to stop the decline of these Anatidae species in wetlands along the Yangtze River floodplain, which are of great importance for the East Asian-Australasian Flyway.

Keywords: waterbird, ecological variables, conservation effectiveness, the Yangtze River floodplain

Assessing the consequences of habitat loss and degradation in a long-distance migratory shorebird using tracking technology

Yaara Aharon-Rotman^{1,2}, Silke Bauer^{1,3} and Marcel Klaassen¹

1 Centre for Integrative Ecology, School of Life and Environmental Sciences, Deakin University, Geelong, Australia

2 Research Centre for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085

3 Department of Bird Migration, Swiss Ornithological Institute, Switzerland

The conservation of migratory species represents a major challenge, as they use multiple sites, all contributing in varying degrees in sustaining high survival and reproductive success. There is particular concern for shorebirds of the East-Asian Australasian Flyway (EAAF), where declining numbers of migratory species have mostly been attributed to habitat loss along the East-Asian coast. Using geolocators to track the route and sites visited by the birds and a stochastic dynamic programming migration model, we assessed the effect of habitat degradation scenarios along the EAAF on migration behaviour, survival and reproductive success of a long-distance migrating shorebird, the Ruddy Turnstone *Arenaria interpres*. Following manipulation of habitat quality through changes in intake rate, we found that changes on the wintering (major non-breeding) ground in South Australia had the highest negative effect on reproductive success and survival. We also identified Taiwan and the Yellow Sea as sites with high importance for reproductive success. Although habitats along the East-Asian coastline are currently most threatened from a range of global change processes, we highlight the importance of conserving high-quality shorebird wintering habitat also in Australia. This may be of notable importance to trans-equatorial migratory shorebirds, which often make a long non-stop flight from their wintering grounds in order to skip low-latitude sites that typically provide little food.

Keywords: migratory, tracking

Big birds under time stress: size-dependent strategies when migrating to and from the breeding grounds in long-distance migratory shorebirds

Meijuan Zhao¹, Maureen Christie², Jon Coleman³, Chris Hassell⁴, Ken Gosbell², Simeon Lisovski¹, Clive Minton², Marcel Klaassen¹

1 Deakin University

2 Victorian Wader Study Group

3 Queensland Wader Study Group

4 Global Flyway Network

Background: Migrants have been hypothesised to use different migration strategies between seasons: a time-minimization strategy during their pre-breeding migration towards the breeding grounds and an energy-minimization strategy during their post-breeding migration towards the wintering grounds. Besides season, we propose body size as a key factor in shaping migratory behaviour. Specifically, since body size is expected to correlate negatively with maximum migration speed, we hypothesise that

large-sized species are not only likely to adopt a time-minimization strategy during pre-breeding migration, but also during post-breeding migration, to guarantee a timely arrival at both the non-breeding (i.e. wintering) and breeding grounds.

Methods and results: We tested this idea using individual tracks across six long-distance migratory shorebird species (family Scolopacidae) along the East Asian-Australasian Flyway varying in size from 50 to 750g lean body mass. Migration performance was compared between pre- and post-breeding migration using four quantifiable migratory behaviours that serve to distinguish between a time- and energy-minimization strategy, including migration speed, number of staging sites, total migration distance and step length from one site to the next. During pre- and post-breeding migration, the shorebirds generally covered similar distances, but they tended to migrate faster, used fewer staging sites, and tended to use longer step lengths during pre-breeding migration. These seasonal differences are consistent with the prediction that a time-minimization strategy is used during pre-breeding migration, whereas an energy-minimization strategy is used during post-breeding migration. However, there was also a tendency for the seasonal difference in migration speed to progressively disappear with an increase in body size, supporting our hypothesis that larger species tend to use time-minimization strategies during both pre- and post-breeding migration.

Conclusions and implications: Our study highlights that body size plays an important role in shaping migratory behaviour. Larger migratory bird species are potentially more time constrained and are thus possibly less flexible in time and space use, making them more vulnerable to environmental changes along their flyways.

Key words: optimal migration theory, migration strategy, time-minimization, energy-minimization, light level geolocator, migration speed, body size

云贵高原水鸟组成及对人工湿地的生境利用——以滇池为例

王荣兴^{1,2} 吴飞¹ 常云艳¹ 杨晓君^{1,*}

1 中国科学院昆明动物研究所遗传资源与进化国家重点实验室, 云南 昆明 650223

2 中国科学院大学昆明生命科学学院, 云南 昆明 650204

水鸟与环境的关系具有地域性。近年来, 沿海湿地与水鸟的关系有了较为深入的研究, 但鲜有关于云贵高原水鸟年组成以及其对人工湿地利用方面的报道。本研究于 2013 年 3 月至 2014 年 2 月采用“look-see”方法和标图法对滇池水禽组成进行了每月 3 次的调查, 并采用 PERMANOVA 等方法对湖滨带池塘型、泥滩型、高挺水植被型、低挺水植被型、高浮水植被型、低浮水植被型和混合植被型人工湿地的水鸟多样性进行了对比分析。结果表明: (1) 在记录到的 74 种水鸟中, 繁殖鸟、旅鸟、冬候鸟和偶见鸟的种类和比例分别为 16 种

(21.6%), 27种(36.5%), 29种(39.2%)和2种(2.7%); 一年中物种多度(Abundance)在冬季表现出明显的优势, 丰度(Species richness)表现出3个峰值, 分别在迁徙高峰5月和9月和越冬中期1月。这说明滇池不仅是水鸟的越冬地, 也是繁殖地和迁徙中途停歇地。(2)混合植被型、低挺水植被型以及泥滩型人工湿地较其他4种类型人工湿地水鸟多样性更高。本研究暗示:(1)云贵高原的湖泊管理应该考虑不同居留型的水鸟需求;(2)保留和维持混合植被型、低挺水植被型以及泥滩型人工湿地对云贵高原的水鸟保护非常重要。

关键词: 滇池, 水鸟, 人工湿地, 生境利用, 云贵高原

东方白鹳生境恢复研究

王强

中国科学与东北地理与农业生态研究所, 吉林 长春 130102

三江平原湿地是东方白鹳的主要繁殖地。以1954年为基准, 目前湿地面积减少了约72%。湿地分布面积的快速萎缩, 预示着东方白鹳的潜在生境以相同甚至更快的速度在丧失。农田化是东方白鹳生境丧失的主要驱动。在未来, 无论在何种气候情景下, 未来生境面积相比当前生境都会减少, 其中较好适宜和高度适宜区几乎完全丧失, 占比为0; 原适宜生境面积(包括一般适宜、较好适宜和高度适宜)由8776.62km²分别减少到3935.42km²(A1B)和4972km²。东方白鹳人工巢搭建是其繁殖生境恢复的有效手段之一, 人工巢搭建的主要材料为直径10-15cm左右的松木杆, 5米左右的长杆需要3根, 用于构造支撑东方白鹳巢的三角架。东方白鹳巢址选择的因子分析结果表明: 东方白鹳对巢址有着明显的选则性。树高、树种、距干扰源的距离、树缘位、巢径为主导的因子是东方白鹳巢址选择的主要因子, 它们的各自贡献率是39.253%、14.249%、9.356%、8.886%和8.349%。东方白鹳对巢高度有较严格的要求($h=7.711\pm3.1675$), 距道路有一定的距离($d=1350m$)。根据以上研究结果我们共搭建40个巢, 加上当地10个旧人工巢, 共50个巢。50个巢中有23个巢被利用。其中旧巢中有4个被利用, 40个新巢中有19个被利用, 新巢效果明显好于旧巢。

关键词: 栖息地, 水鸟

黑水鸡迁徙动态和种群遗传结构分析

阮禄章

南昌大学生命科学学院, 江西 南昌 330031

我国黑水鸡有两种不同的生活史种群, 分别为北方的迁徙鸟和南方的留鸟。本研究以线粒体控制区序列和微卫星作为分子标记, 通过对19个地理种群的231个黑水鸡个体分析他们

的遗传结构和历史种群动态。结果表明绝大多数种群中都表现出高遗传多样性和高基因流。微卫星数据分析表明留鸟的遗传多样性显著高于候鸟,而来自留鸟的华中种群是所有其它种群的主要基因流来源。包括留鸟、候鸟甚至全部种群都曾经发生过种群扩张,这个扩张时间大致可以追溯到22.1万年以前。分析结果表明多遗传来源维持了黑水鸡种群的高遗传多样性和高基因流。同时种群的偏雄扩散促进了种群间的基因流,并且影响了种群格局的形成过程。在末次冰期前的间冰期,黑水鸡种群快速扩张,而在末次冰期其种群基本保持稳定。总之,该物种的遗传分化和分布格局经历了较为长期的历史进化过程。

关键词: 候鸟, 遗传结构, 种群扩张

巢址选择: 联接个性和繁殖成功的潜在作用通路

赵青山^{1,2,3}, 胡运彪¹, 柳鹏飞^{1,2}, 陈立军^{1,2}, 孙悦华^{1,*}

1 中国科学院动物研究所, 北京 100101

2 中国科学院大学, 北京 100049

3 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085

动物个性指种群内个体之间稳定的行为差异。很多动物类群的研究中都发现个性可能影响个体的适合度。然而,个性是通过什么作用通路来影响适合度的相关研究却较少。我们以一个灰头鹀(*Turdus rubrocanus*)野外种群为例,试图证明巢址选择可能是个性影响繁殖成功的作用通路。通过路径分析,我们发现距居民区距离和巢密度这两个巢址特征可能是个性影响灰头鹀繁殖成功的作用通路。勇敢的雌鸟选择巢密度低的区域,在低密度巢区内的巢产出较多的雏鸟数量和较轻的雏鸟。勇敢的雌鸟更倾向于选择距离居民区远的区域筑巢,由于不能获得人类来源的食物,这里的巢产出的雏鸟体重较低。我们的这些发现为理解个性是如何影响个体的适合度提供了崭新的思路。

关键词: 动物个性, 灰头鹀, 路径分析

基于四种柳莺鸟声特征的物种识别研究

郑岩, 王江宁, 林聪田, 纪力强

中国科学院北京动物研究所, 北京 100101

鸟声特征可用于物种识别与鉴定、物种调查及跟踪、新种鉴定及新种形成机制研究、种群数量监控,可以作为鸟类物种多样性检测的依据,但在现实生活中,鸟声受录音设备和环境影响,常混有嘈杂的背景声,鸟声识别的准确率在低信噪比情况下往往大幅下降,因此提高现实中鸟声识别的准确率具有重要意义。柳莺属外部形态十分相近且同域分布种数较多,历来是鸟类分类学中的研究难点及热点。本研究以柳莺属4种柳莺为研究对象,通过预处理

中噪声的自动化处理来初步削弱噪声的影响，然后提取Mel倒谱系数（MFCC）和逆Mel倒谱系数（IMFCC），并基于Fisher准则提取MFCC和IMFCC的混合新特征以增强特征的鲁棒性，进一步达到抗噪效果，最后以支持向量机（SVM）为分类器，经三折交叉验证进行物种识别。结果表明，该方法较好地减少了MFCC特征在高频信息上的损失，乌嘴柳莺的识别率最高提高了11个百分点，整体的识别率达到93.1%，较之前的MFCC特征和IMFCC特征具有更好的识别准确性和鲁棒性。

关键词：鸟声特征，物种识别，Fisher准则，SVM，MFCC，IMFCC

鸭绿江口春季北迁期迁徙鸕鹚类的种群动态及其原因

张守栋¹，白清泉²，蔡志扬³，彭鹤博⁴，马志军^{1*}

¹ 复旦大学，上海 200433

² 丹东市林业局，辽宁 丹东 118000

³ 昆士兰大学，澳大利亚

⁴ 格伦宁根大学，荷兰

迁徙停歇地对候鸟迁徙及繁殖成功至关重要。鸕鹚类在迁徙过程中主要面临能量压力和时间压力，迁徙停歇地的食物条件发生改变将会对其造成巨大影响。本研究自 2011 年至 2016 年调查春季北迁期鸭绿江口湿地这一重要迁徙停歇地鸕鹚类的种群数量及通过时间，同时调查该时期鸭绿江口湿地大型底栖动物的多样性，旨在探究迁徙停歇地鸕鹚类的种群动态与食物资源变化之间的关系。研究结果显示，鸕鹚类种群数量在 2011 年至 2016 年这六年间下降明显，尤其以大滨鸕及斑尾塍鸕等优势物种下降最为显著。2016 年斑尾塍鸕平均到达鸭绿江的时间比往年提前 4-5 天，大滨鸕平均到达时间比往年推迟，平均离开时间与往年没有显著差异。鸭绿江大型底栖动物数量下降严重，生物多样性及优势种发生巨大改变。尤其自 2013 年起光滑河蓝蛤的数量骤减。本研究表明鸭绿江口湿地春季北迁期鸕鹚类种群动态变化可能与大型底栖动物数量变化有关。

关键词：迁徙停歇地，鸕鹚类，种群动态，大型底栖动物

中国沿海湿地迁徙水鸟保护空缺分析

贾亦飞

中国科学院地理科学与资源研究所，北京 100101

针对中国沿海湿地160块湿地，本研究在整合多源观测数据的基础上，结合中国保护地分布情况，以“点”为生态保护红线划定的基本单元，将已有的滨海湿地国家级自然保护区、省级自然保护区，以及本研究所确定的水鸟、红树林、海草床等关键物种/生态系统保护空

缺区列入生态保护红线名录，。共确定**180**处建议列入生态保护红线名录的滨海湿地，包括现有滨海湿地保护地**73**处（含国家级自然保护区**34**处、省级自然保护区**39**处），本研究确定的其他重要滨海湿地**107**处（红树林**6**处、水鸟栖息地**61**处、软体动物栖息地**12**处、海草床**28**处）。

关键词：迁徙水鸟，保护空缺

专题 6. 东亚植物多样性与信息化（召集人：马金双）

东南亚植物多样性信息平台建设

许哲平

中国科学院植物研究所，北京 100093

东南亚植物多样性信息平台建设是中国科学院东南亚生物多样性研究中心资助的项目。平台的目的是搜集和整合来自东南亚11国（越南、老挝、柬埔寨、泰国、缅甸、马来西亚、新加坡、印度尼西亚、文莱、菲律宾和东帝汶）的植物多样性信息，包括物种名、物种发现（包括标本、野外观测记录等）、期刊文章、各类基金项目、相关机构等信息，然后通过可视化信息技术，将这些分门别类的信息在一张地图上分图层显示出来，方便用户查找和交流，并通过数据的集成，对外进行信息服务，辐射到东南亚植物多样性研究工作中，成为国内研究人员了解东南亚植物信息的一个重要平台。

关键词：东南亚，植物多样性

生物多样性 e-science 云平台基础框架设计与实现

陈建平

上海辰山植物园，上海 201602

信息平台是承载生物多样性数据、用户社区、科研信息化的主体，平台建设是生物多样性信息学目前主要的发展方向之一。本研究以e-Science为主要建设内容，基于社会化网络（SNS）的社区管理机制，构建了生物多样性数据的采集、管理、发布、共享等工作流模块，开发了野外考察数据记录App、图库、标本管理系统、活植物管理系统、自然保护区信息管理系统、植物志编译发布系统等开放性应用系统，并引入云计算技术，完成了一套可扩展的在线工作环境，对于推动生物多样性领域的数据库建设与共享将产生积极的影响。

关键词：e-Science，云平台

中国报春花属植物的多样性及其分布格局

杨斌^{1,2}，李新辉³，张大才⁴，陈建国¹，牛洋¹，孙航^{1*}

1 中国科学院昆明植物研究所东亚生物多样性与生物地理学重点实验室，云南 昆明 650201

2 中国科学院大学，北京 100049

3 西南林业大学环境科学与工程学院，云南 昆明 650224

4 西南林业大学林学院，云南 昆明 650224

物种分布格局的研究是目前生态学家关注和研究的课题之一。基于文献资料和国内外主要标本馆(E, K, PE, KUN, QTPMB, IBSC, CDBI, CVH, NSII 等)标本数据,以 *Flora of China* 所收录的报春花属物种(包括新近发表的种类)为研究对象,在对我国报春花属物种的地理分布情况进行系统整理并建立其分布数据库的基础上,运用 ArcGis 处理物种分布数据,阐述了中国报春花属物种的多样性及其在县域水平上和沿海拔梯度上的分布格局。结果表明我国现有报春花属植物共计 358 种(含种下等级),在水平分布上具有不均匀的特点,主要分布在我国 557 个县域内,集中分布在我国的横断山区(云南西北部,西藏东南部,四川西南部和中部)。垂直分布范围很广,从近海平面(>100m)到 5700 m 均有分布,海拔梯度呈现单峰格局,即随着海拔的升高,物种丰富度先升高后下降,在海拔 4000 米的丰富度达到最大。横断山区气候梯度显著,地形复杂,植被类型多样,较高的生境异质性和复杂多样的生态环境可能是报春花属植物集中分布在此区域的主要原因。

关键词: 报春花属, 物种丰富度, 地理分布格局, 物种多样性

上海辰山植物园活植物信息管理与信息化

陈建平, 高燕萍, 黄姝博

上海辰山植物园, 上海 201602

植物园是国家战略性植物资源保护的重要基地,主要承担植物多样性保护与可持续利用、回归引种、科学普及与咨询、科学研究等任务。植物园保存的活体植物,是完成上述诸多任务不可或缺的基础,而信息档案是植物园活体植物管理的数字化载体与基础研究材料。创建符合植物园具体业务的活植物信息管理系统对于促进植物园管理的规范化,提升植物保育研究水平,进而推动植物园事业的全面发展均有非常重要的意义。

关键词: 活植物, 管理, 信息化

中国植物种质资源保藏及资源库建设现状

许丽, 王玥, 徐萍, 苏燕, 于建荣*

中国科学院上海生命科学信息中心, 上海 200031

中国是世界上生物多样性最丰富的 12 个国家之一,其中植物物种达 3 万种,占世界的 12.14%,且拥有许多独特的珍稀植物资源。中国是联合国环境与发展大会《生物多样性公约》的缔约国之一,在植物种质资源的收集保藏和共享利用工作中取得了长足发展。目前,我国植物种质资源的保藏量达 120 万份,居世界第二,已建立 130 多家标本资源保藏机构,并大力推进国家标本资源共享平台的建设。本文通过文献计量及情报学方法,综合分析我国

及世界其他生物多样性丰富国家的相关政策、布局、管理规范、研究机构、以及资源库的建设情况与特点,对我国植物种质资源保藏及资源库建设现状进行了评价。目前,由于我国植物多样性丰富以及支持力度的不断加大,我国植物种质资源保藏涵盖范围广、类型多样;资源积累效果初步显现,保藏量居世界前列;植物种质资源家底逐步摸清,资源管理走上法制化轨道;建成一批国际优势保藏机构,植物种质资源保障能力大幅提升。另一方面,我国农作物等重要种质资源保藏与国际先进水平存在较大差距,且保藏管理和资源共享的政策体系尚不完善,需进一步加强。

关键词: 植物种质资源保藏, 资源库建设, 资源共享, 情报学

罗霄山脉及大陆东部邻近区域植物多样性及其信息化问题

赵万义¹, 刘忠成², 凡强¹, 王蕾², David E. Boufford³, 廖文波^{1*}

1 中山大学生命科学学院, 有害生物防治与资源利用国家重点实验室及广东省热带亚热带植物资源重点实验室, 广州 510275

2 首都师范大学资源环境与旅游学院, 北京 100048

3 Harvard University Herbaria, 22 Divinity Avenue, Cambridge, MA 02138, USA

中国大陆东部属湿润季风气候区,雨量充沛,热量丰富,以亚热带常绿阔叶林为主要特征,具有极高的植物多样性。(1)从中国大陆地形地貌特征看,东部主体山地武陵山脉、罗霄山脉、武夷山脉、南岭山脉等,组成了大陆东部第二、第三级阶梯。其中,罗霄山脉以中段井冈山-桃源洞为核心,种子植物区系有 211 科 997 属 2951 种,武夷山脉以中段江西武夷山-福建武夷山为核心,种子植物区系有 201 科 991 属 2853 种,南岭山脉以中段南岭保护区为主体,有 219 科 980 属 2710 种,往东为台湾山脉 246 科 1251 属 3378 种,往南为海南山地 244 科 1235 属 3361 种,往西为武陵山脉 212 科 952 属 3032 种,再往西为峨嵋山 202 科 863 属 2407 种,神农架 182 科 777 属 2152 种,西双版纳 236 科 1217 属 3768 种,东喜马拉雅-横断山 245 科 1473 属 8876 种,往北为秦岭山脉 193 科 883 属 2762 种。

(2)罗霄山脉地跨赣、湘、鄂三省交界,种子植物区系初步统计有 235 科 1269 属 4393 种,而相邻区域种子植物区系分别为,赣: 218 科 1081 属 3606 种;湘: 218 科 1339 属 4929 种;鄂: 219 科 1134 属 4247 种;往东为福建省 186 科 1152 属 3339 种,以及台湾省,往南为广东省 261 科 1410 属 4838 种,往西为广西省 221 科 1450 属 6294 种。(3)罗霄山脉以及东部区域,除台湾外第三级阶梯没有受到冰期覆盖,保存有大量古老孑遗种、中国特有种及地区特有种,是重要的冰期避难所。(4)关于东部各区域植物多样性的信息化问题,仍存在较多的不确定性,中国植物志英文版已完成,目前各区域的生物名录也以此为依据,但涉及到早期或近期已开展过生物多样性考察的数十处主体山地,以及数百处国家各级自然保护区时,名称的确认和转换是一个极大的问题。往往由于同物异名的出现,造成个别区域的植物多样性偏高。尤其是,各区域进行区系相似性比较时问题较多;不可否认采用早期的《中国植物志》名称系统,容易比较,而采用新版《Flora of China》系统时,

比较的误差由于不对等而差异较大。如何解决，应该尽快编辑一个可行的通用转换系统方便大家使用为妥。

中国植物分类学百年回顾：机遇与挑战

马金双

中国科学院上海辰山植物科学研究中心，上海 201602

在中国植物分类学百年之际，系统而又全面地回顾了本学科发展的历史，特别是百年间从无到有、从小到大、逐步成熟的历程，全面而详细地对中国植物分类学的现状，特别是对文献与标本收藏、人才队伍和志书编写与质量等进行了总结。结合生物多样性保护公约、中国植物保护战略及中国本土物种编目等工作需求，分析了中国植物分类学当前的处境，特别是与世界先进水平的差距；指出问题的关键在于对基础研究工作的评价和导向。论述了中国植物分类本底资料的贫乏如何严重影响植物编目工作的质量及以此为基础的红色名录与黑色名录的建立等。分析了今后的发展方向及有影响的工作，提出应利用中国的地缘与资源优势参与到国际性工作中，做出既符合国家整体形象又满足国家战略需求的具体研究工作；同时应对国家的生物多样性保护、各类物种编目与评估等学术性研究和资源保护、科技发展、政策制定等管理性工作提供准确而又权威的咨询。

关键词：植物分类学，中国，回顾

专题 7.生物多样性对全球变化的响应（召集人：王艳芬）

酸性土壤氮素转化与微生物多样性

姚槐应

中国科学院城市环境研究所, 福建 厦门 361021

以强酸性土壤为研究对象, 分析土壤硝化、反硝化、厌氧氨氧化作用强度, 研究上述关键氮素转化过程与功能微生物群落多样性的联系机制。

关键词: 氨氧化作用, 反硝化作用, 厌氧氨氧化作用, 酸性土壤

青藏高原草地土壤固碳微生物多样性与潜力

孔维栋

中科院青藏高原研究所, 北京 100101

青藏高原是地球上的寒旱高极, 属典型生态脆弱带和气候变化敏感区。该地区草地面积约162万平方公里, 低温、干旱和强紫外等极端条件导致植被低矮, 生长期短, 抑制了草地植被生长, 限制了高寒草地植被固碳潜力。土壤微生物固定大气CO₂潜力巨大, 粗率估计, 全球土壤微生物固碳潜力达49亿吨/年。已有研究表明, 干旱区生物土壤结皮微生物光合量与植被相当。但在植被生长受到极大抑制的青藏高原草地生态系统中, 土壤固碳微生物群落及其固碳潜力尚未研究。

我们的研究表明, 青藏高原草地土壤固碳微生物数量非常高, 固碳基因数量可达109个基因拷贝/克土壤, 固碳酶活性很高, 二者甚至高于低海拔肥沃农田土壤; 野外原位监测表明, 土壤微生物固碳量与植被相当。这些研究结果说明青藏高原土壤微生物固碳潜力巨大, 是该极端环境中土壤碳循环不可忽视的重要生态学过程。我们的研究还表明, 固碳微生物可迅速定殖荒漠荒漠土壤, 约2至3年即可在没有生物的冰川退缩土壤中长到可达109个基因拷贝/克土壤, 且其群落多样性和均匀度在5年后可达最高, 群落结构趋于稳定。这些研究表明, 在植被生长受到极大限制的青藏高原草地生态系统中, 土壤微生物固碳潜力不容忽视, 其固碳量相当于甚至超过植被。

关键词: 青藏高原, 草地, 土壤微生物, 固碳

甲烷氧化菌对大气 CO₂ 浓度升高和湿地退化的适应机制

蔡元锋

中国科学院南京土壤研究所, 江苏 南京 210008

甲烷是一种重要的温室气体,未来大气CO₂浓度升高和降水减少状况下,土壤甲烷氧化微生物过程的响应和适应机理研究具有重要意义。依托中国科学院模拟大气CO₂浓度升高的“FACE科学平台”,利用稳定性同位素示踪土壤甲烷氧化菌核酸DNA探针技术和宏转录组的先进技术,我们的研究表明,稻田土壤具有较强的甲烷氧化能力,除*Methylothermus*, *Methylocella*和*Methylocapsa*外,几类典型甲烷氧化细菌均活跃于供试土壤的甲烷氧化过程中,*Methylobacter*及*Methylosarcina*这两类甲烷氧化细菌是供试土壤中最活跃的甲烷氧化微生物;大气CO₂浓度升高则改变了土壤甲烷氧化细菌的群落结构,*Methylobacter*甲烷氧化细菌的丰度受大气CO₂浓度升高影响有所增加,而*Methylosarcina*的相对丰度却有所降低。传统克隆文库和高通量的454测序分析均得到了类似的结果,表明大气CO₂浓度升高刺激了*Methylobacter*甲烷氧化菌的生长。同时,全球变化极可能降水将少,湿地退化,土壤甲烷浓度发生显著的变异,利用先进的分子生态学技术,我们的结果发现高浓度甲烷刺激是水稻土氧化大气低浓度甲烷的前提条件,全转录组水平的微生物群落关联技术分析则发现传统甲烷氧化菌利用高浓度甲烷过程中,合成了能量物质PHB氧化大气甲烷,研究结果为开展野外观测实验,准确估算湿地土壤甲烷源和汇的强度提供了重要依据。初步估算表明,地球环境中干湿交替湿地土壤每年可氧化甲烷280万吨,约占我国稻田甲烷排放量的36%左右,可能为我国政府气候变化谈判及国际碳排放履约提供新的理论支撑。

关键词: 好氧甲烷氧化菌, 大气CO₂浓度升高, 湿地退化, 稳定性同位素核酸探针, 甲烷氧化适应与进化

土壤甲烷氧化能力对于干旱胁迫的响应

周小奇

华东师范大学生态与环境科学学院, 上海 200241

大气甲烷(CH₄)是继 CO₂ 之后的第二大温室气体,大约贡献全球气候变暖的 25%。甲烷分子具有很强的红外线吸收能力,单分子的增温潜势是 CO₂ 的 25-30 倍,微小的甲烷浓度增加都将引起全球温度的显著增加,因此,甲烷的产生与消耗机制引起了人们极大的关注。与大气甲烷众多的排放源相比,其汇只有两个:对流层中的氢氧自由基和通透性良好的土壤(如森林和草原)。后者是唯一的生物学过程,由一类特殊的土壤微生物(甲烷氧化菌)所介导。由于全球持续变暖,未来干旱发生的强度以及频率都会增加,从而影响土壤甲烷氧化能力。

我们曾提出一个假设,即在干旱胁迫下植物根部会诱导合成乙烯,乙烯通过扩散释放到土壤当中,从而降低土壤甲烷氧化能力(Zhou et al., 2013 Trends in Plant Science)。我们选取一个干旱农田生态系统,以玉米为研究对象,通过三种处理方式(增加降水、添加生物活性炭和添加乙烯抑制剂)来减轻干旱胁迫,测定土壤甲烷氧化速率。结果发现减轻干旱胁迫显著增加了土壤甲烷氧化能力,初步验证了我们提出的假设,深化了对全球

变化背景下土壤甲烷氧化能力的认识。

关键词：干旱，土壤甲烷氧化

全球变化对菌根真菌多样性及功能的影响

纪宝明¹, 王平¹, 张静²

1 北京林业大学, 北京 100083

2 中国科学院大学, 北京 100049

丛枝菌根真菌 (*Arbuscular Mycorrhizal fungi*, 简称AMF) 是陆地生态系统中分布最广泛的土壤微生物类群之一, 对植物的个体生长、群落演替及生态系统功能起着重要的调控作用。作为植物与土壤之间的介质和纽带, AMF对土壤条件、植被组成和环境变化非常敏感, 也势必将直接或间接地对全球变化作出响应。通过分析近几十年的文献, 我们总结了气候变暖、二氧化碳浓度升高、降水格局改变、氮沉降、生物入侵等全球变化驱动因子对AMF多样性及生态功能的影响, 讨论了将以AMF为代表的土壤微生物纳入全球变化模型的必要性和可行性。

关键词：丛枝菌根真菌 (AMF), 多样性, 功能, 全球变化, 草地生态系统

生物质收割改变了草原土壤微生物对增温的响应机制

Kai Xue¹, Mengting Yuan², Jianping Xie², Dejun Li³, Yujia Qin², Lauren Hale², Liyou Wu², Deng Ye², Zhili He², Joy Van Nostrand², Yiqi Luo³, James Tiedje⁴, Jizhong Zhou²

1 Tsinghua University, Beijing 100084

2 Institute for Environmental Genomics, USA

3 Oklahoma University, USA

4 Michigan State University, USA

收割地上生物质在农业和生物质能源生产中是常见的土地管理措施。但是, 目前我们对微生物在增温情况下对收割的响应机制还知之甚少。因此, 我们在高草草原生态系统调查了增温和生物质收割间的交互作用对土壤特性、植物和微生物群落的影响, 尤其关注微生物的功能基因。结果显示单独的收割没有改变植物的生物量, 但是收割和增温共同作用增加了47%的C4植物高峰期生物量和110%的地下净初级生产力。单独和共同作用的收割分别降低了81%和75%来自植物残体的土壤碳输入。随着土壤碳输入的减少, 微生物涉及相对难降解碳的降解基因丰度随之增加了38-137%, 这将可能破坏土壤碳的长期稳定性和触发生态系统对增温的正反馈机制。单独的收割还增加了32-39%的固氮、矿化和反硝化功能基因的丰度。潜在增强的固氮等过程可能是土壤铵态氮在单独的收割时大幅降低(20%)的补偿机制, 因

此导致植物的生物量不变。此外,收割和增温间对微生物功能基因倾向形成拮抗式的交互作用,特别是对氮循环基因。这些结果表明收割单独或与增温共同作用极大改变了土壤和植物特性,以及微生物功能基因的丰度与结构。收割地上生物量还需谨慎,因为土壤碳的长期稳定性可能受损。

关键词: 收割, 增温, 生物量能源, 微生物

土地利用/土地覆盖对上海市城乡梯度上植物多样性分布格局的影响

王萌¹, 况胜剑¹, 何宇娟¹, 李俊祥^{1,2,*}

¹ 华东师范大学生态与环境科学学院, 200241, 中国上海

² 上海市城市化生态过程与生态恢复重点实验室, 华东师范大学, 200241, 中国上海

随着城市化在全球范围内快速发展,城市化已成为区域乃至全球尺度上生物多样性丧失的主要原因之一。本文从城乡梯度上探索植物多样性的分布格局及其与土地利用/土地覆盖关系,采用分层随机抽样的方法,在经过上海市中心的东、西、南、北方向、宽 18km 的样带上选取 134 个样点,通过实地调查各样点的植物多样性,计算植物多样性指数(物种丰富度、Shannon-Wiener 多样性以及 Heip 均匀度),用每个样点到城市中心的欧几里德距离量化城乡梯度,用样点周围 1km 范围内用地类型的面积百分比定量土地利用/土地覆盖,对植物多样性指数与城乡梯度、土地利用/土地覆盖进行回归和相关分析。结果表明:调查区域共记录到维管植物 550 种,其中乔木 71 种,灌木 117 种,草本 362 种,总物种数中 54.7% 为外来物种;随着城市中心到农村距离的增大,总物种、木本植物、多年生草本、外来物种丰富度均显著降低 ($P < 0.01$),一年生草本 ($P < 0.01$)、香农多样性 ($P < 0.05$)、Heip 均匀度 ($P < 0.01$) 均显著增加,本地物种丰富度没有显示出明显的变化趋势;不同土地利用/土地覆盖类型对植物多样性的影响存在差异,总物种丰富度只与城市用地面积百分比呈显著正相关 (相关系数 0.171, $P < 0.05$),木本植物丰富度受城市用地面积百分比影响最大 (相关系数 0.609, $P < 0.01$),一年生草本植物和多年生草本植物的丰富度分别受农业用地 (相关系数 0.555, $P < 0.01$) 和城市用地 (相关系数 0.56, $P < 0.01$) 面积百分比的影响最大,外来物种丰富度受城市用地面积百分比影响最大 (相关性系数 0.245, $P < 0.01$),Shannon-Wiener 多样性、Heip 均匀度均受城市用地面积百分比影响最大 (相关系数 -0.270, $P < 0.01$; -0.373, $P < 0.01$),本地物种与不同土地利用/土地覆盖类型没有显著相关的关系。结果证明城市化过程中土地利用类型/土地覆盖的转变能显著影响城市植物的物种组成和空间分布,在未来的城市规划和设计中要充分考虑植物多样性的保护和管理。

关键词: 土地利用/土地覆盖, 城市化梯度, 植物多样性, 空间分布格局

Geographic characteristics of sable (*Martes zibellina*) distribution over time in Northeast China

张睿, 栾晓峰

北京林业大学, 北京 100083

Understanding historical context can help clarify the ecological and biogeographic characteristics of species population changes. The sable (*Martes zibellina*) population has decreased dramatically in Northeast China since the 1950s, and understanding the changes in its distribution over time is necessary to support conservation efforts. To achieve this goal, we integrated ecological niche modelling and historical records of sables to estimate the magnitude of change in their distribution over time. Our results revealed a 51.71% reduction in their distribution in 2000–2016 compared with the potential distribution in the 1950s. This reduction was related to climate change (Pearson correlation: Bio1, -0.962, $p < 0.01$; Bio2, -0.962, $p < 0.01$; Bio5, 0.817, $p < 0.05$; Bio6, 0.847, $p < 0.05$) and demographics (-0.956, $p < 0.01$). The sable population tended to migrate in different directions and elevations over time in different areas due to climate change: in the Greater Khingan Mountains, they moved northward and to lower elevations; in the Lesser Khingan Mountains they moved northward; and in the Changbai Mountains they move southward and to higher elevations. Active conservation strategies should be considered in locations where sable populations have migrated or may migrate to.

Keyword: climate change, conservation, *Martes zibellina*, sable, potential distribution, historical change

Rumen prokaryotic communities of ruminants under different feeding paradigms on the Qinghai-Tibetan Plateau

Dan Xue¹, Huai Chen¹, Xinquan Zhao¹, Shixiao Xu², Linyong Hu², Tianwei Xu², Lin Jiang³, Wei Zhan¹

¹ Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Sichuan Chengdu 610041

² Northwest Plateau Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Qinghai Xining 810008

³ College of Forestry, Northwest A&F University, Shanxi Xian 712100

Yak and Tibetan sheep are the major indigenous ruminants on the Qinghai-Tibetan Plateau in China. The aim of this work was to study the differences in ruminal fermentation parameters and rumen prokaryotic community composition between hosts (yak and

Tibetan sheep) and feeding paradigms (natural grazing and barn feeding). The 16S rRNA genes targeting bacteria and archaea were PCR-amplified from DNA extracted from rumen samples, sequenced using Illumina MiSeq sequencing platform, and analyzed using the QIIME software package. Our results showed that the prokaryotic community structure significantly differed ($P < 0.01$) between yak and Tibetan sheep. Significant difference in prokaryotic community structure was also found between yaks of TMR and NG groups ($P = 0.034$) and Tibetan sheep of the two groups ($P = 0.026$). Core prokaryotic populations existed in, and most of them dominated, the rumen of ruminants. At the phylum level, Bacteroidetes (56.30%) was the predominant bacterial group, followed by Firmicutes (24.81%), Euryarchaeota (6.80%) and Proteobacteria (2.54%). At the genus level, Prevotella dominated, accounting for an average 34.01% of all rumen prokaryotic genera, followed by Methanobrevibacter (5.70%). However, the prokaryotic populations varied between hosts and feeding paradigms, with obvious correlation of prokaryotic community composition at the phylum and genus level with the host or the feeding paradigm. In addition, redundancy analysis (RDA) showed remarkable correlation between prokaryotic communities and ruminal fermentation parameters. In conclusion, both the host and feeding pattern may influence the rumen prokaryotic communities, with the effects of the host being more important.

Keywords: Yak, Tibetan sheep, Feeding pattern, Prokaryotic communities, Methane

Mammalian geographic characteristic in the arid region of Northwest China

栾晓峰, 李靖昕, 杨立, 张睿

北京林业大学自然保护区学院, 北京 100083

A fundamental component of conservation science is an understanding of the geographic characteristics of species, which is key for developing appropriate management strategies for threatened species. Previous studies have tended to address regions of higher biodiversity, while only a few have focused on climatically sensitive environments such as arid regions. In this study, we examined the arid region of Northwest China to determine the patterns of biodiversity of 36 mammals. Our results showed that the mean area of the current potential distribution of the 36 mammals covered 9% of the arid region in Northwest China, or $303,383 \pm 221,586.58 \text{ km}^2$, and that the area of high biodiversity value was $401,630 \text{ km}^2$. There were four areas of high biodiversity value: the Qilian Mountains, Tianshan Mountains, Turfan Depression, and Altay Mountains. Thus, we suggest that securing existing protected areas, establishing new nature reserves, controlling human influences (e.g. agriculture), and control of regional desertification

should be prioritised in high biodiversity-value areas in the region.

Keywords: Mammalian, geographic characteristic, arid region

Mammalian geographic distribution change with Future Perspective in Northwest China

杨立, 栾晓峰, 张睿, 李靖昕

北京林业大学自然保护区学院, 北京 100083

A fundamental component of conservation science is an understanding of the geographic characteristics of species, which is key for developing appropriate management strategies for threatened species. In this study, we examined the arid region of Northwest China to determine the patterns of biodiversity of 36 mammals. We chose four representative concentration pathways (RCPs) (PCP 2.6, RCP4.5, RCP6.0, RCP8.5) to derive the estimated values of 10–11 environmental variables over two periods in the future (the 2050s and 2070s). Then, we modelled the species distributions using the predictors for each time period under two scenarios, zero- and full-dispersal, to provide a total of 648 predictions. For both the zero- and full-dispersal assumptions, the mammals would lose an average of 28–32% of their range, and shift westward with a range centroid shift of 82–129 km, depending on the scenario. Furthermore, 33–39% of the species were predicted to become locally endangered (range loss (RL) > 50%), 17–19% to become locally critically endangered (RL > 80%), and three species to possibly become extinct under the different dispersal assumptions.

Keywords: mammals, climate change, conservation, arid area

专题 8.生物地理学与宏生态学（召集人：沈泽昊）

东亚特有孑遗植物分布符合中心-边缘假说的遗传学证据——以领春木为例

魏新增，江明喜

中国科学院武汉植物园，湖北 武汉 430074

以东亚特有孑遗植物领春木（*Euptelea pleiospermum*）为研究对象，采用核基因组微卫星标记，揭示其遗传多样性与遗传分化的地理格局，探讨地形（四川盆地、秦巴山地）和冰期后扩张对其遗传变异地理格局的影响。结果表明，（1）遗传多样性和遗传分化的地理格局整体上符合中心-边缘假说；这是由于该物种的冰期分布区与当前分布区基本吻合，除了当前四川盆地为非适宜生境；（2）四川盆地，而非秦巴山地（秦岭、大巴山），为遗传障碍；（3）与以往研究结果不同，遗传多样性沿纬度梯度的顶点并未南偏，反而呈现一定程度的北偏；这是由于该物种受冰期后分布区扩张的影响较弱，而其分布区中南部有较大面积不适生境（四川盆地），同时，分布区中北部有较大面积连续适宜生境（秦巴山地）。

关键词：中心-边缘假说，遗传障碍，遗传多样性，遗传结构，纬度，核微卫星

No slope exposure effect on alpine treeline position in the Three Parallel Rivers Region, SW China

Wenli Wang¹, Christian Koerner², Zhiming Zhang¹, Ruidong Wu¹, Yupeng Geng¹, Wen Shi¹, Xiaokun Ou¹

¹ 云南大学，云南 昆明 650091

² 中国科学院植物研究所，北京 100093

The mean temperature of the growing season has been found to correlate with treeline position across the globe, but regional variation still needs to be explained. In the present study, we explored how the elevation of the alpine treeline varies with slope exposure and the distinct influence of the summer monsoon in the Three Parallel Rivers region of SW China (Yunnan). We hypothesized that the treeline elevation will not vary distinctly with slope exposure, because tree canopies are coupled to atmospheric conditions rather than ground temperature. We extracted treeline positions from Landsat TM images, DEM (digital elevation model) data and climatic data from Worldclim to analyze the relationship between treeline position and climate. The results revealed no significant exposure effect. Treeline elevations were almost the same at different slope exposure in each of these north-south stretching mountain ranges. Counter to expectation, south-facing slopes

showed a slightly lower position than the others, which may be caused either by greater monsoon exposure (cloud cover) or human disturbance. The mean growing season temperature at treeline showed the same pattern as was obtained globally in earlier assessments (6.7 °C). However, the treeline elevation (as well as the isotherm position) increased from west (wet) to east (drier) along the summer monsoon route. Our results confirmed the theory that the treeline is strongly associated with atmospheric circulation and does not benefit from greater radiative warming on south-facing slopes during the growing season. The common treeline isotherm hypothesis matches with treeline position in this monsoon-driven climate regime.

Keywords: Forest limit, Growing season, Monsoon climate, Hengduan mountains

Plant Diversity along the Eastern and Western Slopes of Baima Snow Mountain, China

沈泽昊

北京大学, 北京 100871

Species richness and turnover rates differed between the western and eastern aspects of Baima Snow Mountain: maximum species richness (94 species in a transect of 1000 m²) was recorded at 2800 m on the western aspect and at 3400 m on the eastern aspect (126 species), which also recorded a much higher value of gamma diversity (501 species) than the western aspect (300 species). The turnover rates were the highest in the transition zones between different vegetation types, whereas species-area curves showed larger within-transect beta diversity at middle elevations. The effect of elevation on alpha diversity was due mainly to the differences in seasonal temperature and moisture, and these environmental factors mattered more than spatial distances to the turnover rates along the elevation gradient, although the impact of the environmental factors differed with the growth form (herb, shrubs or trees) of the species. The differences in the patterns of plant biodiversity between the two aspects helped to assess several hypotheses that seek to explain such patterns, to highlight the impacts of contemporary climate and historical and regional factors and to plan biological conservation and forest management in this region more scientifically.

Keywords: elevational gradient, mountain aspect, plant species diversity

中国远盲蚓属 (*Amyntas* Kinberg, 1867) 蚯蚓物种多样性和地理分布

孙静¹, 蒋际宝², 邱江平², 姚波¹, 刘满强¹, 李辉信¹, 胡锋^{1*}

1 南京农业大学资源与环境科学学院, 江苏 南京 210095

2 上海交通大学农业与生物学院, 上海 200240

目前全世界已报道的远盲蚓属 (*Amyntas*) 蚯蚓约 500 种。我国是世界上远盲蚓属蚯蚓分布最多的国家, 该属蚯蚓在我国南方得到了极大的发展, 物种多样性占绝对优势, 因此其生态功能尤为重要。然而, 受制于研究手段发展的滞后, 该属蚯蚓的物种多样性和地理分布并不明确, 正逐渐成为生态研究的瓶颈。本研究系统地采集了我国云南、四川、贵州、陕西、广西、广东、福建、海南、湖北、湖南、安徽、江西、江苏、浙江和上海共计三十余个保护区的自然和农田生态系统中的蚯蚓, 通过文献记载和基于 **Barcoding** 的物种及其地理分布信息, 对我国远盲蚓属蚯蚓的物种多样性和地理分布模式进行了归纳和分析。结果表明我国远盲蚓属蚯蚓的物种多样性数量还有望进一步上升, 其地理分布呈现出明显的纬度和海拔梯度。此外, 研究还阐明了远盲蚓属蚯蚓在我国分布热点区及对温湿度的响应。

关键词: 蚯蚓, 远盲蚓属, **Barcoding**, 物种多样性, 地理分布

Determinants of richness patterns differ between rare and common species: a case study of Chinese Gesneriaceae

Yunpeng Liu, Zehao Shen, Qinggang Wang, Xiaoting Xu, Nawal Shrestha, Zhiheng Wang

Department of Ecology, College of Urban and Environmental Sciences, and Key Laboratory of Earth Surface Processes of Ministry of Education, Peking University, Beijing 100871, China

Whether species richness patterns and their determinants are consistent between rare and common species remains controversial, and the answer to this question is fundamental for the conservation of rare species specialized in vulnerable habitats. Although effects of climate, geological history and habitat heterogeneity on species richness have been widely explored, the relative contribution of different processes for rare and common species is poorly understood. Here, we estimated the richness pattern of Gesneriaceae in China and evaluated how contemporary climate, climate changes and habitat heterogeneity affect distribution of rare and common species. The distribution of Gesneriaceae species was compiled at a spatial resolution of 50 × 50 km. The species were grouped as rare and common species based on the number of grid cells occupied by them, and their richness patterns and hotspots were estimated separately. Generalized linear models were used to evaluate the effects of different factors on species richness. The species richness of Gesneriaceae was highest in southwestern China, where two

richness hotspots were identified. Temperature seasonality and winter coldness dominated species richness patterns, but their relative contribution differed between rare and common species. Rare species were more sensitive to long-term climate change than common species. The richness patterns and their determinants differ between rare and common species. Rare species are more vulnerable to temperature changes at both short and long time scales than common species, suggesting that most Gesneriaceae species may face high risk under future climate changes and hence more conservation effort is urgently needed.

Keyword: diversity pattern, Biogeography, biodiversity hotspots, climate change, endemism, LGM, range size, winter coldness

中国常绿木本植物物种多样性和特有性格局及保护热点分析

许玥

中国林业科学院, 北京 100091

生物多样性的尺度空间格局及成因是宏观生态学和生物地理学的核心问题,而划分生物多样性热点地区并进行保护空缺分析,是生物多样性保护的有效方法和手段,也是在有限的资源投入下实现最优保护的途径。常绿阔叶木本植物是中国 35°N 以南地区物种丰富度的主要贡献类群之一,也是研究生态位保守性假说的合适类群。中国是全世界常绿阔叶林分布面积最大且发育最为典型的国家,为研究常绿阔叶木本植物的分布和成因提供了独特而优越的条件。

通过建立 123 科、737 属、6,266 种中国常绿阔叶木本植物的 50km×50km 等面积网格地理分布数据库,本研究分析了中国常绿阔叶木本植物的物种丰富度(SR)、物种修正加权特有性(CWE)、谱系多样性(PD)和谱系特有性(PE)格局,将各多样性指数位于背景网格前 5%的地区定义为多样性热点分布区,并与中国现有的自然保护区相叠加以确定多样性保护空缺。结果表明中国常绿阔叶木本植物的丰富度随纬度升高而递减,丰富度较高的地区多集中在亚热带山区,谱系多样性和谱系特有性与其格局相似,而物种加权特有性格局则差异较大。以全部 4 个多样性指数确定的热点区仅为 50 个网格,主要分布于横断山脉、云贵高原南部和海南岛。保护空缺分析表明大部分热点区的保护程度较低,保护区覆盖面积超过 10% 的热点区仅占 34%。我们建议加强对中国常绿阔叶木本植物的保护,并促进常绿阔叶木本植物多样性热点区内自然保护区网络的建立和管理。

秦岭生物多样性保护优先区研究

王宇卓

山西大学, 山西 太原 030006

栖息地破碎和丧失是物种灭绝的主要原因, 因此, 合理规划保护优先区, 提高保护效率对于拯救濒危和易危物种至关重要。秦岭山脉物种资源丰富, 是我国和东亚的生物地理宝藏。基于秦岭259种重点保护野生动植物的县级分布, 并结合物种分布的海拔范围和栖息地类型, 得到秦岭重点保护野生动植物的物种丰富度格局。分别采用生物多样性热点 (BHSR) 分析法和系统保护规划 (SCP) 算法识别保护优先区。为比较两种算法的保护效率, 提出了两种保护标准: “Represented” 标准和 “Well-represented” 标准。“Represented” 标准是指只要保护优先区内存在某一物种, 即认为该物种得到了保护; “Well-represented” 标准是指当保护优先区至少覆盖某一物种分布范围的20%时, 认为该物种得到了有效保护。结果表明, 当优先区面积占秦岭总面积的8%时, 使用 “represented” 标准, SCP的保护效率更佳 (SCP: 90% vs BHSR: 78%); 反之, 使用 “well-represented” 标准, BHSR的功效更优 (SCP: 55% vs BHSR: 61%)。鉴于两种算法的重叠区可以满足双重标准, 达到最优保护目标, 本研究将其定义为生物多样性关键区 (KBAs)。对KBAs进行保护空缺分析, 发现有63%的生物多样性关键区存在于现有国家级自然保护区 (NNRs) 之外。而且当NNRs扩建至KBAs时, 自然保护区占地面积由12.9%变为15.1%, 有效保护效率由45.2%增至70.3%。因此, 建议扩建NNRs至KBAs, 或对KBAs进行额外保护, 以提高秦岭山脉整体的保护覆盖率和保护效率。另外, 本文的研究方法可以作为一个定量评估框架指导保护区网络的规划和管理。

关键词: 秦岭, 保护优先区

专题 9.濒危动植物评估及应用（召集人：覃海宁）

珍稀濒危物种望天树生境遥感监测与评估

刘慧明

环境保护部卫星环境应用中心，北京 100035

为了加强生物多样性保护优先区物种生境的保护与管理工作，本次工作以西双版纳生物多样性保护优先区勐腊县珍稀濒危物种望天树(*Parashorea chinensis*)为监测对象，利用2015年国产高分一号、高分二号卫星遥感数据，以望天树种群斑块、望天树群落周围景观为遥感监测与评估范围，掌握望天树的生境现状，分析评估保护区对望天树生境保护的成效，为科学制定物种保护和管理措施提供决策依据。本次工作得出以下结果：望天树种群斑块位于保护区内部，部分斑块内存在少量的人为干扰，望天树群落周围景观的干扰程度和破碎化程度明显高于望天树种群斑块生境；设立保护区增加了对望天树种群斑块内部的保护效果，但各个种群斑块之间被人为隔离的现象明显；建议加强对望天树种群斑块周围生境的保护和管理，建立物种生境遥感监测评估长效机制，服务于物种保护和管理。

关键词：珍稀濒危物种，望天树，生境，遥感监测

生物多样性保护优先区域物种资源现状与生境适宜性评价

乐志芳，曹铭昌，徐海根

环境保护部南京环境科学研究所，江苏 南京 210042

生物多样性保护优先区域是我国生物多样性保护的重点和关键区域。本文以中国32个内陆陆地及水域生物多样性保护优先区域为研究区域，以野生维管束植物、野生脊椎动物（包括哺乳类、鸟类、爬行类、两栖类、淡水鱼类）等类群的物种丰富度、物种特有程度、受威胁物种丰富度为评估指标，对优先区域的物种资源现状开展了综合评估，识别了优先区域物种多样性的空间分布格局与特征。选择藏羚羊、大熊猫、东北虎、珙桐、南方红豆杉和沙冬青等6个具有代表性的珍稀濒危物种，基于物种生境适宜性评价方法，利用ArcGIS 10.0的空间分析功能和Fragstats 4.1景观空间格局分析软件，对2000-2010年期间重要物种生境适宜性时空变化特征和趋势进行了综合分析和评估。

关键词：保护优先区，物种资源，生境适宜性评价

盐城保护区丹顶鹤生境选择和适宜性变化分析

曹铭昌¹, 孙孝平², 乐志芳¹, 龚溪³, 吴翼²

1 环境保护部南京环境科学研究所, 江苏 南京 210042

2 南京林业大学, 江苏 南京 210037

3 南京信息工程大学, 江苏 南京 210044

盐城保护区是全球野生丹顶鹤种群的主要越冬栖息地之一。本研究以丹顶鹤生境保护为出发点, 结合丹顶鹤野外调查数据和主要环境特征变量, 利用多元统计方法, 分析丹顶鹤分布和多尺度生境因子的关系, 识别限制性生境因子和关键尺度。采用MAXENT模型, 对2000-2013年盐城保护区丹顶鹤越冬生境变化和主要原因进行了分析。研究表明, 景观和样点尺度因子是影响丹顶鹤生境选择的主要因子。在样点尺度, 植被盖度和道路距离为主要限制因子, 在景观尺度, 芦苇滩和碱蓬滩百分比为主要影响因子。2000-2013年期间, 盐城保护区内丹顶鹤适宜生境面积持续减少, 适宜生境破碎化程度不断加剧, 分布格局由连续分布变为集中分布在核心区周围区域。丹顶鹤适宜生境丧失与保护区内碱蓬滩、泥滩、盐田面积大幅减少, 养殖塘面积大幅增加有关。

关键词: 丹顶鹤, 盐城保护区, 生境选择

中国生物多样性红色名录评估的实践与意义

蒋志刚^{1,2,3*}

1 中国科学院动物研究所动物生态与保护生物学重点实验室, 北京 100101

2 中华人民共和国濒危物种科学委员会, 北京 100101

3 中国科学院大学, 北京 100049

为了全面了解中国物种受威胁状况, 提高生物多样性保护工作的系统性、科学性和有效性, 2008年, 环境保护部联合中国科学院启动了《中国生物多样性红色名录》的编制工作, 全国数百名生物学家参加了评估。2013年9月, 环境保护部与中国科学院联合发布了《中国生物多样性红色名录-高等植物卷》, 2015年5月, 联合发布了《中国生物多样性红色名录-脊椎动物卷》(<http://www.zhb.gov.cn/>)。评估结果显示, 目前中国生物多样性下降的总体趋势尚未得到有效遏制, 保护形势依然严峻。我国34450种高等植物中, 属于灭绝等级的有52种; 受威胁物种有3767种, 占评估物种总数的10.9%; 特有物种17700种, 受威胁率为13.9%。除海洋鱼类外, 4357种脊椎动物中, 属于灭绝等级的有17种; 受威胁物种932种, 占评估物种总数的21.4%; 特有物种1598种, 受威胁率为30.6%。中国裸子植物受威胁率高达51%, 两栖类动物受威胁率高达43.1%, 远高于全球平均水平。人类活动导致的生境丧失和退化以及资源的过度利用, 是物种濒危灭绝的主要原因。此外, 评估发现有3612种植物种数, 941种脊椎动物数据缺乏, 需要进一步开展深入的调查研究工作。与2004年的中国物种红色名

录评估结果比较,中国受威胁哺乳类物种从223种下降到178种。中国濒危哺乳动物的保护措施已初见成效,如中国采取了就地保护与迁地保护相结合方式加强了对大熊猫(*Ailuropoda melanoleuca*)的保护。鉴于大熊猫种群的恢复,将大熊猫的濒危等级从“濒危”降为“易危”级。再如,20世纪末,由于盗猎,青藏高原上藏羚(*Pantholops hodgsonii*)数量仅余六七万只。中国政府在藏羚分布区建立了自然保护区。加强了藏羚保护力度,有效地遏制了盗猎藏羚活动。目前,藏羚数量已经回升到20万余只。鉴于藏羚种群恢复状况,将藏羚定为“近危”等级,将其从受威胁物种名单中剔除。《中国生物多样性红色名录》的编制和发布将为生物多样性保护政策和规划的制定提供了科学依据,为开展生物多样性科学研究提供了基础数据,为公众参与生物多样性保护创造了必要条件。2016年9月4日,在美国夏威夷举行的第六届世界自然保护大会上,世界自然保护联盟(International Union for Conservation of Nature, IUCN)发布了2016年版《IUCN濒危物种红色名录》。该名录中,大熊猫的濒危等级经过重新评估后从“濒危”下调为“易危”。这一新闻在全球引起了广泛的关注,世界各大媒体都进行了报道,引发了公众、学者热烈的讨论和政府部门的高度关注(<http://www.forestry.gov.cn/main/195/content-902929.html>)。大熊猫是中国特有动物,中国对大熊猫生存状况的评估即是对大熊猫种群的整体生存状况的评估。因此,今年IUCN发布的《IUCN濒危物种红色名录》也将大熊猫的濒危等级从“濒危”下调为“易危”。这说明中国对大熊猫这一举世瞩目的濒危物种的保护初见成效。保护措施得力,再加上全球保护组织的协力行动,使得其种群数量增加、栖息地扩大,增加了生存机会,降低了灭绝风险。中国对重点保护野生动物实行分级管理。国家对珍贵、濒危的野生动物实行重点保护。国家重点保护的野生动物分为一级保护野生动物和二级保护野生动物。在1989年颁布的《国家重点保护野生动物名录》中,大熊猫被列为国家一级重点保护野生动物。濒危物种与保护物种有何同异?濒危物种是一个保护生物学概念,而保护物种是一个法律观念,其外延更大。濒危物种是专家依据濒危等级标准评定的物种,国家保护物种是国家法定的保护物种,而濒危等级是确定保护等级的最重要因素。国家重点保护物种具有较高的经济、文化、科学、社会价值,既包括濒危物种,也包括珍贵的物种,甚至包括开发利用强度大的物种。目前,IUCN每年更新发布濒危物种红色名录,以反映物种生存状况的动态变化。如果物种的生存状况改善,其濒危等级会下调;如果物种的生存状况恶化,其濒危等级会上调。尽管《中华人民共和国野生动物保护法》规定《国家重点保护野生动物名录》必须定期调整,然而该名录自1989年发布以来,仅在2002年11月将麝类(*Moschus spp.*)的保护级别从国家二级重点保护动物调整到国家一级重点保护动物。在此期间,许多物种的生存状况发生了变化,而且发现了许多新种,需要及时调整和更新。生物多样性红色名录提供了有关信息。

关键词: 生物多样性, 红色名录, 濒危物种, 保护物种

基于标本和分布信息评估中国虾脊兰属植物的濒危状况

黄卫昌*, 周翔宇, 倪子轶, 邵丽

上海辰山植物园, 上海 201602

兰科植物是生物多样性保护的旗舰类群之一,但如何客观准确地评估兰科植物的濒危状况,一直是生物多样性保护中急需解决的问题。虾脊兰属为兰科吻兰族植物,为多年生草本,全世界约 200–300 种,主要分布在亚洲热带和亚热带地区,热带澳洲、非洲和中美洲中国虾脊兰属 (*Calanthe*) 植物约有 53 种主要分布在长江以南地区,尤其是在湿润性亚热带常绿阔叶林、热带森林中,其中云南、贵州、四川、台湾等为本属植物的分布中心。虾脊兰属的地理分布、形态特征都使得其成为基于馆藏标本和野外分布信息进行兰科植物红色名录濒危等级评估的理想材料。

本文以中国虾脊兰属植物为例,通过馆藏标本和野外分布信息对中国虾脊兰属植物在 IUCN 红色名录中的濒危等级状况进行综合评估,以探讨该方法在植物保护和应用中的重要性 and 可行性,以期为中国兰科植物的保护提供更准确的本底资料。我们的研究表明,馆藏标本能够比较客观地反映物种地理分布信息和相应的野外居群状况,但对于物种分布的历史变化和受威胁因素反映不足;而野外工作对于物种的实际分布状况和受威胁因素等的反映比较客观,但能发现的物种和居群数量有限,部分极小种群物种在短时间野外工作中很难发现。我们的研究认为,有 2 种虾脊兰属植物应被评估为野外灭绝(EW),16 种应被评估为极度濒危(CR)。可见,中国虾脊兰属植物濒危的状况远比前人的评估结果要严重得多。

The Study of Red List for Chinese Reptiles

蔡波, 王跃招

中国科学院成都生物研究所, 四川 成都 610041

More than 461 reptilian species in China is the 8th largest numbers in the world from diversified ecosystems. However, their survival conditions are still not clearly.

To assess the threat status of reptiles and other vertebrates in China, the Ministry of Environmental Protection and the Chinese Academy of Sciences initiated one project compiling a China Biodiversity Red List —Vertebrates in 2013. Under the direction of many Chinese researchers, we performed the reptile assessments. Based on our surveys and the revised IUCN criterion (Version 3.1), we evaluated the endangerment status and completed China's Biodiversity Red List, Volume of Vertebrates.

In this study we firstly summarized the taxonomy of Chinese reptiles and checked the 461 valid species. The results of the taxonomy as the title A revised taxonomy for Chinese reptiles was published in in the Biodiversity Science. In 461 species, the status assessment identified 2 species as Regionally Extinction (RE), 34 species as Critically Endangered (CR), 37 species as Endangered (EN), 66 species as Vulnerable (VU), 78 species as Near Threatened (NT), 175 species were identified as of Least Concern (LC) and 69 species as Data Deficient (DD). The results were published in the Biodiversity

Science.

Through the study, we also published the paper in the Biodiversity Science. We addressed several important views as following: 1. The most endangered species were distributed in the southwestern and southern regions of China; 2. The main threats to species survival were habitat destruction and fragmentation, overuse and the heavy pollution, and climate change. 3. Given the diversity of Chinese reptile fauna, the complexity of topography and geomorphology, and the imbalance of the development of social economy, we suggested that the whole society should act to protect endangered reptiles, especially endemic and critically endangered species as one of the most important tasks. The detailed information will be published in the Red List of China's Vertebrates Reptiles.

Key words: Reptilia, endangered, biodiversity, conservation, threats, assessment

专题 10.国家公园与自然保护地（召集人：何思源）

初心、核心、重心--中国国家公园体制建设的三个关键问题

吴承照

同济大学建筑与城市规划学院，上海 200092

中国国家公园建立的初衷就是解决目前自然生态与遗产保护中的突出问题，除了解决管理体制问题外，就是要转变保护观念、更新保护思想，从政府保护走向全民保护，从国家保护走向国家、地方共同积极保护，让地方居民在保护中收益，让区域发展在保护中获得足够的发展动力，通过国家公园的建立实现生态、社会、经济多赢的愿景。国家公园建设的核心就是通过保护体制改革科学有效解决保护与发展的矛盾，通过生态保护促进地方发展；国家公园建设的重心是建立一种新型的保护性发展模式—绿色有机发展模式，在绝对开发与绝对保护之间创新一种新型的发展模式，走第三条路线。美国国家公园是原野保护与印第安文化传承、发展相结合，国家统一管理的保护性发展模式，德国国家公园是原野保护与乡村文化传承发展相结合，是国家监督地方自治型的保护性发展模式，日本、英国、加拿大国家公园是原野保护与乡村文化传承发展相结合的中央集权地方自治的综合管理型的保护性发展模式，中国风景名胜区强调传统风景文化的保护与游赏利用，对原野地与生态系统的保护重视不够，是国家监督、部门与地方共同管理、文化保护与旅游发展相结合的保护性发展模式，突出问题是资源权属复杂，多头管理、生态系统弱化等。

关键词：国家公园，模式创新

基于全球 300 m 分辨率地表覆盖（GlobCover 2009）等多源数据集的全球陆地 Top 500 国家公园保护优先性初步分析

郑姚闽¹，牛振国¹，王蕾²，何思源²

¹ 中国科学院遥感与数字地球研究所 遥感科学国家重点实验室，北京 1000101

² 世界自然基金会北京代表处 科学与政策创新中心，北京 100037

对全球 300 m 分辨率地表覆盖（GlobCover 2009）和 1km 分辨率的灯光指数（DMSP-OLS/F162009）等多源数据集进行集成，耦合 PSR 模型和黄金分割方法，对世界保护区数据库（WDPApol2010）中的全球陆地 Top 500 国家公园进行保护优先性评价。结果表明：1）这些国家公园分布在 82 个国家，覆盖面积 $258.9 \times 10^4 \text{ km}^2$ ，占全球国家公园总面积($404.6 \times 10^4 \text{ km}^2$)的 64%。2）南美和非洲占据半壁江山，亚洲和澳洲占据 1/4~1/3，北美和欧洲占据 1/6~1/5。3）澳大利亚数量最多（63 个），巴西面积最大（ $27.1 \times 10^4 \text{ km}^2$ ），加拿大数量和面积都排第三。4）森林分布最广（ $110.2 \times 10^4 \text{ km}^2$ ），草地次之（ 47.3×10^4

km²), 湿地偏少 (4.3×10^4 km²), 人工表面最少 (0.03×10^4 km²)。5) 保护优先性值分布为[5~1458], 最高为加拿大帕卡斯夸国家公园, 最低为玻利维亚图纳里国家公园。结论: 积极推进全球国家公园量化评估技术, 对建立与我国国际地位相符的国家公园体制机制大有裨益。

关键词: 国家公园, 保护优先性, 土地景观, 遥感

关于建立国家公园体制的思考与建议

朱彦鹏

中国环境科学研究院, 北京 100012

中共十八届三中全会提出的建立国家公园体制是对我国现行自然保护区体系和管理体制的重大改革, 根本目的是为了解决我国自然保护区建设和管理中存在的种类多、数量大、范围交叉重叠, 多头管理、权责不清、生态系统完整性人为割裂, 保护与开发利用矛盾日益突出等主要问题。本研究从生态系统的整体性保护出发, 结合我国国情, 参照国际经验, 认为建立国家公园体制, 应构建以自然保护区和国家公园为主体的自然保护区体系, 并根据综合生态系统管理思想和精简、统一、高效的机构改革原则, 建议由一个部门负责国家公园的管理, 行使国家公园范围内自然资源监管、生态保护等职能。此外, 在建立管理有效、运行高效、权责统一、符合国情的国家公园行政管理体制的同时, 应逐步建立和健全我国国家公园基本管理制度和配套政策, 稳步推进建立我国国家公园管理体制。

关键词: 国家公园体制, 自然保护区体系, 管理机制

National Park Management system and ecotourism development in Russian

张玉钧, Aiuna Radnaeva

北京林业大学, 北京 100083

National Parks are one of the most important categories of protected natural areas in Russia. National Parks include natural complexes and objects, which have unique ecological, historical, and cultural values and are of national significance. During the investigation of Baikal region, especially Zabaikalsky National Park, we found out different ecotourism development issues: national park management system, facilities, functional zones, ecotourism recreational activities, tour routes and etc.

Keywords: National Parks, Zabaikalsky National Park, ecotourism development

三江源国家公园体制试点的路径探索

马洪波

青海省委党校，青海 西宁 810001

国家公园的理念来源于美国，但在向世界其它国家传播时内涵不断发生变化。面对土地权属复杂多元、原住民众多的难题，英国国家公园建设走出了符合国情的新路。我国云南等地在尝试国家公园模式时虽然取得了一些经验，但也出现了突出问题。作为中国第一个真正意义的国家公园，三江源国家公园体制试点要坚持生态保护优先原则，突出国家公园的国家性、公共性和公益性；要增强国家公园体制试点实施方案和相关规划的科学性和权威性；要建立多元共治、发挥农牧民群众主体作用的保护管理体制。

关键词：三江源国家公园，体制试点，路径探索

国家公园国际案例比较研究及对中国国家公园体制建设的建议

万旭生

天恒可持续发展研究所，北京 100086

自国家决定建立国家公园体制以来，围绕国家公园试点建设，衍生了一系列的关于国家公园理念、定位、立法、管理、资金方面的讨论，尤其是针对下述一些问题：中国应该建设什么样国家公园，如何定位国家公园和保护地体系的关系，如何处理当前与长远的关系，中央与省区、不同部门间的管理定位与管理职能划分等。这些问题触及到了一个根本：如何平衡保护与发展，以在多大程度上改革固有的模式？

为获取更具有原真性的经验，本研究在全球范围内选取国家公园建设具有代表性的六个国家，美国、巴西、南非、新西兰、德国和俄罗斯，邀请该国具有资深经验的学者，同时也是国家公园的管理者和亲历者，提供国际案例研究报告。在此基础上，本研究细致剖析和比较了国际上国家公园体制建设和管理的多个方面，主要包括理念、规划、管理、法律基础和资金机制等，筛选出适宜在中国试验、复制、推广和进一步创新的国家公园体制建设和管理的模式 and 政策建议，以期为中国国家公园体制建设提供决策参考。

生态系统服务评估与自然资本保护

郑华

中国科学院生态环境研究中心，北京 100085

生态系统服务评估是科学认识生态系统服务、有效连接自然生态系统与社会经济发展的

重要手段。报告将全面介绍生态系统服务的基本特征，论述生态系统服务评估方法及其应用案例；探讨生态系统服务评估在自然资本保护中的重要作用；总结基于生态系统服务的自然资本保护途径，展望自然资本保护的原理、方法和趋势。

关键词：生态系统服务评估，生态系统服务，自然资本

国家公园财政事权和支出责任划分的研究

邓毅

湖北经济学院，湖北 武汉 430205

国家公园财政事权是指一级政府应承担的运用财政资金提供国家公园基本公共服务的任务和职责，支出责任是政府履行财政事权的支出义务和保障。国家公园事权划分是国家公园资金保障机制的核心内容，是合理划分各级国家公园上的支出责任，完善国家公园转移支付制度，形成财力与事权相匹配的财政体制的重要前提。由于国家公园财政事权具有多维性，政府层级具有多重性，事权划分原则也并不是唯一的，导致不同构成要素的事权在不同实施环节由不同层级政府分别行使会产生高度复杂的组合，由此决定了国家公园财政事权划分的复杂性。我国国家公园财政事权建立在原各类保护地事权划分的基础上，存在着政府在保护地管理上的职能定位不清、中央与地方保护地财政事权和支出责任划分不合理、中央和地方职责交叉重叠共同承担事项过多、专项转移支出在各部门间重复设置等问题，影响到财政资金的使用效率，也不利于自然资源的合理使用和保护。

国家公园财政事权应纳入中央和地方财政事权和支出责任划分改革的大框架中，明确其以中央事权为主，设立中央政府层级的国家公园管理机构承担国家公园管理的主体责任，处理国家公园改革带来的职能调整以及人员、资产划转等事项，并配合推动制订或修改相关法律、行政法规中关于财政事权和支出责任划分的规定。同时，科学界定地方政府的国家公园财政事权以及中央和地方共同事权的范围，形成各级政府财政事权配置合理，事权边界清晰的，事权运转高效的国家公园事权划分格局。按照事权和支出责任相适应的原则，划分各级国家公园上的支出责任，凡属中央的国家公园财政事权，由中央财政安排经费；凡属地方的国家公园财政事权，由地方通过自有财力安排；属中央和地方共同的财政事权，由中央和地方按比例或中央给予适当补助的方式承担支出责任。重构国家公园转移支付体系，整合归并原分散在各部门的专项支出，压缩专项转移支出规模，由中央层面的国家公园管理局统筹安排专项转移支付资金。

关键词：国家公园，财政，事权

从社会选择看生态系统服务需求

何思源

北京师范大学, 北京 100875

生态系统服务是指生态系统对人类福祉的直接和间接贡献。国家公园的管理目标是“保护为主, 全民公益性优先”, 强调保障通过保护自然资本使得人类福祉得以可持续。如果将自然资本概念引入作为一种保护地类型的国家公园管理, 则其管理目标可以被解读为使国家公园作为自然资本可以可持续的提供生态系统产品和服务。这个管理过程联结自然生态系统和人类社会经济系统, 从自然资本的获取, 到投入人力资本、社会资本和建成资本以最终实现商品和服务为人类带来福祉。

研究拟使用武夷山国家公园试点区作为一个案例, 从生态系统服务需求角度出发分析其生态系统服务受益人对各类生态系统服务的选择和生态系统服务间的权衡; 评估现有生态系统产品和服务管理的不足并从“保护兼容性”出发寻求国家公园试点区建设过程中可能的改进, 特别是涉及到原住民关键生计所依赖的生态系统物质供给与受益面更广泛的作为公共产品的生态系统其他类型服务的协调的可能解决之道。

关键词: 生态系统服务, 国家公园, 权衡, 生态系统服务受益人, 保护地管理

基于管理目标的国家级自然保护区新分类方法研究

黄木娇

北京林业大学自然保护区学院, 北京 100083

自然保护区的类型划分是自然保护区管理的前提, 根据类型的不同采取不同的管理手段。本研究分析了中国的自然保护区分类和 IUCN 分类体系的现状, 归纳总结了自然保护区分类的研究进展, 前人研究中保护区类型的划分及保护区分类方法比较, 最后根据中国自然保护地分类体系现状, 构建了一套包括 4 个一级指标, 13 个二级指标的分类评价指标体系, 提出了基于管理目标的定量赋值和计算的保护区分类方法, 将我国的 123 个国家级自然保护区划分为严格保护自然保护区、国家公园、物种/栖息地自然保护区、自然景观保护区和生态功能与资源管理保护区 5 种类型, 各类的保护区个数分别为: 24、11、37、35 和 16, 其中国家公园占样本保护区总面积的 80.85%, 其次是物种及栖息地管理自然保护区, 面积占样本总面积的 12.84%。严格保护类型自然保护区主要分布于我国的东南、西南、华中和东北, 国家公园主要分布在我国西南、西北和东北, 物种及栖息地管理保护区在全国分布较为均匀, 自然景观保护区主要分布在东部和中部地区, 生态功能与资源保护区主要分布在东北、华北和华中地区。自然保护区新分类结果基本符合我国实情, 可以为我国保护区重新分类提供参考。最后, 本文对保护区新类型与现有保护区类型的关系以及保护区新分类方法的应用性进行了探讨。

关键词：自然保护区，分类，指标体系

生态保护与地区发展：以重庆金佛山自然保护区珙桐保护现状与方竹林经营策略为例

钱深华¹, Cindy Tang², 杨永川¹

1 重庆大学, 重庆 400044

2 云南大学, 云南 昆明 650091

建立自然保护区的重要目的之一就是通过有效的手段保护生物多样性，以及相关的自然、文化资源。然而，保护区的建立与当地社会经济发展之间常会产生矛盾。通过对重庆金佛山国家级自然保护区内珙桐群落结构和更新现状的调查，探讨了区内金佛山方竹林的经营与珙桐群落现状的关系。调查结果显示，中小径级的珙桐主干（胸径级0—25厘米；高度>1.3米）在群落中严重缺失。群落的高度级分布呈单峰型，珙桐及伴生种的高度集中分布在16—28米的高度级，灌木和亚乔木层除方竹以外的物种个体严重缺失。由于保护区建立后，方竹林的经营多由个人变为合同承包制；市场持续增加的竹笋需求和本地竹笋制品产业的不断发展，使得保护区工作参与者在在不违背现有政策的前提下，采取多种方法最大程度抚育竹林。由于现有的珙桐保护政策只重视大个体的存活，未来应重点结合珙桐等孑遗物种特有的生活史对策，以及森林更新的过程和机理，制定更有效的措施以平衡竹林经营与森林的可持续更新。

关键词：自然保护区，珙桐，保护有效性，孑遗物种，竹林经营

中国珍稀濒危药用植物多样性的分布热点及保护空白

池秀莲¹, 张则瑾², 徐晓婷¹, 唐志尧²

1 中国中医科学院中药资源中心, 北京 100007

2 北京大学城市与环境学院生态学系, 北京 1000871

药用植物资源是中医药产业发展的物质基础，种类约占中国高等植物的三分之一左右，是中国生物多样性的重要组成部分。人类活动和气候变化等多种因素的综合作用使得大量药用植物濒临灭绝，保护药用生物资源刻不容缓。研究根据官方最新高等植物红色名录及有关文献药用记载，初步确立了602种中国珍稀濒危药用植物（隶属于134科337属），并收集了其中534种植物的县级分布记录，以此为基础研究了中国珍稀濒危药用植物多样性的分布格局及其热点地区。结果显示：珍稀濒危药用植物广泛分布在全国1708个县域内，主要集中在我国西南部地区，且物种丰富度呈现南高北低的格局；结合“5%物种最丰富算法”和“互补算法”共确定了41个物种丰富度高且互补性强的热点县市；国家级和省级自然保护区系

统对这些热点县市存在较大的保护空缺,在进行中国珍稀濒危药用植物的保护规划时,应该优先考虑保护空缺区域。本研究的开展为中国药用植物资源的优先保护决策提供了科学依据。

关键词: 药用植物, 物种丰富度, 热点地区, 保护空缺

国家公园内传统村落保护发展的现状与对策——以中国最后一个原始部落翁丁古寨为例

欧阳志勤¹, 李立雄¹, 周庆², 董云仙¹, 谷唯实¹

1 云南省环境科学研究院, 云南 昆明 650034

2 云南湖柏环保科技有限公司, 云南 昆明 650034

国家公园(National Park)是指国家为了保护一个或多个典型生态系统的完整性,为生态旅游、科学研究和环境教育提供场所,而划定的需要特殊保护、管理和利用的自然区域。南滚河是一个庞大的野生动物天然家园,是一座保存完好的天然植物园,是人类灵魂的栖息地,是“秘境中的秘境”;拟建南滚河国家公园,区内的翁丁古寨具有独特的人文资源,是中国最后的佤族原生态古村落,是中国古村落文化最后的活体,是人类社会的“活化石”,也是佤族文化起源地。随着乡村旅游业的开发利用,2011年翁丁古寨被评为国家3A级景区,2012年列入第一批中国传统村落名录。目前正以南滚河国家公园景区建设为载体,按照4A级景区标准建设,然而,在开发利用和建设翁丁古寨过程中,存在一些问题和争议,为此,作者们提出加强翁丁古寨保护发展的一些对策和建议。

关键词: 国家公园, 传统村落, 保护发展, 翁丁古寨, 现状, 对策

专题 11.生物资源开发利用与生物多样性保护政策和法规(召集人：武建勇)

生物资源与生物多样性政策规划及发展态势

王玥, 许丽, 徐萍, 于建荣

中国科学院上海生命科学信息中心, 上海 200031

近年来,随着环境的恶化,全球范围内的生物多样性遭到严重破坏,生物资源日益枯竭,已经开始对人类的生存和发展造成严重的影响。国际社会已经意识到这种局面可能给人类带来的严重后果,并制定了一系列的政策、法规,并开展了一系列相关的科学研究,以期找出生物多样性与生物资源丧失的根源,并探索缓解和解决的途径。本报告选取联合国、国际组织、欧盟以及美国、英国、加拿大、俄罗斯、荷兰、捷克和中国作为分析对象,对相关机构制定的生物多样性和生物资源政策、规划和资助项目进行了分析,同时选取了 DNA 条形码这一科研热点领域进行了计量分析,以期从中发现国际社会对这一领域的重点关注方向,并探讨这一领域目前的发展现状及发展趋势。

关键词: 生物资源与生物多样性,政策规划,发展态势,DNA 条形码

生物遗传资源获取与惠益分享国家立法进展

武建勇

环境保护部南京环境科学研究所, 江苏 南京 210042

生物遗传资源是一个国家的战略资源,是生物产业发展的重要物质基础,对农业和生物技术产业的发展尤为关键,是关系到人类粮食安全、生物安全与可持续发展的关键性战略资源。然而,由于各国生物遗传资源存在巨大的禀赋差异,发达国家的科学研究机构、种子公司、制药企业,在生物多样性集中分布的发展中国家寻找和开发植物、动物、微生物中有商业价值或研究价值的生物资源,即“生物剽窃”(bio-piracy)。处理好生物遗传资源的获取、惠益分享与知识产权保护,已成为亟待解决的重要国际问题。

至《生物多样性公约》1993年生效以来,许多国家陆续都已专门立法对本国生物遗传资源进行保护。据初步统计,目前已有60个缔约国拥有相应的法律措施来管理遗传资源的获取和惠益分享。与中国国情相似的印度、澳大利亚、巴西等生物遗传资源丰富的国家都已经通过了本国立法。印度早在2002年通过了《生物多样性法》,2004年又颁布实施了《生物多样性条例》,2014年又制定了《遗传资源及相关传统知识获取规则指南》;巴西继2001年颁布了第2.186-16号《临时措施》后,又于2015年制定了遗传资源和相关传统知识的获取和惠益分享第13.123号法。中国将在2016年9月6日成为《名古屋议定书》缔约方,正在积

极研究起草的《生物遗传资源获取管理条例》也列入了国务院法制办立法计划 (http://news.xinhuanet.com/politics/2015-09/02/c_128191201.htm)。

关键词：生物遗传资源，国家立法

论种质资源国家惠益分享法律机制

李一丁

贵州大学法学院，贵州贵阳 550025

新《种子法》提出“种质资源国家惠益分享方案”规定。这一规定不仅是对“国家对种质资源享有主权”规定的细化，也是我国种质资源境内外获取、开发、利用领域的一项重要制度创新。我国可采取多重路径实现“种质资源国家惠益分享方案”规定，如创设生物遗传资源获取和惠益分享专门法律、完善我国种子法律体系、确立农民育种权利及其权利构成等。

关键词：种质资源国家主权，获取和惠益分享，《种子法》修改，农民育种权利

生物多样性丧失监测实践：典型物种丧失的市场监测与野外监测

侯满福^{1,2}，武建勇³

1 北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室(广西师范学院)，广西 南宁 530001

2 广西师范大学环境与资源学院，广西 桂林 541004

3 环境保护部南京环境科学研究所，江苏 南京 210042

监测；野外样地监测则选择近年来流失严重的山茶属金花茶组的种类，在弄岗国家级保护区边界外围附近设置调查样地和样线，并于2年后进行回访调查，评估金花茶种群流失量及其动态变化。调查结果表明，南宁市花鸟市场交易的野生兰科植物13属约60种，主要是石斛属、兜兰属和兰属的种类，广西本地野外采集上市的数量约4000株(丛)/年。野生兰科植物从采集、批发—零售至家庭形成了多个环节、稳定的流通途径，并有不断壮大的趋势。金花茶2014年末一个年度的初期流失量平均占分布地资源量的50.16%，最严重的达98.86%。之后的两年内，原存幼苗可以适当补充流失数量，扩大种群。市场调查对自然种群的影响无法评估，野外实地调查对于种群的变化需要更长期和详细的数据评估。

关键词：生物多样性丧失，市场监测，样地监测，兰科植物，金花茶

对外合作与交流中的遗传资源保护

赵富伟

环境保护部南京环境科学研究所, 江苏 南京 210042

遗传资源是国家战略资源,是经济社会可持续发展的基础,是生物产业健康发展的物质保障,其拥有量是衡量一个国家综合竞争力的重要指标。我国是全球12个生物多样性大国,遗传资源十分丰富。然而,遗传资源流失形势十分严峻,特别是对外合作与交流中的遗传资源流失现象较为突出。我国于2016年9月8日成为《<生物多样性公约>关于获取遗传资源和公正公平分享其利用所产生惠益的名古屋议定书》的缔约方,应当履行保护遗传资源、公平分享惠益的权利和义务。2014年,多部门联合发布《关于加强对外合作与交流中生物遗传资源利用与惠益分享管理的通知》,规范对外合作与交流中遗传资源利用和惠益分享活动。按照相关国际法和国内法规政策的要求,科研教育单位应当建立遗传资源对外合作与交流台账制度,记录遗传资源来源、去向、合作者、用途、开发利用情况等相关信息;应当采取遗传资源获取、利用和惠益分享的措施;鼓励在我国境内开展科研工作,中国科研人员参与核心研发工作;与外方签订的合作协议应当明确知识产权共享、技术转让等惠益分享措施;等等。遗传资源获取与惠益分享措施的实施,有助于防止遗传资源通过对外合作与交流活动流失,有助于提升我国遗传资源科技研发实力,有助于促进我国生物产业发展。

关键词: 遗传资源, 惠益分享, 对外合作与交流

全球生物剽窃案例分析与中国应对措施

王艳杰¹, 武建勇², 薛达元³, 赵富伟²

1 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081

2 环境保护部南京环境科学研究所, 江苏 南京 210042

3 中央民族大学生命与环境科学学院, 北京 100081

生物剽窃(bio-piracy)是中国和许多生物多样性丰富的发展中国家面临的严峻问题。发达国家的生物技术公司常利用不正当的方式获取发展中国家的遗传资源及相关传统知识,再通过生物技术开发和产品专利保护的形式,从提供遗传资源的发展中国家市场牟取暴利。通过文献、数据库及相关网站的查询,收集了国内外近30年来在农业、生物制药、化妆品及其他工商行业的108个生物剽窃案例,并根据应用领域、资源对象、利用机构、资源用途、资源原产地、惠益分享情况及我国生物剽窃情况等方面对生物剽窃的特点进行了分析,针对生物剽窃问题和我国在遗传资源及相关传统知识保护方面的法律和机构体制的不足,提出制定遗传资源及相关传统知识获取与惠益分享的国家法规与制度体制,包括获取遗传资源时实施“事先知情同意程序”,并以“商定条件”确保资源提供方与使用方之间公平公正的惠益分享,同时加强政府机构的管理能力。

关键词：生物剽窃，惠益分享，遗传资源，传统知识，生物多样性

我国生物多样性保护政策中的检验检疫制度分析

李明福

中国检验检疫科学研究院，北京 100176

巨量贸易、跨境电商等造成物种跨境海量和行为的复杂性。 本文通过大量的数据和事例，表明出入境物种查验、检验检疫在防止外来物种入侵，遏制物种资源丧失和流失中发挥的重要作用。同时由于重要制度缺失、查验鉴定能力不足、公众参与度不高等影响了检验检疫在生物多样性保护中作用的发挥。作者重点对现行制度中出入境物种资源检验检疫的缺失分析，结合国内外立法情况，提出如何完善生物多样保护制度体系，特别是进一步明确国家物种资源获取和分享制度中检验检疫的地位和作用，进行了阐述。作者认为，检验检疫在未来国家生态文明建设、国家生物安全保障中不仅不能缺席，而且要通过制度创新和供给侧改革，更好地满足经济和社会发展需要，更好地服务我国的生物多样性保护。

关键词：物种查验，检验检疫，制度，缺失分析

获取与惠益分享制度适用于中医药领域的研究

戴蓉^{*1} 武建勇^{*1} 陈功锡²

1 环境保护部南京环境科学研究所，江苏 南京 210042

2 吉首大学植物资源保护与利用湖南省高校重点实验室，湖南 吉首 416000

随着世界生物技术的进步，中医药领域的“生物海盗”现象越发频繁，对我国中医药传统知识的肆意掠夺严重侵害了我国的权益，同时导致了相关遗传资源及其传统知识的流失。中医药领域传统知识关系我国实施知识产权战略的重大问题，其的获取与保护已广泛引起国际社会的关注，并日益成为世界的热点研究议题，中医药领域的获取与惠益分享制度研究迫在眉睫。本文基于《名古屋议定书》获取与惠益分享的管制框架，从获取与惠益分享制度适用于中医药领域存在的问题、获取的主客体、来源披露制度、事先知情同意制度、共同商定条件、惠益分享等方面进行分析，以期在现行一般知识产权的保护措施基础上，促进中医药传统知识获取与惠益分享特殊保护制度的构建，促进中医药传统知识的保护体系的完善。

关键词：获取与惠益分享，中医药，适用，制度研究

专题 12.全球变化与动植物种间相互作用研究（召集人：肖治术）

高山草甸群落传粉者混访网络与异种花粉传递网络的关系

方强¹, 黄双全²

1 河南科技大学, 河南 洛阳 471023

2 华中师范大学, 湖北 武汉 430070

近年来, 人们在不同类群的植物中观察到一种传粉动物, 往往会在多种开花植物上觅食。传粉者访问群落中的多种植物, 可能造成花粉在不同植物物种之间传递。异种花粉传递不仅减少了花粉到达同种植物柱头的机会, 同时柱头上落置异种花粉, 也将影响同种花粉在柱头的萌发、生长乃至受精。传粉者在种间的混访, 可能一定程度上提高了传粉者的觅食效率, 但混访引起的异种花粉传递对花粉供体、花粉受体植物双方都不利。一个零假设认为传粉者在植物种间的混访频率越高, 将会造成更多和更高比例的异种花粉传递。为深入研究群落水平植物与传粉者、植物与植物之间传粉竞争的关系, 我们在一个有14种开花植物的高山草甸中, 定量比较了传粉者种间混访网络和植物间的异种花粉传递网络。结果表明传粉者混访只占总访问量的4%, 但是异种花粉量却占到柱头总花粉量的22%。平均每种植物分别接受来自6.9种植物的混访和9.7种的异种花粉传递。尽管两个网络很大程度上是相互匹配的, 两个网络在定性分析上没有显著差异, 但定量分析上有显著差异。有21.6%的传粉者混访没有对应的异种花粉传递, 44.1%的异种花粉传递没有对应的混访。与预测一致, 植物接受了较多的传粉者混访, 倾向于将更多的花粉散布到其他植物的柱头上。但是, 那些接受了较多的、较频繁混访的植物, 其柱头上落置的异种花粉却较少, 与零假设的预测相反。这些结果首次揭示了自然群落中, 传粉者混访和异种花粉落置之间存在着负相关关系, 揭示了共存的开花植物之间降低异种花粉传递的适应策略。同域开花的植物, 只有花部结构能限制异种花粉落置的(即接受较少异种花粉的)植物, 自然选择才容忍较为频繁的传粉者混访。这一研究为人们从种间传粉竞争的角度认识物种共存、避免种间生殖干扰和物种多样性的维持机制提供了思路。

关键词: 动植物互作, 传粉网络

生态位分化形成促进性的传粉互作与群落结构的维持

叶忠铭^{1,2}

1 中国科学院武汉植物园, 湖北 武汉 430074

2 江西省水土保持科学研究院, 江西 南昌 330029

植物共存一直是生态进化学家关注的一个热点问题,本研究从植物生活史的关键环节——传粉生物学的角度研究植物共存的机制。以往的分析主要集中在阐述植物间的传粉影响方面,致力于从传粉角度阐述群落结构的维持,物种共存机制的思考不够多。在本研究中,我们对9个群落连续两年(2012, 2013)进行传粉研究构建传粉网络,在此基础上,筛选了三个对群落传粉网络结构维持最重要的强传粉吸引能力植物物种作为目标材料,密穗马先蒿(*Pedicularis densispica*)、黑毛黄芪(*Astragalus pullus*)和滇西委陵菜(*Potentilla delavayi*),以进一步研究三种植物之间的传粉相互关系以及群落环境对其的影响。结果表明,三种植物有明显的主要传粉者类群分化,并且三种目标植物之间存在明显的传粉促进作用,而传粉者丰度和植物多样性与三种植物传粉频率有着明显的正相关关系。因此,我们认为强传粉吸引植物之所以能在一个群落中稳定共存,主要是通过传粉生态位分离形成的传粉促进导致的。

关键词: 传粉相互作用, 植物间相互作用, 物种共存

玉龙雪山传粉网和植物特化水平的生态进化影响

赵延会, 王红

中国科学院昆明植物研究所, 云南 昆明 650201

植物-传粉者互作的特化水平是传粉生态学和传粉网领域的研究核心。海拔梯度是探讨传粉网特化水平空间变化和生态进化影响的理想模式系统,但目前该方面研究仅局限于阿尔卑斯山。以往研究表明同一传粉网内极泛化至极特化的植物均有代表,但植物特化水平影响因素的研究却鲜有报道。基于上述问题,我们在丽江玉龙雪山选择了4个沿海拔分布的亚高山或高山草甸(2700-3900米),在一年内的整个开花季节分别进行了9次落物种相互作用调查,并结合访花昆虫携粉分析构建了36个传粉网,进而在网络和物种水平分析特化水平的空间变化。另外,引入DNA条形码技术重建群落中植物和传粉者的系统发育树,并标定了每种植物的5个花部性状,从而判断影响特化水平的关键因子。研究发现玉龙雪山传粉网均有显著的特化水平,但其特化水平显著低于同纬度其它地区。随着海拔升高传粉网特化水平逐渐升高,暗示传粉网在高海拔更易受到气候变化等不利因素的影响。研究还发现具有低物种丰富度和低植物系统发育信号的传粉网更加特化。植物物种特化水平(传粉者多样性指数、选择性指数)在群落间有显著差异:植物的传粉者多样性随海拔升高逐渐降低;而植物的选择性在一个中海拔群落最低。植物物种特化水平影响因素的分析结果表明,群落内具有两侧对称及较大花的植物吸引更多样的传粉者,同时降低了植物种间传粉者共享,这是该地区植物对传粉者限制和种间花粉干扰的适应的典型特征。上述研究结果对深入认识该地区较高物种多样性的产生和维持机制具有重要意义。另外,本研究明确了各群落内对网络稳定性有更重要作用的泛化物种,为该地区生物多样性的保护提供重要依据。

关键词: 传粉网, 特化水平, 海拔, 系统发育, 花部性状

全球植物损伤纬度梯度格局及影响因素分析

张霜, 张育新, 马克明

中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085

In the past, it was widely accepted that herbivory decreased with latitude. However, several empirical studies have failed to support this hypothesis, leading to strong debate. In addition to providing a quantitative assessment of the latitudinal gradient in herbivory, our study aims to provide new information about the role of climatic factors in shaping the latitudinal gradient in herbivory. Through the collection and analysis of published data on herbivory, we tested the latitudinal herbivory hypothesis (LH hypothesis) and the relationship of temperature and precipitation to herbivory. Based on 1890 data points distributed world-wide from more than 1000 plant species, our results show that herbivory decreased with latitude and increased with temperature only in the Northern Hemisphere. In contrast, in the Southern Hemisphere, herbivory did not have a relationship with latitude and tended to decrease with temperature. This study shows the LH hypothesis is supported only in the Northern Hemisphere and highlights the importance of temperature in explaining the pattern of herbivory at the global scale. These possible hemispheric asymmetries in herbivory should not be overlooked in future studies.

Keywords: herbivory, latitudinal gradient

气候变化影响“植物-昆虫”互作关系——以CO₂倍增对“棉花-棉蚜”互作关系的影响为例

江守林, 代阳, 陈法军

南京农业大学植物保护学院昆虫信息生态实验室, 江苏 南京 210095

大气CO₂浓度升高是气候变化的重要特征之一, 不仅直接影响植物生理生化特征, 而且还间接对植食性昆虫生物学特性产生影响。本研究通过刺吸电位图谱(EPG)技术检测棉蚜取食行为对CO₂倍增的响应, 同时测定寄主棉花叶片的显微结构和可溶性成分来衡量CO₂升高下植物叶片结构和营养品质变化对棉蚜口针刺探和食物品质可塑性的影响, 进而从植物“物理抗性”和“抗生性”角度来明确植物对大气CO₂升高的响应。研究表明: 1) CO₂倍增显著增加棉蚜成虫鲜重、繁殖力和种群丰度; 2) CO₂倍增显著影响棉蚜的取食行为, 即明显改变了EPG记录参数, 包括增加静息状态(移动、搜寻取食位点), E2<8min(韧皮部持续摄食少于8min), 1st E2>8min(首次韧皮部持续摄食超过8min)的持续时间, 以及减少E2>8min的持续时间; 3) CO₂倍增显著影响叶片显微结构, 表现为上表皮变薄和下表皮、海绵组织以及栅栏组织加厚。因此, 可以推测当寄主植物暴露于加倍CO₂环境下, 棉蚜会消

耗更多的时间穿刺更厚的叶片下表皮和海绵组织；4) CO₂倍增显著增加叶片可溶性组分，包括可溶性糖、游离氨基酸、游离脂肪酸和总可溶物，此结果与叶片膨压的显著增加和渗透势的显著降低相符合。可见，CO₂倍增环境下，棉花叶片膨压和叶可溶性成分的增加有利于棉蚜的摄食，这也致使成蚜鲜重、繁殖力和种群丰度增加。综上所述，CO₂倍增改变棉花叶片显微结构和可溶性组分，进而影响棉蚜取食行为。在未来气候变化下，蚜虫的管理对策仍需要更深入的研究。

关键词：CO₂倍增，棉花，棉蚜，物理抗性，抗生性，刺吸取食行为

Defense pattern of Chinese cork oak across latitudinal gradients: influences of ontogeny, herbivory, climate and soil nutrients

Xiao-Fei Wang, Jian-Feng Liu, Ze-Ping Jiang

Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091

Knowledge of latitudinal patterns in plant defense and herbivory is crucial for understanding the mechanisms that govern ecosystem functioning and for predicting their responses to climate change. Using a widely distributed species in East Asia, *Quercus variabilis*, we aim to reveal defense patterns of trees with respect to ontogeny along latitudinal gradients. Six leaf chemical (total phenolics and total condensed tannin concentrations) and physical (cellulose, hemicellulose, lignin and dry mass concentration) defensive traits as well as leaf herbivory (% leaf area loss) were investigated in natural Chinese cork oak (*Q. variabilis*) forests across two ontogenetic stages (juvenile and mature trees) along a ~14°-latitudinal gradient. Our results showed that juveniles had higher herbivory values and a higher concentration of leaf chemical defense substances compared with mature trees across the latitudinal gradient. In addition, chemical defense and herbivory in both ontogenetic stages decreased with increasing latitude, which supports the latitudinal herbivory-defense hypothesis and optimal defense theory. The identified trade-offs between chemical and physical defense were primarily determined by environmental variation associated with the latitudinal gradient, with the climatic factors (annual precipitation, minimum temperature of the coldest month) largely contributing to the latitudinal defense pattern in both juvenile and mature oak trees.

Keywords: Defense, herbivory, ontogeny, latitude, *Quercus variabilis*

土壤动物群落多度-大小关系的背景依赖性研究

徐国瑞¹, 张霜², 林英华², 马克明²

1 中国科学院西双版纳热带植物园, 云南 西双版纳 666303

2 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085

生物群落特征以及其如何响应环境变化是生态学期长期关注的一个根本问题。多度-大小关系可以成为表征环境变化背景下的群落结构变化和功能响应的综合性指标。不同时间背景下土壤动物多度-大小关系的变化受温度变化自身驱动, 或是其他环境因素变化的驱动, 哪类因素的相对作用更大, 目前并不清楚。本研究分别在生长季和休眠季检验土壤动物多度-大小关系海拔格局, 以及驱动这种格局的气候(温度、光照、水分)与资源(资源的质量与数量)两类因素的相对重要性, 研究发现, 土壤动物的多度-大小关系在不同时空条件下稳定存在, 但不同季节海拔格局不同, 相对大的土壤动物在生长季随着海拔升高获利更多, 相对小的土壤动物在休眠季获利更多。土壤动物多度-大小关系具有背景依赖性: 温度是影响海拔梯度上土壤动物多度-大小关系的根本驱动因子, 凋落物质量在生长季(分解加速期)起作用而凋落物数量主要在休眠季(分解初期)起作用。

关键词: 多度-大小关系, 温度, 土壤动物, 元素化学计量, 时空变异, 海拔

Intra-and inter-specific variation in alarm pheromone produced by *Solenopsis* fire ants

陈立

中国科学院动物研究所, 北京 100101

The imported fire ants, *Solenopsis* spp. (Hymenoptera: Formicidae) are invasive species in the southern United States that have competitively displaced native fire ant in the region. Although this pattern of displacement is well known, the underlying mechanisms which mediate its competitive advantage remain unclear. We hypothesized that the quantity of alarm pheromone, which plays a major role in alarm communication among ant nestmates, mediates the competitive ability and fitness of sympatric and congeneric fire ant species. Here we report intra-specific (i.e. inter-caste) and inter-specific differences in alarm pheromone in *Solenopsis* fire ants. Alarm pheromone was extracted by soaking ants (whole body) in hexane for 48 h and subsequently quantified using GC-MS analysis. The quantity of alarm pheromone differed significantly among the castes of *Solenopsis invicta*. Workers had more alarm pheromone than male or female alate at equal sample weights. However, a single worker contained significantly less alarm pheromone compared to individual male and female alate, indicating that alarm pheromone may serve additional functions in sexual ants. Similarly, when equal weight samples of worker was used to compare alarm pheromone content among three imported fire ant species (*S. richteri*, *S. invicta*, hybrid [*S. richteri* × *S. richteri*]) and a native fire ant species (*S. geminata*), the

imported fire ant species had significantly higher alarm pheromone content than the native species. In addition, the hybrid fire ant had significantly less alarm pheromone than one of its parent species, *S. invicta*. Higher alarm pheromone content may favor invasion success of imported fire ants and their ecological dominance over the native species. These results may explain the observed shifts in the spatial distributions of the three imported fire ant species and the displacement of native fire ant species in the southern United States.

Keywords: Alarm pheromone, *Solenopsis invicta*

从个体到种群解析种子存活与扩散权衡机制

肖治术

中国科学院动物研究所, 北京 100101

分散贮藏的鼠类是许多大种子植物的重要种子传播媒介。种子大小和种子产量对其觅食决策有显著影响, 从而最终影响种子的存活或扩散。基于鼠类对种子大小(种子水平)和种子产量(树或种群水平)的选择作用, 本研究通过建立基于种子大小和种子产量的种子存活与扩散权衡框架来解析种子存活与扩散权衡在种子水平和树或种群水平的相关机制。通过在四川都江堰对油茶种子产量、种子大小、鼠类密度和种子命运等进行了多年的调查研究, 发现在种子歉收年份, 更多种子为鼠类所贮藏, 扩散距离更远, 并有更多贮藏的种子存活到种子萌发和幼苗建成。但随着种子产量或种子相对丰度增加, 种子的搬运速率减慢, 贮藏种子的比例降低, 扩散距离更近, 且二次贮藏的比例也降低, 并有更多种子在原地存活, 但被贮藏种子的存活率也较低。发现在种子水平上大种子有利于扩散, 而小种子有利于存活; 但在树或种群水平上表现为种子产量低有利于扩散(与捕食者扩散假说不一致), 而种子产量高更有利于存活(与捕食者饱和假说一致)。

关键词: 种子扩散, 种子存活, 种子大小, 种子大小年, 权衡

往届研讨会

届数	时间	地点	承办单位
第一届	1994.09.15-17	北京	中科院生物多样性委员会
第二届	1996.11.20-22	北京	中科院生物多样性委员会
第三届	1998.12.11-13	昆明	中科院昆明动物所
第四届	2000.11.21-23	武汉	武汉大学
第五届	2002.11.20-22	杭州	浙江大学
第六届	2004.05.12-14	丽江	中科院生物多样性委员会
第七届	2006.08.03-05	长春	东北师范大学
第八届	2008.10.17-19	金华	浙江师范大学
第九届	2010.11.04-06	厦门	厦门大学 国家海洋局第三海洋研究所
第十届	2012.08.21-23	哈尔滨	黑龙江省科学院自然与生态研究所 黑龙江大学生命科学学院
第十一届	2014.08.14-16	沈阳	中国科学院沈阳应用生态研究所 森林与土壤生态国家重点实验室
第十二届	2016.10.10-12	北京	中国科学院大学