

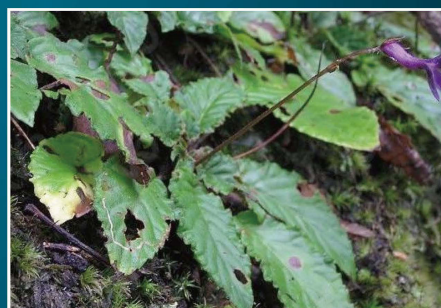
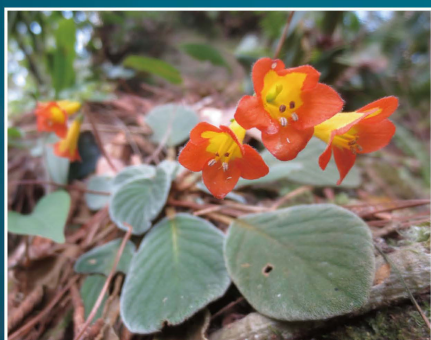
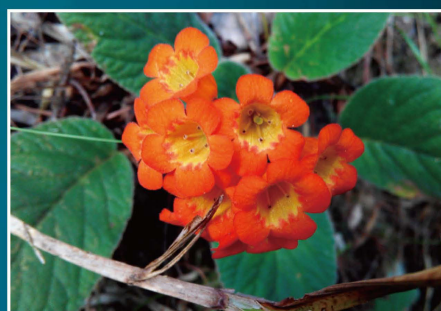
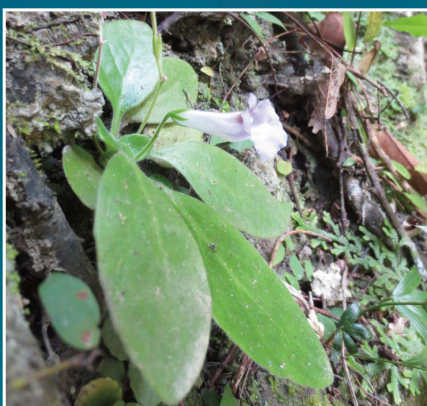
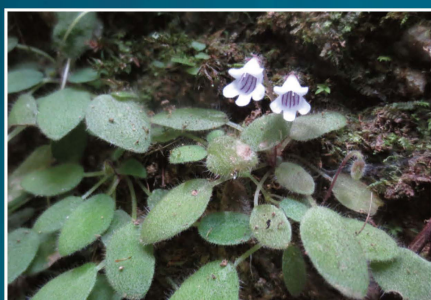
ISSN 1005-0094
CODEN SHDUEM

BIODIVERSITY SCIENCE

生物多样性

第25卷 第8期
2017年8月

Vol. 25 No. 8
August 2017



主 办

中国科学院生物多样性委员会
中国植物学会
中国科学院植物研究所
中国科学院动物研究所
中国科学院微生物研究所

Biodiversity Committee, CAS
Botanical Society of China
Institute of Botany, CAS
Institute of Zoology, CAS
Institute of Microbiology, CAS

<http://www.biodiversity-science.net>

生物多样性

SHENGWU DUOYANGXING

第25卷 第8期 2017年8月

目次

编者按

- 797 第19届国际植物学大会盛况空前,生物多样性科学受到特别关注
马克平

研究报告

植物多样性

- 799 濒危物种长柄扁桃的潜在分布与保护策略
褚建民 李毅夫 张雷 李斌 高明远
唐晓倩 倪建伟 许新桥
- 807 海南岛苦苣苔科植物的地理分布格局与系统发育关系
凌少军 孟千万 唐亮 任明迅
- 816 探讨海南岛生物地理起源上有意义的一些种子植物科和属
朱华
- 823 中国红河地区董棕林乔木树种的物种组成和地理亲缘关系
陈文红 施济普 文军 郭世伟 常艳芬 税玉民

动物多样性

- 830 低头坝驱动山区溪流局域栖息地和鱼类群落的同质化
卜倩婷 李献 朱仁 储玲 严云志
- 840 广东省珠海市近海诸岛水獭现状与保护建议
李飞 郑玺 张华荣 杨剑焕 陈辈乐
- 847 短吻红舌鲷鱼卵、仔鱼的DNA条形码和形态学鉴定
周晓梦 郭书新 宋娜 张秀梅

微生物多样性

- 856 新疆伊犁马铃薯根际芽胞杆菌纯培养多样性
刘国红 刘波 车建美 陈倩倩 林乃铨 崔卫东

综述

- 864 风媒传粉的研究方法探讨
朱亚如 龚燕兵
- 874 葡萄座腔菌科真菌的系统学和多样性探讨
李文英 李夏 解开治 邓旺秋 庄文颖

生物编目

- 886 中国哺乳动物多样性(第2版)
蒋志刚 刘少英 吴毅 蒋学龙 周开亚
- 896 基于红外相机技术的皖南山区森林生态系统兽类资源现状
刘凯 贺君 张继辉 冯俊宇 强顾长明 吴海龙
- 904 《墨尔本法规》中的“后选模式”和“原白”概念及其应用
朱相云

论坛

- 907 探讨我国与邻国共有药用植物的惠益分享机制
刘文静 徐靖 银森录 田瑜 李俊生

书评

- 914 《江苏植物志》修订再版,令人耳目一新
马克平

封面: 海南岛是我国第二大岛,是苦苣苔科物种特有率极高(30%)的地区,自然分布的24个物种中有8个是海南特有种(含1个变种)。凌少军等(见本期807-815页)研究了海南岛苦苣苔科植物的地理分布格局与系统发育关系。封面为8个特有种。左侧由上到下依次是盾叶苣苔、昌江蛛毛苣苔和毛花马铃苣苔;中间依次是烟叶唇柱苣苔和海南蛛毛苣苔;右侧依次是黄花马铃苣苔、锈毛马铃苣苔和扁蒴苣苔。(海南蛛毛苣苔拍摄者为许为斌,其余照片由任明迅提供)。

BIODIVERSITY SCIENCE

Vol. 25 No. 8 August 2017

CONTENTS

Editorial

- 797 **The best case in the history of International Botanical Congress and biodiversity science receiving special attention in the 19th IBC**
Keping Ma

Original Papers

Plant Diversity

- 799 **Potential distribution range and conservation strategies for the endangered species *Amygdalus pedunculata***
Jianmin Chu, Yifu Li, Lei Zhang, Bin Li, Mingyuan Gao, Xiaoqian Tang, Jianwei Ni and Xinqiao Xu
- 807 **Gesneriaceae of Hainan Island: distribution patterns and phylogenetic relationships**
Shaojun Ling, Qianwan Meng, Liang Tang and Mingxun Ren
- 816 **Families and genera of seed plants in relation to biogeographical origin on Hainan Island**
Hua Zhu
- 823 **Composition and geographical affinity of the tree species *Caryota obtusa* forests in the Honghe region, SW China**
Wenhong Chen, Jipu Shi, Jun Wen, Shiwei Guo, Yanfen Chang and Yumin Shui

Animal Diversity

- 830 **Low-head dams driving the homogenization of local habitat and fish assemblages in upland streams of the Qingyi River**
Qianting Bu, Xian Li, Ren Zhu, Ling Chu and Yunzhi Yan
- 840 **The current status and conservation of otters on the coastal islands of Zhuhai, Guangdong Province, China**
Fei Li, Xi Zheng, Huarong Zhang, Jianhuan Yang and Bosco Pui Lok Chan

- 847 **Identification of *Cynoglossus joyneri* eggs and larvae by DNA barcoding and morphological method**
Xiaomeng Zhou, Shuxin Guo, Na Song and Xiumei Zhang

Microbial Diversity

- 856 **Diversity of *Bacillus*-like species isolated from potato rhizosphere soils in Yili, Xinjiang**
Guohong Liu, Bo Liu, Jianmei Che, Qianqian Chen, Naiquan Lin and Weidong Cui

Reviews

- 864 **Methods of wind pollination**
Yaru Zhu and Yanbing Gong
- 874 **Systematics and diversity on botryosphaeriaceous fungi**
Wenying Li, Xia Li, Kaizhi Xie, Wangqiu Deng and Wenying Zhuang

Bioinventory

- 886 **China's mammal diversity (2nd edition)**
Zhigang Jiang, Shaoying Liu, Yi Wu, Xuelong Jiang and Kaiya Zhou
- 896 **Mammal resource status in the mountain forest ecosystems of southern Anhui Province based on camera trap data**
Kai Liu, Jun He, Jihui Zhang, Jun Feng, Qiang Yu, Changming Gu and Hailong Wu
- 904 **The two terms "lectotype" and "protologue" in Melbourne Code and their applications**
Xiangyun Zhu

Forum

- 907 **Mechanisms of benefit-sharing of medicinal plants found in China and neighboring countries**
Wenjing Liu, Jing Xu, Senlu Yin, Yu Tian and Junsheng Li

Cover Illustration: On Hainan Island, 24 species of Gesneriaceae are naturally distributed, among which eight are endemic. Ling et al (pages 847–815) studied the distribution patterns and phylogenetic relationships of Gesneriaceae in Hainan Island: (for details see. The pictures show the eight Hainan-endemic species. From the upper to bottom, they are *Metapetrocosmea peltata*, *Paraboea changjiangensis*, and *Oreocharis dasyantha* in the left column; *Chirita heterotricha* and *Paraboea hainanensis* in the middle column; *Oreocharis flavida*, *O. dasyantha* var. *ferruginosa*, and *Cathayanthe biflora* in the right column. (The picture of *Paraboea hainanensis* was taken by Weibin Xu, and others are provided by Mingxun Ren.)

•编者按•

第19届国际植物学大会盛况空前, 生物多样性科学受到特别关注

马克平*

(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)

The best case in the history of International Botanical Congress and biodiversity science receiving special attention in the 19th IBC

Keping Ma*

State Key Laboratory of Vegetation and Environmental Change, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093

第19届国际植物学大会于2017年7月23–29日在深圳召开, 会议取得圆满成功。本次大会是自1900年第一次大会以来人数最多、规模最大的一次(附录1), 来自77个国家和地区的6,850人注册参会, 盛况空前。共收到摘要3,519份, 作者来自85个国家和地区。在6个主题的249个专题研讨会中, 有1,440个口头报告(附录2), 卫星会议50个; 大会特邀报告50个, 包括5个公众报告、12个全会报告和33个主旨报告, 组成了强大的学术报告阵容, 介绍了当前世界植物学的进展和趋势, 引起国内外同行的强烈反响。此外, 还有壁报1,449篇, 其中打印版壁报716篇。

1 大会展示了植物科学研究的前沿和热点

大会报告、专题报告和壁报涉及植物科学的方方面面, 但以植物系统分类学为基调的特色很突出。包括全会报告和主旨报告的45个大会报告中(附录3), 植物系统进化方面有13个, 内容非常丰富, 以Michael Donoghue教授关于荚蒾属(*Viburnum*)植物的综合性研究为代表, 展示了植物系统进化研究的最新进展, 并对未来如何在组学和大数据的基础上快速发展指明了方向; 生态学方面有5个报告, 展示了植物应对气候变化、植物与传粉者的关系以及生态系统服务等方面的最新进展, 令与会者耳目一新; 植物保护方面有4个报告, 重点介绍了迁地保护方面取得的进展和未来发展的趋势, 很好地呼应了“关注植物, 关注未来”的大会理念; 大数据是本次大会备受关注的主题之一, 有4个报告, 其中Soltis夫妇的报告具有代表性, 展示了如何基于多源异质的数据资源, 包括海量的组学数据, 开展宏

观植物学研究; 组学在农业和遗传发育生理学的多个方面应用都取得突破性进展, 在作物性状优化和品质改良以及种子萌发的分子机制等方面尤为突出。总体而言, 组学(omics)、谱系学(phylogenetics)和大数据(big data)是最受关注的3个词, 在一定程度上反映了植物科学的时代特色。

2 生物多样性科学受到特别关注

在大会上, 随时都可以感受到与会者对生物多样性的关注。从植物多样性的起源、演化到维持机制, 从植物多样性的分类、编目到动态变化监测, 从大数据为标志的生物多样性信息学到基于大数据的大尺度空间格局及其形成机制, 从植物保护到社会经济的可持续发展。大会专门设立了生物多样性、资源和保护专题, 其他5个专题中至少有3个的大部分内容与生物多样性相关。总之, 从口头报告和壁报以及相关的活动中都有很好的体现。

3 关于藻类、菌物和植物命名的深圳法规诞生

7月17–21日, 来自30个国家和地区的100多名代表经过认真讨论和表决, 形成新版《藻类、菌物和植物国际命名法规(深圳)》, 简称《深圳法规》。会议期间, 共审议了会前提交的397项法规修改提案和会上提出的16项提案。形成的决议中有三点特别值得提及: (1)将建立植物和藻类新名称登记制度, 以便在发表新物种时, 可以登记名称和物种的详细信息; (2)增加了如何修订有关藻类、菌物和植物命名条款一章; (3)将所有适用于菌物命名的规则纳入法规中特别的一章, 以后该章将由每四年一次

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: kpma@ibcas.ac.cn

的国际菌物学大会命名法规特别委员会进行修改。

4 发表深圳宣言

不断变化的地球和人类社会需要全球植物科学家群体提出一个整体的、相互协作的解决方案,确定重大行动和优先领域。为此,大会通过了深圳宣言。主要内容包括:(1)为了应对变化和挑战,植物科学研究者要向负责任的科学家和研究群体转型;(2)为了实现全球可持续发展,要进一步强化对植物科学的支持;(3)为了共同的目标,要加强跨国家和跨区域合作,加强跨学科和跨文化合作;(4)为了增进对自然的探索和理解,要建立和应用新技术以及大数据平台;(5)为了明智地利用自然,为了人类的福祉,要加快地球生命的编目研究;(6)为了保护生物多样性,要重视、记载、保护关于植物和自然的文化多样性;(7)为了形成合力,要鼓励公众参与、广泛开展创新性教育和公众科学活动。

5 科学普及受到高度重视

本次大会的科普宣传形式多样且质量很高。首先是邀请5位顶级植物学家作公众报告(附录3),既有Peter Raven博士的植物保护与社会可持续发展,又有杨焕明院士的基因组学与人类未来的演讲,全方位展示了科技对“绿色创造未来”的贡献。主会场的“中国生物多样性保护公益展”以丰富的内容与新颖的展示方式受到中外参观者的称赞;“植物艺术画展”展现出手工植物画极高的艺术水平;“脆弱之魅——喀斯特地貌乡土植物展”让受众亲身体验了喀斯特地貌乡土植物的特色;“中国民间自然保育图片展”体现了社会力量的积极参与。此外,来自15个国家和地区的117个单位展示了自己的产品,如植物工厂生产无污染蔬菜和利用大数据观察生物

种群迁徙等。大会特别设计的4条本地考察路线,即仙湖植物园、兰科植物保护研究中心、华大基因—农业基因组研究所和腾讯—大疆创新科技有限公司,参观者在领略深圳生态与科技之美中体会中国的快速发展。为纪念第19届国际植物学大会在中国举办,深圳市政府在福田红树林生态公园举行了本次大会纪念园建设启动仪式,20余位中外植物学家和公众一起参与活动。多层次多途径多样化的方式,为上万名受众领略“关注植物,关注未来”的理念提供了难得的机会,也为大会增光添彩。

6 颁发重要奖项

为了促进全球植物科学发展,特别是《深圳宣言》7个优先领域行动的实施,大会设立“深圳植物科学奖”,在每届国际植物学大会的闭幕典礼上颁发。首届奖项授予美国科学院院士Peter Raven。在大会闭幕式上,国际植物分类学协会还向中国科学院洪德元院士颁发了“恩格勒金质奖章”。大会期间,云南吴征镒科学基金会和中国植物学会共同设立的“吴征镒植物学奖”之“杰出贡献奖”授予洪德元院士,“青年创新奖”授予中国科学院植物研究所孔宏智研究员和昆明植物研究所高连明研究员。

本次大会的成功有多方面因素,中国社会经济的快速发展和政府的高度重视是重要原因。深圳市与中国植物学会全力办会,习近平主席和李克强总理专门致贺。中国植物科学的进展令人瞩目,在大会上充分体现,成为大会的亮点,将会产生深远影响。“本届大会在短期内很难被超越,甚至很难被复制”。

致谢:中国科学院生物多样性委员会办公室王丹帮助制作附录图表,特此致谢。

附录 Supplementary Material

附录1 历届国际植物学大会基本信息

Appendix 1 Number of participants and location of the IBCs since 1900

<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017222-1.pdf>

附录2 第19届国际植物学大会口头报告在六个主题的分布

Appendix 2 Number of oral presentations for each of six topics

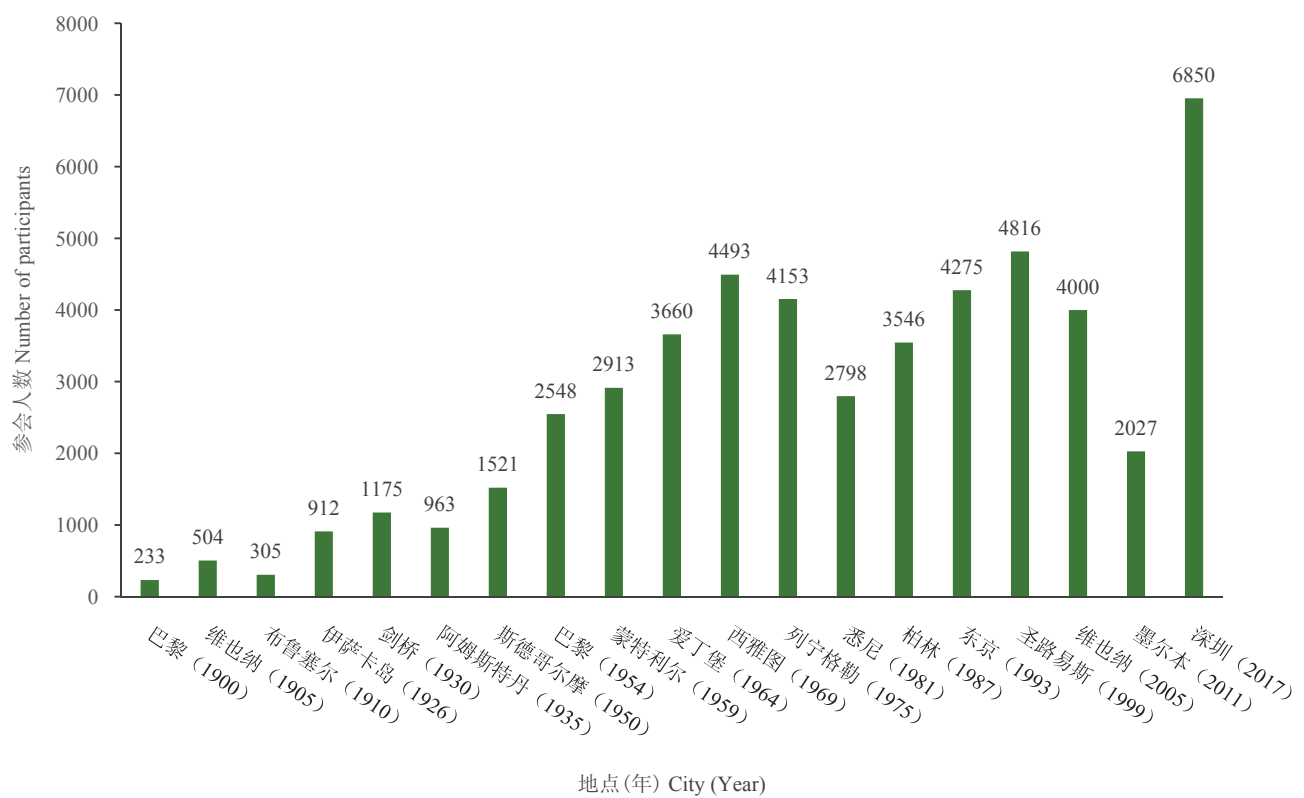
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017222-2.pdf>

附录3 第19届国际植物学大会特邀报告

Appendix 3 Invited lectures of the 19th IBC, 2017

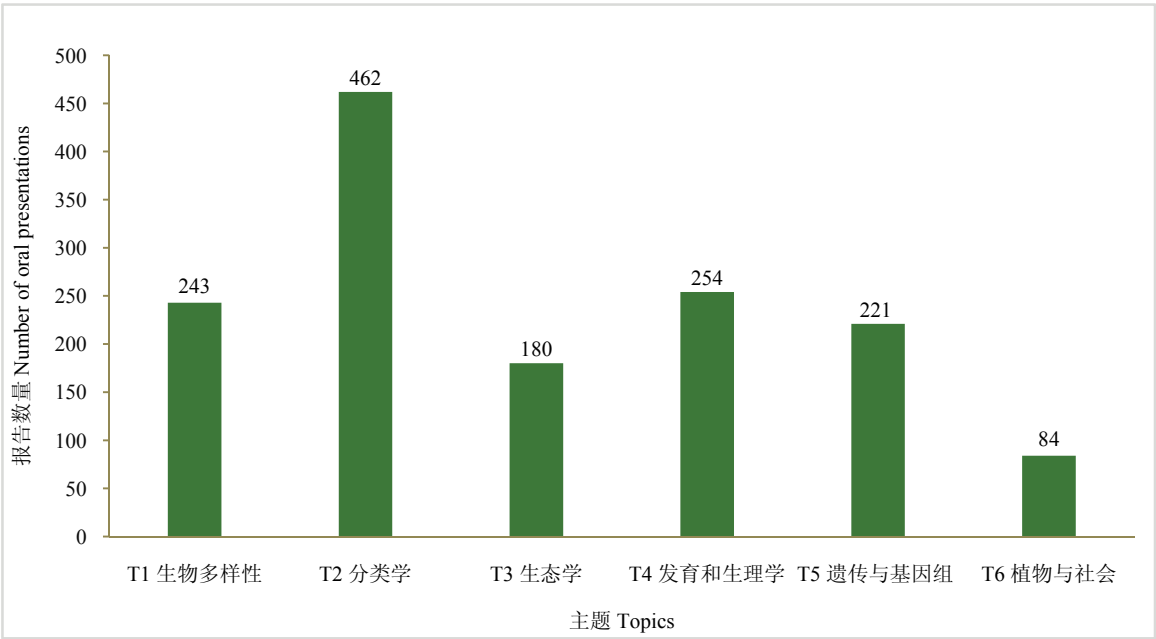
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017222-3.pdf>

马克平. 第19届国际植物学大会盛况空前, 生物多样性科学受到特别关注. 生物多样性, 2017, 25 (8): 797-798.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017222>



附录 1 历届国际植物学大会基本信息
Appendix 1 Number of participants and location of the International Botanical Congress since 1900

马克平. 第19届国际植物学大会盛况空前, 生物多样性科学受到特别关注. 生物多样性, 2017, 25 (8): 797–798.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017222>



附录2 第19届国际植物学大会口头报告在六个主题的分布
Appendix 2 Number of oral presentations for each of six topics. T1, Biodiversity, Resources and Conservation; T2, Taxonomy, Phylogenetics and Evolution; T3, Ecology, Environments and Global Change; T4, Development and Physiology; T5, Genetics, Genomics and Bioinformatics; T6, Plants and Society.

附录3 第19届国际植物学大会特邀报告

Appendix 3 Invited lectures of the 19th IBC, 2017

(资料来源: 第 19 届国际植物学大会网站 <http://www.ibc2017.cn/CN/>)

说明: PL—Plenary Lectures, KL—Keynote Lectures, PB—Public Lectures; 缩写字母后面的数字是同一组报告人按照姓氏拼音的顺序。

1. 植物分类与进化:



Spencer C. H. BARRETT

University of Toronto

CANADA

Title: Evolution of Plant Sexual Diversity

PL 1



Michael DONOGHUE

Yale University

USA

Title: On the exceptional value of model lineages in systematics and comparative biology

PL 3



Suzanne RENNER

University of Munich

GERMANY

Title: The origin of economically important species of *Cucumis*, *Citrullus*, and *Momordica* – combining Chinese genomics know-how and old European herbaria to find wild relatives

PL 9



Loren RIESEBERG

University of British Columbia

CANADA

Title: Plant Evolution in the Anthropocene

PL 10



Richard ABBOTT

University of St. Andrew

UK

Title: Plant speciation across environmental gradients and the occurrence of hybrid zones

KL 1



Erika EDWARDS

Brown University

USA

Title: Distinct evolutionary dynamics of C4 and CAM photosynthesis

KL 10



Else Marie FRIIS

Swedish Museum of Natural

History

SWEDEN

Title: Early angiosperms: Key fossils and extinct diversity

KL 11



De-Zhu LI

Kunming Institute of Botany,

CAS

CHINA

Title: The quest for the origin and evolution of flowering plants using time-calibrated plastid phylogenomics

KL 19



Susanne MAGALLÓN

National Autonomous

University of Mexico

MEXICO

Title: Thirty clues to angiosperm exceptional evolutionary diversification

KL 20



Hong MA
Fudan University
CHINA

KL 21

Title: Nuclear phylogenies of angiosperms at both deep and family levels: implications on divergence times, morphological evolution and diversification rates



Kevin THIELE
Western Australian Herbarium
AUSTRALIA

KL 27

Title: Thinking through the e- in e-Floras; or, Floras old, new, and not-yet



Jun WEN
Smithsonian Institution
USA

KL 28

Title: Developing integrative systematics in the informatics and genomic era



Tetsukazu YAHARA
Kyushu University
JAPAN

KL 32

Title: Diversity of tropical forests in South East Asia under the threat of rapid loss

2. 生态学:



Jing-Yun FANG
Institute of Botany, CAS
CHINA

PL 6

Title: Structural characteristics of forests and diversity of woody plants in China



Hans CORNELISSEN
VU University Amsterdam
NETHERLANDS

Title: Fitter with litter: plant traits and their
legacy for ecosystem services

KL 8



Xing-Guo HAN
Institute of Botany, CAS
CHINA

Title: Long-term field experiments and observation
data in combination in Inner Mongolia
grasslands of China successfully addressed
many fundamental questions in ecology

KL 14



Christian KÖRNER
University of Basel
SWITZERLAND

Title: Plant growth in a high CO₂ world

KL 16



John KRESS
Smithsonian National
Museum of Natural History
USA

Title: Tropical Plant-Animal Interactions:
Coevolution in the Anthropocene

KL 17

3. 植物保护:



Stephen BLACKMORE
Royal Botanic Garden Edinburgh
UK

Title: Saving Plants

KL 2



Hong-Wen HUANG

South China Botanical Garden,
CAS
CHINA

Title: Ex situ Cultivated Flora and Germplasm
Discovery for Novel Crop Plants

KL 15



Didik WIDYATMOKO

Bogor Botanic Gardens-LIPI
INDONESIA

Title: Establishing New Botanic Gardens in
Indonesia: An ecoregion approach

KL 29



Peter WYSE JACKSON

Missouri Botanical Garden
USA

Title: International developments and responsibilities
for the botanical community in plant
conservation

KL 30

4. 大数据:



Pamela SOLTIS
University of Florida
USA

Title: Linking Heterogeneous Data in Botanical
Research

PL 11



Ke-Ping MA
Institute of Botany, CAS
CHINA

Title: Mapping Asia Plants

KL 22



Douglas SOLTIS
University of Florida
USA

Mobilizing and integrating big data in analyses
Title: of phylogenetic and spatial patterns of
biodiversity

KL 26



Xun XU
Beijing Genomics Institute
(BGI)
CHINA

Big Data in Plant Genomics to Connect
Title: Nature-derived Evolutionary Innovations with
Future Precision Agriculture

KL 31

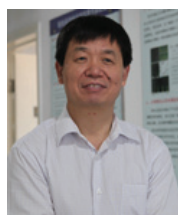
5. 组学在农业中的应用:



Michael BEVAN
John Innes Centre
UK

Applications of genomics to crop plant
Title: improvement

PL 2



Jia-Yang LI
Institute of Genetics and
Developmental Biology,
CAS
CHINA

Understanding the molecular basis of rice plant
Title: architecture

PL 7



Bin HAN
Shanghai Institutes for
Biological Sciences, CAS
CHINA

Genetic basis of complex traits and heterosis in
Title: rice

KL 13



Yu-Xian ZHU

Peking University / Wuhan

University

CHINA

Title: Sequence assembly, evolution and functional application of the cotton genomes

KL 33

6. 遗传发育生理学:



Thomas DRESSELHAUS

University of Regensburg

GERMANY

Title: Fertilization Mechanisms: A Comparison of Eudicots and Grasses

PL 4



Joseph ECKER

Salk Institute for Biological

Studies

USA

Title: Deconstructing the Plant Regulatory Genome: Enabling Technologies

PL 5



Elliot MEYEROWITZ

California Institute of

Technology

USA

Title: Computational Morphodynamic Approaches to Pattern Formation in the Shoot Apical Meristem of *Arabidopsis*

PL 8



Jian-Kang ZHU

Shanghai Institutes for

Biological Sciences, CAS

CHINA

Title: Decoding the epigenetic language of life

PL 12



Ralph BOCK
Max Planck Institute of
Molecular Plant Physiology
GERMANY

Title: Genes gone wild: Experimental evolution meets
synthetic biology

KL 3



Xiao-Feng CAO
Institute of Genetics and
Developmental Biology, CAS
CHINA

Molecular mechanisms of histone
Title: demethylases in genome-wide targeting in
Arabidopsis

KL 4



Xiao-Ya CHEN
Shanghai Institutes for
Biological Sciences, CAS
CHINA

Plant sesquiterpenes: biosynthesis and
Title: bio-interactions

KL 5



Xue-Mei CHEN
University of California,
Riverside
USA

Title: Mechanisms of microRNA degradation

KL 6



Kang CHONG

Institute of Botany, CAS
CHINA

Title: *O*-GlcNAc signaling mediates vernalization
sensing in wheat

KL 7



Xing-Wang DENG

Peking University
CHINA

Title: Seed Germination and Seedling Emerging Out
of Soil: Life and Death Decisions

KL 9



Brandon S. GAUT

University of California,
Irvine
USA

Title: Another Abominable Mystery: Gene-body
Methylation

KL 12



Jane LANGDALE

University of Oxford
UK

Title: Understanding Kranz Anatomy in Maize with
a View to Achieving C4 Rice

KL 18



Hong Gil NAM

Institute for Basic Science /
DGIST
KOREA

Title: How do plants age and die? - some new
insights

KL 23



Peter H. QUAIL

University of California,
Berkeley
USA

Title: Phytochrome Photosensory Signaling and
Transcriptional Networks

KL 24



Eugenia (Jenny) RUSSINOVA

VIB-Ghent University
BELGIUM

Title: Endocytosis and the regulation of signaling in
plants

KL 25

7. 公众报告 Public Lectures (in alphabetical order by speaker)



Peter CRANE
Yale University
USA

Title: Ginkgo: An Evolutionary and Cultural

PB 1



Sandra KNAPP
Natural History Museum
UK

Title: People and Plants – the Unbreakable Bond

PB 2



Peter H. RAVEN
Missouri Botanical Garden
USA

Title: Saving Plants to Save Ourselves: The
Shenzhen Declaration

PB 3

马克平. 第19届国际植物学大会盛况空前, 生物多样性科学受到特别关注. 生物多样性, 2017, 25 (8): 797–798.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017222>



Barbara SCHAAL

Washington University

USA

Title: Plants and People: History and Future

PB 4



Huan-Ming YANG

BGI-China

CHINA

Title: Green Life, Beautiful Genes

PB 5

•研究报告•

濒危物种长柄扁桃的潜在分布与保护策略

褚建民¹ 李毅夫² 张雷¹ 李斌¹ 高明远¹
唐晓倩¹ 倪建伟¹ 许新桥^{1*}

1 (中国林业科学研究院林业研究所国家林业局林木培育重点实验室, 北京 100091)

2 (西南林业大学林学院, 昆明 650224)

摘要: 长柄扁桃(*Amygdalus pedunculata*)在我国分布于内蒙古和陕西, 是一种濒危灌木, 其资源现状只有零星的文献记录, 这限制了对其资源数量和保护现状的评估。为此, 本文通过野外调查来确立其自然分布区范围。我们选择了8个环境因子, 运用基于规则集的遗传算法(genetic algorithm for rule-set prediction, GARP)模型和最大熵(maximum entropy, MaxEnt)模型进行模拟, 预测了长柄扁桃在中国的潜在适宜分布区; 同时基于4个模型精度评估指标(Kappa、真实技巧统计法、总精度和受试者工作特征曲线下的面积)对模型进行验证, 采用刀切法评估了预测变量的重要性。结果表明, 两种模型均能准确预测长柄扁桃的地理分布规律, 但MaxEnt模型的4个预测精度指标都大于GARP模型。根据模型结果可判断长柄扁桃的适宜分布区以内蒙古中部地区为主, 东起大兴安岭南端, 向西可至贺兰山、乌兰布和沙漠以东, 涵盖了毛乌素沙地、库布齐沙漠和浑善达克沙地, 以及乌拉山、大青山等土石山区。其低适宜分布区可辐射至辽宁、河北、山西、陕西等省部分地区, 另外在宁夏和甘肃中部地区也有零星的低适宜分布区。变量重要性分析结果表明, 与降水相关的变量是决定长柄扁桃地理分布的重要环境因素。

关键词: 长柄扁桃; 潜在分布区; 最大熵模型; 基于规则集的遗传算法(GARP)模型; 物种保护

Potential distribution range and conservation strategies for the endangered species *Amygdalus pedunculata*

Jianmin Chu¹, Yifu Li², Lei Zhang¹, Bin Li¹, Mingyuan Gao¹, Xiaoqian Tang¹, Jianwei Ni¹, Xinqiao Xu^{1*}

1 Key Laboratory of Tree Breeding and Cultivation of State Forestry Administration, Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091

2 College of Forestry, Southwest Forestry University, Kunming 650224

Abstract: The endangered shrub species *Amygdalus pedunculata* is distributed in Inner Mongolia Autonomous Region and Shaanxi Province, China. However, little is known about its resource quantity and conservation status. A field investigation was conducted to determine the natural distribution range of *A. pedunculata*. Eight environmental factors were chosen to build models with the genetic algorithm for rule-set prediction (GARP) model and maximum entropy (MaxEnt) model. We predicted the potential distribution of *A. pedunculata* in China. Using four model evaluation metrics (Kappa, true skill statistic (TSS), overall accuracy and area under the receiver operating characteristic curve (AUC)), we assessed the predictive performance of both models. The Jackknife method was used to investigate the most important environmental factors for the distribution of *A. pedunculata*. The results indicated that both models were effective for predicting the distribution of *A. pedunculata*, but MaxEnt performed better than GARP in terms of the four evaluation metrics. The species was predicted to have a broad suitable area, which ranged from the south of Daxing'anling to the east of Helan Mountains and the Ulan Buh Desert. *Amygdalus pedunculata* is mainly distributed in the middle regions of Inner Mongolia, including Mu Us Sandy Land, Kubuqi desert, Otindag Sandy Land, and the Wulashan and Daqingshan Mountains. Low suitable sites occurred in some regions of Liaoning, Hebei, Shanxi and Shaanxi. Besides, and there were some sporadic low suitable areas in the middle regions of the

收稿日期: 2016-11-22; 接受日期: 2017-2-17

基金项目: 林业公益性行业专项(201204307)、科技基础性工作专项(2013FY111700)和国家自然科学基金(41301056)

*通讯作者 Author for correspondence. E-mail: xqx210@126.com

Ningxia Hui Autonomous Region and Gansu Province. Variable importance analysis showed that the variables relevant to precipitation had more significant effects on the geographic distribution of *A. pedunculata*. These results have important implications for resource conservation and ecology including the revegetation of semi-arid ecosystems.

Key words: *Amygdalus pedunculata*; potential distribution area; MaxEnt model; GARP model; species conservation

长柄扁桃(*Amygdalus pedunculata*)为蔷薇科桃属扁桃亚属落叶灌木, 又名野樱桃、柄扁桃等, 在我国主要分布于内蒙古和陕西, 在俄罗斯的西伯利亚和蒙古国也有零星分布。长柄扁桃喜光、耐旱、耐瘠薄, 多生长于浅山地带的阳坡、半阳坡和开阔的谷地, 也生长于部分沙漠和草原地带(郭春会等, 2005; 卢琦等, 2012; 许新桥和褚建民, 2013)。作为干旱、半干旱沙地和荒漠化草原的乡土灌木, 长柄扁桃是营造护牧林、防风固沙林和饲料林的优良树种。其果仁含油率高, 油品好, 有很高的经济价值(张萍等, 2007; Chu et al, 2013; 许新桥和褚建民, 2013)。长期以来, 由于环境的破坏和不当利用, 其种群数量不断减少, 自然分布范围也日趋萎缩。1989年内蒙古自治区政府将其认定为三级重点保护植物, 1992年被列为二级濒危植物(傅立国和金鉴明, 1991; 赵一之, 1992)。以往对长柄扁桃的研究主要集中在其亲缘关系、抗旱、耐盐碱、繁育等生物学特征以及油脂含量、药用价值等方面(马艳和马荣才, 2004; 雷根虎等, 2009; 李聪等, 2010), 关于其地理分布及适生条件方面的研究鲜有报导。

了解物种的空间分布是制订生物多样性保护和资源开发利用策略的基础(Graham, 2001; Zhang & Ma, 2008)。物种分布模型(species distribution models, SDMs)是以生态位理论为基础, 根据物种的已知分布样点数据和对应的各种环境因子数据, 分析影响物种分布的主要因素并对其潜在分布进行预测(Guisan & Thuiller, 2005; 乔慧捷等, 2013; 朱耿平等, 2013)的一种方法。主要是根据研究区的部分取样数据建立模型, 然后预测研究区内该生物的潜在分布; 或对另一个区域内该生物的潜在分布区进行研究; 亦或对过去或未来不同气候情景下生物的分布情况进行研究。目前, 物种分布模型已广泛应用于基础生态学和生物地理学的研究中, 常用模型有: 生物气候包络模型(bioclimate envelope model, BEM; Hampe, 2004)、生态位因子分析

(ecological niche factor analysis, ENFA; Calenge, 2006)、分类与回归树(classification and regression tree, CART; Özkan, 2011)、最大熵(maximum entropy, MaxEnt; Phillips et al, 2004)、基于规则集的遗传算法(genetic algorithm for rule-set prediction, GARP; Stockwell, 1999)和支持向量机等(support vector machine, SVM; 左闻韵等, 2007)。物种分布模型目前主要用于外来物种入侵的扩散分析(Lavoie et al, 2013)、珍稀物种的分布预测(徐晓婷等, 2008)、自然保护区的选择(Moilanen, 2005)、未来气候变化对物种分布的影响研究(张雷等, 2011), 以及指导植被调查工作、确定珍稀和濒危物种的实际分布、植物地理学研究等方面。其中, 最大熵和基于规则集的遗传算法模型具有较好的预测能力, 而且可以在具有较少分布数据的情况下获得较好的预测结果(van Proosdij et al, 2015; Saupe et al, 2015)。因此, 本研究拟通过实地调查和文献资料收集, 采用GARP模型和MaxEnt模型模拟预测长柄扁桃在我国的潜在适生区域, 为该物种的有效保护和合理利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 分布数据收集

于2011–2013年对我国野生长柄扁桃的分布状况进行实地调查, 借助GPS定位并采集到野生长柄扁桃样本306个。主要调查区域涉及毛乌素沙地周边的陕西省榆阳区、神木县、府谷县, 内蒙古乌拉山、固阳县(大庙村、官府沟、梅令沟、腮忽洞)以及浑善达克沙地周边的苏尼特右旗、苏尼特左旗等地。为防止采样点的空间聚集性对模型预测的影响, 对306个样本的分布点进行筛选。具体过程为: 将306个样本的分布点转化为空间分辨率为8 km的栅格, 共计得到45个栅格。提取每个栅格的中心坐标点, 然后从306个样本分布点数据中选取离每个栅格中心坐标点最近的1个分布点, 共计得到45个分布点, 再随机选取其中的30个点位信息作为模型训练

数据, 剩余的15个点位信息用于模型检验, 此交叉验证过程重复10次。

1.2 环境数据

本文选择的环境因子来源于世界气候数据库 (<http://www.worldclim.org/>), 该数据库利用1950–2000年间来自世界各地气象站的气候数据, 采用插值法生成全球气候数据, 空间分辨率可达到30" (1 km) (Hijmans et al, 2005)。使用ArcGIS空间分析工具对19个因子进行相关分析, 确定各因子相关性(相关性矩阵见附录1), 根据各因子间的相关性系数分析并确定参与模型计算的因子。因部分环境因子间有较强的相关性(附录1), 为防止共线性发生, 对相关性大于0.8的变量只保留其中一个, 最终选用平均温度日较差、等温性、最热月最高温度、最冷月最低温度、平均温度年较差、最湿月降水量、最干月降水量和降水量季节性变动系数8个因子参与模型计算(表1)。空间分布分析的底图为1:400万的中国行政区划图, 可从国家基础地理信息中心 (<http://ngcc.sbsm.gov.cn/>) 下载获得。本研究在空间分辨率为1 km的尺度上开展。

1.3 模型介绍及变量重要性评估

GARP模型是以某物种的已知分布信息及相应的环境影响因子为依据, 运用遗传算法对研究区域和物种已知分布区的非随机关系进行反复迭代, 计算最优种类分布规则。该模型对变量所属总体的统计分布形式没有严格的要求, 能够快速有效地搜索多变量空间, 并集成了不同的变量和规则组合, 通过各类规则之间的互补提高模型的模拟能力, 能够直观地体现出各种生态因子与物种的关系, 是目前应用最广泛的物种分布区预测方法之一(Stockwell

& Peters, 1999)。其特点是充分考虑不同的变量和规则组合, 根据输出结果给出的统计信息选择最优组合。本文在使用Desktop GARP (<http://www.nhm.ku.edu/desktopgarp/>)建模时, 采用全部30个模型训练数据点用于训练模型, 同时选择原子规则(atomic)、逻辑回归(logistic regression)、生物气候包络(bioclimatic envelope)和逆生物气候包络(negated bioclimatic envelope) 4种类型规则, 模拟计算1,000次(或收敛极限达到0.01后终止运算)。GARP模型的预测结果以布尔值(0表示不分布, 1表示分布)形式表现, 本文GARP模型最终输出结果采用的是最优子集选择方式(best subset selection parameters), 即从1,000个预测结果中选出100个最优模型, 通过ArcGIS进行平均, 生成一幅值域标准化为0.0–1.0的分布图, 以代表物种相对出现的可能性大小。

MaxEnt模型是基于热力学第二定律, 以最大熵理论为基础的一种模型方法, 也是当前预测物种分布区的重要方法之一。该方法基于已知的物种分布和环境数据, 通过拟合具有熵值最大化的概率分布, 构建约束条件并建立相互关系, 对物种的潜在适生区作出预测。该模型的突出优点是可以拟合由多种函数类型组合而成的复杂响应变量(Phillips et al, 2004), 可以分析物种与环境变量之间以及各变量之间的非线性相关性和相互作用, 不同的环境变量根据其重要性赋予不同的权重。本文采用MaxEnt模型 Ver.3.3.3k (http://biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/maxent/), 利用全部30个模型训练点数据建模, 不再对此数据进行预先分割用于模型评估, 而是采用独立的模型评估点数据(见下文评估方法部分)对模型预测结果进行评估。采用刀切法(Jackknife)测算变量的重要性, 其余参数保持默认设置, 最终输出的栅格文件是以逻辑值形式给出的生存概率。MaxEnt模型通过刀切法评估变量重要性的时候, 是通过删除其中一个变量来计算剩余变量对模型表现的影响, 同时也利用单个变量建立模型来评估此变量的重要性, 此外还利用全部变量来建立模型; 通过对比剩余变量和所有变量建立的模型之间的表现差异来评估删除变量的重要性, 即差异越大, 此变量越重要。

GARP模型和MaxEnt模型的输出结果为物种分布概率值, 值越高, 说明物种分布的可能性越大, 适用于对长柄扁桃潜在分布的适宜度进行判定, 可

表1 长柄扁桃分布模型构建所需环境因子
Table 1 Environmental variables used in the distribution modeling of *Amygdalus pedunculata*

数据代码 Code	环境因子 Environmental variables
BIO2	平均温度日较差 Mean diurnal temperature range
BIO3	等温性 Isothermality
BIO5	最热月最高温度 Max. temperature of the warmest month
BIO6	最冷月最低温度 Min. temperature of the coldest month
BIO7	平均温度年较差 Temperature annual range
BIO13	最湿月降水量 Precipitation of wettest month
BIO14	最干月降水量 Precipitation of driest month
BIO15	降水量季节性 Precipitation seasonality

用作物核心分布区域的确立,以评估现有分布区的保护情况以及对自然保护区功能区进行划分。为比较GARP和MaxEnt两个模型预测生境适生区的面积,根据10套模型预测值的平均值大小对预测结果图进行了主观分类,共划分为4个适生等级:高适宜生长区(≥ 0.9)、次适宜生长区(0.7–0.9)、低适宜生长区(0.5–0.7)和不适宜生长区(< 0.5)。

1.4 模型验证评估

为了验证模型的预测精度,利用上文提到的15个模型验证点数据进行模型评估。因为两个模型的预测结果都是概率型的,而一些典型的模型精度评估指标也需要物种不存在数据来协助进行,如Kappa系数、真实技巧统计法(true skill statistic, TSS)等。为此,本文采用张雷等(2011)的方法生成了15个“真实”不存在点数据,具体步骤为:将所有没有长柄扁桃记录的地点与已知记录地点的环境条件(即8个环境变量)进行对比,如果某地区与已知点环境条件相同(即此地区的环境变量完全包含在所有已知记录地点的8个环境变量阈值范围内),那么这些点可以认为适合长柄扁桃分布,把这些地区从无记录地点中删除;剩余的地区可以认为是“完全”不适宜长柄扁桃分布的地区,这些地区指定为“真实”不存在区。从这些不存在区域中,通过ArcGIS 10.2软件随机生成15个点作为长柄扁桃的“真实”不存在地区,此过程重复10次,然后使用长柄扁桃的15个检验点和15个“真实”不存在点与其模型预测值进行对比,通过混淆矩阵进行模型精度检验,得到10套模型精度评估数据,利用其平均值比较两个模型预测精度的大小。

采用的模型精度评估指标包括:受试者工作特征曲线下面积(area under the receiver operating characteristic curve, AUC)、Kappa系数、TSS和总体精度(overall accuracy)。AUC值是指分类方案成功将预测正确的点与预测错误的点分开的概率,在0.5–1.0间变化,0.5对应一个完全随机的预测,1.0对应一个完美的预测。一般而言,如果AUC值在0.5–0.7之间,表示预测精度较差,在0.7–0.9之间表示预测精度中等, > 0.9 则表示模型的预测精度非常高(McCune & Grace, 2002)。Kappa系数被广泛应用于各领域研究中,该系数反映了预测值和观测值之间的接近程度是否大于随机分配的值。一般而言,如果Kappa值在0.85–1.00之间,表示预测效果极好;

在0.70–0.85之间,表示预测结果很好;在0.55–0.70之间,表示预测结果好;在0.40–0.55之间,表示预测结果一般;而 < 0.40 则表示模型预测失败(Monserud & Leemans, 1992)。TSS综合了敏感度(sensitivity)和特异度(specificity)两个指标的特征,它既继承了Kappa系数的优点,又克服了Kappa系数对物种发生率呈单峰曲线响应形式的弱点(Allouche et al, 2006)。总体精度为所有验证数据点正确预测的比例,较为粗略地反映了模型预测结果与观测样本的吻合程度(许仲林等, 2015)。在利用Kappa、TSS和总体精度这3个指标进行模型精度评估的时候,需要把连续(概率)性的结果预测值转换为二元值(存在/不存在),此时需要一个转换阈值。本文选用的阈值确认方法如下:在0.01–0.99区间内,以0.01为间隔进行数据选取,逐步评估每个数据作为转换阈值时得到的模型精度,选用其最大值作为每个指标所指示的模型精度。

2 结果

2.1 长柄扁桃的地理分布区及其气候条件

通过查阅中国数字植物标本馆(<http://www.cvh.org.cn/>)、教学标本资源共享平台(<http://mnh.scu.edu.cn/>)以及与长柄扁桃有关的文献资料(姬钟亮和钱安东, 1981; 苏贵兴, 1987)可知,长柄扁桃主要分布在内蒙古的阴山山脉浅山地区以及内蒙古鄂托克旗、乌审旗到陕西北部长城沿线的沙漠中。相关文献中对野生长柄扁桃分布的有关记录时效性较差,分布范围较粗略,而根据本次的野外调查发现,野生长柄扁桃主要分布于3个区域:(1)内蒙古乌审旗到陕西北部的毛乌素沙地,集中于陕西省的榆林地区;(2)内蒙古大青山、乌拉山山系的土石山区,在包头市固阳县、乌拉特前旗较为集中;(3)浑善达克沙地西北部及西部,在内蒙古苏尼特右旗比较集中(图1)。根据所调查的GPS点位信息及相匹配的环境数据资料,确定长柄扁桃主要地理分布范围为 109.20° – 114.29° E、 38.32° – 43.26° N之间,海拔范围959–2,046 m,气温介于 -38.8°C 到 41.5°C ,年降水量介于189–452 mm。

2.2 模型预测结果

根据Kappa、TSS、AUC和总精度对GARP模型和MaxEnt模型的预测精度进行评估,发现两者都具有较好的预测可靠性,各评估指标均大于0.70,

且都表现为MaxEnt模型优于GARP模型(表2), 但配对 t 检验分析表明两者无显著差异。因此两个模型均可用于长柄扁桃的适生区分析。

GARP模型预测的潜在分布区明显大于MaxEnt模型预测的潜在分布区(图1), 但两者的预测结果均包含了文献记载和实地确认的长柄扁桃分布区。两个模型的预测结果都显示长柄扁桃在我国的潜在适宜区东起大兴安岭南部, 向西可至贺兰山、乌兰

布和沙漠以东, 其中以内蒙古中部地区为主, 涵盖了毛乌素沙地、库布齐沙漠和浑善达克沙地, 以及乌拉山、大青山等土石山区, 低适宜区可辐射至辽宁、河北、山西、陕西等地的部分地区, 而在内蒙古西部、甘肃和新疆北部地区预测结果差异较大。其中, GARP模型结果显示在内蒙古西部、甘肃和新疆北部地区仍有较大面积适宜区存在, 而MaxEnt模型则显示这些区域仅有极少低适宜区存在。根据

表2 基于规则集的遗传算法(GARP)模型和最大熵(MaxEnt)模型的预测精度

Table 2 Predictive accuracy of genetic algorithm for rule-set prediction (GARP) model and maximum entropy (MaxEnt) model

模型类型 Model type	Kappa	真实技巧统计法 True skill statistic (TSS)	总体精度 Overall accuracy	受试者工作特征曲线下面积 Area under the receiver operating characteristic curve (AUC)
MaxEnt	0.98 ± 0.01	0.98 ± 0.14	0.99 ± 0.01	1.00 ± 0.002
GARP	0.95 ± 0.01	0.95 ± 0.01	0.98 ± 0.01	0.98 ± 0.01

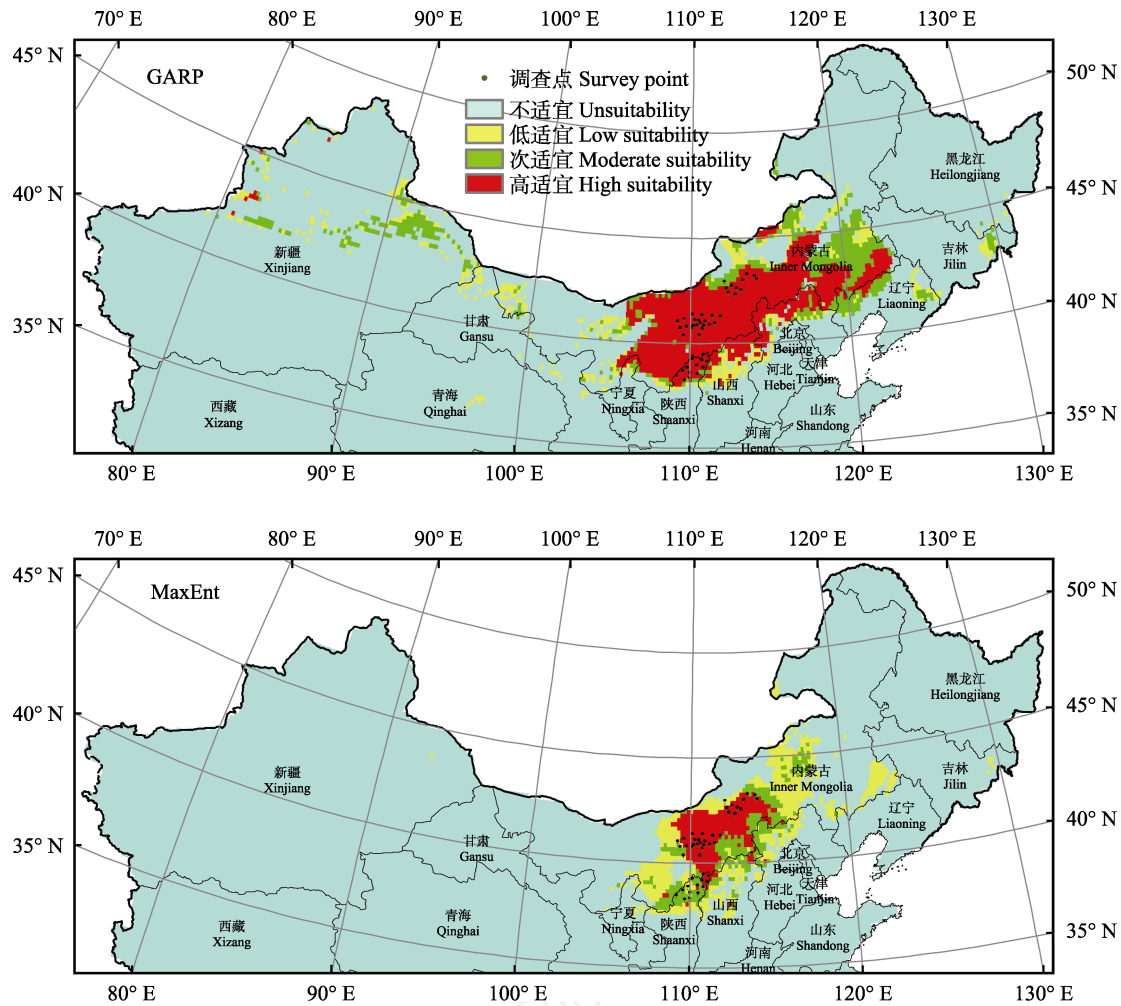


图1 基于规则集的遗传算法(GARP)模型和最大熵(MaxEnt)模型预测的长柄扁桃潜在分布区

Fig. 1 Potential distributions of *Amygdalus pedunculata* predicted by genetic algorithm for rule-set prediction (GARP) model and maximum entropy (MaxEnt) model

预测分布结果对两个模型的预测面积进行初步估计(表3),发现GARP模型预测的高适宜区和次适宜区面积都大于MaxEnt模型的预测结果,但其预测的低适宜区面积小于MaxEnt模型。

2.3 影响长柄扁桃地理分布的因素

MaxEnt模型在运算时,通过刀切法测算变量重要性可以避免各因子间的相关性影响,较为真实地反映了各因子的重要程度。根据MaxEnt模型的10次模拟结果取平均值,获得各环境因子的贡献程度(图2)。从图中可以看出:降水量季节性变动系数、平均温度年较差、最湿月降水量和最干月降水量这4个因子对长柄扁桃的预测可提供较为丰富的信息;最湿月降水量所反映的重要信息是其他变量不可替代的。

表3 GARP模型和MaxEnt模型预测面积对比
Table 3 Comparison of prediction area between the GARP model and the MaxEnt model

	预测面积 Prediction area (×10,000 km ²)	
	MaxEnt	GARP
高适宜区 High suitability area	11.9373	48.2647
次适宜区 Moderate suitability area	12.1625	24.2406
低适宜区 Low suitability area	26.0358	18.4617
总计 Total	50.1356	90.9670

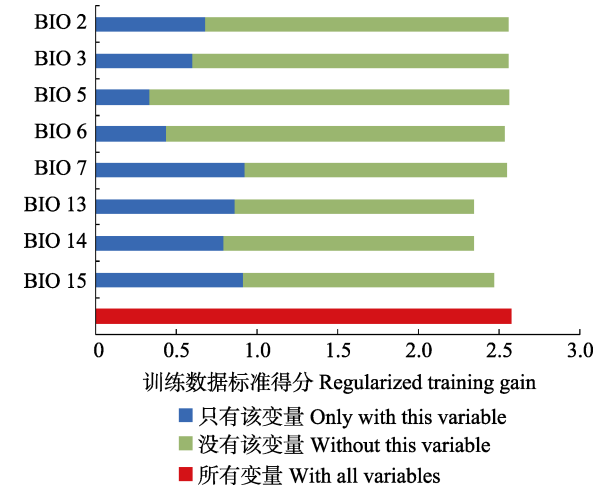


图2 MaxEnt模型中各环境因子变量的重要性。图中深蓝色越长,表示利用该因子单独建模时其重要性越大,而浅绿色表示除该因子外其他环境因子贡献程度的总和。变量含义见表1。
Fig. 2 Importance of environmental factors estimated by MaxEnt model. Blue bars indicate the importance of the variable of interest. Green bars indicate the importance of all variables without the variable of interest. The longer the bar, the more important the variables. The abbreviations of climatic variables are the same as in Table 1.

3 讨论

3.1 两种模型的预测效果及主导因子

为了预测物种的潜在分布区,人们设计了各种模型,然而没有一种是普适的、完美的(张文驹和陈家宽, 2003; 左闻韵等, 2007)。当前, GARP 模型和 MaxEnt 模型受到普遍认可,但关于环境数据的选择及其对预测精度的影响尚未有统一的认识(Qiao et al, 2015)。由本研究可知, GARP 模型和 MaxEnt 模型均能得出很好的预测结果。通过分析发现, MaxEnt 模型预测的潜在分布区可用于长柄扁桃核心分布区域的研究,便于建立长柄扁桃的资源保护区或对其推广种植,也可评估现有分布区的保护情况以及对自然保护区的功能区进行划分;由 GARP 模型预测的潜在分布区可用于对长柄扁桃分布范围的研究,也可用于长柄扁桃潜在分布区的预测,为目标物种的保护工作提供参考,亦可选育优质、适生的长柄扁桃品种,并适度适时、循序渐进推广种植。本研究采用平均温度日较差、等温性、最热月最高温度、最冷月最低温度、平均温度年较差、最湿月降水量、最干月降水量和降水量季节性变动系数 8 个因子参与模型模拟,经刀切法计算,发现长柄扁桃的分布受平均温度年较差和降水因素影响较大。两种模型的预测精度和准确度均较好,通过这两种模型预测结果的互相对比和补充,可为保护和开发长柄扁桃资源提供重要依据。

当然,由于研究尺度等多方面的原因,本模型尚无法对局部小气候和小地形形成的小尺度空间进行预测,同时,影响其分布的主要环境因子是否全面,各因子间相关性的分析和处理等问题仍需进一步探讨和优化(李巧燕和王襄平, 2013)。

3.2 长柄扁桃的现状与保护策略

我们在调查中发现,大多数长势良好的长柄扁桃分布于人烟稀少的沙地或地势险要的陡坡,而位于林缘、田边及村旁的种群多受到不同程度的人为干扰,长势衰弱,品质低劣。长期以来,人们把长柄扁桃用作薪炭材和牧草资源,再加上生存环境的退化和破碎化,导致其天然种群越来越小,数量越来越少,已绝迹于很多潜在适宜区。随着长柄扁桃的高经济价值被发现,人们采集扁桃果作为药材和油料的力度加大,但保护理念和技术措施未能及时跟上,再加上其自交不亲和、开花结实率低的自身缺

陷, 严重影响了长柄扁桃种群的更新(张大勇和姜新华, 1999; 郝伟祺和赵鑫峰, 2011)。将长柄扁桃的潜在分布图与我国年均降水量分布图对比可以发现, 长柄扁桃主要集中于年降水量200–400 mm的范围内, 这个范围恰恰是我国荒漠化较严重的地区(吴波等, 2007), 所以本研究对长柄扁桃的保护以及荒漠化防治均有参考意义。这主要体现在两个方面: 首先, 对规模较大的长柄扁桃天然残余种群应尽快采取就地保护措施, 如在榆林、乌拉山、固阳、苏尼特右旗划定长柄扁桃天然林保护区、生态保护区, 这样既能保护当地生态环境, 又能保护长柄扁桃野生资源, 为引种驯化和资源开发储备天然种质资源。另外, 在保护区外围和其他的潜在适生区积极推广长柄扁桃的优质品种, 将其作为沙地和土石山坡生态修复的主要树种, 并指导当地群众科学管理、适度利用, 从而使物种保护、荒漠治理和经济发展进入协调、可持续状态。

参考文献

- Allouche O, Tsoar A, Kadmon R (2006) Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, Kappa and the true skill statistic (TSS). *Journal of Applied Ecology*, 43, 1223–1232.
- Calenge C (2006) The package “adehabitat” for the R software: a tool for the analysis of space and habitat use by animals. *Ecological Modelling*, 197, 516–519.
- Chu JM, Xu XQ, Zhang YL (2013) Production and properties of biodiesel produced from *Amygdalus pedunculata* Pall. *Bioresource Technology*, 134, 374–376.
- Fu LG, Jin JM (1991) China Plant Red Data Book, Vol. 1: Rare and Endangered Plants. Science Press, Beijing. (in Chinese) [傅立国, 金鉴明 (1991) 中国植物红皮书: 稀有濒危植物(第一册). 科学出版社, 北京.]
- Graham B (2001) Neutral macroecology. *Science*, 293, 2413–2418.
- Guisan A, Thuiller W (2005) Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters*, 8, 993–1009.
- Guo CH, Luo M, Ma YH, Ma XW (2005) Advances of characteristic research of threatened long carpodoid almond. *Journal of Northwest A & F University (Natural Science Edition)*, 33(12), 125–129. (in Chinese with English abstract) [郭春会, 罗梦, 马玉华, 马小卫 (2005) 沙地濒危植物长柄扁桃特性研究进展. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 33(12), 125–129.]
- Hampe A (2004) Bioclimate envelope models: what they detect and what they hide. *Global Ecology and Biogeography*, 13, 469–471.
- Hao YQ, Zhao XF (2011) Distinguishing early-acting inbreeding depression from late-acting ovarian self-incompatibility. *Biodiversity Science*, 19, 106–112. (in Chinese with English abstract) [郝伟祺, 赵鑫峰 (2011) 被子植物早期近交衰退与晚期自交不亲和. 生物多样性, 19, 106–112.]
- Hijmans RJ, Cameron SE, Parra JL, Jones PG, Jarvis A (2005) Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 25, 1965–1978.
- Ji ZL, Qian AD (1981) Investigation of the resources of *Amygdalus pedunculata* Pall. and *Prunus mongolica* Maxim. from the natural distribution in China. *China Fruits*, (2), 38–40. (in Chinese) [姬钟亮, 钱安东 (1981) 长柄扁桃和蒙古扁桃在我国自然分布区的调查. 中国果树, (2), 38–40.]
- Lei GH, Liu LT, Han C, Shen YH, Huo YM (2009) Analysis of tocopherol content in endangered long carpodoid almond nutlet. *Journal of Northwest University (Natural Science Edition)*, 39, 777–779. (in Chinese with English abstract) [雷根虎, 刘丽婷, 韩超, 申烨华, 霍艳敏 (2009) 沙地濒危植物长柄扁桃仁中维生素E含量分析. 西北大学学报(自然科学版), 39, 777–779.]
- Li C, Li GP, Chen Q, Bai B, Shen YH, Zhang YL (2010) Fatty acid composition analysis of the seed oil of *Amygdalus pedunculata* Pall. *China Oils and Fats*, 35(4), 77–79. (in Chinese with English abstract) [李聪, 李国平, 陈俏, 白斌, 申烨华, 张应龙 (2010) 长柄扁桃油脂脂肪酸成分分析. 中国油脂, 35(4), 77–79.]
- Li QY, Wang XP (2013) Elevational pattern of species richness in the Three Gorges region of the Yangtze River: effect of climate, geometric constraints, area and topographical heterogeneity. *Biodiversity Science*, 21, 141–152. (in Chinese with English abstract) [李巧燕, 王襄平 (2013) 长江三峡库区物种多样性的垂直分布格局: 气候、几何限制、面积及地形异质性的影响. 生物多样性, 21, 141–152.]
- Lu Q, Wang JH, Chu JM (2012) Desert Plants in China. China Forestry Publishing House, Beijing. (in Chinese) [卢琦, 王继和, 褚建民(2012) 中国荒漠植物图鉴. 中国林业出版社, 北京.]
- Ma Y, Ma RC (2004) Identification of genetic relationship of almond by AFLP. *Journal of Fruit Science*, 21, 552–555. (in Chinese with English abstract) [马艳, 马荣才 (2004) 扁桃种质资源的AFLP分析. 果树学报, 21, 552–555.]
- McCune B, Grace J (2002) Analysis of Ecological Communities. MjM Software Design, Glenden Beach, OR.
- Moilanen A (2005) Reserve selection using nonlinear species distribution models. *The American Naturalist*, 165, 695–706.
- Monserud RA, Leemans R (1992) Comparing global vegetation maps with the Kappa statistic. *Ecological Modelling*, 62, 275–293.
- Özkan K, Mert A, Şentürk Ö (2011) Estimation of potential distribution of non-wood trading species richness using classification and regression tree technique: A case study from the Lakes District, Turkey. 2nd International Non-Wood Forest Products Symposium, Isparta, Turkey.

- Phillips SJ, Miroslav K, Schapire RE (2004) A maximum entropy approach to species distribution modeling. *Proceedings of the Twenty-First International Conference on Machine Learning*, 95, 655–662.
- Qiao HJ, Hu JH, Huang JH (2013) Theoretical basis, future directions, and challenges for ecological niche models. *Scientia Sinica Vitae*, 43, 915–927. (in Chinese with English abstract) [乔慧捷, 胡军华, 黄继红 (2013) 生态位模型的理论基础、发展方向与挑战. *中国科学: 生命科学*, 43, 915–927.]
- Qiao HJ, Soberón J, Peterson AT (2015) No silver bullets in correlative ecological niche modeling: insights from testing among many potential algorithms for niche estimation. *Methods in Ecology and Evolution*, 6, 1126–1136.
- Saupe EE, Qiao HJ, Hendricks JR, Portell RW, Hunter SJ, Soberón J, Lieberman BS (2015) Niche breadth and geographic range size as determinants of species survival on geological time scales. *Global Ecology & Biogeography*, 24, 1159–1169.
- Stockwell D, Peters D (1999) The GARP modeling system: problems and solutions to automated spatial prediction. *International Journal of Geographical Information Science*, 13, 143–158.
- Su GX (1997) Germplasm resources of almonds in China. *China Seeds*, 2, 6–8. (in Chinese) [苏贵兴 (1987) 我国的扁桃种质资源. *作物品种资源*, 2, 6–8.]
- van Proosdij ASJ, Sosef MSM, Wieringa JJ, Raes N (2015) Minimum required number of specimen records to develop accurate species distribution models. *Ecography*, 39, 542–552.
- Wu B, Su ZZ, Chen ZX (2007) A revised potential extent of desertification in China. *Journal of Desert Research*, 27, 911–917. (in Chinese with English abstract) [吴波, 苏志珠, 陈仲新 (2007) 中国荒漠化潜在发生范围的修订. *中国沙漠*, 27, 911–917.]
- Xu XQ, Chu JM (2013) Analysis on development potential and countermeasures of *Amygdalus pedunculata* industry. *Forest Resources Management*, 1, 22–25. (in Chinese with English abstract) [许新桥, 褚建民 (2013) 长柄扁桃产业发展潜力分析及对策研究. *林业资源管理*, 1, 22–25.]
- Xu XT, Yang Y, Wang LS (2008) Geographic distribution and potential distribution estimation of *Pseudotsuga chienii*. *Journal of Plant Ecology (Chinese Version)*, 32, 1134–1145. [徐晓婷, 杨永, 王利松 (2008) 白豆杉的地理分布及潜在分布区估计. *植物生态学报*, 32, 1134–1145.]
- Xu ZL, Peng HH, Peng SZ (2015) The development and evaluation of species distribution models. *Acta Ecologica Sinica*, 35, 557–567. (in Chinese with English abstract) [许仲林, 彭焕华, 彭守章 (2015) 物种分布模型的发展及评价方法. *生态学报*, 35, 557–567.]
- Zhang DY, Jiang XH (1999) Progress in studies of genetic diversity and conservation biology of endangered plant species. *Chinese Biodiversity*, 7, 31–37. (in Chinese with English abstract) [张大勇, 姜新华 (1999) 遗传多样性与濒危植物保护生物学研究进展. *生物多样性*, 7, 31–37.]
- Zhang L, Liu SR, Sun PS, Wang TL (2011) Comparative evaluation of the effects of climate change on the potential distribution of *Pinus massoniana*. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 35, 1091–1105. [张雷, 刘世荣, 孙鹏森, 王同立 (2011) 气候变化对马尾松潜在分布影响预估的多模型比较. *植物生态学报*, 35, 1091–1105.]
- Zhang P, Shen YH, Wang XL, Hou RT (2007) Determination of amygdalin in *Amygdalus pedunculata* Pall by high performance liquid chromatography. *Chinese Journal of Analysis Laboratory*, 26(10), 80–83. (in Chinese with English abstract) [张萍, 申烨华, 王晓玲, 侯睿婷 (2007) 高效液相色谱法测定长柄扁桃仁中的苦杏仁甙. *分析实验室*, 26(10), 80–83.]
- Zhang WJ, Chen JK (2003) Advances in study of the distribution area of species. *Biodiversity Science*, 11, 364–369. (in Chinese with English abstract) [张文驹, 陈家宽 (2003) 物种分布区研究进展. *生物多样性*, 11, 364–369.]
- Zhang YB, Ma KP (2008) Geographic distribution patterns and status assessment of threatened plants in China. *Biodiversity and Conservation*, 17, 1783–1798.
- Zhao YZ (1992) *Atlas of Endangered Rare Plants in Inner Mongolia*. China Agricultural Science and Technology Press, Beijing. (in Chinese) [赵一之 (1992) 内蒙古珍稀濒危植物图谱. 中国农业科技出版社, 北京.]
- Zhu GP, Liu GQ, Bu WJ, Gao YB (2013) Ecological niche modeling and its applications in biodiversity conservation. *Biodiversity Science*, 21, 90–98. (in Chinese with English abstract) [朱耿平, 刘国卿, 卜文俊, 高玉葆 (2013) 生态位模型的基本原理及其在生物多样性保护中的应用. *生物多样性*, 21, 90–98.]
- Zuo WY, Lao N, Geng YY, Ma KP (2007) Predicting species' potential distribution—SVM compared with GARP. *Chinese Journal of Plant Ecology (Chinese Version)*, 31, 711–719. (in Chinese with English abstract) [左闻韵, 劳逆, 耿玉英, 马克平 (2007) 预测物种潜在分布区——比较SVM与GARP. *植物生态学报*, 31, 711–719.]

(责任编辑: 张大勇 责任编辑: 黄祥忠)

附录 Supplementary Material

附录1 19个环境因子相关性矩阵

Appendix 1 Correlation matrix of 19 environmental factors

<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2015218-1.pdf>

附录 1 19 个环境因子相关性矩阵

Appendix 1 Correlation matrix of 19 environmental factors

	BIO1	BIO2	BIO3	BIO4	BIO5	BIO6	BIO7	BIO8	BIO9	BIO10	BIO11	BIO12	BIO13	BIO14	BIO15	BIO16	BIO17	BIO18	BIO19
BIO1	1	−0.6407	−0.13122	−0.32192	0.81758	0.91502	−0.45133	0.85066	0.89328	0.88764	0.9133	0.64593	0.57018	0.63063	−0.5384	0.58384	0.61987	0.54875	0.59271
BIO2	−0.6407	1	0.31783	0.38107	−0.35843	−0.7414	0.59513	−0.42164	−0.61252	−0.49154	−0.66365	−0.80322	−0.73079	−0.77286	0.58836	−0.73765	−0.76737	−0.70507	−0.73224
BIO3	−0.13122	0.31783	1	−0.71642	−0.53211	0.12141	−0.54335	−0.47056	0.21473	−0.49393	0.2012	0.01224	0.02635	−0.18267	0.24164	0.06607	−0.16107	0.09188	−0.12842
BIO4	−0.32192	0.38107	−0.71642	1	0.26827	−0.65554	0.96786	0.19095	−0.66787	0.1484	−0.67876	−0.52514	−0.45072	−0.3838	0.21188	−0.49837	−0.3982	−0.48531	−0.40445
BIO5	0.81758	−0.35843	−0.53211	0.26827	1	0.5293	0.1367	0.9698	0.51675	0.98442	0.51937	0.28269	0.23449	0.37992	−0.41938	0.22406	0.36088	0.19052	0.33226
BIO6	0.91502	−0.7414	0.12141	−0.65554	0.5293	1	−0.76811	0.586	0.97095	0.64	0.9923	0.75509	0.65679	0.70496	−0.54934	0.68509	0.70241	0.64806	0.68096
BIO7	−0.45133	0.59513	−0.54335	0.96786	0.1367	−0.76811	1	0.04771	−0.74366	−0.00431	−0.76662	−0.66828	−0.58988	−0.53637	0.3249	−0.6308	−0.54776	−0.61287	−0.54432
BIO8	0.85066	−0.42164	−0.47056	0.19095	0.9698	0.586	0.04771	1	0.55486	0.98053	0.57752	0.35365	0.33854	0.36981	−0.36643	0.32284	0.34837	0.31458	0.31432
BIO9	0.89328	−0.61252	0.21473	−0.66787	0.51675	0.97095	−0.74366	0.55486	1	0.60942	0.98022	0.6739	0.56406	0.65042	−0.52872	0.59758	0.65096	0.55643	0.64266
BIO10	0.88764	−0.49154	−0.49393	0.1484	0.98442	0.64	−0.00431	0.98053	0.60942	1	0.62534	0.42013	0.37662	0.47847	−0.45798	0.36607	0.46063	0.33462	0.42838
BIO11	0.9133	−0.66365	0.2012	−0.67876	0.51937	0.9923	−0.76662	0.57752	0.98022	0.62534	1	0.7268	0.63531	0.65967	−0.50771	0.6654	0.6577	0.6316	0.63923
BIO12	0.64593	−0.80322	0.01224	−0.52514	0.28269	0.75509	−0.66828	0.35365	0.6739	0.42013	0.7268	1	0.95133	0.84378	−0.47126	0.97137	0.84693	0.937	0.83188
BIO13	0.57018	−0.73079	0.02635	−0.45072	0.23449	0.65679	−0.58988	0.33854	0.56406	0.37662	0.63531	0.95133	1	0.70092	−0.26366	0.99084	0.70263	0.98088	0.68794
BIO14	0.63063	−0.77286	−0.18267	−0.3838	0.37992	0.70496	−0.53637	0.36981	0.65042	0.47847	0.65967	0.84378	0.70092	1	−0.64033	0.72072	0.99327	0.63845	0.973
BIO15	−0.5384	0.58836	0.24164	0.21188	−0.41938	−0.54934	0.3249	−0.36643	−0.52872	−0.45798	−0.50771	−0.47126	−0.26366	−0.64033	1	−0.31214	−0.64542	−0.25269	−0.62473
BIO16	0.58384	−0.73765	0.06607	−0.49837	0.22406	0.68509	−0.6308	0.32284	0.59758	0.36607	0.6654	0.97137	0.99084	0.72072	−0.31214	1	0.723	0.98538	0.70846
BIO17	0.61987	−0.76737	−0.16107	−0.3982	0.36088	0.70241	−0.54776	0.34837	0.65096	0.46063	0.6577	0.84693	0.70263	0.99327	−0.64542	0.723	1	0.63958	0.98162
BIO18	0.54875	−0.70507	0.09188	−0.48531	0.19052	0.64806	−0.61287	0.31458	0.55643	0.33462	0.6316	0.937	0.98088	0.63845	−0.25269	0.98538	0.63958	1	0.61621
BIO19	0.59271	−0.73224	−0.12842	−0.40445	0.33226	0.68096	−0.54432	0.31432	0.64266	0.42838	0.63923	0.83188	0.68794	0.973	−0.62473	0.70846	0.98162	0.61621	1

BIO1, 年平均温度; BIO2, 平均温度日较差; BIO3, 等温性; BIO4, 温度季节性; BIO5, 最热月最高温度; BIO6, 最冷月最低温度; BIO7, 平均温度年较差; BIO8, 最湿季平均温度; BIO9, 最干季平均温度; BIO10, 最热季平均温度; BIO11, 最冷季平均温度; BIO12, 年降水量; BIO13, 最湿月降水量; BIO14, 最干月降水量; BIO15, 降水季节性; BIO16, 最湿季降水量; BIO17, 最干季降水量, Precipitation of Driest Quarter; BIO18, 最热季降水量; BIO19, 最冷季降水量。

BIO1, Annual mean temperature; BIO2, Mean diurnal range (mean of monthly (max. temp. – min. temp.)); BIO3, Isothermality (BIO2/BIO7) (* 100); BIO4, Temperature seasonality (standard deviation *100); BIO5, Max. temperature of warmest month; BIO6, Min. temperature of coldest month; BIO7, Temperature annual range (BIO5–BIO6); BIO8, Mean temperature of wettest quarter; BIO9, Mean temperature of driest quarter; BIO10, Mean temperature of warmest quarter; BIO11, Mean temperature of coldest quarter; BIO12, Annual precipitation; BIO13, Precipitation of wettest month; BIO14, Precipitation of driest month; BIO15, Precipitation seasonality

褚建民, 李毅夫, 张雷, 李斌, 高明远, 唐晓倩, 倪建伟, 许新桥. 濒危物种长柄扁桃的潜在分布与保护策略. 生物多样性, 2017, 25 (8): 799–806.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2015218>

(Coefficient of Variation); BIO16, 最湿季降水量, Precipitation of Wettest Quarter; BIO17, 最干季降水量, Precipitation of Driest Quarter; BIO18, 最热季降水量, Precipitation of Warmest Quarter; BIO19, 最冷季降水量, Precipitation of Coldest Quarter.

•研究报告•

海南岛苦苣苔科植物的地理分布格局 与系统发育关系

凌少军 孟千万 唐 亮 任明迅*

(海南大学热带农林学院环南海陆域生物多样性研究中心, 海口 570228)

摘要: 岛屿是开展生物区系与生物地理学研究的天然实验室。海南岛是中国唯一的热带大陆性岛屿, 地处中国—喜马拉雅植物亚区和马来西亚亚区交界地带, 物种来源与迁移历史十分复杂。本文首先分析了海南岛苦苣苔科物种多样性与地理分布格局, 然后利用核基因ITS1/2和叶绿体基因 $trnL-F$ 序列建立海南岛苦苣苔科植物的系统发育树, 揭示其物种迁移历史与特有类群的形成时间。海南岛苦苣苔科野生类群虽然仅有14属24种, 但包括了扁蒴苣苔属(*Cathayanthe*)和盾叶苣苔属(*Metapetrocosme*) 2个特有属、8个特有种(含1变种)。面积归一化处理后, 海南岛该科的特有种比例仅次于广西, 远高于云南和邻国越南。物种组成相似度分析结果显示, 海南岛与广东省的共有物种最多, 这可能是第三纪末期(~3 Ma)几度海进海退过程中, 海南岛通过雷州半岛与广东多次连接的结果。海南岛苦苣苔科植物在海拔400–1,000 m和1,400 m以上形成2个集中分布区, 特有种则集中分布在高海拔区域, 表明海南岛中南部连绵的高山是苦苣苔科特有种形成与维持的一个重要原因。海南岛有着亚洲苦苣苔科的多个基部类群, 且都与东南亚共享; 海南岛—中国大陆分布的类群则处于系统树的较新分支, 表明海南岛苦苣苔科植物早期是从东南亚迁入。海南岛两个特有属的形成时间约在12 Ma, 特有种也都在15–5 Ma才分化出来, 这可能与印度板块撞击亚欧板块导致的东亚季风气候(约28 Ma)和此时海南岛远距大陆约100 km造成的隔离作用有关。

关键词: 物种多样性; 特有种; 地理分布; 物种迁移; 分子系统

Gesneriaceae on Hainan Island: distribution patterns and phylogenetic relationships

Shaojun Ling, Qianwan Meng, Liang Tang, Mingxun Ren*

Research Center for Terrestrial Biodiversity of the South China Sea, Institute of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, Haikou 570228

Abstract: Hainan Island offers an excellent opportunity to study biodiversity and biogeography as it is the biggest tropical island in China while its flora evolution and biogeographic patterns have remained largely unexplored. Gesneriaceae is a typical tropical plant family, showing diversification centers in southwestern China and the Malay Archipelago. Hainan Island is located between these two ‘hotspots’. In this study, area-adjusted species density and endemic indices of Gesneriaceae on Hainan Island were compared with nearby regions including Guangdong, Guangxi, Yunnan, Guizhou, and Vietnam. The detailed distribution patterns of Gesneriaceae on Hainan Island were also explored by comparing species diversity and endemic proportions among different mountains and altitudes. We also used nuclear ITS1/2 and chloroplast $trnL-F$ sequences to construct a phylogenetic tree of Gesneriaceae on Hainan Island to study dispersal histories and the speciation time of Hainan-endemic species. Our results showed that, although Hainan Island has only 24 Gesneriaceae species, of which eight species and two genera are endemic, it also was characterized by a very high area-adjusted species diversity and endemic index due to its small geographical area. Hainan Gesneriaceae were distributed mainly in high mountainous regions such as Mt. Wuzhi, Mt. Jianfeng, and Mt. Yingge and showed the highest species diversity at both 400–1,000 m and >1,400 m a.s.l. The molecular data showed that two endemic monotypic genera, i.e. *Metapetrocosme* and *Cathayanthe*, evolved at about 12 Ma, which

收稿日期: 2016-12-21; 接受日期: 2017-07-01

基金项目: 国家自然科学基金(41661010, 31670230)和海南大学科研启动经费(kyqd1613)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: renmx@hainu.edu.cn

may have been triggered by the monsoon climate (formed at about 28 Ma). Hainan contains the most basal taxa of Asian Gesneriaceae and shared these with Southeast Asia, suggesting Hainan Gesneriaceae largely originated from Southeast Asia, instead of the Chinese mainland. However, the great similarity of species composition between Hainan Island and the geographically-closest province, i.e. Guangdong, proves that Hainan flora experienced frequent species exchanges with the Chinese mainland recently, likely during the late Tertiary (~3 Ma) when the island was connected with the Chinese mainland.

Key words: species diversity; endemic species; geographic distribution; species dispersal; molecular phylogeny

岛屿是开展生物多样性保护、物种迁移与适应进化和生物地理学研究的天然实验室(MacArthur & Wilson, 1967; Losos & Ricklefs, 2010; Bramwell & Caujapé-Castells, 2011)。海南岛位于中国大陆最南端、亚洲热带北缘,面积达3.4万km²,是中国第一大全热带岛屿。海南岛也是全球生物多样性热点地区之一(Myers et al, 2000),维管植物多达4,000多种,其中特有植物有480多种(杨小波, 2013)。

海南岛生物多样性的起源及其与周边地区的联系一直存在争议(Francisco-Ortega et al, 2010; Zhu, 2016)。张宏达(1962, 2001)指出,海南岛、台湾岛、广东、广西、福建南部、云南东南部及中南半岛北部等地区的植物均属华南亚区;张超常和刘兰芳(1983)认为,海南岛属于华夏植物区系;而蒋有绪(1988)认为,海南岛的植物区系应属印度-马来西亚区系。王荷生(2000)、吴征镒等(2011)以及Zhu (2016)基本赞同蒋有绪的结论,认为海南岛及邻近地区植物区系应属马来西亚亚区。然而,传统植物区系地理学研究主要以植物区系的分类群组成及其分布区类型的分析为主,相对忽视了进化历史的分析(李嵘和孙航, 2017)。

海南岛及其邻近地区是苦苣苔亚科(Cyrtandroideae)的集中分布区(李振宇和王印政, 2005; 韦毅刚, 2010)。苦苣苔亚科约有1,700种,物种分化与特有中心有两个:一个是位于中国西南部的广西、云南、贵州交界地区(苏志尧和张宏达, 1994; 李振宇, 1996; 韦毅刚等, 2004; 丁莉等, 2010);另一个位于东南亚的马来群岛(李振宇, 1996; 李振宇和王印政, 2005; Möller et al, 2010)。海南岛位于这两个中心之间,分布着24种苦苣苔科植物,其中8个特有种(含1变种)、2个特有属(韦毅刚, 2010; 邢福武, 2012)。苦苣苔亚科在海南岛及其一南一北两个物种多样性中心之间的地理分布格局及物种迁移历史,可能是认识海南岛植物多样性起源与演化、揭示海南岛在

亚洲热带植物物种迁移过程中作用的一个窗口。

本文首先比较分析了海南岛及其周边地区的苦苣苔科物种多样性与地理分布特点,然后利用核基因与叶绿体基因重建海南岛自然分布的苦苣苔科物种系统关系,并结合海南岛物种地理分布格局、相关地质历史及与周边地区物种组成的比较等,分析了海南岛苦苣苔科物种迁移历史与特有种形成时间,拟为揭示海南岛植物多样性形成与演化历史提供依据。

1 材料与方法

1.1 海南岛及邻近地区的苦苣苔科物种多样性

为确定海南岛苦苣苔科植物的物种多样性水平及其与周边地区的联系,本文收集了海南岛、云南、广西、贵州、广东及邻国越南苦苣苔科物种多样性数据(Pham, 1991; 李振宇和王印政, 2005; 韦毅刚, 2010; 表1)。为降低这6个地区因为面积差异过大可能产生的“抽样效应”(sampling effects),本文参照Tang等(2006),通过面积归一化(自然对数转换)之后计算各地区的物种密度(species density, SD)和特有指数(endemic index, EI):

$$SD = N/\ln(A) \quad (1)$$

$$EI = [N_E/(N-N_E)] / \ln(A) \quad (2)$$

其中, N 为该地区苦苣苔科物种总数, N_E 为该地区苦苣苔科特有种数, A 为该地区地理面积(单位: km²)。

根据陈圣宾等(2010),我们使用目前广泛应用的Jaccard相似性指数(Jaccard, 1912)来度量海南岛与其邻近地区的物种组成相似性程度: $C_j = c / (a + b - c)$ 。其中, a 为海南岛苦苣苔科物种数, b 为邻近某地区的物种数, c 为两地共有物种数。

1.2 海南岛苦苣苔科植物的地理分布格局

水平分布格局的研究选择海南岛8个主要山区,即五指山(主峰海拔1,867 m)、鹦哥岭(1,812 m)、霸王岭(1,654 m)、吊罗山(1,499 m)、尖峰岭(1,413 m)、

黎母山(1,412 m)、俄贤岭(1,238 m)和仙安石林(1,107 m)等。这些地点涵盖了海南岛整个中南部山区,也覆盖了苦苣苔科在海南岛的整个分布区域,能客观反映海南岛苦苣苔科的物种多样性及水平分布格局。

以200 m的海拔间隔,对苦苣苔科所有物种和特有种在以上8个地点不同海拔区间的垂直分布格局进行分析,确定物种多样性和特有种丰富度最高的海拔位置。

1.3 海南岛苦苣苔科的物种系统发育关系

在海南岛全岛范围采集了海南特有种烟叶唇柱苣苔(*Chirita heterotricha*)、海南蛛毛苣苔(*Paraboea hainanensis*)、盾叶苣苔(*Metapetrocosmea peltata*)、黄花马铃苣苔(*Oreocharis flavida*)、毛花马铃苣苔(*O. dasyantha*)以及广布种红花芒毛苣苔(*Aeschynanthus moningeriae*)各不少于5个个体的幼叶,经变色硅胶干燥,然后用改良的CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide, 十六烷基三甲基溴化铵)法提取叶片总DNA (Doyle & Doyle, 1987)。选择变异程度大的叶绿体基因片段*trnL-F* (Wang et al, 2010)和核基因片段ITS1/2 (White et al, 1990)进行扩增和序列分析(表2)。

PCR反应体系25 μ L, 包括 17 μ L 去离子水, 2.5 μ L 10 \times 缓冲液, 0.5 μ L 10 mM dNTPs, 5 μ M引

物各0.5 μ L, 1 μ L DNA和 0.5 μ L 5 U/ μ L *Taq*酶(Aidlab公司)。ITS1/2的反应程序: 94 $^{\circ}$ C预变性5min, 94 $^{\circ}$ C变性1 min, 55 $^{\circ}$ C退火1 min, 72 $^{\circ}$ C延伸1 min, 共35个循环,最后在72 $^{\circ}$ C延伸10 min。*TrnL-F*的反应程序: 94 $^{\circ}$ C预变性4 min, 94 $^{\circ}$ C变性30 s, 58 $^{\circ}$ C退火40 s, 72 $^{\circ}$ C延伸1 min, 共35个循环,最后72 $^{\circ}$ C延伸10 min。PCR产物送华大基因测序。

本研究中,除通过测序获得6个苦苣苔科物种DNA序列外,海南岛分布的苦苣苔科有14个物种(包括海南特有种扁蒴苣苔(*Cathayanthe biflora*))的ITS1/2和*trnL-F*序列都可从GenBank获得(附录1)。为标定物种分化时间,补充与亚洲苦苣苔科亲缘关系最近的、物种分化时间(57 Ma)已知的*Sanango racemosum* (Perret et al, 2013)一起建树。因此,一共有21个海南岛苦苣苔科植物的DNA序列(附录1)用于建立系统发育树。各物种的核基因ITS1/2片段和叶绿体*trnL-F*片段用SequenceMatrix软件(Vaidya et al, 2011)拼接;用MEGA 6.0软件(Kumar et al, 2008)整合拼接好的片段。

用BEAST v1.7.5 (Drummond & Rambaut, 2007)建立海南岛苦苣苔科植物的系统发育树。首先,碱基替代模型为根据MODELTEST v3.6 (Posada & Crandall, 1998)软件计算出的GTR+G模型;其次,用BESAT v1.7软件包中BEAUti生成.xml文件,对所

表 1 海南岛与邻近地区苦苣苔科物种多样性比较
Table 1 Comparison of species diversity of Gesneriaceae between Hainan Island with its nearby regions

地区 Region	面积 Area ($\times 10^4$ km ²)	海拔高差 Elevation range (m)	物种数 No. of species	特有种数 No. of endemic species	物种密度 Species density	特有指数 Endemic index	与海南岛相似性的 Jaccard 指数 Jaccard index of similarity between the region and Hainan Island
海南岛 Hainan Island	3.54	1,867	24	8	18.985	0.396	—
云南 Yunnan	39.10	6,664	236	106	64.373	0.222	0.040
广西 Guangxi	23.67	2,141	211	120	66.683	0.417	0.044
贵州 Guizhou	17.62	2,793	97	28	33.809	0.141	0.052
广东 Guangdong	17.98	1,882	60	20	20.767	0.173	0.167
越南 Vietnam	32.90	3,143	60	21	17.175	0.154	0.050

表 2 确定苦苣苔科植物系统关系的 DNA 片段及其引物
Table 2 DNA fragments and the primers used for phylogenetic studies of Gesneriaceae species

DNA 片段 DNA fragment	引物序列 Sequence	片段大小 Fragment size	参考文献 Reference
核基因片段 ITS1/2	ITS1: TCCGTAGGTGAACCTGCGG	851 bp	White et al, 1990
	ITS2: GCTGCGTTCTTCATCGATGC		
叶绿体基因片段 <i>trnL-F</i>	<i>trnL</i> : CGAAATCGGTAGACGCTAGG	859 bp	Wang et al, 2010
	<i>trnF</i> : ATTTGAACTGGTGACACGAG		

有21个物种拼接好的片段计算物种分化时间,以 *Sanango racemosum* (57 Ma) (Perret et al, 2013)来限制某一分支出现的时间。设置的主要参数为:核苷酸替代模型为GTR, 选择Gamma+Invariant位点, Gamma型分布及4种变化速率类型, 分子钟模型采用不相关对数松弛分子钟(uncorrelated lognormal relaxed molecular clock model), 树的后验拓扑结构为Yule speciation。独立计算2次, 每次运算8,000万代, 每1,000代取样1次, 舍弃10%的树(8,000棵) (Perret et al, 2013)。最后, 通过TRACER v1.5 (<http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer/>)检验相同分布的收敛性, 确保样本足够大小, 用TreeAnnotator v1.7.4软件建树, 所得的MCC树用FigTree v1.3.1 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>)打开, 将具有平均分化时间和95%置信区间的树以.pdf文件形式导出。

1.4 物种分化与花部特征和生境类型的关系

为分析海南岛苦苣苔科植物的物种分化是否伴随着花部特征与生境类型的适应变化, 所有21个物种的主要花部特征如花对称性以及生境(石灰岩地貌、海拔高度)等数据也标注在系统发育树上进行比对。

2 结果

2.1 物种多样性

经过面积归一化处理, 海南岛苦苣苔科植物的物种密度为18.985, 略高于越南(17.175)。海南岛苦苣苔科物种特有指数为0.396 (表1), 仅次于最高的广西(0.417), 略高于物种多样性高达236 (其中特有种106)的云南(0.222)。

海南岛与广东省共有种有12种, 物种相似性Jaccard指数达0.167, 远高于贵州(0.052)、越南(0.050)、广西(0.044)、云南(0.040)等地区与海南岛的物种相似性(表1)。

2.2 地理分布格局

2.2.1 水平方向

海南岛苦苣苔科物种多样性最高的地区是五指山(15种)、鹦哥岭(11种)、尖峰岭(11种)和霸王岭(10种); 特有种分布最多的为五指山(6种)和尖峰岭(5种) (图1)。红花芒毛苣苔、吊石苣苔(*Lysionotus pauciflorus*)、椭圆线柱苣苔(*Rhynchotechum ellipticum*)和冠萼线柱苣苔(*R. formosanum*)在海南岛各大山区均有分布, 其余的大多数苦苣苔科物种

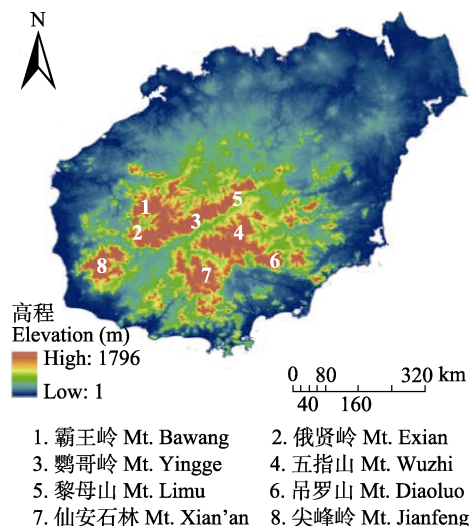


图1 海南岛地形及本文研究的山峰

Fig. 1 Topography of Hainan Island and the mountains studied

仅在五指山、鹦哥岭和尖峰岭等少数山区有分布。

海南岛的8个特有种中, 烟叶唇柱苣苔、盾叶苣苔、毛花马铃苣苔、黄花马铃苣苔在整个海南岛的各山区均有分布。而其他特有种分布非常狭窄, 如扁蒴苣苔仅在五指山有发现, 昌江蛛毛苣苔(*Paraboea changjiangensis*)与海南蛛毛苣苔仅分布在俄贤岭岩溶地貌上, 毛花马铃苣苔变种锈毛马铃苣苔(*O. dasyantha* var. *ferruginosa*)只在五指山、吊罗山等零星分布。

2.2.2 垂直方向

海南岛苦苣苔科植物在600–800 m的中海拔区域分布最为集中, 然后向高海拔和低海拔依次递减。特有种的多样性在中海拔以及高海拔(1,600–1,800 m)出现了两个峰值, 如五指山、鹦哥岭和尖峰岭(图2)。芒毛苣苔(*Aeschynanthus bracteatus*)、横蒴苣苔(*Beccarinda tonkinensis*)、椭圆线柱苣苔和十字苣苔(*Stauroanthera umbrosa*)等物种的海拔分布广, 从沟谷到山顶都有分布。海拔分布最低的物种有网脉蛛毛苣苔(*Paraboea dictyoneura*)和异色线柱苣苔(*Rhynchotechum discolor*), 可低至海拔200 m。

海南岛苦苣苔科特有种的分布海拔集中在高海拔(> 1200 m)和中海拔(600–1200 m)区域(图2), 在石灰岩分布的物种并不多(图4), 但4个海南岛特有种有3个是石灰岩专性或兼性物种。

2.3 物种系统发育关系

尖舌苣苔属(*Rhynchoglossum*)在海南岛苦苣苔

科植物系统发育树上位于基部, 大概在49 Ma分化出来, 在32 Ma前后分化出十字苣苔属(*Stauroanthera*) (图3)。线柱苣苔属(*Rhynchotechum*)和横蒴苣苔属(*Beccarinda*)亲缘关系较近, 形成另一支系。蛛毛苣苔属(*Paraboea*)和旋蒴苣苔属(*Boea*)则形成另外一支, 并在大约14 Ma分化出海南岛特有种海南蛛毛苣苔。

海南岛特有的2个单种属, 盾叶苣苔属(*Metapetrocosmea*)形成时间约在12 Ma, 扁蒴苣苔属(*Cathayanthe*)则在大约13 Ma从双片苣苔属分化出来 (图3)。

海南岛苦苣苔科植物的基部类群都是与东南

亚共享的, 而海南岛-中国大陆分布的类群均处于系统树20 Ma以后的较近分化出的分支。

2.4 花部特征与生境类型的转变

从花的对称性来看, 海南岛苦苣苔科植物与整个唇形目一致, 两侧对称花是较为原始的状态, 只在十字苣苔属和线柱苣苔属物种以及黄花马铃苣苔中出现了辐射对称花(图4)。

海南岛苦苣苔科植物与石灰岩地貌的相关性很小, 大多数物种都分布在非石灰岩地貌, 仅有海南蛛毛苣苔以及另一个因缺少相关DNA序列而未列入系统发育研究的昌江蛛毛苣苔是石灰岩地貌专性物种; 而烟叶唇柱苣苔和盾叶苣苔则广布于石

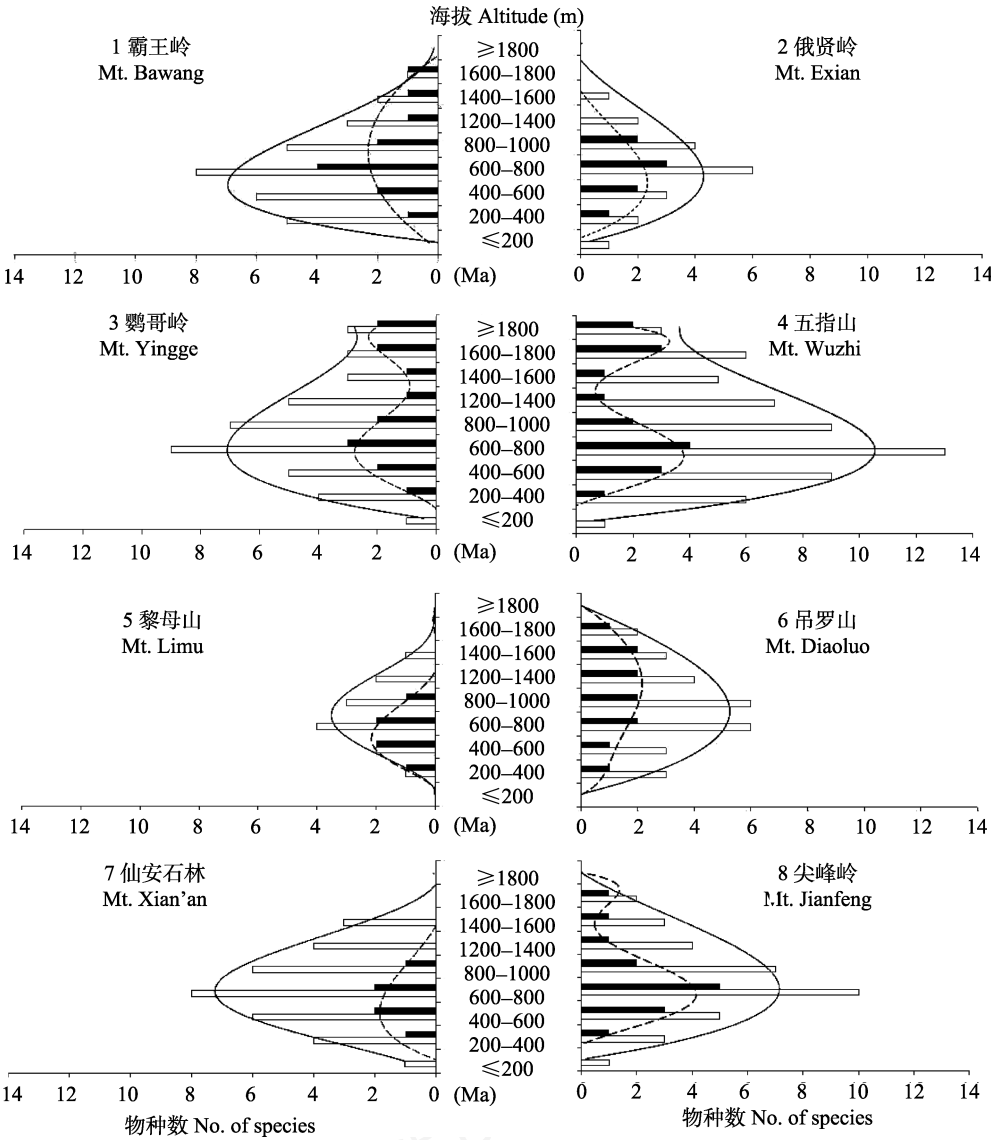


图 2 海南岛苦苣苔科物种多样性的垂直分布。□所有物种; ■ 特有种。
Fig. 2 Altitudinal distribution of species diversity of Gesneriaceae on Hainan Island. □ All species, ■ Hainan-endemic species.

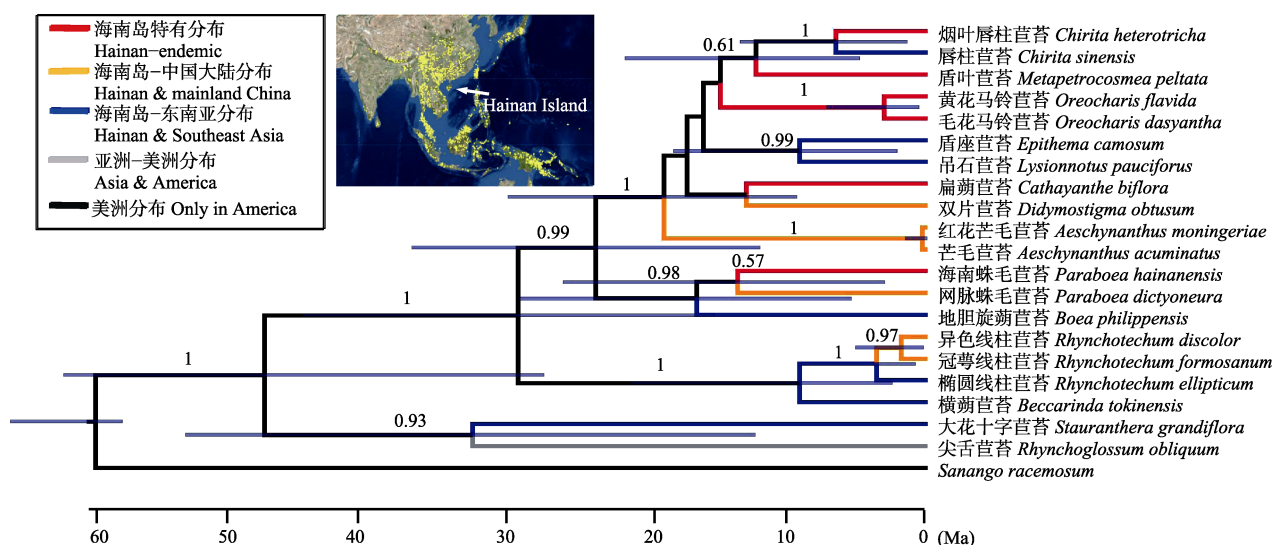


图 3 根据 ITS 和 *trnL-F* 序列建立的海南岛苦苣苔科物种系统发育树。上方的地图显示了苦苣苔亚科在亚洲的地理分布，示海南岛位于分布区中心。分支上的数值表示支持率。

Fig. 3 Phylogenetic tree of Hainan Gesneriaceae based on ITS and *trnL-F*. The insert map shows the geographical distribution of Asian Gesneriaceae. Note that Hainan Island locates at the center of the distribution range. The values above branches represent Bayesian posterior probabilities.

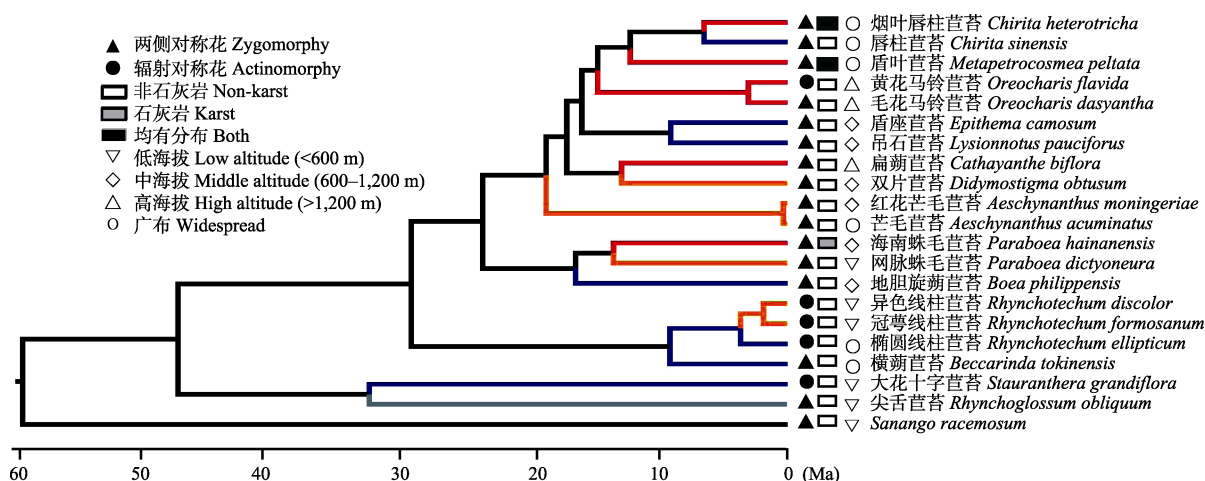


图 4 海南岛苦苣苔科植物花对称性、分布生境与海拔的转变。分支颜色含义同图 3。

Fig. 4 Transitions of floral symmetry, habitat type and distribution altitude of Gesneriaceae on Hainan Island. See Fig. 3 for the indication of branch color.

灰岩与非石灰岩地貌(图4)。

从分布海拔来看，海南岛苦苣苔科的原始类群多分布在低海拔地区，后期分化出来的支系出现向中、高海拔迁移的趋势，而海南岛特有种则多集中在高海拔区域(图4)。

3 讨论

3.1 物种多样性及其分布格局

海南岛苦苣苔科植物有24种，其中8个特有种，

与邻近地区分布的苦苣苔科植物相比其丰富度较低。这可能是因为海南岛面积仅有3.54万km²，且是海岛，是本文这些区域中面积最小的孤立区域。

虽然海南岛苦苣苔科物种丰富度较低，但物种特有比例高达33% (8/24)，且经过面积归一化处理后得到的特有指数较高(0.396)。这些特有植物主要分布于海南岛中南部山区，且物种数最多的山峰往往是海拔最高的，如五指山(15种)，其次是鹦哥岭(11种)、尖峰岭(11种)和霸王岭(10种) (图1)。海南岛

特有种基本都分布在高海拔区域(图2), 如扁蒴苣苔、黄花马铃苣苔仅分布在海拔1,400 m以上。因此, 高山深谷形成的生境隔离可能促进了苦苣苔科的物种形成与维持(韦毅刚等, 2004)。与近缘种相比, 海南岛特有种的海拔分布表现出向上迁移的趋势(图2)。这表明高耸入云的山顶形成的“天岛”(sky islands; Knowles, 2001; Robin et al, 2015)隔离作用较强, 可能是扩散能力较弱的苦苣苔科特有种得以形成与维持的重要原因。

海南岛苦苣苔科特有种多数分布广泛, 如烟叶唇柱苣苔、盾叶苣苔、毛花马铃苣苔、锈毛马铃苣苔和黄花马铃苣苔在海南岛主要山峰都有较多的自然分布。这主要是因为海南岛中南部山区连续性较高、生境破碎化程度较小, 而且这些物种适应性较强(Francisco-Ortega et al, 2010; 邢福武, 2012)。如烟叶唇柱苣苔既喜阴也耐旱, 在石灰岩与花岗岩石壁上皆可大量生长, 海拔分布范围也较广; 盾叶苣苔虽然仅生长于阴湿土壤或流水石上, 但这种小生境遍布海南岛各大山区和不同海拔; 毛花马铃苣苔耐旱、耐寒, 分布在高海拔的砂砾岩石壁上或者林下岩石上, 在海拔超过1,000 m的五指山、鹦哥岭、霸王岭等地都有分布(邢福武, 2012)。

3.2 物种迁移历史

在海南岛自然分布的苦苣苔科植物中, 分化时间最早的类群是尖舌苣苔属(图3)。尖舌苣苔属间断分布于亚洲和中南美洲(李振宇, 1996), 约在49 Ma左右起源于南美, 之后扩散至亚洲的热带地区即现今的东南亚群岛一带(Perret et al, 2013)。海南岛有着大量该科的基部类群如尖舌苣苔属、十字苣苔属、横蒴苣苔属以及线柱苣苔属(图3), 而且都与东南亚共享, 表明苦苣苔科植物在很早的时候就已从东南亚迁入了海南岛。海南岛的地质历史也证实了这种可能性, 海南岛所处的陆地在早期的时候(印度板块撞击欧亚板块之前)与中南半岛相连(Zhu, 2016)。

海南岛-中国大陆共同分布的类群处于海南岛苦苣苔科系统发育树末端的较新分支, 表明海南岛苦苣苔科植物可能是在后期才与中国大陆有着较强的交流。海南岛两个特有属的形成时间约在12 Ma, 特有种也多集中在15–5 Ma才分化出来(图3)。在15 Ma左右, 海南岛在印度板块撞击欧亚板块、中南半岛向南挤压的作用下从北部湾脱离出来并已

远离周边大陆约100 km (Zhu, 2016)。这种海岛隔离作用可能导致了海南岛苦苣苔科植物特有种的形成(Ling et al, 2017)。

海南岛苦苣苔科植物与邻近的广东省有着最高的Jaccard相似性系数(表1), 这可能是因为上新世末的海退和晚更新世末海平面的下降, 导致海南岛与广东省的雷州半岛曾两度相连(Liang, 2013; Zhu, 2016)。这个过程中, 广东地区的苦苣苔科植物如芒毛苣苔属、蛛毛苣苔属和线柱苣苔属等植物可能多次进入海南岛(图3), 造成两地苦苣苔科物种组成的相似性很高。

3.3 物种适应进化

苦苣苔科植物的花部特征非常特化, 是对昆虫传粉适应程度很高的一个类群(Wang et al, 2010; 韦毅刚, 2010; Martén-Rodríguez et al, 2015)。两侧对称的唇形花冠可能是苦苣苔科作为唇形目一员的原始状态(Wang et al, 2010)。两侧对称花的访花昆虫更专一, 传粉精确性更高; 而辐射对称花的访花昆虫较多, 花粉浪费较大, 但也不容易受到专一昆虫丧失带来的灭绝风险(Gong & Huang, 2009)。一般而言, 海岛的昆虫种类与数量少, 植物传粉方式多依靠多种昆虫进行泛化传粉或自交, 花冠多为辐射对称(Barrett et al, 1996; Martén-Rodríguez et al, 2015)。本研究发现, 海南岛苦苣苔科植物大多仍为两侧对称花, 只有冠萼线柱苣苔、大花十字苣苔(*Stauroanthera grandiflora*)和海南岛特有种黄花马铃苣苔出现了辐射对称花(图4)。

虽然石灰岩地貌造成的生境隔离作用被认为是苦苣苔科物种分化的一个极其重要的因素(韦毅刚等, 2004; Möller et al, 2016), 但海南岛的石灰岩地貌总面积仅约400 km², 只占海南岛面积的1%左右, 零星分布于海南岛西部、南部的部分山地(王发国等, 2006)。这些分散的小面积石灰岩地貌造成的生境隔离作用可能很弱, 使得海南岛特有的石灰岩专性物种非常少, 仅有海南蛛毛苣苔(图4)和昌江蛛毛苣苔出现在海南岛石灰岩地貌最集中分布的俄贤岭(王发国等, 2006)。

从海拔分布区域来看, 苦苣苔科原始类型大多分布在低海拔地区, 之后逐渐向中高海拔迁移, 并在这个过程中由于山顶“天岛”效应及河谷隔离作用而分化出了一些海南岛特有种(图4), 这说明在向中高海拔迁移的过程中, 山顶形成的孤岛效应以及山

脉河谷的隔离作用也促进了海南岛特有种的形成与维持(邢福武, 1995; Ling et al, 2017)。

亚洲的苦苣苔科植物是从南美扩散而来, 海南岛的苦苣苔科植物在历史上很可能最先来自亚洲典型热带地区如东南亚, 后期才与中国大陆发生多次、频繁的物种交流。在这期间, 由于海岛隔离与山顶“天岛”效应等的影响在12 Ma前后分化出了一些特有属和特有种。海南岛自然分布的24个苦苣苔科物种中, 既有与东南亚共享的, 也有与中国大陆共同分布的类群。因此, 海南岛可能在亚洲热带植物长距离迁移过程中起着一定的作用。由于亚洲热带植物多分布在隔离程度大的群岛、半岛及大陆边缘, 将来有必要结合岛屿生物地理学和分子生物学研究方法综合研究海南岛、东南亚群岛、中南半岛等地典型热带植物的迁移历史, 深入认识亚洲热带植物多样性形成与演化。

致谢: 感谢温放博士提供《华南苦苣苔科植物》和越南苦苣苔科植物资料, 史佑海副教授对初稿修改提出宝贵意见。

参考文献

- Barrett SCH, Emerson B, Mallet J (1996) The reproductive biology and genetics of island plants. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 351, 725–733.
- Bramwell D, Caujapé-Castells J (2011) *The Biology of Island Floras*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Chen SB, Ouyang ZY, Xu WH, Xiao Y (2010) A review of beta diversity studies. *Biodiversity Science*, 18, 323–335. (in Chinese with English abstract) [陈圣宾, 欧阳志云, 徐卫华, 肖燚 (2010) Beta多样性研究进展. 生物多样性, 18, 323–335.]
- Ding L, Tang WX, Luo WH, Pan B, Wei YG, Huang SX (2010) Floristic characteristics of endemic plants to Guangxi. *Guihaia*, 30, 202–208. (in Chinese with English abstract) [丁莉, 唐文秀, 骆文华, 盘波, 韦毅刚, 黄仕训 (2010) 广西特有植物区系特征研究. 广西植物, 30, 202–208.]
- Doley JJ, Doley JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19, 11–15.
- Drummond AJ, Rambaut A (2007) BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology*, 7, 214.
- Francisco-Ortega J, Wang ZS, Wang FG, Xing FW, Liu H, Xiu H, Xu WX, Luo YB, Song XQ, Gale S, Boufford DE, Maunder M, An SQ (2010) Seed plant endemism on Hainan Island: a framework for conservation action. *Botanical Review*, 76, 346–376.
- Gong YB, Huang SQ (2009) Floral symmetry: pollinator-mediated stabilizing selection on flower size in bilateral species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 276, 4013–4020.
- Jaccard P (1912) The distribution of the flora in the alpine zone. *New Phytologist*, 11(2), 37–50.
- Jiang YX (1988) A background analysis of the flora and the characteristics of tropical vegetation in Hainan Island. *Natural Sciences of Journal of Hainan University*, 6(3), 1–8. (in Chinese with English abstract) [蒋有绪 (1988) 海南岛植物区系与热带植被性质的背景分析. 海南大学学报(自然科学版), 6(3), 1–8.]
- Knowles LL (2001) Genealogical portraits of speciation in montane grasshoppers (genus *Malanoplus*) from the sky island of the Rocky Mountains. *Proceeding of the Royal Society B: Biological Sciences*, 268, 319–324.
- Kumar S, Nei M, Dudley J, Tamura K (2008) MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Briefings in Bioinformatics*, 9, 299–306.
- Li R, Sun H (2017) Phylofloristics: a case study from Yunnan, China. *Biodiversity Science*, 25, 195–203. (in Chinese with English abstract) [李嵘, 孙航 (2017) 植物系统发育区系地理学研究: 以云南植物区系为例. 生物多样性, 25, 195–203.]
- Li ZY (1996) The geographical distribution of the subfamily Cyrtanroideae Endl. Emend. Burtt (Gesneriaceae). *Acta Phytotaxonomica Sinica*, 34, 341–360. (in Chinese with English abstract) [李振宇 (1996) 苦苣苔亚科的地理分布. 植物分类学报, 34, 341–360.]
- Li ZY, Wang YZ (2005) *Plants of Gesneriaceae in China*. Henan Science and Technology Publishing House, Zhengzhou. (in Chinese) [李振宇, 王印政 (2005) 中国苦苣苔科植物. 河南科学技术出版社, 郑州.]
- Liang GH (2013) Eight evidences on Hainan Island separating from China's Beibuwan Gulf with rotation. *Acta Geologica Sinica*, 87, 73–76.
- Ling SJ, Meng QW, Tang L, Ren MX (2017) Pollination syndromes of Chinese Gesneriaceae: a comparative study between Hainan Island and neighboring regions. *Botanical Review*, 83, 59–74.
- Losos JB, Ricklefs RE (2010) *The Theory of Island Biogeography Revisited*. Princeton University Press, New Jersey.
- MacArthur RH, Wilson EO (1967) *The Theory of Island Biogeography*. Princeton University Press, New Jersey.
- Martén-Rodríguez SA, Quesada M, Castro AA, Lopezarazola-Mikel M, Fenster CB (2015) A comparison of reproductive strategies between island and mainland Caribbean Gesneriaceae. *Journal of Ecology*, 103, 1190–1204.
- Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, Da FG, Kent J (2000) Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403, 853–858.
- Möller M, Forrest A, Wei YG, Weber A (2010) A molecular phylogenetic assessment of the advanced Asiatic and Male-

- sian didymocarpoid Gesneriaceae with focus on non-monophyletic and monotypic genera. *Plant Systematics and Evolution*, 292, 223–248.
- Möller M, Wei YG, Wen F, Clark JL, Weber A (2016) You win some you lose some: updated generic delineations and classification of Gesneriaceae—implications for the family in China. *Guihaia*, 36, 44–60.
- Perret M, Chautems A, Araujo AOD, Salamin N (2013) Temporal and spatial origin of Gesneriaceae in the New World inferred from plastid DNA sequences. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 171, 61–79.
- Pham HH (1991) *An Illustrated Flora in Vietnam*. Mekong Printing, Can Tho City.
- Posada D, Crandall KA (1998) MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics*, 14, 817–818.
- Robin VV, Vishnudas CK, Gupta P, Ramakrishnan U (2015) Deep and wide valleys drive nested phylogeographic patterns across a montane bird community. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 282, 20150861.
- Su ZY, Zhang HD (1994) The relationship between Guangxi's flora and each of the adjacent floras. *Journal of South China Agricultural University*, 15(2), 38–43. (in Chinese with English abstract) [苏志尧, 张宏达 (1994) 广西植物区系与邻近地区植物区系的关系. *华南农业大学学报*, 15(2), 38–43.]
- Tang ZY, Wang ZH, Zheng CY, Fang JY (2006) Biodiversity in China's mountains. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 4, 347–352.
- Vaidya G, Lohman DJ, Meier R (2011) SequenceMatrix: concatenation software for the fast assembly of multi-gene datasets with character set and codon information. *Cladistics*, 27, 171–180.
- Wang FG, Qin XS, Chen HF, Zhang RJ, Liu DM, Xing FW (2006) Endemic plants in limestone region on Hainan Island. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 14, 45–54. (in Chinese with English abstract) [王发国, 秦新生, 陈红锋, 张荣京, 刘东明, 邢福武 (2006) 海南岛石灰岩特有植物的初步研究. *热带亚热带植物学报*, 14, 45–54.]
- Wang HS (2000) The nature of China's flora and the relationships between its different elements. *Acta Botanica Yunnanica*, 22, 119–126. (in Chinese with English abstract) [王荷生 (2000) 中国植物区系的性质和各成分间的关系. *云南植物研究*, 22, 119–126.]
- Wang YZ, Liang RH, Wang BH, Li JM, Qiu ZY, Weber A (2010) Origin and phylogenetic relationships of the Old World Gesneriaceae with actinomorphic flowers inferred from ITS and *trnL-trnF* sequences. *Taxon*, 59, 1044–1052.
- Wei YG, Zhong SH, Wen HQ (2004) Studies of the flora and ecology Gesneriaceae in Guangxi Province. *Acta Botanica Yunnanica*, 26, 173–182. (in Chinese with English abstract) [韦毅刚, 钟树华, 文和群 (2004) 广西苦苣苔科植物区系和生态特点研究. *云南植物研究*, 26, 173–182.]
- Wei YG (2010) *Gesneriaceae of South China*. Guangxi Science and Technology Publishing House, Nanning. (in Chinese) [韦毅刚 (2010) 华南苦苣苔科植物. 广西科学技术出版社, 南宁.]
- White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications* (eds Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ), pp. 315–322. Academic Press, New York.
- Wu ZY, Sun H, Zhou ZK, Li DZ, Peng H (2011) *Floristics of Seed Plants from China*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [吴征镒, 孙航, 周浙昆, 李德铎, 彭华 (2011) 中国种子植物区系地理. 科学出版社, 北京.]
- Xing FW (1995) Endemic plants of Hainan Island. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 3, 1–12. (in Chinese with English abstract) [邢福武 (1995) 海南岛特有植物的研究. *热带亚热带植物学报*, 3, 1–12.]
- Xing FW (2012) *Inventory of Plant Species Diversity of Hainan*. Huazhong University of Science and Technology Press, Wuhan. (in Chinese) [邢福武 (2012) 海南植物物种多样性编目. 华中科技大学出版社, 武汉.]
- Yang XB (2013) *Flora of Hainan*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [杨小波 (2013) 海南植物名录. 科学出版社, 北京.]
- Zhang CC, Liu LF (1983) The angiospermous flora of Hainan. *Journal of Sun Yat-Sen University*, (3), 67–73. (in Chinese with English abstract) [张超常, 刘兰芳 (1983) 海南岛被子植物区系. *中山大学学报*, (3), 67–73.]
- Zhang HD (1962) Characteristics of Guangdong flora. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, (1), 3–36. (in Chinese with English abstract) [张宏达 (1962) 广东植物区系的特点. *中山大学学报(自然科学版)*, (1), 3–36.]
- Zhang HD (2001) The diversity of the Hainan Flora. *Ecological Science*, 20, 1–10. (in Chinese with English abstract) [张宏达 (2001) 海南植物区系的多样性. *生态科学*, 20, 1–10.]
- Zhu H (2016) Biogeographical evidences help revealing the origin of Hainan Island. *PLoS ONE*, 11, e0151941.

(责任编辑: 葛学军 责任编辑: 黄祥忠)

附录 Supplementary Material

附录1 海南岛苦苣苔科物种系统发育树所用的物种及其序列在GenBank的编号

Appendix 1 The species used to construct phylogenetic tree of Hainan Gesneriaceae with their accession numbers in GenBank

<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2016360-1.pdf>

附录 1 海南岛苦苣苔科物种系统发育树所用的物种及其序列在 GenBank 的编号。●海南岛分布; *海南岛特有; ○外类群。

Appendix 1 The species used to construct phylogenetic tree of Hainan Gesneriaceae with their accession numbers in GenBank. ● Hainan distributed; * Hainan-endemic; ○ Outgroup.

物种 Species	ITS	trnL-F
●横蒴苣苔 <i>Beccarinda tokinensis</i>	KJ475423	KM232644
●地胆旋蒴苣苔 <i>Boea philippensis</i>	HQ632953	HQ632862
●唇柱苣苔 <i>Chirita sinensis</i>	FJ501348	FJ501524
●双片苣苔 <i>Didymostigma obtusum</i>	HQ632971	HQ632875
●盾座苣苔 <i>Epithema camosum</i>	KJ232426	KM232649
●网脉蛛毛苣苔 <i>Paraboea dictyoneura</i>	KJ475415	FJ501463
●吊石苣苔 <i>Lysionnotus pauciflorus</i>	FJ501331	FJ501497
●尖舌苣苔 <i>Rhynchoglossum obliquum</i>	KJ475424	AY423133
●异色线柱苣苔 <i>Rhynchotechum discolor</i>	AB871628	FJ501436
●椭圆线柱苣苔 <i>Rhynchotechum ellipticum</i>	KJ475412	KM232661
●冠萼线柱苣苔 <i>Rhynchotechum formosanum</i>	KJ475412	BM232662
●大花十字苣苔 <i>Stauroanthera grandiflora</i>	KJ475410	AJ492287
●红花芒毛苣苔 <i>Aeschynanthus moningeriae</i>	MF315102	MF315108
●芒毛苣苔 <i>Aeschynanthus acuminatus</i>	AB498560	KM232640
*扁蒴苣苔 <i>Cathayanthe biflora</i>	HQ632966	HQ632899
*烟叶唇柱苣苔 <i>Chirita heterotricha</i>	MF315097	MF315103
*盾叶苣苔 <i>Metapetrocosmea peltata</i>	MF315100	MF315106
*海南蛛毛苣苔 <i>Paraboea hainanensis</i>	MF315101	MF315107
*毛花马铃苣苔 <i>Oreocharis dasyantha</i>	MF315098	MF315104
*黄花马铃苣苔 <i>Oreocharis flavida</i>	MF315099	MF315105
○ <i>Sanango racemosum</i>	KU991241	JX195799

•研究报告•

探讨海南岛生物地理起源上有意义的一些种子植物科和属

朱 华*

(中国科学院西双版纳热带植物园综合保护中心, 云南勐腊 666303)

摘要: 海南岛在始新世时可能连接着越南北部和广西, 后来随着喜马拉雅的隆升及印度支那地质板块向东南的逃逸, 发生了向东南的移动和旋转, 最终到达了现在的位置。目前这一观点已被正式提出。为进一步探讨该观点, 本文列举了海南岛植物5科36属的分布情况。这些类群均显示了云南南部及东南部、广西西南部和海南的分布格局, 并包括了乔木、灌木、藤本、草本各生活型, 广泛存在于这些地区的热带植被中。这种分布格局的形成最好的解释就是广西西南部、海南和越南北部曾存在可能的陆地连接。这些科属非常值得进行深入的分子生物地理、亲缘地理及遗传多样性等方面的研究, 期望这些具有特别地理意义的海南植物科和属的信息能为探讨海南岛的起源提供依据。

关键词: 种子植物; 分布; 生物地理起源, 海南岛

Families and genera of seed plants in relation to biogeographical origin on Hainan Island

Hua Zhu*

Center for Integrative Conservation, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla, Yunnan 666303

Abstract: The theory that Hainan Island could have been in contact with northern Vietnam and Guangxi during the Eocene and drifted to its present location by moving southeast with the uplift of the Himalayas and extrusion of the Indochina block was recently suggested. To further discuss the biogeographical origin of Hainan Island, 5 families and 36 genera of seed plants on the island were examined in this paper. These families and genera have species that show a distribution pattern of southern and southeastern Yunnan, southwestern Guangxi, and Hainan in China. Life forms of these taxa include trees, shrubs, lianas and herbs, which are present in various tropical forests in these regions. The logical and reasonable explanation for the distribution pattern is that Hainan Island could have been in contact with northern Vietnam and Guangxi. This paper presents information on these families and genera of biogeographical importance, specifically in relation to the origin of Hainan Island for further studies on molecular biogeography, phylogeography and genetic diversity.

Key words: seed plants; distribution; biogeographical origin; Hainan Island

海南岛 (18°10'04"–20°9'40" N, 108°36'43"–111°2'31" E) 位于中国东南部, 面积约33, 920 km²。中部以山地为主, 周边为低地, 最高峰五指山海拔1,867 m。海南岛具典型的热带气候, 年均温23–25℃, 东部较湿润, 年降水量2,000–2,400 mm, 西部相对

较干燥, 年降水量仅1,000–1,200 mm。

海南岛低地的植被以热带雨林和季雨林为主, 山地主要是山地雨林或山地常绿阔叶林(广东植物研究所, 1976)。关于海南植物区系的研究已有很多, 一些有代表性的工作如张超常和刘兰芳(1983)、吴

收稿日期: 2017-01-05; 接受日期: 2017-03-20

基金项目: 国家自然科学基金(41471051, 31170195, 41071040)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: zhuh@xtbg.ac.cn

德邻等(1996a, b)、张宏达(2001)等。海南植物名录显示海南岛有野生种子植物218科1,102属3,715种(邢福武等, 2012), 杨小波(2013)记录了海南岛野生种子植物4,596种。总之, 其野生种子植物记录基本上是清楚的。在海南植物区系中, 仅有7个特有属和约10%的特有种, 非常低的特有性显示了它的大陆起源特征(Francisco-Ortega et al, 2010a, b)。在植物区系分区上海南曾被认为是属于华南地区(吴德邻等, 1996a, b), 但实际上它具有明显的热带亚洲亲缘, 在植物区系分区上被划为印度-马来西亚植物区(Wu & Wu, 1996; Zhu & Roos, 2004; 吴征镒等, 2010; Zhu, 2016)。

古植物学研究显示, 海南岛在始新世时具有亚热带性质的植物区系和亚热带气候, 处在一个比现今更北的位置; 在海南发现的冷杉属(*Abies*)和铁杉属(*Tsuga*)植物化石也反映了其在始新世时的亚热带特征(金建华等, 2008; Yao et al, 2009; 赵炜等, 2009)。现在海南岛距广东雷州半岛仅20 km, 中间的琼州海峡仅深40–120 m (张虎男和陈伟光, 1987)。琼州海峡曾被认为是在中全新世以后由于海水入侵形成的连接海南岛与广东的低地(林晓东和宗永强, 1987; Zhao et al, 2007), 但也有完全不同的观点, 认为琼州海峡是更新世的一个活动裂谷(张虎男和陈伟光, 1987; 张虎男, 1996)。古地磁学研究显示, 在中生代时海南岛的位置比现在高5–6个纬度, 连接着当时的越南和广西。新生代早期, 随着北部湾与大陆板块的断裂, 海南岛开始沿哀牢山–红河断裂带向东南方向移动和旋转, 最终到达现在的位置(莫宴情和施央申, 1987; Li et al, 1995; Rangin et al, 1995; Liu & Morinaga, 1999; 付璐露等, 2010; 马云等, 2014)。在海南北部和雷州半岛对应分布有广泛的火山群, 这些特征也显示在它们之间存在板块边缘(张虎男, 1990; Yan et al, 2006)。

Zhu (2016)通过比较海南与周边中国广西和广东以及越南的植物区系, 发现海南的植物区系与越南相似性最大, 其次是与广西; 在所比较的这些植物区系中, 有110个属仅海南与越南共有, 有7个属仅海南与广东共有。哺乳动物也显示了与植物区系类似的生物地理格局: 海南与越南的联系最密切; 在生物地理上, 提出海南岛在始新世时期可能曾连接着越南和广西。

本文的目的并非论证海南岛的起源问题, 而是

介绍一些在分布上具有特殊地理意义的植物科和属, 期望能激发对海南岛起源有兴趣的学者进一步进行分子生物地理、亲缘地理及遗传多样性等方面的研究, 为探讨海南岛的起源提供依据。

1 研究方法

根据邢福武等(2012)的《海南植物物种多样性编目》和邢福武等(2014)的《中国热带雨林地区植物图鉴: 海南植物I–III》, 选择一些在分布上具有特殊地理意义的植物科和属, 按APG III系统(APG, 2009; Chase & Reveal, 2009)和*Flora of China* (Editorial Committee of *Flora of China*, 1989–2013)记录的地理分布处理科属范畴及分布。如果有分类群的修订性文献资料, 也一并参考。

2 结果

2.1 科的分析

(1)龙脑香科(Dipterocarpaceae)。龙脑香科有17属约550种, 是一个泛热带分布科, 分布于热带非洲、热带美洲和热带亚洲, 并以热带亚洲为种的多样化中心(有13属约472种)。亚洲龙脑香科植物的祖先可能生长在东冈瓦纳的热带地区(东热带非洲), 于渐新世到达东南亚后迅速分化发展, 并在西马来西亚形成现在的多样化中心(Ashton, 1982)。中国有5属11种。这5个属均是典型的热带亚洲分布, 并以西马来西亚为种多样化中心; 而这11个种多为大陆东南亚分布, 少数种类为越南北部至中国西南热带地区分布。海南岛有龙脑香科植物2属3种, 分别为青梅属(*Vatica*)和坡垒属(*Hopea*)。青梅属约有65种, 分布区与亚洲龙脑香科一致, 也是以西马来西亚为现代分布中心。中国的青梅属有2个种, 即青梅(*Vatica mangachapoi*)和广西青梅(*V. guangxiensis*)。青梅是在热带亚洲分布较广的种类, 从马来西亚地区一直到泰国和越南均有分布, 在中国仅见于海南。广西青梅分布在云南南部、广西西南部和越南北部。坡垒属有100种, 也是典型热带亚洲分布, 同样以西马来西亚为现代分布中心。中国境内肯定分布的种类有3种: 狭叶坡垒(*Hopea chinensis*)分布在云南东南部、广西西南部和越南北部; 坡垒(*H. hainanensis*)和铁凌(*H. reticulata*)分布在海南和越南北部。海南具有的3种龙脑香科植物中, 铁凌和狭叶坡垒分别为与越南北部、广西西南部及云南南部共

有的局域分布种;青梅为热带亚洲广布种。从地理分布格局上看,海南的这3种龙脑香科植物均与越南和广西西南部相联系。青梅属和坡垒属植物均为原始热带雨林的高大乔木树种,均具有较大的、带翼的果实,生态学观察显示它们的传播能力很有限,其种子都是顽拗型,落地几天就萌发,并依赖于原始热带雨林存在和进行扩散(Wen, 2011)。海南这3种龙脑香科植物的存在意味着海南与越南北部和广西西南部存在可能的陆地联系。

(2) 钩枝藤科(Ancistrocladaceae)。钩枝藤科只有1属约16种,是一个热带亚洲至热带非洲分布科。该科植物均是热带森林中的木质大藤本(Taylor et al, 2005; Meimberg et al., 2009),在我国仅有1个种,即钩枝藤(*Ancistrocladus tectorius*)。该种从印度经大陆东南亚分布到马来西亚地区,在我国过去仅见于海南,但最近在广西大青山也采到其标本。与龙脑香科植物类似,钩枝藤也具有较大的、带翼的果实,其种子也是顽拗型(咨询西双版纳热带植物园种子库研究人员),主要分布在低地常绿森林,并依赖于森林生存和进行扩散。该科植物的分布格局也反映了广西西南部、海南和越南的可能的陆地连接。

(3) 单室茱萸科(Mastixiaceae)。单室茱萸科有2属27种,热带亚洲或印度-马来西亚分布,均为乔木树种。我国有2属4种。2属即马蹄参属(*Diplopanax*)和单室茱萸属(*Mastixia*)。马蹄参属有2种,一种是马蹄参(*D. stachyantus*),分布在云南东南部和越南北部,另一种分布在越南。单室茱萸属有25种,典型的热带亚洲分布,我国有3种。五蕊单室茱萸(*M. pentandra*)分布于海南、云南南部、中南半岛、印度东北部和马来西亚,其原变种分布于云南南部、中南半岛、印度东北部,变种单室茱萸(*M. pentandra* subsp. *cambodiana*)分布于海南、越南及柬埔寨;毛叶单室茱萸(*M. trichophylla*)分布于广西西南部和云南南部;八蕊单室茱萸(*M. euonymoides*)分布于云南南部、缅甸北部和泰国(Zhu, 2004)。从科水平看,该科植物为典型热带亚洲分布,并以马来西亚为种多样化中心;它们在中国分布于云南南部、东南部、广西西南部和海南,体现了云南南部、广西西南部和海南的联系。该科植物的果实大,种子为顽拗型,须在森林中生存和进行扩散。从系统进化上来看(朱伟华和向其柏, 2001),马蹄参属是该科植物的原始类群,存在于云南东南部和越南北部,其

他相对演化的类群存在于云南南部、东南部、广西西南部、海南和东南亚。这种格局也反映了广西西南部、海南和越南可能的陆地连接。

(4) 肉豆蔻科(Myristicaceae)。肉豆蔻科植物有20属约500种,是一个泛热带分布科,分布于热带非洲、热带美洲和热带亚洲,并以热带亚洲为种的多样化中心。中国有3属10种,即红光树属(*Knema*)、肉豆蔻属(*Myristica*)和风吹楠属(*Horsfieldia*)。中国的这3个属都是热带亚洲分布属,并以热带亚洲为种多样化中心。红光树属在中国有6种,分布于云南热带地区;肉豆蔻属在我国仅1种,产云南南部;风吹楠属在我国有3种,大叶风吹楠(*H. kingii*)和风吹楠(*H. amygdalina*)产云南南部、东南部、广西西南部和海南,云南风吹楠(*H. prainii*)产云南南部。肉豆蔻科植物均为原始热带雨林的乔木树种,它们均具有较大果实和顽拗型种子,并依赖于原始热带雨林存在和进行扩散。这种格局的形成同样反映了广西西南部、海南和越南的可能的陆地连接。

(5) 五膜草科(Pentaphragmaceae)。五膜草科是热带森林下的一个草本植物科,只有1属,约25种,热带亚洲分布。中国有2种,五膜草(*Pentaphragma sinense*)特产云南南部至越南北部,另一种直序五膜草(*P. spicatum*)特产广西西南部、广东西南部和海南。这种格局也反映了广西西南部、海南和越南的可能的陆地连接。

2.2 属的分析

(1) 油丹属(Alseodaphne)。樟科(Lauraceae)常绿乔木,热带亚洲分布。中国有10种,其中7种为特有种,6种为云南南部、东南部特有。长柄油丹(*A. petiolaris*)和毛叶油丹(*A. andersonii*)为云南南部至东南亚分布,皱皮油丹(*A. rugosa*)为海南和云南东南部特有,油丹(*A. hainanensis*)为海南和越南北部特有。

(2) 细子龙属(Amesiodendron)。无患子科(Sapindaceae)常绿乔木,热带亚洲分布。单种属,即细子龙(*A. chinense*),在中国产云南东南部、广西西南部和海南。

(3) 蒙蒿子属(Anaxagorea)。番荔枝科(Annonaceae)灌木或小乔木,热带亚洲-热带美洲分布。中国有1种,即蒙蒿子(*A. luzonensis*),分布于广西西南部和海南。

(4) 海南椴属(Diplodiscus)。椴树科(Tiliaceae)乔

木树种, 热带亚洲分布。中国特有1种, 即海南楸(*D. trichospermus*), 产广西西南部和海南。

(5) **龙血树属(*Dracaena*)**。百合科(Liliaceae, FOC)或天门冬科(Asparagaceae, APG III)乔木或灌木, 热带亚洲至热带非洲分布。中国有6种, 分布于云南西南部至东南部、广西西南部和海南。柬埔寨龙血树(*D. cambodiana*)分布于印度支那、云南南部、东南部、广西西南部和海南, 遗传多样性研究显示, 它可能在第三纪起源于印度支那, 随喜马拉雅的隆升而扩散和在遗传多样性上分化, 形成现在的分布格局(Zhao et al, 2013)。

(6) **长柱山丹属(*Duperrea*)**。茜草科(Rubiaceae)灌木, 中南半岛至中国热带地区分布。单种属, 即长柱山丹(*D. pavettifolia*), 在中国产云南南部、广西西南部和海南。

(7) **崖藤属(*Albertisia*)**。防己科(Menispermaceae)木质大藤本, 热带亚洲-热带非洲分布。单种属, 即崖藤(*Albertisia laurifolia*), 在中国分布于云南南部、广西西南部、海南和越南北部。

(8) **山槎子属(*Buchanania*)**。漆树科(Anacardiaceae)乔木树种, 热带亚洲-热带非洲分布。中国大陆有3种, 云南山槎子(*B. yunnanensis*)特产于云南南部, 小叶山槎子(*B. microphylla*)见于海南, 豆腐果(*B. latifolia*)分布于云南南部和海南。

(9) **蕉木属(*Chieniodendron*)**。番荔枝科(Annonaceae)乔木树种, 中国特有。单种属, 即蕉木(*C. hainanense*), 产广西西南部和海南。

(10) **牛栓藤属(*Connarus*)**。牛栓藤科(Connaraceae)木质大藤本, 泛热带分布。中国产2种, 牛栓藤(*C. paniculatus*)产海南, 云南牛栓藤(*C. yunnanensis*)产云南南部和广西西南部。

(11) **五桠果属(*Dillenia*)**。五桠果科(Dilleniaceae)乔木树种, 旧世界热带分布。中国产3种, 五桠果(*D. indica*)产云南南部和广西西南部, 大花五桠果(*D. turbinata*)产云南南部、广西西南部和海南, 小花五桠果(*D. pentagyna*)分布于云南南部和海南。

(12) **琼榄属(*Gonocaryum*)**。茶茱萸科(Icacinales)乔木树种, 热带亚洲分布。中国大陆产1种, 即琼榄(*G. lobbianum*), 分布于云南南部和海南。

(13) **牛筋果属(*Harrisonia*)**。苦木科(Simaroubaeae)攀援有刺灌木, 旧世界热带分布。中国产1种, 即牛筋果(*H. perforata*), 分布于广西西南部和海南。

(14) **大风子属(*Hydnocarpus*)**。大风子科(Flacourtiaceae)乔木树种, 热带亚洲分布。中国产3种, 其中大叶龙角(*H. annamensis*)和泰国大风子(*H. anthelminthicus*)分布于云南南部和广西西南部, 海南大风子(*H. hainanensis*)分布于云南南部、广西西南部及海南。

(15) **厚皮树属(*Lannea*)**。漆树科(Anacardiaceae)乔木树种, 热带亚洲-热带非洲分布。中国产1种, 即厚皮树(*L. coromandelica*), 分布于云南南部、广西西南部、广东西南部和海南。

(16) **鳞花木属(*Lepisanthes*)**。无患子科(Sapindaceae)乔木树种, 旧世界热带分布。中国产8种, 其中云南和缅甸特有2种, 即大叶鳞花木(*L. browniana*)和心叶鳞花木(*L. basicardia*); 广西西南部特有1种, 即茎花赤才(*L. cauliflora*), 海南特有3种, 即赛木患(*L. oligophylla*), 鳞花木(*L. hainanensis*)和爪耳木(*L. unilocularis*); 云南南部、广西西南部产滇赤才(*L. senegalensis*), 广西西南部、广东西南部和海南产赤才(*L. rubiginosa*)。

(17) **紫荆木属(*Madhuca*)**。山榄科(Sapotaceae)乔木树种, 热带亚洲-热带澳洲分布。中国产2种, 紫荆木(*M. pasquieri*)分布于云南东南部、广西西南部、广东西南部和越南北部, 海南紫荆木(*M. hainanensis*)特产海南。

(18) **铁线子属(*Manilkara*)**。山榄科(Sapotaceae)灌木, 泛热带分布。中国产1种, 即铁线子(*M. hexandra*), 分布于广西西南部和海南。

(19) **胶核木属(*Myxopyrum*)**。木犀科(Oleaceae)攀援灌木, 热带亚洲分布。中国产2种, 均分布于海南。海南胶核木(*M. pierrei*)分布于海南、越南、老挝和泰国; 阔叶胶核木(*M. smilacifolium*)分布于海南和印度支那半岛各国。这种分布格局用海南曾经与越南连接可以解释。

(20) **铁青树属(*Olax*)**。铁青树科(Olacaceae)乔木树种, 旧世界热带分布。中国大陆产3种, 其中铁青树(*O. imbricata*)产海南, 疏花铁青树(*O. austrosinensis*)分布于广西西南部和海南, 尖叶铁青树(*O. acuminata*)分布于云南。

(21) **假韶子属(*Paranephelium*)**。无患子科(Sapindaceae)乔木树种, 热带亚洲分布。中国产2种, 其中海南假韶子(*P. hainanense*)特产海南, 云南假韶子(*P. hystrix*)特产云南和缅甸。

(22)肖榄属(*Platea*)。茶茱萸科(Icacinales)乔木树种, 热带亚洲分布。中国产2种, 其中东方肖榄(*P. parvifolia*)特产海南, 阔叶肖榄(*P. latifolia*)产云南南部、广西西南部、广东西南部和海南。

(23)钩叶藤属(*Plectocomia*)。棕榈科(Palmae)木质大藤本, 热带亚洲分布。中国产3种, 其中小钩叶藤(*P. microstachys*)特产海南, 高地钩叶藤(*P. himalayana*)产云南, 钩叶藤(*P. pierreana*)产云南南部、广西西南部、广东西南部。

(24)多香木属(*Polyosma*)。鼠刺科(Iteaceae)乔木树种, 热带亚洲至澳洲分布。中国产1种, 即多香木(*P. cambodiana*), 分布于云南南部、广西西南部和海南。

(25)桃榄属(*Pouteria*)。山榄科(Sapotaceae)乔木树种, 泛热带分布。中国产2种, 其中桃榄(*P. annamensis*)特产广西西南部、越南北部和海南; 龙果(*P. grandifolia*)产云南南部。

(26)翅苹婆属(*Pterygota*)。梧桐科(Sterculiaceae)大乔木, 热带亚洲-热带非洲分布。中国有1种, 即翅苹婆(*P. alata*), 产云南南部和海南。

(27)染木树属(*Saprosma*)。茜草科(Rubiaceae)灌木, 热带亚洲分布。中国产5种, 其中2种分布于云南南部和海南, 即厚梗染木树(*S. crassipes*)和染木树(*S. ternata*), 云南染木树(*S. henryi*)特产云南, 琼岛染木树(*S. merrillii*)和海南染木树(*S. hainanensis*)特产海南。

(28)硬核属(*Scleropyrum*)。檀香科(Santalaceae)乔木, 热带亚洲分布。中国产1种, 即硬核(*S. wallichianum*), 分布于云南南部、广西西南部和海南。

(29)十字苣苔属(*Stauranthera*)。苦苣苔科(Gesneriaceae)多年生草本植物, 热带亚洲分布, 约10种。中国有2种, 其中十字苣苔(*S. umbrosa*)分布于云南南部、广西西南部和海南。大花十字苣苔(*S. grandiflora*)分布于云南南部和海南。该属植物为典型的热带雨林下的草本植物(朱华等, 1996)。

(30)油果樟属(*Syndiclis*)。樟科(Lauraceae)乔木树种, 中国准特有分布。该属植物有10种, 其中9种特产中国。云南东南部特产4种, 即麻栗坡油果樟(*S. marlipoensis*)、屏边油果樟(*S. pingbienensis*)、西畴油果樟(*S. sichouensis*)和富宁油果樟(*S. fooningensis*); 广西西南部特产广西油果樟(*S. kwangsiensis*); 贵州西南部特产安龙油果樟(*S. anlungensis*);

海南特产2种, 即乐东油果樟(*S. lotungensis*)和油果樟(*S. chinensis*)。该属植物在亲缘地理关系上对探讨海南岛的起源非常有价值。

(31)三棱栎属(*Trigonobalanus*)。壳斗科(Fagaceae)的原始类群, 热带亚洲-热带美洲分布。该属植物有3种, 中国有2种, 三棱栎(*T. doichangensis*)产云南南部, 轮叶三棱栎(*T. verticillata*)产云南南部和海南(Ng & Lin, 2008, 朱华和周仕顺, 2017)。这2种植物被认为是栎属(*Quercus*)和水青冈属(*Fagus*)植物的祖先(Nixon & Crepet, 1989), 对它们进行深入研究将对探讨海南岛的起源具有重要的生物地理学意义。

(32)滑桃树属(*Trewia*)。大戟科(Euphorbiaceae)大乔木, 热带亚洲分布。单种属, 即滑桃树(*T. nudiflora*), 在中国产云南南部、广西西南部和海南。

(33)割舌树属(*Walsura*)。楝科(Meliaceae)乔木树种, 热带亚洲分布。中国有2种, 即割舌树(*W. robusta*)和越南割舌树(*W. pinnata*), 均产云南南部、广西西南部和海南。

(34)保亭花属(*Wenchengia*)。唇形科(Lamiaceae)灌木。单种属, 即保亭花(*W. alternifolia*), 原认为特产海南, 现在越南也有发现。

(35)刺榄属(*Xantolis*)。山榄科(Sapotaceae)乔木, 热带亚洲分布。中国产4种。云南特产2种, 即滇刺榄(*X. stenosepala*)和瑞丽刺榄(*X. shweliensis*), 海南特产2种, 即啄果刺榄(*X. boniana* var. *rostrata*)和琼刺榄(*X. longispinosa*)。

(36)齐头绒属(*Zippelia*)。胡椒科(Piperaceae)原始草本植物, 热带亚洲分布。单种属, 即齐头绒(*Z. begoniaefolia*), 中国产云南南部、广西西南部和海南的热带雨林林下。

3 讨论

上面所列举的这些科和属包括了乔木、灌木、藤本、草本各种生活型, 其种类分布均显示了云南南部、东南部、广西西南部和海南的分布格局, 广泛存在于这些地区的热带植被中。大部分乔木树种均具有较大果实和顽拗型种子, 而研究显示这类树种一般都依赖于原始森林存在和进行扩散。这种分布格局形成的最好解释是广西西南部、海南和越南北部曾存在可能的陆地连接。除乔木树种外, 其他的灌木、藤本、草本植物生活型种类也可用这些地区的历史连接最好地给予解释。在海南岛, 除文中

列举的这些科和属外, 还有更多这样的类群存在。

海南岛为陆地起源而非火山岛起源, 这一点已是共识, 但海南岛是一直连接着广东大陆, 还是在始新世时仍可能连接着越南北部和广西, 后来随着喜马拉雅的隆升及印度支那地质板块向东南的逃逸, 发生了向东南的移动和旋转, 最终到达了现在的位置, 仍有争议。古地磁学研究已揭示在中生代时海南岛是在一个连接着越南和广西、比现在高5–6个纬度的位置, 新生代早期, 随着北部湾裂开, 海南岛开始沿哀牢山–红河断裂带发生了向东南的移动和旋转, 最终到达了现在的位置。在植物区系上, 海南植物区系与越南植物区系的相似性最大, 其次是广西植物区系。在哺乳动物区系上, 海南与越南的联系最密切, 例如, 海南坡鹿(*Cervus eldi*)、海南(越南)长臂猿(*Hylobates concolor*)的存在都显示了与越南及印度支那联系密切, 在生物地理学上支持了海南岛曾与越南和广西有陆地连接的观点。在第四纪以来, 由于海平面的升降, 海南岛可能发生了多次与广东雷州半岛的连接, 这使海南的生物区系变得复杂化了。文中列举的这些科和属及其种类均显示了越南、云南、广西西南部及海南的分布格局, 非常值得进行深入的分子生物地理、亲缘地理及遗传多样性等研究, 以共同探讨海南岛的起源这一重要的学术问题。希望有兴趣的科研人员能通过列举的这些科和属的情况获得思路, 利用分子生物学等方法去深入研究, 最终解决这一问题。

参考文献

- APG (2009) An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG III. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 161, 105–121.
- Ashton PS (1982) Dipterocarpaceae. In: *Flora Malesiana, Series I*, 9(2) (ed. van Steenis CGGJ). National Herbarium of the Netherlands, The Netherlands.
- Chase MW, Reveal JL (2009) A phylogenetic classification of the land plants to accompany APG III. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 161, 122–127.
- Editorial Committee of Flora of China (1989–2013) *Flora of China*, Vols. 1–25. Science Press, Beijing & Missouri Botanical Garden Press, St Louis.
- Francisco-Ortega J, Wang ZS, Wang GF, Xing FW, Liu H, Xu H, Xu WX, Luo YB, Song XQ, Gale S, Boufford DE, Maunder M, An SQ (2010a) Endemic seed plant species from Hainan Island: a checklist. *Botanical Review*, 76, 295–345.
- Francisco-Ortega J, Wang ZS, Wang GF, Xing FW, Liu H, Xu H, Xu WX, Luo YB, Song XQ, Gale S, Boufford DE, Maunder M, An SQ (2010b) Seed plant endemism on Hainan Island: a framework for conservation actions. *Botanical Review*, 76, 346–376.
- Fu LL, Shen ZY, He L, Dong CW, Cheng XG, Tang LM, Yang SF (2010) Cretaceous paleomagnetic results from Hainan Island and its tectonic implications. *Acta Geologica Sinica*, 84, 183–194. (in Chinese with English abstract) [付璐露, 沈忠悦, 贺丽, 董传万, 程晓敢, 唐立梅, 杨树锋 (2010) 海南岛白垩纪古地磁结果及其构造地质意义. *地质学报*, 84, 183–194.]
- Guangdong Institute of Botany (1976) *Vegetation of Guangdong*, pp. 41–97. Science Press, Beijing. (in Chinese) [广东植物研究所 (1976) 广东植被, 41–97页. 科学出版社, 北京.]
- Jin JH, Shen RJ, Liao WB (2008) Analysis of the families of Cenozoic spermatophytic flora in Hainan Island. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 28, 2125–2131. (in Chinese with English abstract) [金建华, 沈如江, 廖文波 (2008) 海南岛新生代种子植物区系科的多样性分析. *西北植物学报*, 28, 2125–2131.]
- Li ZX, Metcalfe I, Wang XF (1995) Vertical-axis block rotations in southwestern China since the Cretaceous: new Paleomagnetic results from Hainan Island. *Geophysical Research Letters*, 22, 3071–3074.
- Lin XD, Zong YQ (1987) More on the origin of the Qiongzhou Strait. *Tropical Geography*, 7, 338–345. (in Chinese with English abstract) [林晓东, 宗永强 (1987) 再论琼州海峡成因. *热带地理*, 7, 338–345.]
- Liu YY, Morinaga H (1999) Cretaceous palaeomagnetic results from Hainan Island in South China supporting the extrusion model of Southeast Asia. *Tectonophysics*, 301, 133–144.
- Ma Y, Li SZ, Liu X, Zhao SJ, Yu S, Wang XF, Zhang BK (2014) Formation mechanism of the Beibuwan Basin, South China. *Journal of Jilin University (Earth Science Edition)*, 44, 1727–1736. (in Chinese with English abstract) [马云, 李三忠, 刘鑫, 赵淑娟, 余珊, 王霄飞, 张丙坤 (2014) 华南北部湾盆地的形成机制. *吉林大学学报(地球科学版)*, 44, 1727–1736.]
- Meimberg H, Rischer H, Turini FG, Chamchumroon V, Dreyer M (2009) Evidence for species differentiation within the *Ancistrocladus tectorius* complex (Ancistrocladaceae) in Southeast Asia: a molecular approach. *Plant Systematics and Evolution*, 284, 77–98.
- Mo YQ, Shi YS (1987) Palaeomagnetic study and tectonic evolution of Hainan Terrane and its vicinal continental coast the Late Mesozoic to Cenozoic. *Journal of Nanjing University (Natural Science Edition)*, 23, 521–532. (in Chinese with English abstract) [莫宴情, 施央申 (1987) 海南岛地体及其毗邻陆缘晚中生代–新生代古地磁研究和构造演化. *南京大学学报(自然科学版)*, 23, 521–532.]
- Ng SC, Lin JY (2008) A new distribution record for *Trigonobalanus verticillata* (Fagaceae) from Hainan Island, South China. *Kew Bulletin*, 63, 341–344.
- Nixon KC, Crepet WL (1989) *Trigonobalanus* (Fagaceae): taxonomic status and phylogenetic relationships. *American*

- Journal of Botany, 76, 828–841.
- Rangin C, Klein M, Roques D, Pichon XL, Le VT (1995) The Red River fault system in the Tonkin Gulf, Vietnam. *Tectonophysics*, 243, 209–222.
- Taylor CM, Gereau RE, Walters GM (2005) Revision of *Ancistrocladus* Wall. (Ancistrocladaceae). *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 92, 360–399.
- Wen B (2011) Changes in the moisture and germination of recalcitrant *Hopea mollissima* seeds (Dipterocarpaceae) in different desiccation regimes. *Seed Science and Technology*, 39, 214–218.
- Wu TL, Xing FW, Ye HG, Li ZX, Chen BH (1996a) Study on the spermatophytic flora of South China Sea Islands. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 4(1), 1–22. (in Chinese with English abstract) [吴德邻, 邢福武, 叶华谷, 李泽贤, 陈炳辉 (1996a) 南海岛屿种子植物区系地理的研究. *热带亚热带植物学报*, 4(1), 1–22.]
- Wu TL, Xing FW, Ye HG, Li ZX, Chen BH (1996b) Study on the spermatophytic flora of South China Sea Islands (continue). *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 4(2), 1–11. (in Chinese with English abstract) [吴德邻, 邢福武, 叶华谷, 李泽贤, 陈炳辉 (1996b) 南海岛屿种子植物区系地理的研究(续). *热带亚热带植物学报*, 4(2), 1–11.]
- Wu ZY, Sun H, Zhou ZK, Li DZ, Peng H (2010) *Floristics of Seed Plants from China*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [吴征镒, 孙航, 周浙昆, 李德铎, 彭华 (2010) 中国种子植物区系地理. 科学出版社, 北京.]
- Wu ZY, Wu SG (1996) A proposal for a new floristic kingdom (realm): the Asiatic kingdom, its delineation and characteristics. In: *Floristic Characteristics and Diversity of East Asian Plants* (eds Zhang AL, Wu SG). China Higher Education Press, Beijing; Springer-Verlag, Berlin Heidelberg.
- Xing FW, Chen HF, Qin XS, Zhang RJ, Zhou JS (2014) *Illustrated Handbook of Plants in Tropical Rainforest Area of China: Plants of Hainan*. Vols. I–III. Huazhong Science and Technology Press, Wuhan. (in Chinese) [邢福武, 陈红锋, 秦新生, 张荣京, 周劲松 (2014) 中国热带雨林地区植物图鉴: 海南植物 (I–III). 华中科技大学出版社, 武汉.]
- Xing FW, Zhou JS, Wang FG, Zeng QW, Yi QF, Liu DM (2012) *Inventory of Plant Species Diversity of Hainan*. Huazhong Science and Technology Press, Wuhan. (in Chinese) [邢福武, 周劲松, 王发国, 曾庆文, 易绮斐, 刘东明 (2012) 海南植物物种多样性编目. 华中科技大学出版社, 武汉.]
- Yan P, Deng H, Liu HL, Zhang ZR, Jiang YK (2006) The temporal and spatial distribution of volcanism in the South China Sea region. *Journal of Asian Earth Sciences*, 27, 647–659.
- Yang XB (2013) *Plant List of Hainan*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [杨小波 (2013) 海南植物名录. 科学出版社, 北京.]
- Yao YF, Bera S, Ferguson DK, Mosbrugger V, Paudyal KN, Jin JH, Li CS (2009) Reconstruction of paleovegetation and paleoclimate in the Early and Middle Eocene, Hainan Island, China. *Climatic Change*, 92, 169–189.
- Zhang CC, Liu LF (1983) Angiosperma flora of Hainan. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, (3), 67–73. (in Chinese with English abstract) [张超常, 刘兰芳 (1983) 海南岛被子植物区系. *中山大学学报(自然科学版)*, (3), 67–73.]
- Zhang HD (2001) The diversity of the Hainan flora. *Ecologic Science*, 20, 1–9. (in Chinese with English abstract) [张宏达 (2001) 海南植物区系的多样性. *生态科学*, 20, 1–9.]
- Zhang HN (1996) Volcanism marks for rift valley of Qiongzhou strait. *Seismological and Geomagnetic Observation and Research*, 17(4), 42–50. (in Chinese with English abstract) [张虎男 (1996) 琼州海峡裂谷成因的火山活动标志. *地震地磁观测与研究*, 17(4), 42–50]
- Zhang HN (1990) Basic characteristics of Cenozoic volcanism in coastal area of South China. *Northeastern Seismological Research*, 6(1), 63–75. (in Chinese) [张虎男 (1990) 华南沿海新生代火山活动的基本特征. *东北地震研究*, 6(1), 63–75.]
- Zhang HN, Chen WG (1987) A search for the cause of Qiongzhou Strait. *Acta Oceanologica Sinica*, 9, 594–602. [张虎男, 陈伟光 (1987) 琼州海峡成因初探. *海洋学报*, 9, 594–602.]
- Zhao HT, Wang LR, Yuan JY (2007) Origin and time of Qiongzhou Strait. *Marine Geology & Quaternary Geology*, 27(2), 33–40.
- Zhao JL, Zhang L, Dayanandan S, Nagaraju S, Liu DM, Li QM (2013) Tertiary origin and Pleistocene diversification of dragon blood tree (*Dracaenacum bodiana*-Asparagaceae) populations in the Asian tropical forests. *PLoS ONE*, 8, e60102.
- Zhao W, Shen RJ, Liao WB, Jin JH (2009) Eocene Palynoflora from Changchang Basin, Hainan Island. *Journal of Jilin University (Earth Science Edition)*, 39, 379–396. (in Chinese with English abstract) [赵伟, 沈如江, 廖文波, 金建华 (2009) 海南岛长昌盆地始新世孢粉植物区系. *吉林大学学报(地球科学版)*, 39, 379–396.]
- Zhu H (2004) Biogeographical implications of some plant species from a tropical montane rain forest in southern Yunnan. *Chinese Geographical Science*, 14, 221–226.
- Zhu H (2016) Biogeographical evidences help revealing the origin of Hainan Island. *PLoS ONE*, 11, e0151941.
- Zhu H, Roos MC (2004) The tropical flora of southern China and its affinity to Indo-Malesian flora. *Telopea*, 10, 639–648.
- Zhu H, Wang H, Li BG (1996) *Stauranthera*, a new record from China. *Acta Botanica Yunnanica*, 18, 144. (in Chinese) [朱华, 王洪, 李保贵 (1996) 十字苣苔属一新记录种. *云南植物研究*, 18, 144.]
- Zhu H, Zhou SS (2017) A primitive Cupuliferae plant *Trigonobalanus verticillata* found in Xishuangbanna, Yunnan and its biogeographical significance. *Plant Science Journal*, 35(2), 205–206. (in Chinese with English abstract) [朱华, 周仕顺 (2017) 壳斗科原始植物轮叶三棱栎在云南西双版纳的发现及其生物地理意义. *植物科学学报*, 35(2), 205–206.]
- Zhu WH, Xiang QB (2001) The origin and distribution of genus *Diplopanax* Hand.-Mazz. *Journal of Nanjing Forestry University*, 25(1), 35–38. (in Chinese with English abstract) [朱伟华, 向其柏 (2001) 马蹄参属的起源和地理分布. *南京林业大学学报*, 25(1), 35–38.]

(责任编辑: 黄祥忠)

•研究报告•

中国红河地区董棕林乔木树种的 物种组成和地理亲缘关系

陈文红^{1,4} 施济普² 文 军³ 郭世伟¹ 常艳芬² 税玉民^{1,4*}¹ (中国科学院昆明植物研究所东亚植物多样性与生物地理学重点实验室, 昆明 650201)² (中国科学院西双版纳热带植物园, 云南勐腊 666303)³ (United States National Herbarium, Department of Botany, Smithsonian Institution, National Museum of Natural History, Washington, DC, USA)⁴ (云南省喀斯特地区生物多样性保护研究会, 昆明 650201)

摘要: 在中国和中南半岛的喀斯特地区, 董棕(*Caryota obtusa*)林是一类外貌醒目、物种多样和生境独特的植物群落。由于其具有作为食物和用于园艺的潜在价值, 董棕在自然生境中越来越稀少。为了弄清董棕林的群落特征和物种组成, 我们在云南红河地区的一个喀斯特峡谷选取6个群落样方研究了董棕群落的物种多样性。在每个20 m × 20 m样方中, 调查了胸径(DBH) ≥ 4 cm的乔木树种的胸径等生物学特征。通过相对多度、相对频度和相对显著度计算出研究区董棕林群落中每个乔木树种的重要值, 确定了该群落的优势组成。一方面, 我们分别通过分布区类型和自然地理单元两种地理分布样式来分析乔木树种的地理成分组成特点, 从而确定董棕林的地理联系; 另一方面, 我们选择了群落中重要值排名前5位的乔木树种, 通过地理分布图的绘制, 分析比较了5个优势树种的地理分布特点及其关系, 确定了所选取的研究群落在整个董棕分布区的地位。结果表明, 云南红河地区董棕林由67种乔木树种组成, 群落名称可定为董棕+双果桑群落(*Caryota obtusa* + *Streblus macrophyllus* community), 群落中乔木树种的区系成分以中南半岛分布最多, 且是在热带东南亚喀斯特地貌大背景下发育形成的。研究暗示我国的董棕群落已处于该类热带喀斯特植被的最北缘, 在中南半岛这个全球生物多样性热点地区值得优先加以保护。

关键词: 热带北缘; 喀斯特峡谷; 棕榈科植物; 残存生境; 热带植被

Composition and geographical affinity of the tree species *Caryota obtusa* forests in the Honghe region, SW China

Wenhong Chen^{1,4}, Jipu Shi², Jun Wen³, Shiwei Guo¹, Yanfen Chang², Yumin Shui^{1,4*}¹ Key Laboratory for Plant Diversity and Biogeography of East Asia, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China² Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla, Yunnan 666303, China³ United States National Herbarium, Department of Botany, Smithsonian Institution, National Museum of Natural History, Washington, DC, USA⁴ Karst Conservation Initiative of Yunnan, Kunming 650201, China

Abstract: *Caryota obtusa* forests are characterized as showy vegetation with rich species diversity and a unique habitat in the Honghe region of China. Due to its food and horticulture value, mature *Caryota obtusa* individuals have become more rare in the field. Here, we sampled six plots in a deep karst valley of the Honghe region of Yunnan, China. In each 20 m × 20 m plot, our examination focused on species composition of trees via the measure of any trees with DBH ≥ 4 cm. Importance values were produced from datasets of their relative abundance (RA), relative frequency (RF), and relative prominence (RP). On one hand, we analyzed the composition and geographical affinity of the tree species in *Caryota obtusa* forests based on the two patterns of geographic distributions (areal-type and natural geographic unit), respectively. On the other hand,

收稿日期: 2016-10-05; 接受日期: 2017-05-10

基金项目: 国家自然科学基金(31370228)、美国国家地理协会项目(NGS8288-07)和中国科学院昆明植物研究所东亚植物多样性与生物地理学院重点实验室开放项目(KLB201205)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: ymshui@mail.kib.ac.cn

we selected the top 5 dominant tree species based on importance value and illustrated their distributions to confirm the position of sampled vegetation in the background of the entire distribution of the target species. The above survey and analysis revealed that there were 67 tree species contained in the sampled vegetation, which was a *Caryota obtusa* + *Streblus macrophyllus* community and the geographic affinity of the vegetation belonged to the geographic unit of IndoChina Peninsula with some strong karst background. Our study implies that the vegetation sampled here reached its northernmost distribution and deserves to be prioritized in conservation as it is a biodiversity hotspot in IndoChina Peninsula.

Key words: northernmost tropic; karst valley; palm; relic habitat; tropic vegetation

我国的石灰岩山地主要集中分布于滇黔桂地区和北部湾地区, 为中国重要的植物古特有中心(应俊生等, 1994; 方瑞征等, 1995; 吴征镒, 1995; Nguyen, 1997)。目前, 特殊生境的生物多样性调查和研究不断受到人们的关注, 特别是中国南方大面积的热带石灰岩地区, 如近些年石灰岩洞穴有大量的新物种报道, 大大丰富了中国的区系种类(Shui & Chen, 2005; Chen et al, 2008; 王文采, 2012, 2014)。但针对热带石灰岩山地特有群落类型的调查和研究相对较少, 仅在广西弄岗和云南西双版纳分别开展过蚬木(*Excentrodendron hsienmu*)林和望天树(*Parashorea chinense*)林的专项调查和研究, 显示了石灰岩山地高度的物种多样性和特有性(吴征镒, 1995; 王洪等, 1997; Zhu et al, 1998; 王斌等, 2014)。根据我们多年在滇东南石灰岩地带的调查发现, 董棕(*Caryota obtusa*)林中存在许多嗜钙的新分类群, 充分显示了其环境的特殊性, 可被视为指示石灰岩特殊生境的标志性群落。

董棕为单子叶植物棕榈科的高大“乔木”, 高约 10–20 m, 其寿命可达 40–50 年, 一生仅开一次花, 结实后很快死亡, 被列为国家二级重点保护植物。董棕生长在石灰岩山地峰丛或河谷石灰岩山地较为陡峭的地段, 多以优势或标志物种出现, 可达乔木上层, 叶片展开似一把大伞, 树形优美, 在热带沟谷形成极为独特的植被景观, 如今已广泛作为热带地区园林绿化的主要树种(图1)。该植物还是热带地区著名的木本粮食作物, 其茎秆内的提取物富含淀粉, 可制成“西米”, 在缅甸和我国云南的独龙江地区还被制成特色食品——“董棕粉”。在云南麻栗坡县一带, 董棕花序轴被大量收购以制纤维。董棕的树干常被砍伐后养殖一种甲虫, 俗称“董棕虫”, 其幼虫可食, 这一习俗可见于云南马关县以及广西龙州县一带, 故而当地的董棕大树受到了一定程度的破坏, 致使董棕林面临日益萎缩和消失的危险,



图1 中国红河地区董棕林。A: 群落外貌; B: 董棕的树冠; C: 董棕次生纯林。a: 董棕; b: 桫欏; c: 一担柴; d: 网脉核果木; e: 绒毛番龙眼; f: 龙荔。(税玉民摄)

Fig. 1 *Caryota obtusa* community in the Honghe Region in China. A, The canopy; B, Leaves and trunk of *Caryota obtusa*; C, The secondary forest dominated by *Caryota obtusa*. a, *Caryota obtusa*; b, *Arenga westerhoutii*; c, *Colona floribunda*; d, *Drypetes perreticulata*; e, *Pometia tomentosa*; f, *Dimocarpus confinis*. (photographed by Yumin Shui)

其中的一些群落特征物种的数量和分布均受到一定程度的影响。

目前, 我国的董棕林主要分布于云南贡山经临沧、西双版纳至绿春、金平、河口至富宁等县, 再

到广西西南部的那坡、靖西、龙州、凭祥等地, 基本沿广西西南的中越边境至中缅边境一线, 国外主要分布于印度、斯里兰卡、缅甸、泰国、中南半岛等地。董棕多生于海拔300–1,600 m的石灰岩地区, 少见石灰岩过渡地区的沟谷雨林。董棕虽然分布较广, 但同时破坏也很严重, 在中国西南边境, 仅独龙江、沧源、西盟、绿春、金平、元阳、麻栗坡、马关、富宁、西畴等地残存小片破坏较小的群落, 其他地区如西双版纳等已无明显的群落, 而麻栗坡、个旧等地多是原生植被破坏后残留董棕形成的次生群落, 云南大围山国家级保护区尚保存着零星几片以董棕为优势种的原生或半原生群落。原生群落中董棕的数量并不多, 但因其树冠巨大, 所以比较醒目。

目前, 有关董棕的研究多集中在保护生物学、食品化学等方面 (Everett, 1995; Wijeyaratne & Jayathilake, 2000), 国内外尚未有董棕林研究的专类报道, 仅在一些植被论文中有董棕的记录, 其均生长在石灰岩山地的环境, 并且其所生长的原生群落结构和物种多样性极为丰富 (Huang et al, 1999)。然而, 系统的董棕群落的研究仍极缺乏, 《云南植被》、《中国植被》等植被专著均未见有记载 (吴征镒和朱彦承, 1987; 吴征镒, 1995), 无法有效指导我国喀斯特地区董棕林的研究和保护工作。为此, 我们在中国董棕分布最为集中和最为典型的地段——云南东南部的大围山地区开展了董棕林的调查和研究, 以服务于今后系统而全面的董棕生物多样性研究和保护工作。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究地区位于云南省东南部的个旧市绿水河 (23°01' N, 103°24' E), 属于云南大围山国家级自然

保护区, 蒙新高速公路从中间穿过, 旁边悬崖上高大的董棕林蔚为壮观 (图1A, B)。绿水河为海拔400–1,000 m的喀斯特峡谷, 受人为影响较小, 尤其在400–800 m地段仍保存着较为完整的北热带石灰岩季雨林。董棕群落集中分布于绿水河及其邻近几个峡谷海拔400–1,300 m的河谷陡峭的喀斯特峡谷一侧, 坡度一般在30°以上, 地面岩石裸露率60%以上, 其中在1,000 m以上接近村寨或公路的部分地段董棕几呈单优状态 (图1C), 目前已被当地林业部门辟为市级保护区。

1.2 样地调查

在绿水河东坡的海拔300–800 m范围, 选择了6个20 m × 20 m的标准样地进行调查 (表1)。对乔木层进行每木检测, 对胸径 (DBH) ≥ 4 cm的植株测量其树高、胸径、冠幅、物候等, 并采集对应的凭证标本, 标本保存在中国科学院昆明植物研究所标本馆 (KUN)。其中, 对群落中的树状棕榈科植物作为乔木树种进行了重点调查, 如董棕和桃榔 (*Arenga westerhoutii*)。

1.3 数据分析

通过6个典型样方的设置, 分别整理出乔木层的种类组成及其重要值。其中, 乔木层重要值 (IV) 采用以下公式计算: (相对密度+相对显著度+相对频度)/3 × 100%, 显著度以胸径为依据 (宋永昌, 2001)。乔木树种的地理分布采用以下3个方面的数据进行分析: (1) 分布区类型 (吴征镒等, 2006); (2) 围绕研究地点, 分别采用亚洲和滇东南两个尺度进行分析; (3) 选择重要值排名前5位的树种, 通过全球生物多样性信息网络 (GBIF, <http://www.gbif.org/>) 等数据库获得其主要分布信息, 构建其地理分布图。通过以上3组数据的比较分析, 确定研究区董棕林的地理分布特点和区系亲缘。所有分析和作图采用Excel 2010、DIVA-GIS 7.5.0和Photoshop CS等软件完成。

表1 云南红河地区6个董棕林样方的生境特点及物种数量组成
Table 1 Habitat information and species composition in six plots of *Caryota obtusa* forests in the Honghe region of Yunnan, SW China

编号 No.	海拔 Altitude (m)	坡向 Aspect	坡度 Slope Degree	高度 Height (m)	总盖度 Coverage (%)	乔木 Tree	灌木 Shrub	草本 Herb	藤本 Vine	附生植物 Epiphyte
G01	560	NW42°	33°	26	80	16	44	18	14	9
G02	550	NW30°	25°	27	70	19	47	23	18	9
G03	560	NE80°	36°	35	75	19	39	39	16	7
G04	570	NE38°	41°	24	75	21	28	11	11	1
G10	860	NE2°	39°	22	66	22	60	37	34	8
G11	510	NW23°	14°	32	86	34	34	40	19	8

2 结果

2.1 董棕林的种类组成

在调查的6个样方中,乔木层共调查到67种,隶属于31科56属,其中单子叶植物仅棕榈科的董棕及桄榔2种(表2)。重要值排名前5位的分别为双果桑(*Streblus macrophyllus*, $IV = 13.13$)、董棕($IV = 8.94$)、桄榔($IV = 6.22$)、一担柴(*Colona floribunda*, $IV = 4.21$)和网脉核果木(*Drypetes perreticulata*, $IV = 3.74$) (图1)。其中,仅董棕和网脉核果木处于乔木的上层,为严格的嗜钙植物。因此,我们初步确定该植被为董棕+双果桑群落(*Caryota obtusa* + *Streblus macrophyllus* community),属于北热带石灰岩季雨林。

2.2 乔木树种的地理联系

根据董棕群落样方中乔木层物种的区系地理成分分析(附录1; Wu et al, 2006),中国至中南半岛分布类型(VII-4)和中国特有分布类型(XV)最多,分别达到全部种数的20.90%,而热带亚洲至热带大洋洲分布类型(V)、中国至热带亚洲分布类型(VII-3)及中国-喜马拉雅分布类型(XIV-SH)最少,仅分别占全部种数的2.99% (图2)。

而从中国分布与周边地区的关系看,中国至中南半岛分布最多,中国至热带亚洲分布最少(图3A)。通过中国至中南半岛分布的进一步分析看出,在滇东南辐射至周边地区的分布中也以滇东南至中南半岛的分布区类型最多,其次为滇东南至广西、越南分布,而滇东南至华中地区的类型最少

表2 中国红河地区董棕林群落主要乔木树种组成及其重要值
Table 2 Main tree species and their importance values in *Caryota obtusa* forest in the Honghe region, SW China

科 Family	物种 Species	相对多度 Relative abundance	相对显著度 Relative frequency	相对频度 Relative prominence	重要值 Importance values
桑科 Moraceae	双果桑 <i>Streblus macrophyllus</i>	0.2394	0.1087	0.0458	13.13
棕榈科 Palmae	董棕 <i>Caryota obtusa</i>	0.0664	0.1559	0.0458	8.94
棕榈科 Palmae	桄榔 <i>Arenga westerhoutii</i>	0.0704	0.0931	0.0229	6.22
椴树科 Tiliaceae	一担柴 <i>Colona floribunda</i>	0.0423	0.0382	0.0458	4.21
大戟科 Euphorbiaceae	网脉核果木 <i>Drypetes perreticulata</i>	0.0262	0.0555	0.0305	3.74
无患子科 Sapindaceae	干果木 <i>Xerospermum bonii</i>	0.0221	0.0659	0.0229	3.7
苏木科 Caesalpiniaceae	中国无忧花 <i>Saraca dives</i>	0.0322	0.0502	0.0229	3.51
荨麻科 Urtiaceae	圆基火麻树 <i>Dendrocnide basirotunda</i>	0.0362	0.0296	0.0305	3.21
大戟科 Euphorbiaceae	棒柄花 <i>Cleidion brevipetiolatum</i>	0.0443	0.0150	0.0305	2.99
番荔枝科 Annonaceae	金平藤春 <i>Alphonsea boniana</i>	0.0221	0.0159	0.0382	2.54
柿树科 Ebenaceae	六花柿 <i>Diospyros hexamera</i>	0.0141	0.0233	0.0305	2.26
大戟科 Euphorbiaceae	粗糠柴 <i>Mallotus philippensis</i>	0.0443	0.0141	0.0076	2.2
梧桐科 Sterculiaceae	苹婆 <i>Sterculia monosperma</i>	0.0221	0.0254	0.0153	2.09
番荔枝科 Annonaceae	海南澄广花 <i>Orophea hainanensis</i>	0.0342	0.0108	0.0153	2.01
夹竹桃科 Apocynaceae	胭木 <i>Wrightia arborea</i>	0.0161	0.0149	0.0229	1.8
无患子科 Sapindaceae	绒毛番龙眼 <i>Pometia tomentosa</i>	0.0080	0.0268	0.0153	1.67
大戟科 Euporbiaceae	大麻叶巴豆 <i>Croton damayeshu</i>	0.0121	0.0140	0.0153	1.38
肉豆蔻科 Myristicaceae	大叶风吹楠 <i>Horsfieldia kingii</i>	0.0141	0.0114	0.0153	1.36
冬青科 Aquifoliaceae	阔叶冬青 <i>Ilex latifrons</i>	0.0101	0.0201	0.0076	1.26
紫金牛科 Myrsinaceae	星毛紫金牛 <i>Ardisia nigropilosa</i>	0.0161	0.0057	0.0153	1.23
无患子科 Sapindaceae	龙荔 <i>Dimocarpus confinis</i>	0.0080	0.0028	0.0229	1.13
蝶形花科 Papilionaceae	红豆属一种 <i>Ormosia</i> sp.	0.0121	0.0053	0.0153	1.09
木兰科 Magoniaceae	单性木兰 <i>Kmeria septentrionalis</i>	0.0080	0.0161	0.0076	1.06
紫葳科 Bignoniaceae	火烧花 <i>Mayodendron igneum</i>	0.0060	0.0026	0.0229	1.05
桑科 Moraceae	苹果榕 <i>Ficus oligodon</i>	0.0080	0.0076	0.0153	1.03
楝科 Meliaceae	溪桫 <i>Chisocheton cumingianus</i>	0.0060	0.0017	0.0229	1.02

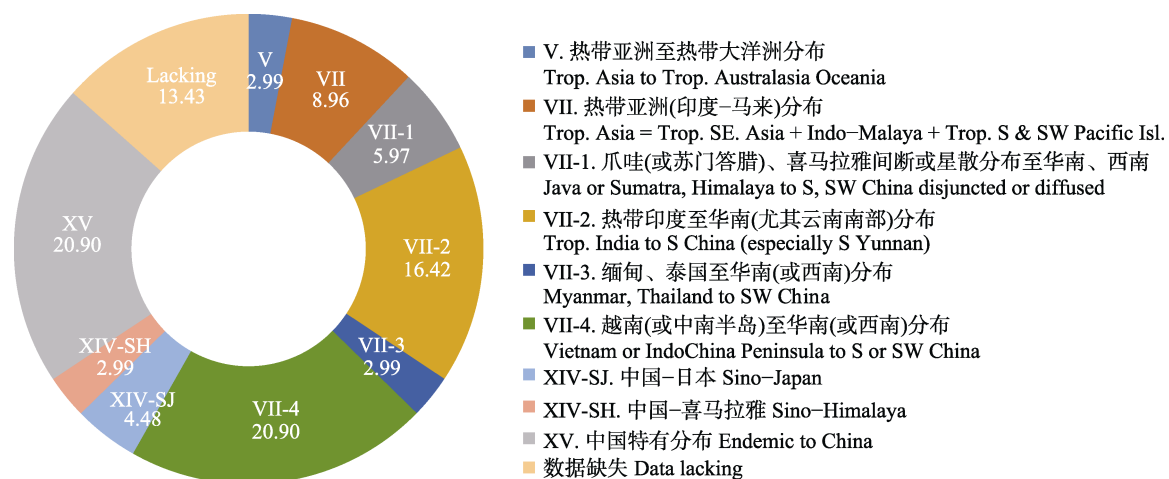


图2 中国红河地区董棕林乔木层树种的种分布区类型组成(%)
Fig. 2 Composition (%) of area-type of the tree species in *Caryota obtusa* community in the Honghe region, SW China

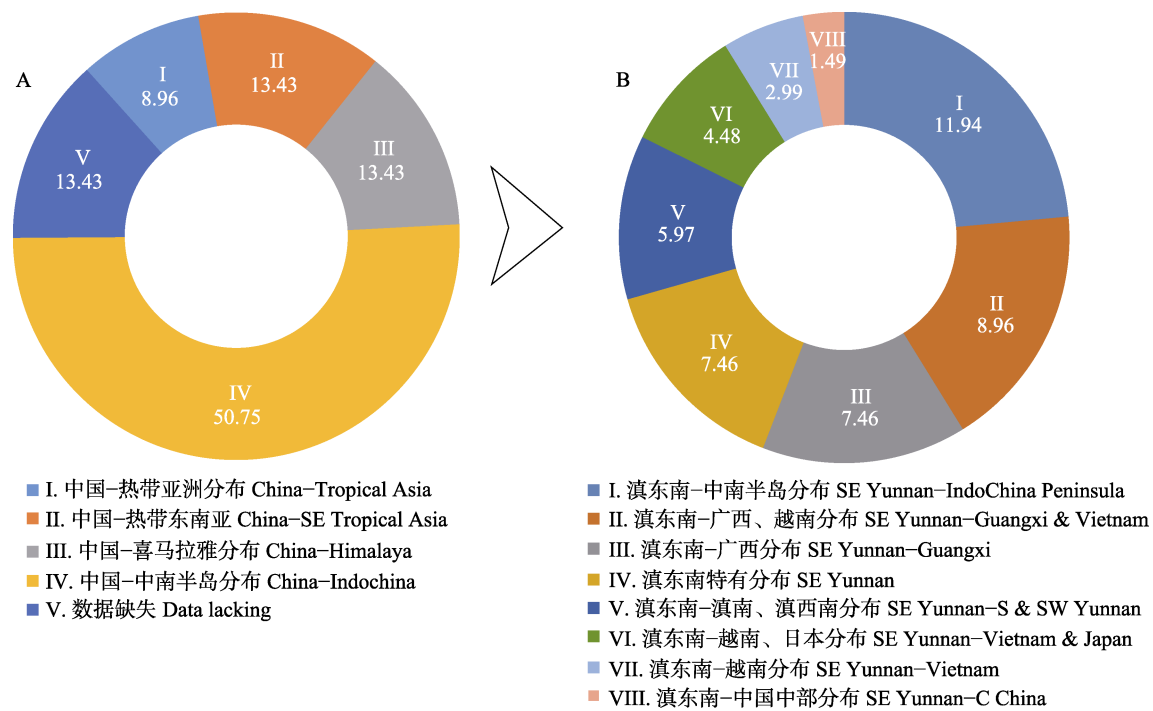


图3 中国西南喀斯特地区董棕林乔木层树种的种地理联系分析。(A)与中国分布联系的大尺度地理成分;(B)与滇东南分布联系的小尺度地理成分。
Fig. 3 Composition of the geographical elements of the tree species in *Caryota obtusa* community in SW China. (A) The large-scale geographic elements related to China; (B) The small-scale geographic elements related to southeast Yunnan (SE Yunnan).

(图3B)。可见,以云南东南部为代表的我国西南董棕林乔木树种以中南半岛和中国交界地区为其分布的核心地区。

2.3 优势或建群种的地理分布

董棕群落样方中有5种占优势的乔木树种,分别为双果桑、董棕、桫欏、一担柴、网脉核果木。其中,仅董棕和网脉核果木处于乔木的上层,双果

桑虽仅处于乔木下层及灌木层但个体数量最多。这些优势种中,以董棕分布最广,从热带北缘分布至热带马来半岛,其次是双果桑,分布稍广,其他显著度较高的优势种分布范围均较董棕要小,并且集中分布在中南半岛,个别辐射到印度西北部、马来半岛和菲律宾(图4),一定程度显示出该群落的北热带性质。

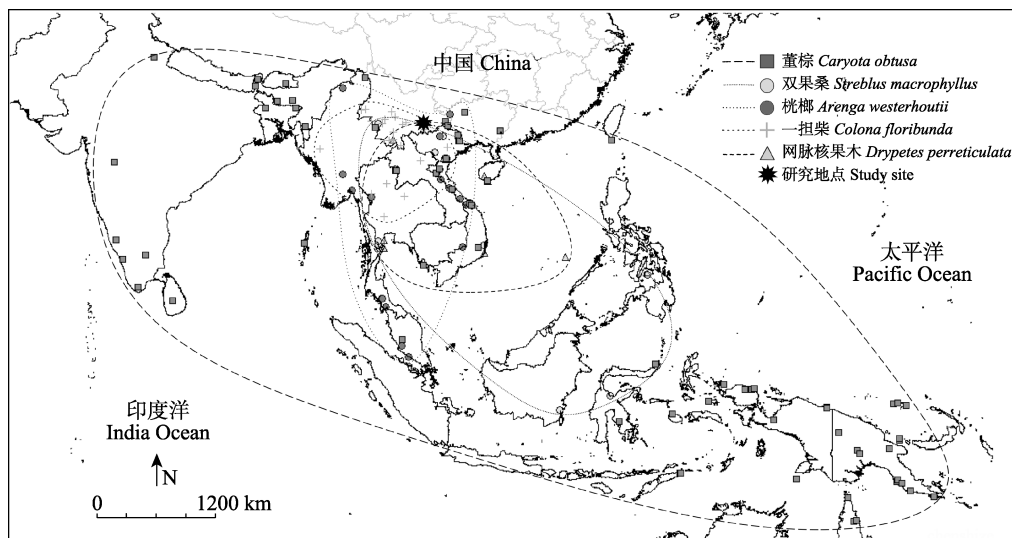


图4 中国喀斯特地区董棕林主要建群树种的地理分范围(基于表2乔木层的重要值排名)

Fig. 4 The distribution of the five dominant trees of *Caryota obtusa* forests based on the order of importance values (IV) in the Honghe region, China (from Table 2). The aster indicates the plot sites in the this research.

3 讨论

3.1 我国西南喀斯特地区董棕林应与中南半岛属同一个自然区系地理单元

我们报道了中国西南董棕林的乔木树种组成,在面积约3.00 km²的6个400 m²样方中共记录乔木层树种67种,并确定了它们各自的重要值和该群落的群系名称,即董棕+双果桑群落。进一步通过乔木层植物的地理成分分析,发现研究地区的董棕林不仅与云南(中南半岛)至华南(西南)密切相关(20.90%),更具有中国特有分布的成分(20.90%),显示该地区既有中南半岛的区系背景,也具有其独特的地理成分,暗示该地区较为古老和稳定的区系特点(图2, 3)。通过群落优势树种具体分布点的比较分析发现,该区域地处董棕林分布区的最北端,初步显示了中国西南喀斯特植被可能的热带北缘性质(图4)。作为棕榈科能形成群落优势的物种之一,董棕群落的现有分布界限及其物种组成可能反应了地质历史过程中欧亚大陆和热带东南亚喀斯特地区的陆相和海相的潜在联系(Hahn & Sytsma, 1999)。可见,董棕林独特的物种多样性在亚洲热带喀斯特地区的生态系统及其历史变迁中占据着极为独特的地位,其深入的生物地理学研究将为揭示中国及中南半岛的区系地理联系提供广阔的研究前景。

3.2 喀斯特地区植被乔木树种丰富,群落类型丰富,片断化明显

董棕林的乔木优势树种明显不同于同一气候带的喀斯特其他石灰岩季雨林的树种组成。在广西弄岗的喀斯特季节性雨林中,优势树种为闭花木(*Cleistanthus sumatranus*)、苹婆(*Sterculia monosperma*)、广西牡荆(*Vitex kwangsiensis*)、蚬木、海南椴(*Diplodiscus trichosperma*)、劲直刺桐(*Erythrina stricta*)和海南大风子(*Hydnocarpus hainanensis*)等(王献溥等, 1997; 王斌等, 2014),几乎完全不同于上述董棕林的优势树种。在西双版纳的石灰岩季雨林中,优势树种是绒毛番龙眼(*Pometia tomentosa*)、藤春(*Alphonsea monogyna*)、铁灵花(*Celtis philipensis* var. *wightii*)、轮叶戟(*Lasiococca comberi* var. *pseudoverticillata*)等,除了沟谷广布的绒毛番龙眼外,其他的优势树种几乎都不同(Zhu et al, 1998)。可见,喀斯特地区的植被物种组成在不同地区和生境上显示出极大的差异性,特别是在不同属的等级上,也暗示了热带喀斯特地区生态系统物种多样性的复杂性。因此,喀斯特地区植被的多样性调查需要更为密集的取样才能客观地反映其物种多样性的全貌。

致谢: 感谢中国科学院昆明植物研究所的魏志丹、赵厚涛,云南绿水河电站的王万达等多位同志在野

外工作中的大力支持和配合。此外, 昆明植物研究所的陈力在作图准备中也提供了协助。

参考文献

- Chen WH, Moller M, Shui YM, Zhang MD (2008) A new species of *Paraboea* (Gesneriaceae) from a karst cave in Guangxi, China, and observations on variations in flower and inflorescence architecture. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 158, 681–688.
- Everett Y (1995) The kitul palm: ethnobotany of *Caryota urens* L. in highland Sri Lanka. *Journal of Ethnobiology*, 15, 161–176.
- Fang RZ, Bai PY, Huang GB, Wei YG (1995) A floristic study on the seed plants from tropics and subtropics of Dian-Qian-Gui. *Acta Botanica Yunnanica*, (Suppl. VII), 111–150. (in Chinese with English abstract) [方瑞征, 白佩瑜, 黄广宾, 韦毅刚 (1995) 滇黔桂热带亚热带(滇黔桂地区和北部湾地区)种子植物区系研究. 云南植物研究, (增刊VII), 111–150.]
- Hahn WJ, Sytsma KJ (1999) Molecular systematics and biogeography of the Southeast Asian genus *Caryota* (Palmae). *Systematic Botany*, 24, 558–580.
- Huang SH, Chen CJ, Shui YM, Li QR (1999) A study on the ecology and floristic composition of *Cycas multipinnata* community. In: *Biology and Conservation of Cycads—Proceedings of the Fourth International Conference on Cycad Biology* (ed. Chen CJ), pp. 41–49. International Academic Publishers, Beijing.
- Nguyen NT (1997) The vegetation of Cucphuong National Park, Vietnam. *Sida*, 17, 719–759.
- Shui YM, Chen WH (2005) New data of sect. *Coelocentrum* in Begoniaceae. *Acta Botanica Yunnanica*, 27, 355–374.
- Song YC (2001) *Vegetation Ecology*. East China Normal University Press, Shanghai. (in Chinese) [宋永昌 (2001) 植被生态学. 华东师范大学出版社, 上海.]
- Wang B, Huang YS, Li XK, Xiang WS, Ding T, Huang FZ, Lu SH, Han WH, Wen SJ, He LJ (2014) Species composition and spatial distribution of a 15 ha northern tropical karst seasonal rain forest dynamics plot in Nonggang, Guangxi, Southern China. *Biodiversity Science*, 22, 141–156. (in Chinese with English abstract) [王斌, 黄俞淞, 李先琨, 向悟生, 丁涛, 黄甫昭, 陆树华, 韩文衡, 文淑均, 何兰军 (2014) 弄岗北热带喀斯特季节性雨林15 ha监测样地的树种组成与空间分布. 生物多样性, 22, 141–156.]
- Wang H, Zhu H, Li BG (1997) Vegetation of limestone in Xishuangbanna Southwest China. *Guihaia*, 17, 101–117. (in Chinese with English abstract) [王洪, 朱华, 李保贵 (1997) 西双版纳石灰岩森林植被. 广西植物, 17, 101–117.]
- Wang WT (2012) Two new series and eight new species of *Elatostema* (Urticaceae) from Yunnan. *Guihaia*, 32, 427–435. [王文采 (2012) 云南楼梯草属二新系和八新种. 广西植物, 32, 427–435.]
- Wang WT (2014) *Elatostema* (Urticaceae) in China. Qingdao Publishing House, Qingdao. [王文采 (2014) 中国楼梯草属植物. 青岛出版社, 青岛.]
- Wang XP, Sun SZ, Li XX (1998) Study of limestone seasonal rain forest classification in Guangxi. *Bulletin of Botanical Research*, 18, 428–460. (in Chinese with English abstract) [王献溥, 孙世洲, 李信贤 (1998) 广西石灰岩季节性雨林分类的研究. 植物研究, 18, 428–460.]
- Wijeyaratne SC, Jayatilake AN (2000) Characteristics of two yeast strains (*Candida tropicalis*) isolated from *Caryota urens* (Kithul) Toddy for single cell protein production. *Journal of National Science Foundation of Sri Lanka*, 28, 79–86.
- Wu ZY (1995) Vegetation of China, pp. 376–379. Science Press, Beijing. (in Chinese) [吴征镒 (1995) 中国植被, 376–379页. 科学出版社, 北京.]
- Wu ZY, Zhou ZK, Sun H, Li DZ, Peng H (2006) The Areal-Types of Seed Plants and Their Origin and Differentiation. Yunnan Science & Technology Press, Kunming. (in Chinese) [吴征镒, 周浙昆, 孙航, 李德铎, 彭华 (2006) 种子植物分布区类型及其起源与分化. 云南科技出版社, 昆明.]
- Wu ZY, Zhu YC (1987) Vegetation of Yunnan, pp. 188–192. Science Press, Beijing. (in Chinese) [吴征镒, 朱彦承 (1987) 云南植被, 188–192页. 科学出版社, 北京.]
- Ying JS, Zhang YL, Boufford DE (1994) Endemic Genera of Seed Plants in China. Science Press, Beijing. (in Chinese) [应俊生, 张玉龙, Boufford DE (1994) 中国种子植物特有属. 科学出版社, 北京.]
- Zhu H, Wang H, Li BG (1998) The structure, species composition and diversity of the limestone vegetation in Xishuangbanna, SW China. *Gardens Bulletin Singapore*, 50, 5–33.

(责任编辑: 黄祥忠)

附录 Supplementary Material

附录1 中国西南红河地区董棕林的乔木树种组成

Appendix 1 Tree species composition of *Caryota obtusa* forests in the Honghe region, SW China

<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2016289-1.pdf>

陈文红, 施济普, 文军, 郭世伟, 常艳芬, 税玉民. 中国红河地区董棕林乔木树种的物种组成和地理亲缘关系. 生物多样性, 2017, 25 (8): 823–829.

<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2016289>

附录1 中国西南红河地区董棕林的乔木树种组成。中国西南董棕林群落乔木层树种共**67**种(包括**59**个明确的种类和**8**个不明确的种类, 所有标本凭证存于中国科学院昆明植物研究所标本馆, **KUN**)

Appendix 1 Composition of the tree species *Caryota obtusa* forests in the Honghe region, SW China. Total 67 species of the tree species including 59 known species and 8 unknown species. All the above vouchers deposited in KUN (Herbarium of Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences)

编号 No.	树种 Tree species	编号 No.	树种 Tree species
1	水团花 <i>Adina pilulifera</i>	35	云南风吹楠 <i>Horsfieldia prainii</i>
2	曲梗崖摩 <i>Aglaia spectabilis</i>	36	阔叶冬青 <i>Ilex latifrons</i>
3	香楠 <i>Aidia canthioides</i>	37	单性木兰 <i>Kmeria septentrionalis</i>
4	金平藤春 <i>Alphonsea boniana</i>	38	灰岩血桐 <i>Macaranga esquirolii</i>
5	山楝 <i>Aphanamixis polystachya</i>	39	粗糠柴 <i>Mallotus philippensis</i>
6	糙叶树 <i>Aphananthe aspera</i>	40	野桐属一种 <i>Mallotus</i> sp.
7	星毛紫金牛 <i>Ardisia nigropilosa</i>	41	火烧花 <i>Mayodendron igneum</i>
8	酸苔菜 <i>Ardisia solanacea</i>	42	肿轴野独活 <i>Milusa baillonii</i>
9	桄榔 <i>Arenga westerhoutii</i>	43	红豆树属一种 <i>Ormosia</i> sp.
10	禾串树 <i>Bridelia balansae</i>	44	海南澄广花 <i>Orophea hainanensis</i>
11	董棕 <i>Caryota obtusa</i>	45	望天树 <i>Parashorea chinensis</i>
12	溪桫 <i>Chisocheton cumingianus</i>	46	大萼楠 <i>Phoebe megacalyx</i>
13	南酸枣 <i>Choerospondias axillaris</i>	47	绒毛番龙眼 <i>Pometia pinnata</i>
14	云南黄皮 <i>Clausena harmandiana</i>	48	截裂翅子树 <i>Pterospermum truncatolobatum</i>
15	棒柄花 <i>Cleidion brevipedunculatum</i>	49	芸香科一种 <i>Rutaceae</i> sp.
16	一担柴 <i>Colona floribunda</i>	50	无患子科一种 <i>Sapindaceae</i> sp.
17	大麻叶巴豆 <i>Croton damayeshu</i>	51	南酸枣属一种 <i>Sapindus</i> sp.
18	丛花厚壳桂 <i>Cryptocarya densiflora</i>	52	中国无忧花 <i>Saraca dives</i>
19	贫花厚壳桂 <i>Cryptocarya depauperata</i>	53	铁榄 <i>Sinosideroxylon pedunculatum</i>
20	圆基火麻树 <i>Dendrocide basirotunda</i>	54	苹婆 <i>Sterculia monosperma</i>
21	龙荔 <i>Dimocarpus confinis</i>	55	基苹婆 <i>Sterculia principis</i>
22	六花柿 <i>Diospyros hexamera</i>	56	双果桑 <i>Streblus macrophyllus</i>
23	黑皮柿 <i>Diospyros nigracortex</i>	57	乌桕 <i>Syzygium cumini</i>
24	辛果漆 <i>Drimycarpus racemosus</i>	58	阔叶蒲桃 <i>Syzygium megacarpum</i>
25	网脉核果木 <i>Drypetes perreticulata</i>	59	蒲桃属一种 <i>Syzygium</i> sp.
26	长果土楠 <i>Endiandra dolichocarpa</i>	60	云南癭椒树 <i>Tapiscia yunnanensis</i>
27	火绳树 <i>Eriolaena spectabilis</i>	61	白皮乌口树 <i>Tarenna depauperata</i>
28	大戟科一种 <i>Euphorbiaceae</i>	62	岭罗麦 <i>Tarennoidea wallichii</i>
29	歪叶榕 <i>Ficus cyrtophylla</i>	63	吴茱萸属一种 <i>Tetradium</i> sp.
30	苹果榕 <i>Ficus oligodon</i>	64	刺通草 <i>Trevesia palmata</i>
31	大叶刺篱木 <i>Flacourtia rukam</i>	65	翼核果 <i>Ventilago leiocarpa</i>
32	华山小桔 <i>Glycosmis pseudoracemosa</i>	66	胭木 <i>Wrightia arborea</i>
33	山龙眼属一种 <i>Helicia</i> sp.	67	干果木 <i>Xerospermum bonii</i>
34	大叶风吹楠 <i>Horsfieldia kingii</i>		

•研究报告•

低头坝驱动山区溪流局域栖息地和鱼类群落的同质化

卜倩婷[#] 李 献[#] 朱 仁 储 玲 严云志^{*}

(安徽师范大学生命科学学院, 安徽省高校生物环境与生态安全省级重点实验室, 安徽芜湖 241000)

摘要: 确定溪流鱼类多样性对环境变化和人类干扰的响应, 可为溪流生态系统及鱼类多样性的保护和管理提供科学基础。本文基于对安徽省青弋江流域上游的4条一级河源溪流中39个低头坝、78个调查样点(针对每个低头坝所处河段, 分别设置坝上蓄水区(impounding area)和坝下非蓄水区(free-flowing area)各1个调查样点)的调查数据, 研究了低头坝对局域栖息地和鱼类群落同质化的驱动作用。共采集鱼类27种, 隶属5目10科, 其中蓄水区和非蓄水区的物种分别为23种和27种。主坐标分析和主坐标典范分析结果显示, 蓄水区与非蓄水区间的局域栖息地存在显著差异, 同非蓄水区相比, 蓄水区的底质粗糙度和异质性较小但水深和水宽较大; 置换多元分散分析结果显示, 蓄水区局域栖息地特征的空间变异显著低于非蓄水区, 呈现出明显的同质化现象。以非蓄水区为对照, 蓄水区鱼类群落的相似性在研究的4条溪流、2个不同季度呈现出相似的变化趋势, 即: 一些鱼类群落间的相似性上升但另外一些群落间的相似性下降, 且其相似性变化大小(ΔCS_j)与初始相似性显著负相关; 当初始相似性较低时, $\Delta CS_j > 0$; 当初始相似性较高时, $\Delta CS_j < 0$ 。本研究表明, 低头坝导致了坝上蓄水区局域栖息地特征空间变异的下降, 呈现出明显的栖息地同质化; 但蓄水区鱼类群落同时存在同质化和异质化2个过程, 群落间初始相似性大小决定了其同质化或异质化: 初始相似性较低呈同质化、较高则异质化。

关键词: 栖息地同质化; 生物同质化/异质化; 溪流鱼类; 低头坝

Low-head dams driving the homogenization of local habitat and fish assemblages in upland streams of the Qingyi River

Qianting Bu[#], Xian Li[#], Ren Zhu, Ling Chu, Yunzhi Yan^{*}*Provincial Key Laboratory of Biotic Environmental and Ecological Safety, College of Life Sciences, Anhui Normal University, Wuhu, Anhui 241000*

Abstract: Identifying how fish assemblages in upland streams respond to environmental changes and anthropogenic activities is the basis for the conservation and management of upland stream systems and fish diversity. Based on data collected from 78 sampling sites (including 39 impounding areas and 39 free-flowing segments, respectively) associated with 39 low-head dams in four 1st-order streams of the Qingyi basin in Anhui Province, we investigated the effect of low-head dam on the habitat homogenization and the biotic homogenization of fish assemblages in upland streams. A total of 27 species representing 10 families and 5 orders were collected, among which 23 and 27 species were collected from the impounding and free-flowing areas, respectively. Principal coordinate analysis (PCoA) and canonical analysis of principal coordinates (CAP) results showed that the local habitat differed significantly between impounding and free-flowing areas, the former characterized by relatively low substrate coarseness and heterogeneity and the latter showing shallower water depth and width. Permutational analysis of multivariate dispersions (PERMDISP) result indicated that the heterogeneity in spatial variability of the local habitat was significantly lower in the impounding areas than the free-flowing areas, suggesting habitat homogeneity in the impoundments of

收稿日期: 2017-03-31; 接受日期: 2017-04-15

基金项目: 国家自然科学基金(31372227, 31500452)、安徽省水产产业技术体系项目(皖农科[2016]84 号)和生物环境与生态安全安徽省高校省级重点实验室经费

共同第一作者 Co-first authors

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: yanyunzhi7677@126.com

low-head dams. The variations in the coefficient of similarity of fish assemblages in the impoundments relative to that found in the free-flowing segments were consistent across the four study streams and the two sampling seasons. Compared with that in the free-flowing segments, the between-assemblage similarities for fishes in the impoundments either increased or decreased, of which ΔCS_j was negatively related to the initial similarity of fish assemblages. ΔCS_j was positive when the initial similarity was lower than 50%, while ΔCS_j was negative when the initial similarity was more than 50%. Our results suggest that low-head dams may decrease the spatial variability in local habitat within the impounding areas of dams and result in the homogeneity of the local habitat. However, the variations in fish assemblages within these impoundments include two ecological processes, i.e., biotic homogeneity and heterogeneity. The biotic homogeneity/heterogeneity depends on the size of the initial similarity between different assemblages. The assemblages showing relatively low initial similarity will be homogenized and those of high initial similarity will be heterogenized.

Key words: habitat homogenization; biotic homogenization/heterogeneity; stream fishes; low-head dam

受人类活动的影响, 全球生物多样性正以前所未有的速度发生变化: 广布种不断扩散和引种、土著种日益濒危和灭绝; 广布种对土著种的取代过程降低了生物群落的特质并提高了群落间的相似性, 进而导致“生物同质化”(biotic homogenization) (Mckinney & Lockwood, 1999; Olden, 2006; 王光美等, 2009; Magurran et al, 2014)。生物同质化包括遗传同质化、分类同质化和功能同质化(Dar & Reshi, 2014)。生物同质化的生态后果非常严重: 遗传同质化将降低种群遗传变异, 影响种群的进化潜力及其适应环境变化的能力(Stockwell et al, 1996; Storfer, 1999; Petsch, 2016); 分类同质化和功能同质化将使得食物链/食物网结构趋于单一, 影响生物群落和生态系统的抗干扰能力(Beisner et al, 2003; Olden et al, 2004; Petsch, 2016)。

河源溪流(headwater stream)是淡水生态系统类型之一, 是河流网络体的重要组成部分, 常位于海拔较高的山地; 同湖泊等静水系统及大型河流相比, 河源溪流具有水文动荡、栖息地简单、营养外源性等特点(Vannote et al, 1980; Meyer et al, 2007; 王文剑等, 2013)。因溪流系统的栖息地简单且环境容纳量小, 溪流鱼类局域群落的物种多样性(即 α 多样性)较低; 但是, 作为对河源溪流独特环境的高度适应, 溪流鱼类具有极高的特有性, 且河源溪流的底质、水文等环境条件多样, 其鱼类群落的空间异质性非常高, 因而群落间的物种组成变化幅度(即 β 多样性)较大(Scott & Helfman, 2001; Jaramillo-Villa et al, 2010)。河源溪流鱼类的高度特化性、较窄的地理分布、较低的生殖力等特点, 导致它们对环境变化和人为干扰异常敏感(Scott & Helfman, 2001; Meyer et

al, 2007; Buisson & Grenouillet, 2009)。然而, 当前溪流鱼类及其多样性正面临着森林砍伐、水坝建设、土地利用等多重威胁(March et al, 2003; Meyer et al, 2007; Rasmussen et al, 2013)。

低头坝(low-head dam)是山区河源溪流中的一类极具普遍性的人类活动形式, 主要用于满足农业灌溉、居民用水、休闲娱乐等人类需要(Yan et al, 2013; Chu et al, 2015)。因坝头较低, 河水可直接漫过低头坝而进行表层泄流, 这与中下层泄流的高头坝明显不同(McCully, 1996; Poff & Hart, 2002)。小型低头坝的蓄水能力及其对水文情势的调节能力都远低于大型高头坝, 对溪流生态系统及其鱼类多样性的影响作用程度和辐射范围都明显较小(Gillette et al, 2005; Yan et al, 2013)。但是, 低头坝的数量远大于大型水坝, 其累积蓄水面积甚至可能超过后者(Rosenberg et al, 2000), 因而对鱼类多样性的影响可能也不容小视(March et al, 2003)。目前, 有关大型水坝对鱼类群落同质化的驱动作用已有不少报道(Pool & Olden, 2012; Vitule et al, 2012; Kornis et al, 2015), 研究表明, 大型水库导致多样的水文情势和栖息地条件被较为单一的静水系统所取代, 促进静水性外来鱼类对亲流性土著鱼类的取代, 进而降低了鱼类群落原有的特质并呈现出同质化现象(Rahel, 2003; Moyle & Mount, 2007; Vitule et al, 2012)。尽管低头坝改变水文情势和栖息地特征的能力远低于大型水坝, 但两者对局部河段环境条件和鱼类群落的影响却具有共性之处, 如抬高水位、降低流速、增大沉积作用并减小底质等; 栖息条件变化进而导致广布性静水或缓流鱼类对亲流性土著鱼类的取代(Gillette et al, 2005; Poulet, 2007;

Yan et al, 2013)。从这点出发, 低头坝可能具有与大型水坝类似的作用, 也能够驱动河源溪流鱼类群落的同质化过程。然而, 目前有关低头坝对溪流鱼类群落同质化的影响少见报道。

本文以青弋江流域上游的4条一级河源溪流为研究区域, 针对其中的39个低头坝分别设置2类调查样点(坝上蓄水区 and 坝下非蓄水区)共78个, 通过现场调查和取样, 比较研究了蓄水区和非蓄水区之间局域栖息地特征和鱼类群落相似性的异同, 探讨了低头坝对河源溪流局域栖息地和鱼类群落同质化的驱动作用, 为研究区域内河源溪流鱼类多样性的保护提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域

青弋江位于安徽省黄山北部, 东北流向, 属长江下游南岸的一条支流。干流全长309 km, 流域面积7,195 km²。属我国亚热带季风气候, 年气温范围-2.1 (1月)至27.5℃ (7月) (平均为17.8℃); 年降水量近2,000 mm, 但约79%的降水集中在春季和夏季, 而冬季降水仅约5%。因水力发电、农业灌溉、居民用水和休闲娱乐等需要, 自20世纪中后期以来, 青弋江干流及各级支流上修建了大量的水坝, 其中大小不等的水电站约200座、低头坝近1,000座(Chu et al, 2015; Li et al, 2016)。

1.2 样点设置与野外调查

本研究调查的低头坝共39个, 位于青弋江上游的4条一级河源溪流中, 各溪流的低头坝分别为5个、8个、16个和10个(图1)。每个低头坝的坝体高度都小于4 m, 且坝上蓄水区的水深 < 1 m, 以满足涉水采集鱼类。每个低头坝各设置2个调查样点, 即坝上蓄水区 and 坝下非蓄水区; 视蓄水区为受低头坝影响的受试样点, 非蓄水区为对照样点。其中, 坝上蓄水区直接位于低头坝上游的蓄水水域, 其调查河道长度视蓄水区大小而定: 若蓄水区长不足50 m, 调查全部蓄水区; 若超过50 m, 则从水坝位置往上游调查50 m。坝下非蓄水区位于低头坝下游的流水河段, 距离其上游的低头坝300–500 m, 具体调查河段位置根据可抵达性和可操作性来确定, 调查河段长度为50 m。

2014年7月(丰水期)和11月(枯水期), 使用背式电鱼器(CWB-2,000P, 输入12 V, 输出250 V)对上述调查样点进行鱼类标本采集, 1人电鱼, 2人捕捞, 按“之”字型路线进行取样。依据Nelson (2006)和陈小勇(2013)的目科级分类系统, 在新鲜状态下对鱼类的分类地位进行现场鉴定(吻虾虎鱼(*Rhinogobius*)仅鉴定至属的水平)。统计并记录各样次渔获物的物种组成和数量, 处理后的标本固定于甲醛溶液, 带回实验室备用。

现场调查并测度10个局域栖息地因子: 水宽

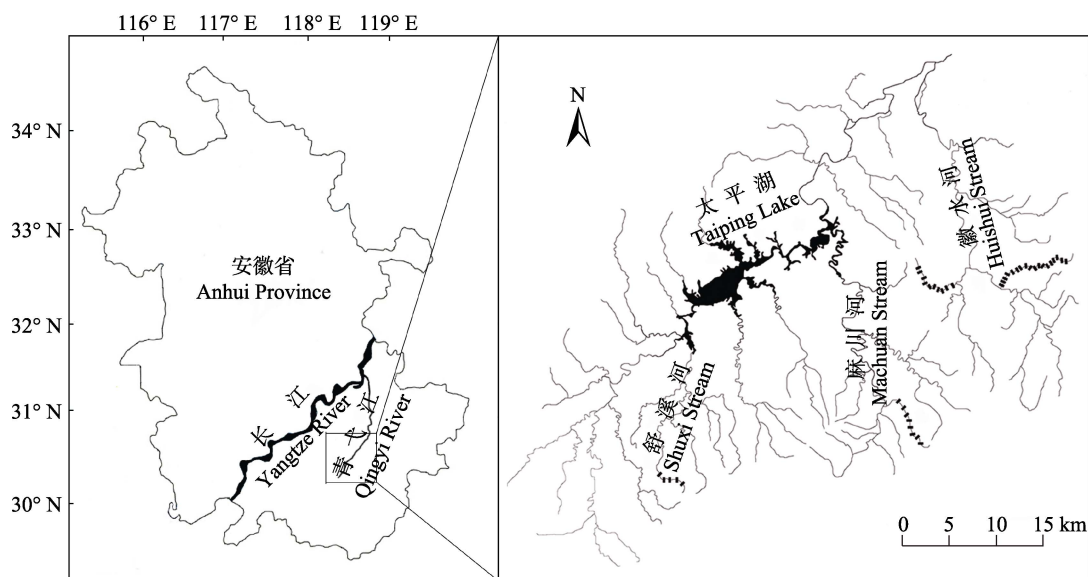


图1 青弋江河源溪流所调查的低头坝位点示意图。黑色长柱形代表调查的低头坝。

Fig. 1 Locations of low-head dams surveyed in the headwater streams of the Qingyi River. Black pillars represent the low-head dams surveyed in this study.

(m)、水深(m)、流速(m/s)、水温(°C)、溶氧(ppm)、pH值、电导率(mS/cm)、植被覆盖率(%)、底质粗糙度和底质异质性。首先, 将每个调查河段分为5个等距的横断面, 在每个横断面上测量水宽; 其次, 将每断面分为5个等距的截点, 在每个截点处测量水深, 并在每个截点的60%水深处使用便携式流速仪(FB 111, 美国)测量水流流速。使用便携式水质测试仪(YSI Professional Plus)测度水温、溶氧量、pH值和电导率。植被覆盖率是根据岸边植被成荫覆盖水面比例来目测。此外, 参照Bain (1999)的方法对每个调查河段的底质大小进行打分: 每研究样点的河床分为10个断面, 根据底质颗粒直径来评估每个断面的主要底质类型及其得分: 0, < 0.059 mm; 1, 0.06–1 mm; 2, 2–15 mm; 3, 16–63 mm; 4, 64–256 mm; 5, > 256 mm。视这10组数据的平均值和标准差分别为底质粗糙度和异质度。

1.3 数据分析与统计

计算每个物种的出现频次和相对多度, 其中, 出现频次(frequency of occurrence, *FO*)为某物种出现的样点数占全部调查样点数的百分比, 而相对多度(relative abundance, *RA*)为某物种的个体数占全部样点渔获物个体总数的百分比。

基于局域栖息地数据(log转化)的Euclidean距离矩阵, 运用3种多元统计方法解析蓄水区和非蓄水区之间局域栖息地特征的异同。首先, 运用主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)对各调查样点的栖息地特征进行排序, 该方法可根据样点间栖息地特征的不相似性大小将各样点进行散点分布。其次, 运用主坐标典型性分析(canonical analysis of principal coordinates, CAP)检验蓄水区和非蓄水区之间局域栖息地的平均差异, 该方法可通过置换检验来解析不同组别间矩阵数据的差异, 并对上述PCoA所显示的信息进行补充。再次, 运用置换多元分散分析(permutational analysis of multivariate dispersions, PERMDISP)检验蓄水区和非蓄水区之间栖息地特征空间变异的差异, 该方法可结合ANOVA *F*-统计来比较预先定义各组别间同质性/异质性程度的差异显著性。上述统计分析在PRIMER 7.0软件中进行。

运用Jaccard's指数来计算各样点间鱼类群落(二元数据, 0和1分别代表某物种的无和有)的相似性系数(coefficient of similarity, *CS*): $CS_j = c/(a + b -$

$c)$, 式中 a 、 b 分别代表两群落的物种数, c 代表两群落共有的物种数, 该计算过程分蓄水区和非蓄水区2类生境独立进行, 分别获得蓄水区的 $CS_{j蓄}$ 指数和非蓄水区的 $CS_{j非}$ 指数。因每坝上蓄水区在建坝前的历史数据缺乏, 本文采用“空间替代时间”的方法, 以坝下非蓄水区为对照来解析建坝后蓄水区鱼类群落的相似性变化。因此, 计算上述 $CS_{j蓄}$ 与 $CS_{j非}$ 的差值(ΔCS_j): $\Delta CS_j = CS_{j蓄} - CS_{j非}$, 并根据 ΔCS_j 值的大小来确定蓄水区鱼类群落的相似性变化: 若 $\Delta CS_j > 0$, 蓄水区的鱼类群落相似性上升, 呈同质化现象; 若 $\Delta CS_j < 0$, 则相似性下降, 为异质化。进一步, 视非蓄水区鱼类群落的相似性系数为初始相似性, 运用Pearson相关分析来检验 ΔCS_j 与初始相似性的关系, 以确定蓄水区鱼类群落的同质化/异质化过程是否受到初始相似性大小的影响。Pearson相关分析在SPSS 22.0软件中进行, 视 $P < 0.05$ 为显著相关。

2 结果

2.1 鱼类物种组成概况

共采集鱼类11,671尾, 共27种, 隶属5目10科, 其中鲤科15种, 占物种总数的55.6%。蓄水区和非蓄水区的鱼类物种分别为23种和27种, 小鰈(*Sarcocheilichthys parvus*)、胡鲃(*Huigobio chenhsienensis*)、似鲮(*Belligobio nummifer*)、黄鲢(*Monopterus albus*)仅出现于非蓄水区。蓄水区的常见种有3种(出现频率大于40%), 分别为宽鳍鱮(*Zacco platypus*)、吻虾虎鱼一种(*Rhinogobius* sp.)和河川沙塘鳢(*Odontobutis potamophila*), 而非蓄水区的常见种有6种, 除上述3种外, 还包括高体鲮(*Rhodeus ocellatus*)、麦穗鱼(*Pseudorasbora parva*)和棒花鱼(*Abbottina rivularis*)。河川沙塘鳢、鲫(*Carassius auratus*)、泥鳅(*Misgurnus anguillicaudatus*)、马口鱼(*Opsarichthys bidens*)、棒花鱼、中华青鲮(*Oryzias sinensis*)、小黄鲮鱼(*Micropercops swinhonis*)在蓄水区的相对多度高于非蓄水区, 吻虾虎鱼、高体鲮、银鲃(*Squalidus argentatus*)、切尾拟鲮(*Pseudobagrus truncatus*)、短须鲮(*Acheilognathus barbatulus*)和福建小鰈(*Microphysogobio fukiensis*)在非蓄水区具有较高的相对多度, 宽鳍鱮、麦穗鱼、光唇鱼(*Acrossocheilus fasciatus*)、原缨口鳅(*Vanmanenia stenosoma*)、稀有花鳅(*Cobitis rarus*)、中华细鲫(*Aphyocypris chinensis*)等在2类生境中的相对多度较为接近(表1)。

表1 蓄水区和非蓄水区的鱼类物种组成、出现频次和相对多度
Table 1 Species composition, frequency of occurrence and relative abundance of fishes collected in the impounding and free-flowing segments

种 Species	出现频次 Frequency of occurrence		相对多度 Relative abundance	
	蓄水区 Impounding	非蓄水区 Free-flowing	蓄水区 Impounding	非蓄水区 Free-flowing
鲤形目 Cypriniformes				
鳅科 Cobitidae				
中华花鳅 <i>Cobitis sinensis</i>	8.97	15.38	0.94	0.64
稀有花鳅 <i>C. rarus</i>	7.69	12.82	1.06	1.07
泥鳅 <i>Misgurnus anguillicaudatus</i>	38.45	29.49	1.71	0.80
爬鳅科 Balitoridae				
原缨口鳅 <i>Vanmanenia stenosoma</i>	11.54	26.92	0.67	0.60
鲤科 Cyprinidae				
宽鳍鱮 <i>Zacco platypus</i>	91.03	97.44	49.78	50.41
中华细鲫 <i>Aphyocypris chinensis</i>	3.85	3.85	0.12	0.07
马口鱼 <i>Opsarichthys bidens</i>	23.08	19.23	1.11	0.80
尖头鲮 <i>Phoxinus oxycephalus</i>	5.12	3.85	1.19	0.12
光唇鱼 <i>Acrossocheilus fasciatus</i>	16.67	28.21	1.41	1.19
鲫 <i>Carassius auratus</i>	38.46	37.18	3.86	1.53
高体鲮 <i>Rhodeus ocellatus</i>	35.90	66.67	5.05	9.63
短须鲮 <i>Acheilognathus barbatulus</i>	3.84	11.54	0.07	0.62
麦穗鱼 <i>Pseudorasbora parva</i>	34.62	53.85	2.11	2.00
小鰾 <i>Sarcocheilichthys parvus</i>	0.00	6.41	0.00	0.18
银鲌 <i>Squalidus argentatus</i>	11.54	21.79	0.52	0.81
棒花鱼 <i>Abbottina rivularis</i>	21.79	43.59	3.54	2.49
福建小鰾 <i>Microphysogobio fukiensis</i>	1.28	7.69	0.02	0.81
胡鲌 <i>Huigobio chensienensis</i>	0.00	2.56	0.00	0.76
似鲮 <i>Belligobio nummifer</i>	0.00	2.56	0.00	0.04
鲇形目 Siuriformes				
钝头鮠科 Amblycipitidae				
司氏鮠 <i>Liobagrus styani</i>	3.85	10.26	0.15	0.16
鲿科 Bagridae				
切尾拟鲿 <i>Pseudobagrus truncatus</i>	3.85	23.08	0.07	0.29
颌针鱼目 Beloniformes				
怪颌鲂科 Adrianichthyidae				
中华青鲂 <i>Oryzias sinensis</i>	15.38	11.54	1.29	0.38
合鳃鱼目 Synbranchiformes				
合鳃鱼科 Synbranchidae				
黄鳝 <i>Monopterus albus</i>	0.00	3.85	0.00	0.04
刺鳅科 Mastacembelidae				
中华刺鳅 <i>Sinobdella sinensis</i>	1.28	7.69	0.02	0.09
鲈形目 Perciformes				
沙塘鳢科 Odontobutidae				
河川沙塘鳢 <i>Odontobutis potamophila</i>	53.85	60.26	7.50	4.07
小黄鲷鱼 <i>Micropercops swinhonis</i>	6.41	1.28	0.20	0.01
虾虎鱼科 Gobiidae				
吻虾虎鱼一种 <i>Rhinogobius</i> sp.	60.26	92.31	17.58	20.37

2.2 栖息地同质化

局域栖息地的PCoA第1轴和第2轴分别解释了栖息地变异的41.6%和22.2% (7月)、50.4%和19.2%

(11月)。水宽和水深主要与第一轴负相关, 而底质粗糙度和异质性则主要与第二轴负相关(表2)。根据PCoA双标图, 无论7月还是11月, 蓄水区样点主要

表2 栖息地因子和PCoA轴的Spearman相关系数
Table 2 Spearman correlations of habitat variables with the two axes of PCoA

栖息地变量 Habitat variables	7月 July		11月 November	
	PCoA1	PCoA2	PCoA1	PCoA2
水宽 Water width	-0.66	-0.34	-0.51	0.12
水深 Water depth	-0.58	-0.23	-0.80	-0.32
底质粗糙度 Substrate coarseness	0.41	-0.70	0.22	-0.90
底质异质性 Substrate heterogeneity	0.14	-0.56	0.09	-0.36
流速 Current velocity	0.09	-0.13	0.03	-0.09
植被盖度 Canopy	0.01	0.09	0.01	0.01
溶氧 Dissolved oxygen	-0.08	0.03	0.01	-0.02
水温 Water temperature	-0.02	-0.03	0.02	0.01
电导率 Conductivity	-0.16	-0.22	-0.19	-0.05
pH值 pH	-0.03	0.02	-0.12	0.01

粗体数字显示相关性> 0.35或< -0.35。
Bold data show the correlation > 0.35 or < -0.35.

分布于双标图的左上角, 分布较为集中; 非蓄水区样点则主要位于右下角, 分布较为松散(图2)。同非蓄水区相比, 蓄水区的底质粗糙度和异质性较小, 但水深和水宽相对较大(图2)。CAP结果显示, 蓄水区和非蓄水区之间的栖息地条件存在显著差异(7月: trace = 0.91, $P < 0.01$; 11月: trace = 0.78, $P < 0.01$)。PERMDISP分析结果显示, 蓄水区和非蓄水区之间的栖息地同质性也存在显著差异(7月: $F = 46.80$, $P < 0.01$; 11月: $F = 11.12$, $P < 0.01$), 其中, 蓄水区各样点的局域栖息地同质性较高, 平均Euclidean距离为 0.45 ± 0.02 (7月)和 0.62 ± 0.04 (11月); 非蓄水区各样点的栖息地异质性较高, 其平均Euclidean距离为

0.81 ± 0.05 (7月)和 0.91 ± 0.08 (11月)。

2.3 鱼类群落同质化/异质化

4条溪流、2个季节的 ΔCS_j 呈现出相似的分布及变化趋势(图3)。首先, 部分 $\Delta CS_j > 0$, 部分 $\Delta CS_j < 0$, 分别表示鱼类群落同质化和异质化两个不同的生态过程。其次, ΔCS_j 与初始相似性呈显著负相关($P < 0.05$), 随初始相似性上升, ΔCS_j 下降。研究区域内的鱼类群落同质化/异质化过程取决于两个群落的初始相似性大小: 初始相似性较低(< 50%左右)时, 大多数 $\Delta CS_j > 0$, 鱼类群落同质化明显; 当初始相似性较高(> 50%左右)时, 大多数 $\Delta CS_j < 0$, 鱼类群落呈现为异质化(图3)。

3 讨论

本研究发现, 同非蓄水区相比, 低头坝坝上蓄水区的局域栖息地特征显著变化, 其底质粗糙度和异质性显著下降; 不同蓄水区之间栖息地空间异质性显著下降, 表现出明显的栖息地同质化现象。但蓄水区鱼类群落相似性变化取决于初始相似性大小: 当初始相似性较低时, 同质化现象明显; 当初始相似性较高时, 则异质化明显。

溪流系统的环境异质性极高, 在较小的空间尺度上, 受地势起伏、河流蜿蜒等的影响, 溪流河道的水流流态多样, 具有不同的水文形态单元, 即栖息地斑块(habitat patch), 不同栖息地斑块的水流流速、底质条件等差异显著, 因而引起溪流鱼类的物种组成、习性 & 数量呈现出较小尺度上的空间分布变化(Schlosser, 1982; Erös & Grossman, 2005; 朱仁

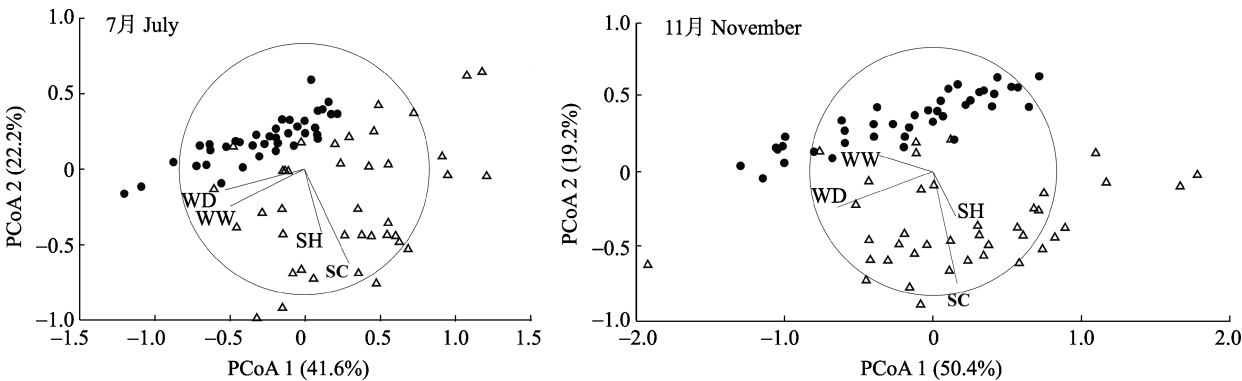


图2 蓄水区和非蓄水区局域栖息地的主坐标分析双标图。实心圆圈和空心三角形分别代表蓄水区和非蓄水区; WW、WD、SH和SC分别代表水宽、水深、底质异质性和粗糙度。
Fig. 2 Scatter of sites in habitat PCoA biplots between impounding and free-flowing segments. Solid circles and open triangles represented impounding and free-flowing segments, respectively. WW, WD, SH and SC represented water width, water depth, substrate heterogeneity and coarseness, respectively.

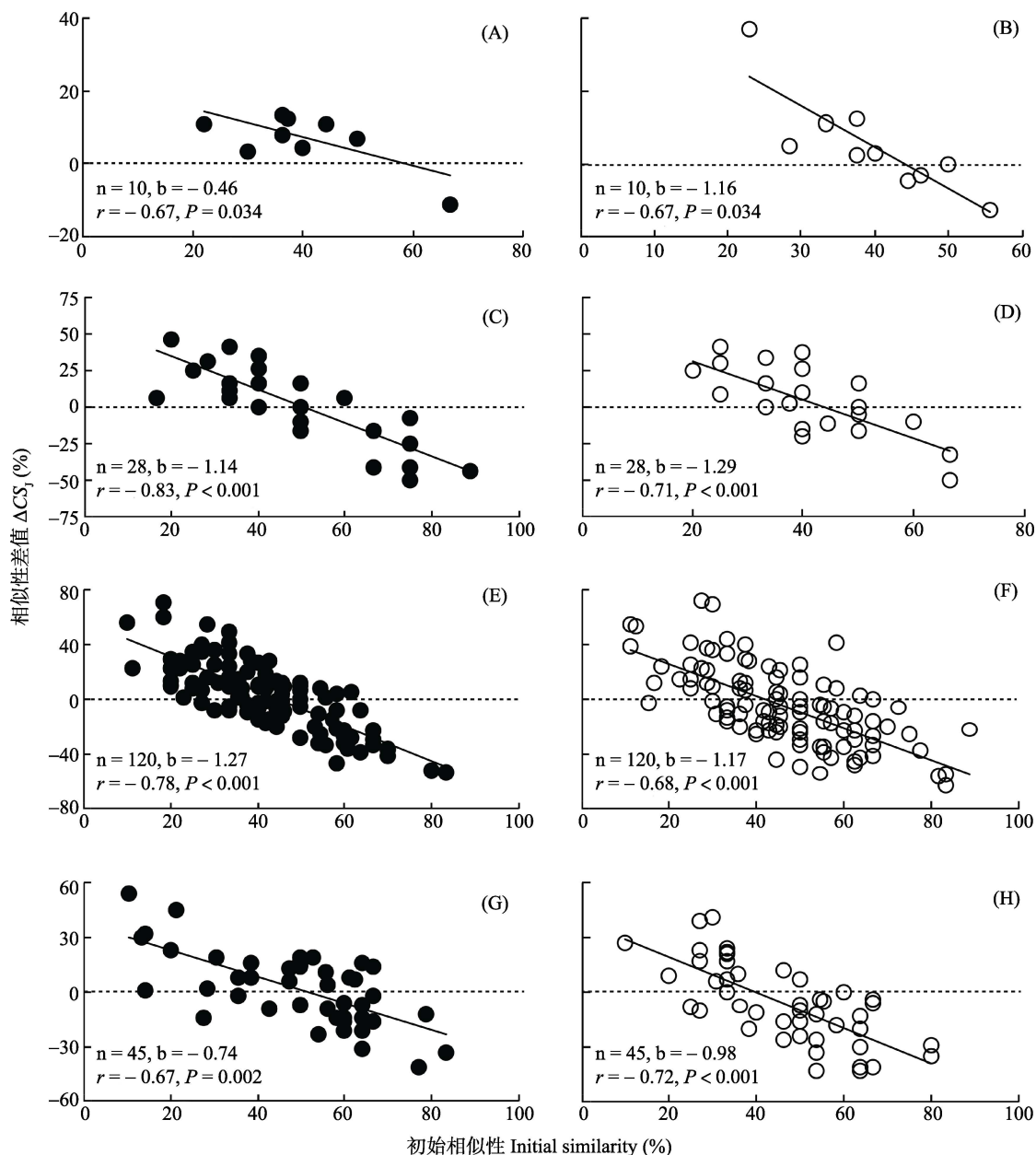


图3 蓄水区与非蓄水区的鱼类群落相似性变化(ΔCS_j)及其同初始相似性的关系。A和B、C和D、E和F、G和H分别代表4条1级河源溪流;左图和右图分别代表7月份和11月份。

Fig. 3 Variations in the coefficient of similarity between the fish assemblages in the impounding areas and the free-flowing segments (ΔCS_j) and the relationship between ΔCS_j and the initial similarity. A and B, C and D, E and F, G and H represent the four study streams, respectively; the left and right figures represented that in July and November, respectively.

等, 2015)。在较大的空间尺度上, 如沿着“上游-下游”纵向梯度, 溪流系统的栖息地复杂性、多样性及稳定性都显著变化, 因而导致溪流鱼类等水生生物群落的相应变化(Vannote et al, 1980; Sui et al, 2014; 储玲等, 2015)。然而, 受河道治理、水坝建设、土地利用等人类活动的影响, 溪流栖息地多样性和异质性严重下降, 溪流生态系统及其鱼类多样性受到

严重威胁(Allan, 2004; Torgersen & Close, 2004; Moyle & Mount, 2007; Li et al, 2017)。就水坝而言, 已有大量研究表明, 大型水坝的蓄水作用严重降低了不同河道间原有的水文情势、水流流态等的变化, 进而导致溪流系统的栖息地同质化(Torgersen & Close, 2004; Marchetti et al, 2006; Moyle & Mount, 2007; Petesse & Petrere, 2012)。本研究发现, 与大型

水坝类似, 低头坝也能够降低其坝上蓄水区栖息地特征的空间异质性, 并导致栖息地同质化过程。尽管小型的低头坝影响溪流系统的非生物环境与水生生物的作用程度和范围都比大型水坝小得多, 但低头坝和大型水坝对蓄水区的栖息地特征的影响具有一定的相似性, 即两者都能抬高蓄水区的水位、降低流速并减小底质(Poff & Hart, 2002; Graf, 2006; Poulet, 2007; Yan et al, 2013)。

低头坝对局域栖息地的改变进一步导致了局域鱼类群落的变化(Tiemann et al, 2004; Gillette et al, 2005; Poulet, 2007; Yan et al, 2013)。就坝上蓄水区而言, 其鱼类多样性下降且物种组成发生变化: 同对照样点相比, 蓄水区的亲流性鱼类物种减少而缓流或静水性物种增多(Yan et al, 2013), 促进了本地入侵种(native invader)对河源溪流的生态入侵(Scott & Helfman, 2001)。在本研究区域内, 诸如麦穗鱼等本地入侵种又可通过潜在的种间作用关系进一步胁迫土著亲流鱼类(Chu et al, 2015)。上述因低头坝所引起的土著种减少而入侵种增多的现象, 缩影出当前全球生物多样性危机——生物同质化(Marchetti et al, 2006; Moyle & Mount, 2007; Casatti et al, 2009; Rahel, 2010)。已有研究表明, 大型水坝的蓄水作用导致了入侵物种对土著物种的取代, 降低了各地鱼类区系原有的特质, 促进了鱼类区系的同质化进程(Marchetti & Moyle, 2001; Petesse & Petrere, 2012; Głowacki & Penczak, 2013; Daga et al, 2015)。然而, 本研究表明, 同对照点相比, 尽管低头坝坝上蓄水区发生了明显的栖息地同质化现象, 但其局域鱼类群落的相似性变化却包括同质化和异质化2个过程, 且其相似性变化趋势依赖于群落间的初始相似性大小。已有研究表明, 在大尺度下的生物同质化过程中可能存在很多小尺度下的生物异质化现象; 生物同质化/异质化与很多因素相关联, 如时间和空间尺度大小、物种/类群属性等(Rahel, 2010)。从时间尺度来看, 尽管长时间尺度上入侵种取代土著种并致使生物同质化, 但入侵种取代土著种需要一个时间过程, 因而同一区域不同时间节点的同质化进程不同(McKinney, 2008)。类似地, 在小空间尺度上, 入侵种对各个小空间单元的扩散存在一定的偶然性, 这种偶然性将导致小空间单元间鱼类群落不相似性上升; 但在大空间尺度上, 入侵种扩散与土著种绝灭必然造成其生物群落

特质下降(Olden & Poff, 2003; Qian & Mcglone, 2009)。

在本研究区域(青弋江流域), Yan等(2013)发现低头坝坝上蓄水区鱼类群落与流水河段差异显著, 表现为亲流性鱼类减少而非亲流性鱼类增多; 进一步, Chu等(2015)在根据鱼类的生活习性及生境选择特点将该区域河源溪流鱼类分为“本地入侵种”和土著种之后, 发现入侵种(如麦穗鱼等)对土著鱼类群落结构有着显著的负面影响。因此, 我们认为, 本研究结果中的蓄水区鱼类群落同质化现象是因本地入侵种扩散和土著种减少而起; 但就那些初始相似性较高的鱼类群落而言, 可能是因为不同蓄水区的坝体大小不一致且修建时间不同, 其入侵种扩散及土著种消亡的生态进程不同, 进而导致群落间不相似性的上升并呈现出生物异质化现象。由此可见, 针对山区溪流中普遍存在的低头坝这一人为干扰, 在后续的相关研究工作中, 十分有必要进一步拓展研究的时间和空间尺度大小, 以更为客观地揭示低头坝驱动溪流鱼类群落同质化作用对时间和空间尺度的依赖性, 也有必要剖析入侵种扩散和土著种消亡这2个生态过程在鱼类群落同质化/异质化中的相对重要性, 进而为山区溪流鱼类多样性的保护、管理和可持续利用提供必要的科学基础。

参考文献

- Allan JD (2004) Landscapes and riverscapes: the influences of land use on stream ecosystems. *Ecology, Evolution, and Systematics*, 35, 257–284.
- Bain MB (1999) Substrate. In: *Aquatic Habitat Assessment: Common Methods* (eds Bain MB, Stevenson NJ), pp. 95–103. American Fisheries Society, Bethesda, Maryland.
- Beisner BE, Ives AR, Carpenter SR (2003) The effects of an exotic fish invasion on the prey communities of two lakes. *Journal of Animal Ecology*, 72, 331–342.
- Buisson L, Grenouillet G (2009) Contrasted impacts of climate change on stream fish assemblages along an environmental gradient. *Diversity and Distributions*, 15, 613–626.
- Casatti L, Veronezi JL, Ferreira CDP (2009) Diet of the armored catfish *Aspidoras fuscoguttatus* (Ostariophysi, Callichthyidae) in streams with different limnological and structural features. *Biota Neotropica*, 9, 113–121.
- Chen XY (2013) Checklist of fishes of Yunnan. *Zoological Research*, 34, 281–343. (in Chinese with English abstract)
- [陈小勇 (2013) 云南鱼类名录. *动物学研究*, 34, 281–343.]
- Chu L, Wang WJ, Yan LL, Yan YZ, Zhu R, Si C (2015) Fish

- assemblages and longitudinal patterns in the headwater streams of the Chencun Reservoir in the Huangshan Area. *Acta Ecologica Sinica*, 35, 900–910. (in Chinese with English abstract) [储玲, 王文剑, 闫莉莉, 严云志, 朱仁, 司春 (2015) 黄山陈村水库上游河源溪流的鱼类群落及其纵向梯度格局. *生态学报*, 35, 900–910.]
- Chu L, Wang WJ, Zhu R, Yan YZ, Chen YF, Wang LZ (2015) Variation in fish assemblages across impoundments of low-head dams in headwater streams of the Qingyi River, China: effects of abiotic factors and native invaders. *Environmental Biology of Fishes*, 98, 101–112.
- Daga VS, Skóra F, Padial AA, Abilhoa V, Gubiani EA, Vitule JRS (2015) Homogenization dynamics of the fish assemblages in Neotropical reservoirs: comparing the roles of introduced species and their vectors. *Hydrobiologia*, 746, 327–347.
- Dar PA, Reshi ZA (2014) Components, processes and consequences of biotic homogenization: a review. *Contemporary Problems of Ecology*, 7, 123–136.
- Erős T, Grossman GD (2005) Effects of within-patch habitat structure and variation on fish assemblage characteristics in the Bernecei stream, Hungary. *Ecology of Freshwater Fish*, 14, 256–266.
- Gillette DP, Tiemann JS, Edds DR, Wildhaber ML (2005) Spatiotemporal patterns of fish assemblage structure in a river impoundment by low-head dams. *Copeia*, 2005, 539–549.
- Głowacki LB, Penczak T (2013) Drivers of fish diversity, homogenization/differentiation and species range expansions at the watershed scale. *Diversity and Distributions*, 19, 907–918.
- Graf WL (2006) Downstream hydrologic and geomorphic effects of large dams on American rivers. *Geomorphology*, 79, 336–360.
- Jaramillo-Villa U, Maldonado-Ocampo JA, Escobar F (2010) Altitudinal variation in fish assemblage diversity in streams of the central Andes of Colombia. *Journal of Fish Biology*, 76, 2401–2417.
- Kornis MS, Weidel BC, Powers SM, Diebel MW, Cline TJ, Fox JM, Kitchell JF (2015) Fish community dynamics following dam removal in a fragmented agricultural stream. *Aquatic Sciences*, 77, 465–480.
- Li X, Li YR, Chu L, Zhu R, Wang LZ, Yan YZ (2016) Influences of local habitat, tributary position, and dam characteristics on fish assemblages within impoundments of low-head dams in the tributaries of the Qingyi River, China. *Zoological Research*, 37, 67–74.
- Li Y, Tao J, Chu L, Yan YZ (2017) Effects of anthropogenic disturbances on α and β diversity of fish assemblages and their longitudinal patterns in subtropical streams, China. *Ecology of Freshwater Fish*, doi: 10.1111/eff.12358.
- Magurran AE, Dornelas M, Moyes F, Gotelli NJ, McGill B (2014) Rapid biotic homogenization of marine fish assemblages. *Nature Communications*, 6, 8405.
- March JG, Benstead JP, Pringle CM, Scatena FN (2003) Daming tropical island streams: problems, solutions, and alternatives. *BioScience*, 53, 1069–1078.
- Marchetti MP, Moyle PB (2001) Effects of flow regime on fish assemblages in a regulated California stream. *Ecological Applications*, 11, 530–539.
- Marchetti MP, Lockwood JL, Light T (2006) Effects of urbanization on California's fish diversity: differentiation, homogenization and the influence of spatial scale. *Biological Conservation*, 127, 310–318.
- McCully P (1996) *Silenced Rivers: the Ecology and Politics of Large Dams*. Zed Books, London.
- McKinney ML, Lockwood JL (1999) Biotic homogenization: a few winners replacing many losers in the next mass extinction. *Trends in Ecology & Evolution*, 14, 450–453.
- McKinney ML (2008) Do humans homogenize or differentiate biotas? It depends. *Journal of Biogeography*, 35, 1960–1961.
- Meyer JL, Strayer DL, Wallace JB, Eggert SL, Helfman GS, Leonard NE (2007) The contribution of headwater streams to biodiversity in river networks. *Journal of the American Water Resources Association*, 43, 86–103.
- Moyle PB, Mount JF (2007) Homogenous rivers, homogenous faunas. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 104, 5711–5712.
- Nelson JS (2006) *Fishes of the World*, 4th edn. John Wiley & Sons, Hoboken, New Jersey.
- Olden JD (2006) Biotic homogenization: a new research agenda for conservation biogeography. *Journal of Biogeography*, 33, 2027–2039.
- Olden JD, Poff NL (2003) Toward a mechanistic understanding and prediction of biotic homogenization. *The American Naturalist*, 162, 442–460.
- Olden JD, Poff NL, Douglas MR, Douglas ME, Fausch KD (2004) Ecological and evolutionary consequences of biotic homogenization. *Trends in Ecology & Evolution*, 19, 18–24.
- Petesse ML, Petrere M (2012) Tendency towards homogenization in fish assemblages in the cascade reservoir system of the Tietê River basin, Brazil. *Ecological Engineering*, 48, 109–116.
- Petsch DK (2016) Causes and consequences of biotic homogenization in freshwater ecosystems. *International Review of Hydrobiology*, 101, 113–122.
- Poff NL, Hart DD (2002) How dams vary and why it matters for the emerging science of dam removal? *BioScience*, 52, 659–668.
- Pool TK, Olden JD (2012) Taxonomic and functional homogenization of an endemic desert fish fauna. *Diversity and Distributions*, 18, 366–376.
- Poulet N (2007) Impact of weirs on fish communities in a piedmont stream. *River Research and Applications*, 23, 1038–1047.
- Qian H, Mcglone M (2009) Beta diversity in relation to disper-

- sal ability for vascular plants in North America. *Global Ecology and Biogeography*, 18, 327–332.
- Rahel FJ (2003) Homogenization of freshwater faunas. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 33, 291–315.
- Rahel FJ (2010) Homogenization, differentiation, and the widespread alteration of fish faunas. *American Fisheries Society Symposium*, 73, 311–326.
- Rasmussen JJ, Mcknight US, Loinaz MC, Thomsen NI, Olsson ME, Bjerg PL, Binning PJ, Kronvang B (2013) A catchment scale evaluation of multiple stressor effects in headwater streams. *Science of the Total Environment*, 442, 420–431.
- Rosenberg DM, McCully P, Pringle CM (2000) Global-scale environmental effects of hydrological alterations. *BioScience*, 50, 746–751.
- Schlosser IJ (1982) Fish community structure and function along two habitat gradients in a headwater stream. *Ecological Monographs*, 52, 395–414.
- Scott MC, Helfman GS (2001) Native invasions, homogenization, and the mismeasure of integrity of fish assemblages. *Fisheries*, 26, 6–15.
- Stockwell CA, Mulvey M, Vinyard GL (1996) Translocations and the preservation of allelic diversity. *Conservation Biology*, 10, 1133–1141.
- Storfer A (1999) Gene flow and endangered species translocations: a topic revisited. *Biological Conservation*, 87, 173–180.
- Sui XY, Lu Z, Yan YZ, Chen YF, Jia YT (2014) Influence of a large dam on the longitudinal patterns of fish assemblages in Qingyi Stream. *Zoological Research*, 35, 362–372.
- Tiemann JS, Gillette DP, Wildhaber ML, Edds DR (2004) Effects of lowhead dams on riffle-dwelling fishes and macroinvertebrates in a midwestern river. *Transactions of American Fisheries Society*, 133, 705–717.
- Torgersen CE, Close DA (2004) Influence of habitat heterogeneity on the distribution of larval Pacific lamprey (*Lampetra tridentata*) at two spatial scales. *Freshwater Biology*, 49, 614–630.
- Vannote RL, Minshall GW, Cummins KW, Sedell JR, Cushing CE (1980) The river continuum concept. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 37, 130–137.
- Vitule JRS, Skóra F, Abilhoa V (2012) Homogenization of freshwater fish faunas after the elimination of a natural barrier by a dam in Neotropics. *Diversity and Distributions*, 18, 111–120.
- Wang GM, Yang JC, Jiang CD, Zhao HT, Zhang ZD (2009) A literature review on biotic homogenization. *Biodiversity Science*, 17, 117–126. (in Chinese with English abstract) [王光美, 杨景成, 姜闯道, 赵洪涛, 张志东 (2009) 生物同质化研究透视. *生物多样性*, 17, 117–126.]
- Wang WJ, Chu L, Si C, Zhu R, Chen WH, Chen FM, Yan YZ (2013) Spatial and temporal patterns of stream fish assemblages in the Qiupu Headwaters National Wetland Park. *Zoological Research*, 34, 417–428. (in Chinese with English abstract) [王文剑, 储玲, 司春, 朱仁, 陈文豪, 陈方明, 严云志 (2013) 秋浦河国家湿地公园溪流鱼类群落的时空格局. *动物学研究*, 34, 417–428.]
- Yan YZ, Wang H, Zhu R, Chu L, Chen YF (2013) Influences of low-head dams on the fish assemblages in the headwater streams of the Qingyi watershed, China. *Environmental Biology of Fishes*, 96, 495–506.
- Zhu R, Si C, Chu L, Rui M, Wu TT, Yan YZ (2015) The spatio-temporal distribution of fish population in the headwaters of the Qingyi River: a study based on the habitat patches. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 39, 686–694. (in Chinese with English abstract) [朱仁, 司春, 储玲, 芮明, 吴添天, 严云志 (2015) 基于栖息地斑块尺度的青弋江河源溪流鱼类群落的时空格局. *水生生物学报*, 39, 686–694.]

(责任编辑: 陈小勇 责任编辑: 闫文杰)

•研究报告•

广东省珠海市近海诸岛水獭现状与保护建议

李 飞¹ 郑 玺¹ 张华荣² 杨剑焕¹ 陈隼乐^{1*}¹ (嘉道理农场暨植物园中国保育部, 香港 999077)² (嘉道理农场暨植物园植物保育部, 香港 999077)

摘要: 水獭作为我国珍稀濒危的兽类之一, 长期以来未得到研究者与保护生物学者的足够重视。2016年9月至2017年3月, 我们通过半结构性访谈、样线、红外相机以及分子生物学等手段, 对珠海近海10座岛屿的水獭现状进行了快速调查, 以期今后该地区的水獭保护工作提供本底数据和科学支持。调查结果显示, 面积较大的近海岛屿曾经都有水獭分布, 但种群数量已严重下降, 在一些岛屿上可能已经消失。我们在横琴岛仍发现欧亚水獭(*Lutra lutra*)残存的种群, 为华南地区的水獭保护带来了希望; 但横琴岛的经济开发正对其栖息地产生威胁。笔者建议尽快将横琴岛的水獭活动区域划为保护地, 避免其受到开发建设的影响, 同时尽快开展我国其他地区的水獭现状调查, 以制定我国水獭的保护策略。

关键词: 欧亚水獭; 物种保护; 珠江口; 横琴岛; 种群调查

The current status and conservation of otters on the coastal islands of Zhuhai, Guangdong Province, China

Fei Li¹, Xi Zheng¹, Huarong Zhang², Jianhuan Yang¹, Bosco Pui Lok Chan^{1*}¹ Kadoorie Conservation China, Kadoorie Farm & Botanic Garden, Hong Kong 999077² Flora Conservation Department, Kadoorie Farm & Botanic Garden, Hong Kong 999077

Abstract: Otters are rare and threatened in China, but both research and conservation efforts on this specialized group of mammals are largely overlooked. To provide baseline information on the current conservation status of otters in coastal Guangdong Province, we conducted rapid otter surveys using semi-structured interviews, transects, camera-trapping surveys, and a molecular study of the coastal islands of Zhuhai City between September 2016 and March 2017. Data collected suggested a dramatic decline of otter populations and the local extirpation of otters was reported on several islands. The discovery of a remnant population of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) on Hengqin Island provides hopes for the recovery of this species in South China. Nonetheless, the future of Hengqin's otter is at stake due to the rapid urbanization of suitable habitats for economic development. To ensure its continual survival, critical habitats on Hengqin Island should be strictly protected as soon as possible. Furthermore, systematic, otter-specific surveys should be conducted in other coastal areas of China, to best devise a national otter conservation plan.

Key words: Eurasian otter; species conservation; Pearl River Estuary; Hengqin Island; population survey

水獭亚科(Lutrinae)是食肉兽类中营半水栖生活的类群, 不仅为水生生态系统的顶级捕食者, 同时也是湿地生态系统健康的指示物种(Kruuk, 2006)。中国分布有3种水獭, 分别是欧亚水獭(*Lutra lutra*)、亚洲小爪水獭(*Aonyx cinereus*)和江獭(*Lutrogale perspicillata*)。长期以来, 过度捕杀、生境破坏

等原因使得水獭的种群数量在中国严重下降, 很多省份或地区已多年不见(徐龙辉, 1984; Lau et al, 2010; Zhang et al, 2016; 黄元骏等, 2017)。虽然3种水獭在1998年皆被列为国家II级重点保护野生动物, 但至今仍被研究人员和保护生物学者所忽视, 国内鲜有专门针对水獭的基础调查及研究(Li & Chan,

收稿日期: 2017-05-02; 接受日期: 2017-06-15

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: boscof@kfbg.org

2017)。

珠海市位于广东省南部,坐落在珠江口西侧,常住人口约168万,面积为1,711 km²,是珠江三角洲海洋面积最大、岛屿最多、海岸线最长的城市。珠海除记录有欧亚水獭外(邹发生和叶冠锋, 2016),亦可能分布有江獭(高耀亭, 1987; 张荣祖, 1997)。2002年,嘉道理华南生物多样性研究队在珠海市横琴岛访问调查期间,获知大、小横琴岛之间围海造地形成的中心沟尚有水獭活动,但由于当时调查时间和条件有限,未能获得水獭存在的直接证据(Lau et al, 2010)。直到2016年9月,笔者重返横琴岛,此时中心沟已被填平开发,但通过访问在横琴岛西南部再次获得水獭的信息,并在当地发现新鲜水獭粪便。为了进一步摸清水獭在珠海的分布及状况,2016年9月至2017年3月,笔者对珠海近海岛屿开展了针对水獭的快速调查,期望能为今后的保护工作提供本底数据和科学支持。

1 研究方法

1.1 半结构性访谈

在珠海东部及南部沿海选取淇澳岛、横琴岛、横洲、交杯岛、三灶岛、高栏岛、荷包岛、大杧岛、

三角山岛及獭洲10个岛屿(图1),进行半结构性访谈(semi-structured interview),访谈方法主要参照Galletta (2013)。访谈对象主要选取常住当地的渔民、牡蛎养殖者、保护区工作人员等。访问者会在访谈中向受访者展示水獭及其相似物种(如海狸鼠 *Myocastor coypus*、食蟹獾 *Herpestes urva*、美洲水貂 *Neovison vison*等)的彩色图片,通过分析受访者的物种识别能力以判断其所提供之水獭信息的可靠性。为避免误差,所有访谈皆由对水獭及当地动物有较深入了解的相同调查队伍完成。

1.2 样线调查

在水獭曾经集中分布且生境适宜的海湾、海滩、鱼塘、水库等区域选取样线进行实地调查。由于水獭行踪隐秘,数量稀少,甚难被直接观测到,所以样线调查主要侧重于寻找其粪便、足印、食痕等分布证据。样线长度按照实地情况而定。样线调查主要以步行为主,在船只无法靠岸停泊的地方,则在船上使用双筒望远镜观察的方式进行水獭及其粪便或食物残余的搜寻。

1.3 粪便收集及DNA鉴定

将采集到的水獭粪便样品运回到实验室-20℃低温保存。以粪便DNA为模板进行Cyt *b*基因扩增

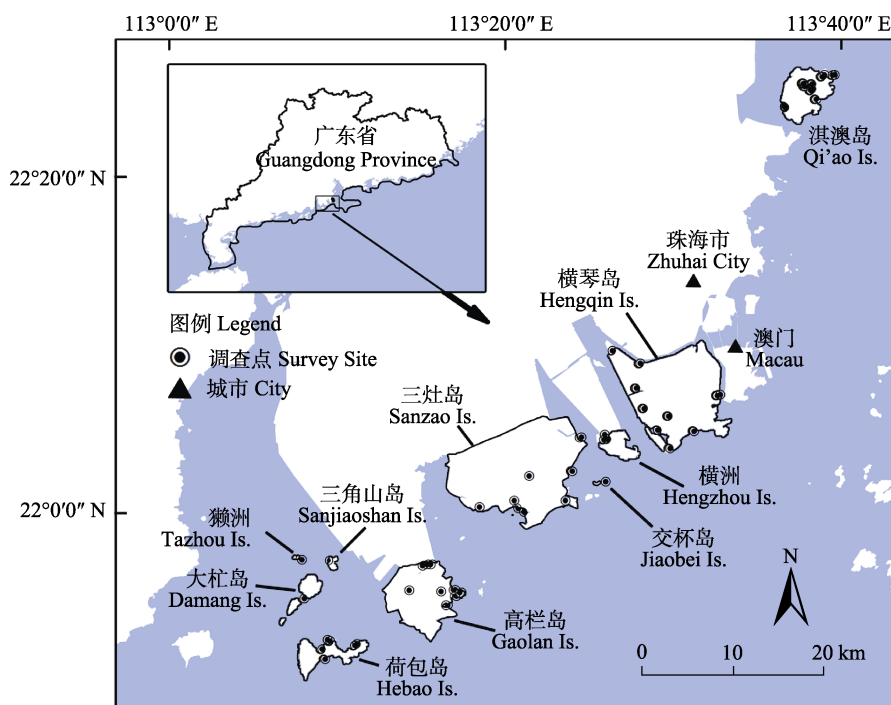


图1 珠海市近海诸岛水獭调查地点位置图

Fig. 1 Otter survey sites on coastal islands of Zhuhai City, Guangdong Province, China

(Madisha et al, 2015)。扩增结束后, 用1.5%琼脂糖凝胶电泳做检测。扩增效果好的PCR产物送到华大基因香港(BGI-Tech-HK)做纯化和测序。测序得到的DNA序列通过Geneious (Biomatters, USA)进行编辑, 剪切掉两端的模糊片段。编辑后的序列在GenBank数据库中进行Blast比较, 以确定粪便样品的来源物种。

1.4 红外触发相机监测

在横琴岛人为活动较少、且经常有水獭粪便出现的固定地点, 即排便点(latrine site), 共放置6台红外触发相机(Reconyx HC500、Ltl Acorn 6210以及Bestguarder SG-990V各2台)。相机固定于地面至150 cm的树干、石块、铁支架等支撑物上, 镜头朝向水獭粪便最密集的地点。统一设置各相机的时间, 并将敏感度设置为“高”, 感应间隔时间设置为“1秒”。相机前未使用任何动物诱剂。相机放置后, 记录放置点的GPS及周围的环境因子信息。

2 结果

2.1 珠海市近海诸岛水獭种群的变化及现状

在珠海近海10个岛屿的水獭快速调查中, 我们共对当地112人进行了水獭的访谈(平均年龄44.65; 男性占84.82%; 以渔民为职业者占55.36%); 并对其中45名曾经见过或听说过当地水獭的被访者(平均年龄50.80; 男性占93.33%; 以渔民为职业者占75.56%)进行了半结构性访谈, 但其中两名被访者由于对水獭的照片识别错误或陈述的信息不切实际,

所以我们最终只接受43份有效访谈记录(表1)。由于交杯岛、大杧岛及獭洲上没有常住居民, 这些岛上水獭的历史与现状信息来自于附近岛屿的被访者。

通过访谈获知, 6个面积较大的岛屿(三灶岛、横琴岛、高栏岛、淇澳岛、荷包岛及大杧岛)都曾经有水獭分布。当地水獭种群显著下降大多发生在20世纪后期, 只有在横琴岛有更多的被访者认为2000年后当地水獭的数量才开始明显下降(图2)。目前, 只有横琴岛($n = 8$)、高栏岛($n = 2$)以及荷包岛($n = 1$)的被访者认为当地仍可能存在水獭。

调查期间, 除三角山岛由于潮位不佳而无法登陆外, 在其余9个岛屿总共选取41条样线(总长度达46,394 m)进行水獭活动痕迹的搜寻, 但最终只在横琴岛以及高栏岛发现水獭粪便(附录1a), 其余调查点皆未发现任何水獭痕迹。

2.2 横琴岛水獭种类的确定

在采集到的31份水獭粪便样品中, 共有12份成功扩增并获得DNA序列。通过DNA同源序列比较后, 发现12份粪便样品存在2个单倍型, 在1个变异位点存在AC颠换。这2个单倍型分别在7个个体和另外5个个体中共享。通过Blast软件在GenBank数据库中进行序列比较, 发现这2个单倍型与数据库中欧亚水獭的序列相似性最高, 达到98.4–100%, 遗传距离最小, 为0.000–0.003, 说明样本属于欧亚水獭。构建的系统发育树(图3)显示的结果与Blast的结果一致, 这2个单倍型(Otter H1 & Otter H2)与欧亚水獭聚为一支。

表1 珠海市近海诸岛水獭调查有效被访者、样线数量等基础信息
Table 1 Basic information of otter survey sites in Zhuhai City, Guangdong Province, China

	面积 Area (km ²)	最高海拔 Highest elevation (m)	有效被访者数量 No. of effective respondents	样线 Transect line	
				数量 No.	总长度 Total length (m)
三灶岛 Sanzao Is.	78.00	307	7	8	4,263
横琴岛 Hengqin Is.	47.00	458	16	15	26,217
高栏岛 Gaolan Is.	34.20	428	8	3	2,180
淇澳岛 Qi'ao Is.	15.92	185	6	5	5,980
荷包岛 Hebao Is.	12.00	386	4	3	4,335
大杧岛 Damang Is.	5.20	268	2	1	532
三角山岛 Sanjiaoshan Is.	0.82	142	0	0	0
横洲 Hengzhou Is.	0.70	113	0	3	2,293
獭洲 Tazhou Is.	0.12	84	0	1	395
交杯岛 Jiaobei Is.	0.08	47	0	2	199
总计 Total			43	41	46,394

海岛面积及海拔数据主要依据珠海市地方志编委会(1987)。Size and elevation of islands based on Editorial Board of Zhuhai Gazetteers (1987).

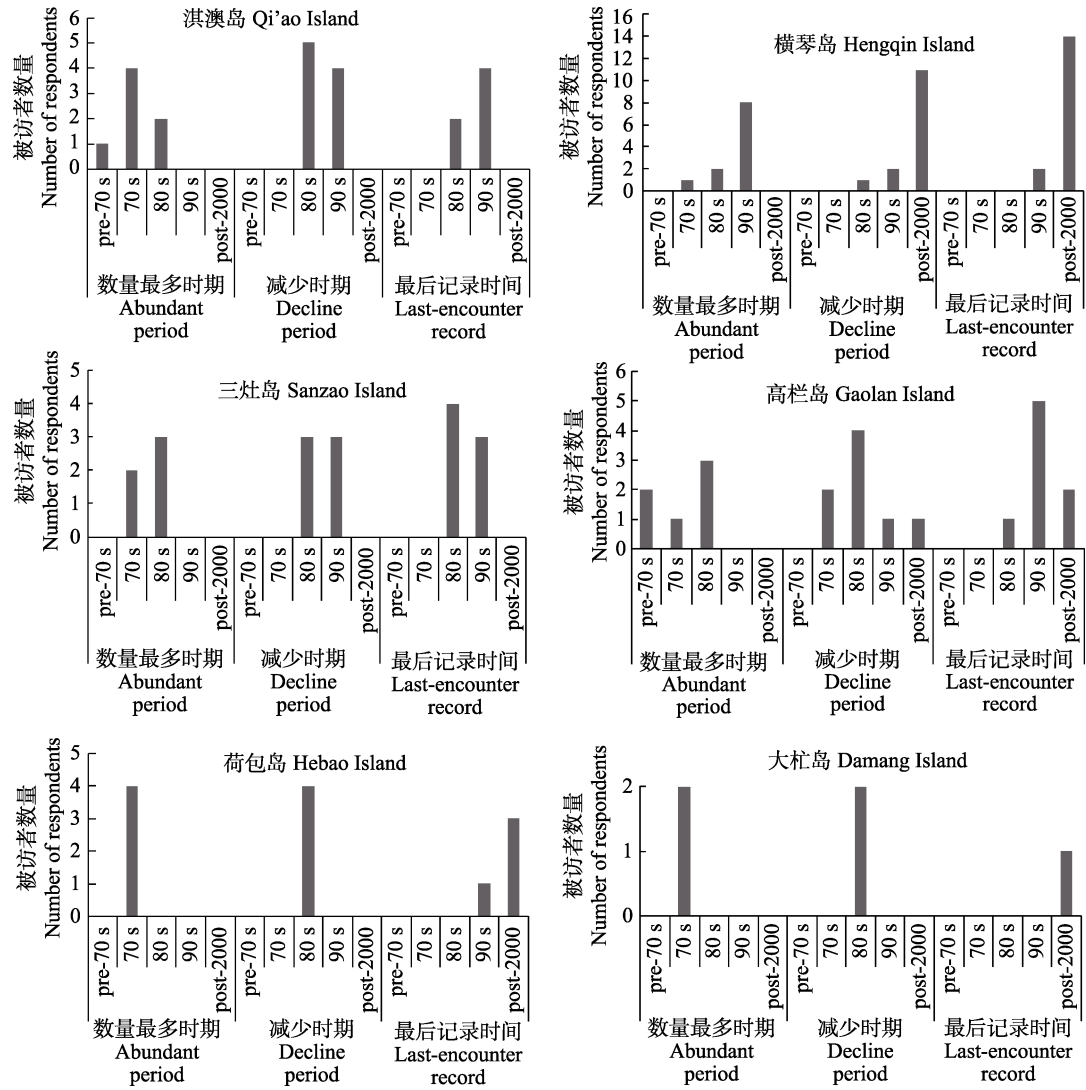


图2 珠海市近海诸岛水獭种群变化状况的访问结果
Fig. 2 Interview result of changes in otter populations on coastal islands of Zhuhai City, Guangdong Province, China

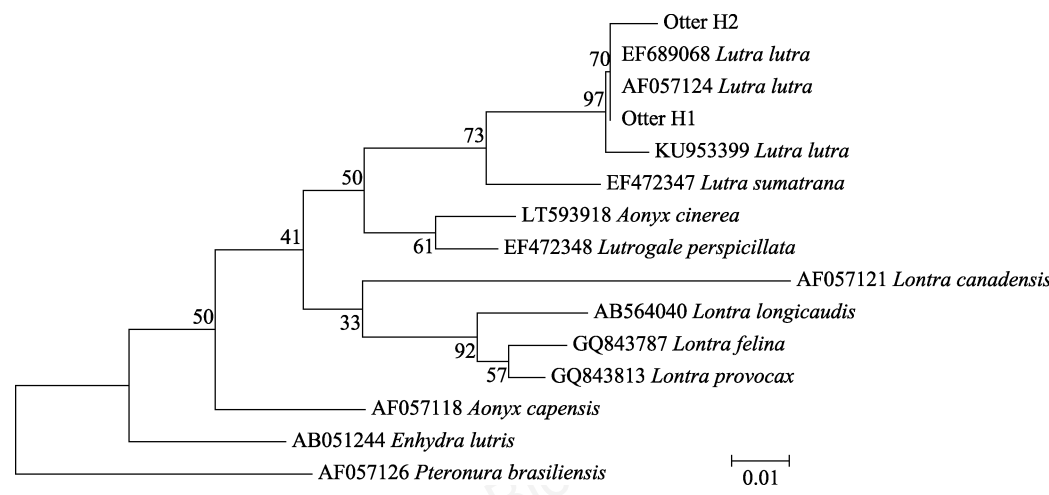


图3 基于Cyt b基因部分序列构建的样品与11种水獭的NJ树(Otter H1和Otter H2为珠海样本)
Fig. 3 NJtree showing the phylogenetic relationships among spraint samples and 11 otter species using partial Cyt b fragment (Otter H1 and Otter H2 represent Zhuhai samples)

2.3 横琴岛红外触发相机监测结果

在横琴岛西南部稳定发现水獭排便点的地方放置6台红外触发相机,经过321个捕获日的拍摄,除去辨认后确定为动物个体在同一时间段内连续拍摄的照片,共获得4个相机放置点31张(段)水獭独立有效照片(视频)(附录1b)。所获影像资料中的水獭个体较大,头部扁平,颈喉部有较大的界限分明的纯白色斑块,尾巴较细长,均符合欧亚水獭的形态特征,与DNA鉴定结果一致。

根据红外照片记录的时间,确认水獭在横琴岛为典型的夜行性动物(图4),日落后(拍摄期间珠海市的日落时间约为18:00)便开始活跃,直到日出前1个小时结束(拍摄期间珠海市的日出时间约为7:00)。

红外相机除欧亚水獭外未能拍摄到其他野生哺乳动物,但多次拍摄到家猫和家狗。

3 讨论

3.1 种群变化

广东省曾是我国水獭的主要分布区。20世纪50年代初期,广东全省(含海南岛)收购的獭皮数以万计(徐龙辉, 1984),产量几占全国总产量的1/3。珠海市漫长的海岸线及众多岛屿非常适合水獭的生存,境内有海獭洲、獭洲以及獭洲爪3个岛名与水獭相关(珠海市地方志编委会, 1987),更能体现出水獭是一种曾在珠海近海岛屿上较为常见的物种。然而由

于近代我国缺乏针对水獭的基础调查,珠海境内只有三灶岛明确记录过欧亚水獭的分布(邹发生和叶冠锋, 2016),高耀亨(1987)与张荣祖(1997)虽曾记载珠江口分布有江獭,可惜未有具体产地信息。

通过本次访谈与调查,发现淇澳岛、横琴岛、三灶岛、高栏岛、荷包岛、大杧岛都(曾)有水獭的分布,但由于欧亚水獭与江獭的形态、大小与习性均十分相近,无法从访问调查中确定种类。对粪便样本的DNA鉴定结果以及红外相机的照片显示横琴岛所在区域存在一个稳定的欧亚水獭种群,但由于调查时间较短,横琴岛的欧亚水獭种群数量如何,以及是否还分布有江獭,也有待进一步的监测与研究。

访问调查结果显示珠海地区的水獭种群严重下降,有些岛屿已多年未见水獭踪影。据被访者介绍,淇澳岛与三灶岛村民最后一次目击水獭的时间都已是20世纪90年代。关于种群变化的原因,三灶岛、横琴岛、高栏岛以及荷包岛皆有村民提到20世纪80年代当地存在收购水獭毛皮的供销社。另外,高栏岛及荷包岛的被访者还提到在20世纪70年代曾有外地人专门来到岛上捕猎水獭。可见20世纪90年代以前,水獭的主要威胁来自人类的直接捕杀。1989年后,中国所有水獭被列为国家II级重点保护动物,大规模捕杀被禁止。而珠海作为中国最早设立的经济特区之一,发展速度逐渐加快,开发建

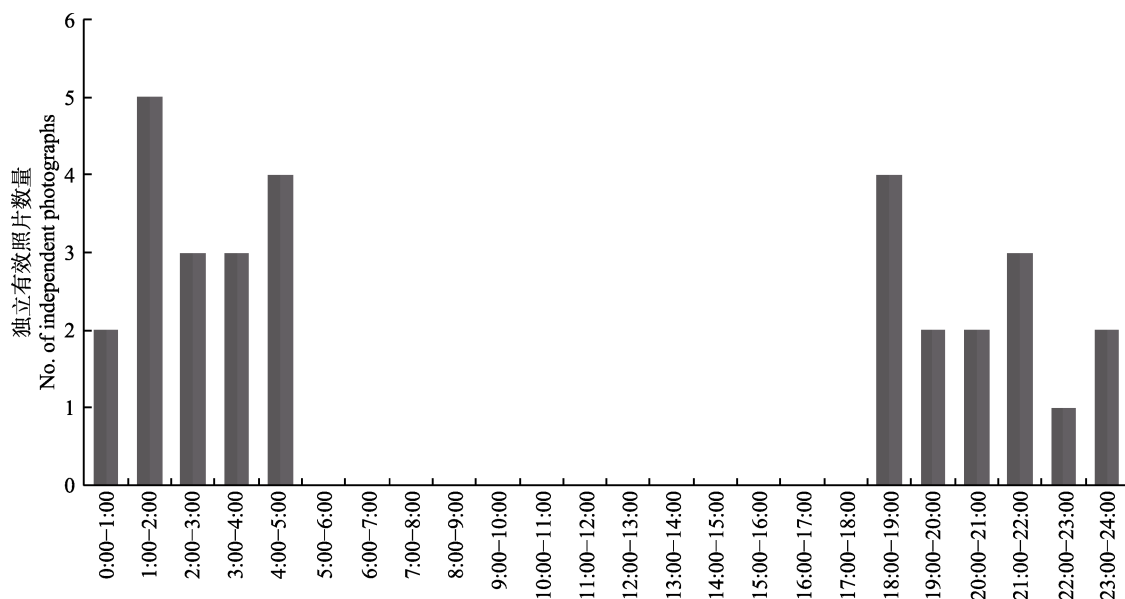


图4 珠海市横琴岛欧亚水獭的日活动规律

Fig. 4 Daily activity pattern of Eurasian otter (*Lutra lutra*) on Hengqin Island, Zhuhai City, Guangdong Province, China

设、填海造地使该区海岸线及湿地生态环境发生了巨大变化(赵玉灵, 2010), 水獭赖以生存的栖息地愈来愈少。珠江流域人口稠密, 发达的工农业、养殖业带来的各种污染也使残存的水獭种群受到进一步威胁, 笔者在淇澳岛、荷包岛以及大杧岛考察时皆发现有海岸和沙滩布满垃圾的景象, 而在横琴岛的红外相机还拍摄到一只被塑料套住脖子水獭(附录1c)。另外, 当地渔民高强度捕捞海产品, 不免会使水獭的食物来源不断减少, 也是水獭种群恢复与扩散的制约因素。

3.2 保护建议

(1)对横琴岛残存种群进行重点保护。

调查发现横琴岛西南部海岸是水獭痕迹最为密集的地区。该区域海水相对平静, 海产丰富且保留有以老鼠簕(*Acanthus ilicifolius*)为优势种的小面积红树林, 而北部大横琴山以及香洲岛上的山体为水獭提供了必不可少的淡水资源, 是水獭最为理想的生境之一, 应作为横琴水獭保护的核心地区。

2014年底, 横琴经国务院正式批准成为自由贸易试验区, 成为中国发展速度最快的地区之一。横琴岛的水獭赖以生存的最后栖息地正面临着大型基础设施建设、填海开发、液体和固体污染等种种严重威胁。我们建议应尽快开展针对当地水獭的保护行动与基础研究监测。

由于珠海残存水獭生活的区域不在保护区、湿地公园或生态红线的范围内, 所以划定并建立正式保护地是保护当地水獭的首要工作。而按照2013年政府公示的文件《横琴新区控制性详细规划深化》, 横琴将在南部地区修建公路, 这势必给该区域水獭的生存环境带来巨大变化。笔者强烈建议相关部门能够重新规划道路建设, 避开水獭赖以生存的重要区域, 并将二井角至东角咀的整个横琴南部沿海地带规划成为国家级湿地公园或中国首个以水獭为主要保护对象的自然保护区。

(2)开展全国范围的水獭普查。

我国的3种水獭都被最新出版的《中国脊椎动物红色名录》列为濒危物种(蒋志刚等, 2016); 但由于缺乏针对性的普查, 水獭在中国的现状几乎无人知晓。这既不利于锁定重点保护地区, 也难于拟定有效的保护策略。中国江河湖泊众多, 漫长的海岸线以及众多近海岛屿为水獭的生存提供了条件, 但随着中国的高速发展, 众多湿地及沿海地区的环境

发生了巨大变化。本次调查证明, 水獭对环境变化的适应能力较强, 在特定条件下能在人口密度较高、经济发展迅速的沿海地区及岛屿上存活。

为拯救我国水獭脱离灭绝风险, 笔者建议我国其他地区应尽快进行类似的水獭专项调查。我们的研究也表明, 通过半结构性访谈结合实地样线调查, 能快速并有效地获得关于水獭现状的信息。访问调查中最了解水獭的被访者大多是年龄60岁以上的本地渔民, 这些老渔民随着社会发展正逐渐减少, 有些转为其他不再与淡水或海洋资源有接触的职业, 有些由于城市或旅游开发而被迫搬迁到其他城镇。在时间、人力有限的情况下, 建议应优先对当地年龄较大的渔民进行访问, 以缩窄调查范围。

致谢: 感谢横琴渔民汪某, 同事王波、罗益奎、麦智锋、黄衡芝、李芷晴、霍泳仪协助进行样线调查, 卢刚帮忙进行红树植物的识别。感谢杨锋博士协助分子实验。

参考文献

- Editorial Board of Zhuhai Gazetteers (1987) Islands of Zhuhai City. (in Chinese) [珠海市地方志编委会 (1987) 珠海市海岛志.] <http://www.gd-info.gov.cn/shtml/zh/index.shtml>. (accessed on 2017-04-24)
- Galletta AM (2013) Mastering the Semi-Structured Interview and Beyond. New York University Press, New York.
- Gao YT (1987) Fauna Sinica: Mammalia, Vol. 8: Carnivora. Science Press, Beijing. (in Chinese) [高耀亭 (1987) 中国动物志 兽纲 第八卷 食肉目. 科学出版社, 北京.]
- Huang YJ, Cui SP, Li N, Li CW, Jiang ZG (2017) Invasion and potential impacts of the first alien carnivore in China: American minks (*Neovison vison*) in Altai region, Xinjiang. Chinese Science Bulletin, 62, 279–288. (in Chinese) [黄元骏, 崔绍朋, 李娜, 李春旺, 蒋志刚 (2017) 外来食肉类北美水貂在新疆阿勒泰地区的入侵及潜在影响探讨. 科学通报, 62, 279–288.]
- Jiang ZG, Jiang JP, Wang YZ, Zhang E, Zhang YY, Li LL, Xie F, Cai B, Cao L, Zheng GM, Dong L, Zhang ZW, Ding P, Luo ZH, Ding CQ, Ma ZJ, Tang SH, Cao WX, Li CW, Hu HJ, Ma Y, Wu Y, Wang YX, Zhou KY, Liu SY, Chen YY, Li JT, Feng ZJ, Wang Y, Wang B, Li C, Song XL, Cai L, Zang CX, Zeng Y, Meng ZB, Fang HX, Ping XG (2016) Red List of China's Vertebrates. Biodiversity Science, 24, 500–551. (in Chinese and in English) [蒋志刚, 江建平, 王跃招, 张鹗, 张雁云, 李立立, 谢锋, 蔡波, 曹亮, 郑光美, 董路, 张正旺, 丁平, 罗振华, 丁长青, 马志军, 汤宋华, 曹文宣, 李春旺, 胡慧建, 马勇, 吴毅, 王应祥, 周开

- 亚, 刘少英, 陈跃英, 李家堂, 冯祚建, 王燕, 王斌, 李成, 宋雪琳, 蔡蕾, 臧春鑫, 曾岩, 孟智斌, 方红霞, 平晓鸽 (2016) 中国脊椎动物红色名录. 生物多样性, 24, 500–551.]
- Kruuk H (2006) Otters Ecology, Behaviour and Conservation. Oxford University Press, Oxford.
- Lau MWN, Fellowes JR, Chan BPL (2010) Carnivores (Mammalia: Carnivora) in South China: a status review with notes on the commercial trade. Mammal Review, 40, 247–292.
- Li F, Chan BPL (2017) Past and present: the status and distribution of otters (Carnivora: Lutrinae) in China. Oryx, published online, doi: <https://doi.org/10.1017/S0030605317000400>.
- Madisha MT, Ponsonby D, Schwaibold U, Kotzé A, Jansen R, Brettschneider H, Dalton DL (2015) Differentiation of two South African otter species (*Aonyx capensis* and *Lutra maculicollis*) from spraint based on partial Cyt b primer sets. Global Ecology and Conservation, 4, 8–13.
- Xu LH (1984) Species of otters in China and the conservation of their natural resources. Wildlife, 6(1), 9–11. (in Chinese with English abstract) [徐龙辉 (1984) 中国水獭种类及资源保护. 野生动物, 6(1), 9–11.]
- Zhang R, Yang L, Laguardia A, Jiang Z, Huang M, Lü J, Ren YH, Zhang W, Luan XF (2016) Historical distribution of the otter (*Lutra lutra*) in north-east China according to historical records (1950–2014). Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems, 606, 602–606.
- Zhang RZ (1997) Distribution of Mammalian Species in China. China Forestry Publishing House, Beijing. [张荣祖 (1997) 中国哺乳动物分布. 中国林业出版社, 北京.]
- Zhao YL (2010) The remote sensing dynamic monitoring of the evolution of shoreline and mangrove wetlands in the Zhujiang River estuary in the past 30 years. Remote Sensing for Land & Resources, 86(Suppl.), 178–184. (in Chinese with English abstract) [赵玉灵 (2010) 珠江口地区近30年海岸线与红树林湿地遥感动态监测. 国土资源遥感, 86(增刊), 178–184.]
- Zou FS, Ye GF (2016) The Checklist and Distribution of Terrestrial Vertebrates of Guangdong Province. Guangdong Science and Technology Press, Guangzhou. (in Chinese) [邹发生, 叶冠锋 (2016) 广东陆生脊椎动物分布名录. 广东科技出版社, 广州.]

(责任编辑: 蒋志刚 责任编辑: 闫文杰)

附录 Supplementary Material

附录1 横琴岛的水獭粪便及红外相机拍摄的水獭照片

Appendix 1 Spraints and camera trap photos of *Lutra lutra* on Hengqin Island
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017130-1.pdf>

李飞, 郑玺, 张华荣, 杨剑焕, 陈辈乐. 广东省珠海市近海诸岛水獭现状与保护建议. 生物多样性, 2017, 25 (8): 840–846.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017130>

附录 1 横琴岛的水獭粪便及红外相机拍摄的水獭照片

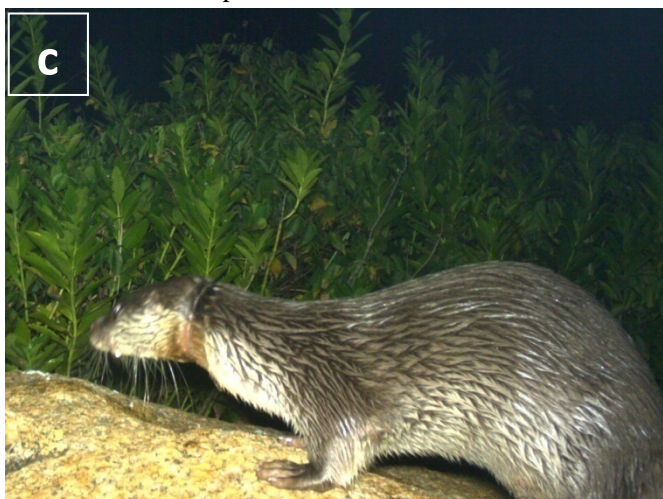
Appendix 1 Spraints and camera trap photos of *Lutra lutra* on Hengqin Island



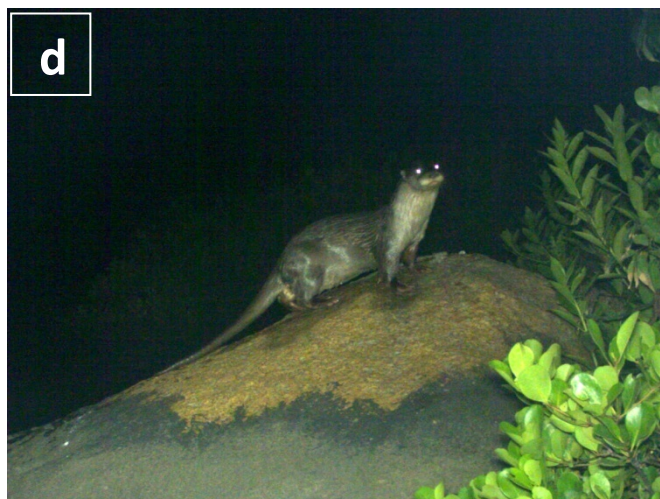
欧亚水獭的粪便
Spraints of *Lutra lutra*



侧面
Lateral view



一只被塑料垃圾套住脖子
An otter strangled by a plastic string



正面
Front view

•研究报告•

短吻红舌鲷鱼卵、仔鱼的DNA 条形码和形态学鉴定

周晓梦¹ 郭书新¹ 宋 娜¹ 张秀梅^{1,2*}¹ (中国海洋大学海水养殖教育部重点实验室, 山东青岛 266003)² (青岛海洋科学与技术国家实验室, 海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室, 山东青岛 266072)

摘要: 为了准确鉴定2015年7–10月青岛崂山青山湾鱼类浮游生物调查中采集的依形态学初步鉴定为某种舌鲷属的鱼卵、仔鱼样本, 本实验同时采集青岛胶州湾短吻红舌鲷(*Cynoglossus joyneri*)和长吻红舌鲷(*C. lighti*)的成鱼样本为参照, 通过线粒体COI基因测序分析, 以及同山东半岛海域分布的6种舌鲷属鱼类的COI基因序列比对, 开展了该舌鲷属鱼卵、仔鱼种类的鉴别分析, 以期今后舌鲷属鱼类的分类及其鱼卵、仔鱼的鉴别提供参考资料。形态学研究结果显示: 鱼卵为圆球形浮性卵, 直径0.68–0.87 mm (0.73 ± 0.03 mm, $n = 50$), 卵膜单层, 较薄、光滑透明, 卵周隙较大, 卵膜及卵黄囊均无特殊构造, 油球6–15个, 直径0.04–0.10 mm (0.07 ± 0.01 mm, $n = 50$), 圆形, 大小不一, 多位于卵黄囊中与胚体相对的一侧, 既有聚集分布也有分散分布; 仔鱼的2条冠状幼鳍及右眼移位过程中体长、色素分布等的特征和变化是此鱼种仔鱼鉴别的最明显特征。遗传学分析结果显示: 该种舌鲷属样品(*Cynoglossus* sp.)与短吻红舌鲷和长吻红舌鲷的遗传距离最为接近, 三者K2P遗传距离为0.006–0.009; 短吻三线舌鲷(*C. abbreviatus*)与紫斑舌鲷(*C. purpureomaculatus*)亲缘关系最近, 两者K2P遗传距离仅为0.002。以带纹条鲷(*Zebrias zebra*)为外类群构建的NJ系统发育树显示, 该种舌鲷属样品与短吻红舌鲷和长吻红舌鲷以及短吻三线舌鲷与紫斑舌鲷分别聚为一支, 其他种类各聚为一支。综合形态特征和COI基因比对结果, 确定该舌鲷属鱼卵、仔鱼样品为短吻红舌鲷。

关键词: 舌鲷属; 同种异名; 鱼类浮游生物; COI; 鉴别

Identification of *Cynoglossus joyneri* eggs and larvae by DNA barcoding and morphological method

Xiaomeng Zhou¹, Shuxin Guo¹, Na Song¹, Xiumei Zhang^{1,2*}¹ Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education, Ocean University of China, Qingdao, Shandong 266003² Functional Laboratory of Marine Fisheries Science and Food Production Process, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao, Shandong 266072

Abstract: This study was designed to accurately identify *Cynoglossus* eggs and larvae (*Cynoglossus* sp.), and to accumulate base data for further study on the taxonomy and early identification of *Cynoglossus* fishes. *Cynoglossus* sp. samples were collected in Qingshan Bay, Qingdao, between May and October 2015. Three eggs, 3 larvae and a total of 5 individuals from 2 species (*C. joyneri* and *C. lighti*) in the Jiaozhou Bay area were barcoded using COI, sequenced, and compared with 6 *Cynoglossus* species found in the Shandong Peninsula and recorded in GenBank. Under a light microscope, the egg had a circular shape and floated within a wider perivitelline space; eggs ranged in diameter from 0.68 to 0.87 mm with a mean diameter of 0.73 ± 0.03 mm; eggs had a single layer membrane and were smooth and transparent; the oil globules were located opposite the yolk sac, ranged from 6 to 15 in number, and diameter ranged from 0.04 to 0.10 mm (mean diameter: 0.07 ± 0.01 mm); there were obvious characteristics including the 2 dorsal fin rays and pigmentation and body length changes in the period of metamorphosis for larvae identification. Results of

收稿日期: 2017-03-23; 接受日期: 2017-06-19

基金项目: 国家自然科学基金(31572227, 41676153); 青岛海洋科学与技术国家实验室鳌山科技创新计划项目(2015ASKJ01)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: xiumei1227@163.com

genetic analysis showed that the average K2P distances pairwise-species in *Cynoglossus* sp., *C. joyneri* and *C. lighti* ranged from 0.006 to 0.009, and was 0.002 for *C. abbreviatus* and *C. purpureomaculatus*. The two groups were placed in two different clades with the support of a high bootstrap value and had a close genetic relationship, separately. The neighbor-joining (NJ) phylogenetic trees were constructed for COI gene sequences of 8 species using MEGA 6.0, and *Zebrias zebra* was included as an outgroup. The above analysis and results showed that the *Cynoglossus* sp. is *C. joyneri*.

Key words: *Cynoglossus*; synonym; ichthyoplankton; COI; identification

舌鳎属(*Cynoglossus*)鱼类为广泛分布于我国近海的底层鱼类, 据报道, 仅山东半岛海域分布的舌鳎属鱼类就有短吻红舌鳎(*C. joyneri*)、长吻红舌鳎(*C. lighti*)、宽体舌鳎(*C. robustus*)、窄体舌鳎(*C. gracilis*)半滑舌鳎(*C. semilaevis*)、紫斑舌鳎(*C. purpureomaculatus*)和短吻三线舌鳎(*C. abbreviatus*)7种, 均具有较高的经济价值(周才武和成庆泰, 1997; 倪海儿和郑忠明, 2002)。由于舌鳎属鱼类在同一海区的繁殖期有所重叠, 加之鱼卵的结构特征具有一定的相似性, 使得舌鳎属鱼卵准确鉴定到种存在一定困难。虽然上世纪国内外学者已对舌鳎属鱼类开展了广泛研究, 但在种类鉴定及系统发育关系方面仍存在一定的混乱和争议(李思忠和王惠民, 1995; Carpenter & Niem, 2001)。1822年, Hamiton划分了舌鳎属鱼类, 但随着属内新种不断被发现, 根据有眼侧侧线条数及左侧鼻孔的多少, 众学者又将舌鳎属重新分列为7个属, 分别为舌鳎属、无孔舌鳎属(*Icania*)、单孔舌鳎属(*Trulla*)、一线舌鳎属(*Dollfusichthys*)、双线舌鳎属(*Arelia*)、三线舌鳎属(*Areliscus*)和拟舌鳎属(*Cynoglossoides*)(苗宪广等, 2013)。Menon (1977)认为以上分类标准并不是各类群的标志性性状, 并综合侧线间鳞数和鳞片类型等鱼体形态特征把这些属合并为舌鳎属的6个种组; 李思忠和王惠民(1995)则在分类中将这属统归为舌鳎属下的亚属阶元。近年来的研究虽倾向于单独保留舌鳎属, 但也有研究发现属内不同种之间的形态差异和分化程度大小不一(Carpenter & Niem, 2001; 苗宪广等, 2013)。Menon (1977)在对舌鳎属鱼类的形态学研究中率先提出长吻红舌鳎与短吻红舌鳎为同种异名, 近年来多位学者也曾在后续的研究中利用分子生物学方法证明了此观点(徐晖等, 2008; 柳淑芳等, 2010a; Sharina & Kartavtsev, 2010; 宋超等, 2014), 但迄今仍未形成一致性结论。Yagi等(2009)在对长吻红舌鳎和短吻三线舌鳎的早期生

活史研究中, 通过与Minami (1983)关于短吻红舌鳎仔鱼形态特征的对比, 认为短吻红舌鳎和长吻红舌鳎应该是两个物种而非同种异名。在短吻红舌鳎鱼卵、仔鱼研究方面, 杨东莱等(1983)、Gu等(2009)和胡海生(2015)^①也曾分别对其形态特征进行了描述。但单一的形态学特征依然不能为确定短吻红舌鳎和长吻红舌鳎之间的关系提供足够的证据。近年来, 随着DNA条形码技术(DNA barcoding)在鱼类鉴别中的广泛应用, 为舌鳎属鱼类有效分类地位的确定和鱼卵的准确鉴别提供了可能(Hebert et al, 2003; Ward et al, 2005; 卞晓东等, 2007; 周美玉等, 2015)。

Hebert等(2003)率先提出了DNA条形码的概念, 并指出线粒体DNA中的细胞色素C氧化酶第一亚基(COI)基因能够作为全球动物的识别码。由于COI基因进化速度适中等特性, 随后在物种分析鉴别和种群水平差异检测中得到了广泛应用(Ball et al, 2005)。在鱼类研究应用方面, Ward等(2005)采用COI基因成功区分了澳大利亚地区的207种海水鱼类, 并结合系统发育关系比较, 进一步验证了COI基因在鱼类分类中应用的可行性; 国内学者利用COI基因在南海常见硬骨鱼类、石首鱼科、鲷科等鱼类的鉴定和群体遗传结构研究中也均取得较好成效(王中锋等, 2009; 柳淑芳等, 2010b; 陈咏霞等, 2015); 利用COI基因, 高东奎等(2015)和周美玉等(2015)分别完成了对少鳞鳉(*Sillago japonica*)鱼卵和厦门海域鱼类浮游生物的鉴定。

本实验以2015年7-10月于青岛崂山青山湾鱼类浮游生物调查中采集的, 依据形态特征初步鉴定为舌鳎属(*Cynoglossus*)的鱼卵、仔鱼为研究对象, 进行了线粒体DNA COI基因序列的分析测定, 并与山东海域分布的舌鳎属鱼类的序列进行比对, 结合该种鱼卵、仔鱼的形态学特征, 确定该舌鳎属样品

^① 胡海生 (2015) 海州湾春夏季习见鱼卵、仔稚鱼形态学研究. 硕士学位论文, 中国海洋大学, 青岛.

所属种类, 进一步分析DNA条形码技术在舌鲷属鱼类种类鉴定中的有效性, 以期对舌鲷属鱼类早期个体的种类鉴定积累资料, 同时也为其他鱼卵、仔鱼或微量生物样本DNA的提取提供借鉴。

1 材料与方法

1.1 样品采集与鉴定

鱼卵、仔鱼为于2015年7–10月采集于青岛崂山青山湾(36.1152°–36.1696° N, 120.6887°–120.7165° E)的鱼类浮游生物调查样品, 参照国家海洋调查规范(中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局和中国国家标准化委员会, 2007)使用浅水I型浮游生物拖网(网长1.45 m, 网口内径0.5 m, 网口面积0.2 m²)进行拖曳采集。短吻红舌鲷和长吻红舌鲷成鱼样本采自青岛胶州湾近岸海域拖网渔获物。所有样本于实验室内进行常规生物学测定, 测定结果与《中国动物志》(李思忠和王惠民, 1995)、《山东鱼类志》(周才武和成庆泰, 1997)和《日本産魚類検索》(Nakabo, 2000)中对于短吻红舌鲷和长吻红舌鲷的研究和记录进行对比。重点对比的形态特征包括: 上、中侧线间鳞数(scales between upper and middle lateral line)、体长/体高(body length/body depth, BL/BD)、头长/头高(head length/head depth, HL/HD)等, 共测量分析短吻红舌鲷21尾、长吻红舌鲷34尾。取肌肉组织用70%乙醇固定备用。

1.2 实验方法

1.2.1 鱼卵、仔鱼DNA提取

DNA的提取采用Chelex 100树脂(Bio-Rad Laboratories, US) (Walsh et al, 1991), 用灭菌后的dd H₂O配制6% Chelex树脂, 利用吸管将鱼卵、仔鱼用95%乙醇吹打洗净放入离心管, 并用无菌牙签将卵膜挑破, 加入25 μL 6% Chelex树脂及0.5 μL蛋白酶K (20 mg/mL, 正常工作浓度50–100 μg/mL), 树脂加入时应放在磁力搅拌器上, 确保有树脂颗粒的加入。离心管放入60℃水浴锅水浴3 h, 每0.5 h晃动一次, (待卵膜溶解)然后85℃水浴10 min, 离心, 取上清液, –20℃保存备用。由于样本量充足, 每批次分别选取5–10个鱼卵、仔鱼进行DNA提取, 成功提取鱼卵、仔鱼各2–3个样本时终止实验, 共计消耗鱼卵20个, 仔鱼15尾。

1.2.2 成鱼DNA提取

参考《分子克隆实验指南》(Sambrook et al, 1989)

的酚/氯仿法抽提, –20℃保存备用。每种成鱼随机选取2–3尾样本。

1.2.3 PCR分析

用于扩增COI片段的引物为(Hebert et al, 2003): F1: 5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGC-AC-3'; R1: 5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAA TCA-3'。

PCR反应体系为25 μL: 0.15 μL *Taq* DNA聚合酶, 2.5 μL dNTP (2 mM), 2 μL 10 × *Taq* buffer(含Mg²⁺), 正反引物各1 μL (2 mM), DNA模板1 μL, 其余dd H₂O补足。反应条件为: 95℃预变性5 min; 94℃变性45 s, 52℃退火30 s, 72℃延伸1 min, 35个循环; 72℃延伸10 min。取2.5 μL PCR扩增产物进行1.5 % 琼脂糖凝胶电泳检测(U = 5 V/cm), 对符合测序浓度的PCR产物送生物公司进行纯化和序列双向测定。

1.2.4 鱼卵、仔鱼形态学特征

使用Nikon SMZ 1000光学显微镜对鱼卵、仔鱼样品进行观察和拍照, 并利用ImageJ软件测定各测量指标、Illustrator CS6描绘。形态学观测指标包括鱼卵浮沉性、形状和直径, 卵膜层数和性质, 卵周隙, 卵黄形态, 油球形状、数量和直径, 胚体形态, 色素分布等; 仔鱼特征包括该体长对应的各鳍发育、卵黄囊消耗、色素分布、肌节数、脊索弯曲情况等。

1.3 数据处理

结合本研究及从GenBank中下载的山东海域分布的6种舌鲷属鱼类(窄体舌鲷无COI序列信息)的COI同源序列, 全部使用LaserGene软件包中的Seqman和Megalign软件进行拼接、比对, 并辅以人工校正。使用MEGA 6.0分析种内和种间变异位点数、简约信息位点数、核苷酸组成等, 另外选取鲷科条鲷属(*Zebrias*)带纹条鲷(*Z. zebra*)的COI基因序列为外群, 计算遗传进化距离, 构建NJ系统发育树。

2 结果

2.1 短吻红舌鲷、长吻红舌鲷成鱼形态特征

由于短吻红舌鲷与长吻红舌鲷两种成鱼形态特征极其相似, 本研究综合分析相关文献中有关此两种成鱼的形态学分类指标进行检测分类(表1)。虽然以上文献资料中分类指标的具体数值存在一定差异, 但一致认为短吻红舌鲷上、中侧线间鳞数多于长吻红舌鲷, 而体长/体高的值小于后者。另外本

研究中发现两种鱼类头长/头高的值分布界限模糊,并不能够有效区分此两种鱼类。故本研究主要以上、中侧线鳞间鳞数和体长/体高的值作为分类依据,其中体长/体高的值取以上3种文献资料数值范围的交集,即定义上、中侧线鳞间鳞数12–13、体长/体高的值3.4–4.0的为短吻红舌鲷;上、中侧线鳞间鳞数10–11、体长/体高的值4.2–5.0的为长吻红舌鲷。

2.2 线粒体DNA COI基因序列特征

本研究共获得6个舌鲷属样品(3个鱼卵、3尾初孵仔鱼)和3尾短吻红舌鲷及2尾长吻红舌鲷成鱼个体的COI基因部分片段,片段长度约为650 bp。对本研究所测11个COI基因序列和17个GenBank中下载的舌鲷科鱼类COI同源序列进行聚类 and 排序分析,保留共有序列,得到28条长度为572 bp的分析用同

源序列(表2)。所有序列间均无碱基插入或缺失。

所分析的8个种类28条COI基因序列,共检测到变异位点197个,变异比率为34.4%。其中单一信息位点8个,占1.4%;简约信息位点189个,占33.0%。各COI基因序列4种核苷酸平均频率分别为25.6% (A)、31.3% (T)、26.5% (C)、16.6% (G),平均AT含量明显高于GC含量(56.9% vs. 43.1%)。对所研究的28个COI基因片段而言,密码子第1位点GC含量显著高于密码子第2和第3位点。T、C、A、G在1、2、3位点的平均含量差别很大,密码子的碱基使用频率存在明显的偏向性(表3)。各COI基因片段的平均GC含量为40.8–48.4%(表4),其中密码子第1位点的GC含量均较高,第2密码子的GC含量基本恒定,而第3密码子位点的GC含量变化范围最大

表 1 中外相关文献中短吻红舌鲷和长吻红舌鲷的形态学数据记录的比较
Table 1 Comparative counts and distribution of *Cynoglossus joyneri* and *C. lighti* in different records

形态特征 Morphological characters	短吻红舌鲷 <i>C. joyneri</i>			长吻红舌鲷 <i>C. lighti</i>		
	Li & Wang, 1995	Zhou & Cheng, 1997	Nakabo, 2000	Li & Wang, 1995	Zhou & Cheng, 1997	Nakabo, 2000
上、中侧线鳞间鳞数 Scales between upper and middle lateral line	12–13	11–12	/	10–11	10–11	/
体长/体高 Body length/body depth	3.6–4.4	3.8–4.0	3.4–4.1	3.8–4.5	4.2–5.0	3.8–4.5
头长/头高 Head length/head depth	≤1	/	/	>1	/	/

表 2 样品与 COI 基因序列信息
Table 2 Information of *Cynoglossus* samples and COI gene sequences

编号 Number	种类 Species	序列编号 Sequence numbers	序列来源 Sources of sequences
1	舌鲷属样品 <i>Cynoglossus</i> sp.	egg.1–egg.3; lar.1–lar.3	本研究 This study
2	短吻红舌鲷 <i>C. joyneri</i>	joy.1–joy.5	本研究(1–3); JQ738430.1; KF979127.1
3	长吻红舌鲷 <i>C. lighti</i>	lig.1–lig.4	本研究(1–2); DQ116752.1; HQ711865.1
4	宽体舌鲷 <i>C. robustus</i>	rob.1–rob.3	KT718591.1; HM180552.1; HM180553.1
5	半滑舌鲷 <i>C. semilaevis</i>	sem.1–sem.3	JN242742.1; JN242743.1; JN242744.1
6	紫斑舌鲷 <i>C. purpureomaculatus</i>	pur.1–pur.3	DQ116749.1; JQ738570.1; JQ738571.1
7	短吻三线舌鲷 <i>C. abbreviatus</i>	abb.1	DQ116750.1
8	带纹条鲷 <i>Zebrias zebra</i>	zeb.1–zeb.3	JQ738566.1; JQ738567.1; JQ738568.1

表 3 COI 基因部分序列中各碱基平均分布概率(%)
Table 3 Average nucleotide frequencies (%) of COI partial sequence of eight species

碱基 Base	总频率 Total	密码子第 1 位点 The first position of codon	密码子第 2 位点 The second position of codon	密码子第 3 位点 The third position of codon
T	31.3	18.0	43.8	32.1
C	26.5	24.5	28.1	27.1
A	25.6	27.4	14.5	34.8
G	16.6	30.1	13.6	6.0
A+T	56.9	45.4	58.3	66.9
G+C	43.1	54.6	41.7	33.1

表 4 8 种鱼类 COI 基因密码子位点 GC 含量
Table 4 The GC content of COI partial sequence for eight species in all codon positions

种类 Species	样本量 Sample size	平均 GC 含量 Average GC content (%)			
		全部位点 Total positions	第 1 位点 The first position	第 2 位点 The second position	第 3 位点 The third position
1 舌鲷属样品 <i>Cynoglossus</i> sp.	6	42.9	57.2	42	29.5
2 短吻红舌鲷 <i>C. joyneri</i>	5	43	56.9	42	29.9
3 长吻红舌鲷 <i>C. lighti</i>	4	43	57.3	42	29.9
4 宽体舌鲷 <i>C. robustus</i>	3	42.5	53.3	42	31.9
5 半滑舌鲷 <i>C. semilaevis</i>	3	40.8	52.4	42	28.2
6 紫斑舌鲷 <i>C. purpureomaculatus</i>	3	43.1	52.3	42	34.9
7 短吻三线舌鲷 <i>C. abbreviatus</i>	1	42.9	51.8	42	34.9
8 带纹条鲷 <i>Zebrias zebra</i>	3	48.4	53.9	42.5	49.0

(28.2–49.0%), 这是由该密码子位点具有很强的简并性决定的。对舌鲷属 7 种鱼类和条鲷属的带纹条鲷共 8 个种类的比较发现, 舌鲷属样品与短吻红舌鲷、长吻红舌鲷的平均 GC 含量最为相近; 紫斑舌鲷和短吻三线舌鲷最为相近。

2.3 种间及种内的遗传距离

采用 MEGA 6.0, 基于 Kimura 2-parameter 模型计算 8 种鱼类的种间和种内遗传距离(表 5)。8 种鱼类 86% 的种间遗传距离大于 0.100, 而种内遗传距离均小于 0.010。另外, 8 种鱼类的种间遗传距离平均值为 0.198, 种内不同个体间遗传距离平均值为 0.004, 种间遗传距离为种内遗传距离的 49.5 倍, 具有较大的种间差异。带纹条鲷与舌鲷属鱼类的亲缘关系最远, 这与各种类形态学分类地位相一致。7 种舌鲷属鱼类中, 宽体舌鲷与短吻红舌鲷和长吻红舌鲷的种间遗传距离最大, 均为 0.240; 短吻三线舌鲷和紫斑舌鲷, 舌鲷属样品和短吻红舌鲷及长吻红舌鲷之间的遗传距离极小, 分别为 0.002 和 0.006–0.009, 均低

于种内遗传分化的水平(约为 2.0%)。此分析结果与前述 COI 基因序列核苷酸对比结果一致。

2.4 各组群系统发育分析

以带纹条鲷为外类群, 利用 COI 基因序列, 基于 K2P 核苷酸替代模型构建 NJ 系统发育树(图 1)。8 个种类共聚为 5 支, 其中, 舌鲷属样品(鱼卵、仔鱼)、短吻红舌鲷和长吻红舌鲷明显聚为一支, 紫斑舌鲷和短吻三线舌鲷聚为一支, 其余 3 个种类各聚为一支, 从而验证了前述 COI 基因序列核苷酸和遗传距离的相关分析结果, 表明该舌鲷属样品与短吻红舌鲷、长吻红舌鲷可能属于同一物种, 而 GenBank 中的紫斑舌鲷和短吻三线舌鲷可能为同种异名。

2.5 鱼卵、仔鱼形态学描述

本研究所采集的舌鲷属样品多数为处于胚体发育期的鱼卵, 少数为仔鱼。鱼卵为分离的圆球形浮性卵, 直径 0.68–0.87 mm (0.73 ± 0.03 mm, $n = 50$); 卵膜单层, 较薄, 表面光滑透明, 无特殊构造; 卵周隙较大, 卵黄囊无特殊构造; 油球 6–15 个, 大小

表 5 8 种鱼类的种间遗传距离和种内遗传距离
Table 5 Genetic distance pairwise-species and within-species of eight species

种间 Pairwise-species	1	2	3	4	5	6	7	8
1 舌鲷属样品 <i>Cynoglossus</i> sp.	0.009							
2 短吻红舌鲷 <i>C. joyneri</i>	0.009	0.008						
3 长吻红舌鲷 <i>C. lighti</i>	0.008	0.006	0.004					
4 宽体舌鲷 <i>C. robustus</i>	0.236	0.240	0.240	0.002				
5 半滑舌鲷 <i>C. semilaevis</i>	0.189	0.192	0.190	0.208	0.000			
6 紫斑舌鲷 <i>C. purpureomaculatus</i>	0.181	0.182	0.181	0.200	0.113	0.000		
7 短吻三线舌鲷 <i>C. abbreviatus</i>	0.182	0.185	0.184	0.203	0.116	0.002	n/c	
8 带纹条鲷 <i>Zebrias zebra</i>	0.245	0.245	0.244	0.277	0.278	0.302	0.304	0.002

n/c 表示未分类。n/c means unclassified.

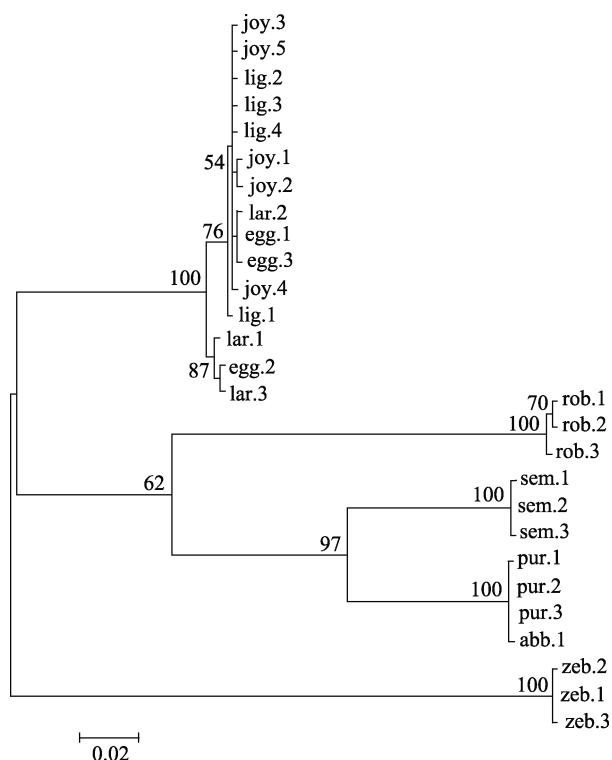


图1 基于K2P进化距离构建的各种类NJ进化树。节点处的数字为1,000次bootstrap自展检验支持率(只显示大于50%的数值)。图中序列编号同表2。

Fig. 1 Neighbor-joining tree constructed using the K2P model for COI gene sequences of eight species. The numbers indicate the percentages of bootstrap values (>50%) supporting each node from 1,000 replicates. The Sequence numbers are the same to Table 2.

不一, 直径0.04–0.10 mm (0.07 ± 0.01 mm, $n = 50$), 圆形, 多位于卵黄囊中与胚体相对的一侧, 既有聚集分布也有分散分布。

图2a所示为胚胎绕卵黄囊1/2时期的鱼卵, 此时鱼卵原口已关闭, 胚体完全形成, 环绕卵黄囊约1/2, 胚体前端形成头部, 吻端较圆钝; 神经管沿胚体中轴分布, 发育较为完善, 后端闭合, 向前延伸至吻端, 在头部膨大形成具有分化的脑部, 脑的后端较中部粗大, 在脑的两侧出现视囊, 视晶体位于中心, 未出现黑色素沉淀; 视囊后方形成椭圆形听囊, 左右各1个, 耳石未形成; 胚体中部形成肌节25–27对; 胚体后段形成尾部, 且已离开卵黄囊, 尾芽已形成; 仅胚体躯干部至尾部出现透明鳍膜, 且已相连接; 胚体已具点状黑色素, 主要集中在背部, 沿脑及神经索分布。油球数量无变化。

图2b所示为初孵仔鱼, 体长1.07–1.21 mm (1.14 ± 0.03 mm, $n = 30$), 卵黄囊近于圆形, 其长径0.64–0.74 mm (0.66 ± 0.02 mm, $n = 30$), 短径0.51–0.58 mm

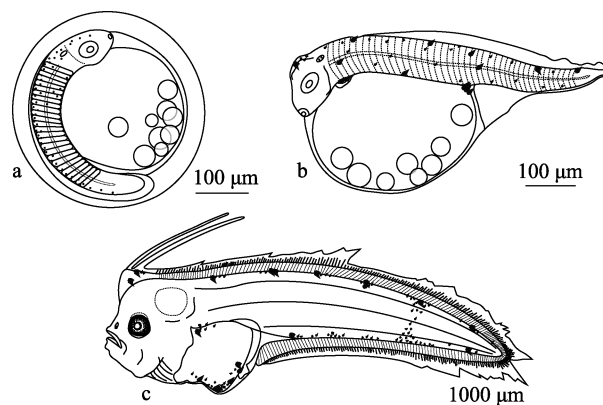


图2 舌鳎属样品(*Cynoglossus* sp.)鱼卵及仔鱼的形态结构。(a)胚胎绕卵黄囊1/2; (b)初孵仔鱼, 体长1.16 mm; (c)后期仔鱼, 体长6.21 mm。

Fig. 2 Morphological characters of egg and larva of *Cynoglossus* sp. (a) Embryo ring 1/2 epiboly; (b) 1.16 mm BL newly hatched larva; (c) 6.21 mm BL post-metamorphosis larva.

(0.54 ± 0.02 mm, $n = 30$), 口、咽、消化道已相通, 吻略突出, 视晶体仍未出现黑色沉淀, 耳石已形成, 延脑后出现冠状幼鳍原基, 颅顶背部微微隆起。腹腔内仍有油球, 但油球数量有所减少, 肌节43对; 鱼体各鳍鳍膜透明、相连, 黑色素数量增加且呈小星状, 分布范围延伸至腹部, 但仍以背部居多。

图2c所示为后期仔鱼, 其体长6.21 mm, 体高1.67 mm, 侧扁, 体长为体高的3.72倍, 口稍上位, 较圆钝, 口裂0.32 mm, 上、下颌及鳃盖骨形成, 卵黄囊仍未完全消失。视晶体已具黑色素, 右眼已经开始向上移动。肌节9 + 39对, 肠管末端位于第9肌节下方, 此时冠状幼鳍已形成, 其具有两根游离的鳍条, 长为1.83 mm, 背鳍、尾鳍和臀鳍鳍条已形成, 边缘胚胎性鳍膜正在蜕去。黑色素增多呈花斑状, 冠状幼鳍和胸鳍基部也均有分布, 在鱼体中后部形成一横向黑色素条带。

3 讨论

3.1 鱼卵DNA提取及线粒体DNA COI基因在鱼类系统发育分析中的有效性

基于分子生物学的鱼类物种鉴定多采用成鱼样品, 运用传统的DNA分离和提纯方法, 如酚/氯仿法(Sambrook et al, 1989)、磁珠法等, 但由于鱼类发育早期特别是胚胎发育阶段的遗传物质含量较低且提取困难, 使得用传统方法无法成功提取鱼卵样品中的DNA。本研究采用蛋白酶K-Chelex 100法成功提取了直径为0.68–0.87 mm短吻红舌鳎鱼卵的

DNA。此外,利用Chelex 100提取DNA的过程较传统方法更为简单,且不涉及有机试剂、不需要在多个离心管之间转移,从而有效减少了样品间的交叉污染,保证了生物材料DNA的高效提取。为进一步提高鱼卵DNA的提取效率,也可预先人工挑破或去除鱼卵卵膜。

DNA条形码不仅可以用于物种的鉴定,而且还可以获得丰富的系统进化信息(宋超等, 2014)。本研究对舌鲷属鱼卵、仔鱼样品和其余6种舌鲷属鱼类的COI基因序列分析表明: (1)舌鲷属鱼卵、仔鱼样品与短吻红舌鲷和长吻红舌鲷可能属于同一物种,即短吻红舌鲷和长吻红舌鲷存在同种异名的可能。这与苗宪广等(2013)利用成鱼COI基因对9种舌鲷科鱼类系统发育的研究结果一致,支持长吻红舌鲷与短吻红舌鲷可能存在同种异名的观点。(2)紫斑舌鲷与短吻三线舌鲷可能存在同种异名现象,与徐晖等(2008)利用核糖体ITS1序列的分析结果一致。但考虑到GenBank中此两种鱼类COI序列信息均来自同一上传者,序列上传者也许会存在形态鉴定分类的混淆,因此该结果仍需进一步验证。柳淑芳等(2010a)用线粒体16S rRNA和Cyt b分子标记技术的研究同样支持上述结论,且上述有关舌鲷属鱼类分类地位的遗传学研究结果,也与Menon (1977)关于形态学研究的结论相一致,即短吻红舌鲷与长吻红舌鲷可能存在同种异名。本研究同时运用了鱼卵、仔鱼和成鱼的COI基因,进一步证实了COI基因种类鉴别的有效性,也说明由于线粒体DNA的稳定性,鱼卵、仔鱼和成鱼的COI基因序列可同时应用于鱼类系统发生的研究(高东奎, 2015)。

3.2 舌鲷属鱼卵、仔鱼的种类鉴定

山东半岛海域分布的舌鲷属鱼类的鱼卵均为可分离的浮性卵,圆球形,卵膜透明光滑,卵膜和卵黄无特殊结构,油球多个,圆形(万瑞景和姜言伟, 2000; 万瑞景等, 2004),结合本研究中所采集鱼卵样品的形态特征,初步判断该鱼卵隶属于舌鲷属种类。而根据现有文献报道,舌鲷属的短吻红舌鲷、宽体舌鲷、半滑舌鲷和短吻三线舌鲷的鱼卵直径范围(分别为0.76–0.90 mm、0.85–0.90 mm、1.18–1.31 mm、1.02–1.12 mm)、油球直径范围(分别为0.04–0.06 mm、0.05–0.08 mm、0.04–0.11 mm、0.07–0.10 mm)和油球个数(分别为6–30个、5–15个、97–125个、30–50个)等特征各种类同种之间并未完全吻合,且各种

类的繁殖期存在一定程度的重叠,使得无法单纯依靠以上形态特征将该鱼卵鉴定到种的水平(杨东莱等, 1983; 万瑞景和姜言伟, 2000; 万瑞景等, 2004)。通常要借助于扫描电镜或分子生物学方法,才能完成鱼卵所属种类的准确鉴别。

本研究通过COI基因序列确认了所采集的舌鲷属样品的种类,并对其鱼卵和仔鱼的形态特征进行了详细描述。研究发现,该种鱼卵样品的直径和油球个数均略小于杨东莱等(1983)有关短吻红舌鲷的研究结果(卵径0.76–0.90 mm,油球6–30个),油球上限偏少可能与本研究未采集到早期发育阶段的鱼卵有关;鱼卵直径偏小推测可能与调查年代、月份和海域环境等因素相关联(李秀梅等, 2016),但也不能排除以往研究中混杂了其他舌鲷属鱼卵的可能性(万瑞景等, 2004),具体原因有待进一步探究。另外,本研究采集的仔鱼样品具有2条冠状幼鳍,而宽体舌鲷、半滑舌鲷和短吻三线舌鲷均具有1条冠状幼鳍,该特征能够作为仔鱼种类鉴别的关键依据。

Yaji等(2009)在对长吻红舌鲷早期生活史研究中,通过与Minami (1983)关于短吻红舌鲷仔鱼形态特征的对比,认为仔鱼眼睛移位过程中长吻红舌鲷较短吻红舌鲷的体长小,且鱼体中线附近有黑色素分布,由此认为二者是两个物种而非同种异名。但本研究发现,处于眼睛移位过程中的舌鲷属仔鱼体长范围与杨东莱等(1983)对短吻红舌鲷的研究结果相似,均远小于Minami描述的短吻红舌鲷仔鱼的体长。仔鱼形态特征方面,本研究舌鲷属仔鱼鱼体中后部具横向黑色素条带,既与Yaji等(2009)报道的长吻红舌鲷仔鱼相似,也与杨东莱(1983)等报道的短吻红舌鲷仔鱼43–48肌节处具丛状黑色素的描述一致,且三者之间针对仔鱼其他形态特征的描述亦基本相同。推测认为Minami (1983)研究中的短吻红舌鲷仔鱼并非经过连续培养得到(浮游生物网采),且数量极少,也可能与仔鱼采集海域水温、饵料丰富度等因素有关,从而出现变态过程中仔鱼体长明显偏大的情况。而Yaji等(2009)仅根据长吻红舌鲷仔鱼形态特征与短吻红舌鲷的文献比对,认为长吻红舌鲷和短吻红舌鲷为两个不同种的结论仍有待商榷。根据仔鱼形态特征,结合COI基因序列分析结果,笔者更支持两者为同一物种的结论。

另外,以上文献及本研究之间有关仔鱼肌节的描述均不相同。分析认为,由于观察时期不同而胚

胎、仔稚鱼肌节数目仍在变化。另外,随着仔稚鱼的生长,单纯依靠肉眼和显微镜等的观察难以准确计数。有报道称将仔稚鱼样品经清洗后染色或者X光拍照的方法,能够实现样品分节特征、骨骼特征等的准确观测(Ahlstrom & Moser, 1976; Pasco-Viel, 2010),建议今后的研究中能够更多地运用此类方法,以便补充和完善仔稚鱼分节特征数据,使仔稚鱼的鉴别更加系统、准确。

综合形态、COI基因序列和遗传距离分析,本研究支持短吻红舌鲷和长吻红舌鲷应为同一物种的观点(Menon, 1977; 柳淑芳等, 2010a; 苗宪广等, 2013; 宋超等, 2014)。因两物种的命名分别为短吻红舌鲷(*C. joyneri* Günther, 1878)和长吻红舌鲷(*C. lighti* Norman, 1925),根据生物命名法优先律(苏锦祥, 1995),故认为长吻红舌鲷是短吻红舌鲷的同种异名,本研究中的舌鲷属鱼卵、仔鱼样品为短吻红舌鲷。

参考文献

- Ahlstrom EH, Moser HG (1976) Eggs and larvae of fishes and their role in systematic investigations and in fisheries. *Revue des Travaux de l'Institut des Pêches Maritimes*, 40, 379–398.
- Ball SL, Hebert PDN, Burian SK, Webb JM (2005) Biological identifications of mayflies (Ephemeroptera) using DNA barcodes. *Journal of the North American Benthological Society*, 24, 508–524.
- Bian XD, Zhang XM, Xiao YS, Gao TX, Wan RJ (2007) Identification of fish eggs of Japanese halfbeak (*Hyporhamphus sajori*) using mtDNA sequencing. *Periodical of Ocean University of China*, 37(S1), 111–116. (in Chinese with English abstract) [卞晓东, 张秀梅, 肖永双, 高天翔, 万瑞景 (2007) 线粒体DNA序列在沙氏下鱚鱼鱼卵鉴别上的应用. 中国海洋大学学报(自然科学版), 37(S1), 111–116.]
- Carpenter KE, Niem VH (2001) *FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes: The Living Marine Resources of the Western Central Pacific*, pp. 3890–3891. FAO, Rome.
- Chen YX, Wu RX, Liang N, Liu J (2015) Phylogenetic relationship in family Sparidae of China in mitochondrial COI gene sequence. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 46, 611–619. (in Chinese with English abstract) [陈咏霞, 吴仁协, 梁娜, 刘静 (2015) 基于线粒体COI基因序列的中国鲷科鱼类系统进化关系. 海洋与湖沼, 46, 611–619.]
- Gao DK (2015) *Applying Basic Research on the Morphological and Molecular Approaches to Identifying the Ichthyoplankton*. PhD dissertation, Ocean University of China, Qingdao. (in Chinese with English abstract) [高东奎 (2015) 鱼类浮游生物形态及分子鉴定方法的应用基础研究. 博士学位论文, 中国海洋大学, 青岛.]
- General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of China, Standardization Administration of China (2007) *Specifications for Oceanographic Survey—Part 6: Marine Biological Survey*. China Standards Press, Beijing. (in Chinese) [中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会 (2007) 海洋调查规范第6部分: 海洋生物调查. 中国标准出版社, 北京.]
- Gu SO, Hwang HJ, Kim JK (2009) Morphological description of *Cynoglossus joyneri* larvae collected from the Yellow Sea. *Korean Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 42, 725–728. (in Korean with English abstract)
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL (2003) Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270, 313–321.
- Li SZ, Wang HM (1995) *Fauna Sinica: Osteichthyes. Pleuronectiformes*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [李思忠, 王惠民 (1995) 中国动物志 硬骨鱼纲 鲽形目. 科学出版社, 北京.]
- Li XM, Ye ZJ, Li ZG, Hu HS, Zou Q (2016) Spatial and temporal changes of the egg size changes of Japanese anchovy (*Engraulis japonicus*) inhabiting the near shore spawning ground of central Yellow Sea. *Periodical of Ocean University of China*, 46(2), 54–60. (in Chinese with English abstract) [李秀梅, 叶振江, 李增光, 胡海生, 邹全 (2016) 黄海中部近岸产卵场日本鳀卵子大小的时空变化. 中国海洋大学学报(自然科学版), 46(2), 54–60.]
- Liu SF, Liu JX, Zhuang ZM, Gao TX, Han ZQ, Chen DG (2010a) Monophyletic origin and synonymic phenomena in the sub-family Cynoglossinae inferred from mitochondrial DNA sequences. *Biodiversity Science*, 18, 275–282. (in Chinese with English abstract) [柳淑芳, 刘进贤, 庄志猛, 高天翔, 韩志强, 陈大刚 (2010a) 舌鲷亚科鱼类单系起源和同种异名的线粒体DNA证据. 生物多样性, 18, 275–282.]
- Liu SF, Chen LL, Dai FQ, Zhuang ZM (2010b) Application of DNA barcoding gene COI for classifying family Sciaenidae. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 41, 223–232. (in Chinese with English abstract) [柳淑芳, 陈亮亮, 戴芳群, 庄志猛 (2010b) 基于线粒体COI基因的DNA条形码在石首鱼科(Sciaenidae)鱼类系统分类中的应用. 海洋与湖沼, 41, 223–232.]
- Menon AGK (1977) *A Systematic Monograph of the Tongue Soles of the Genus Cynoglossus* Hamilton-Buchanan (Pisces, Cynoglossidae). Smithsonian Institution Press, Washington, DC.
- Miao XG, Jiang JX, Shi W, Wang ZM, Wang SY (2013) Phylogenetic relationship of Cynoglossinae based on COI barcoding marker. *Journal of Tropical Oceanography*, 32(5), 85–92. (in Chinese with English abstract) [苗宪广, 江金霞, 时伟, 王忠明, 王淑英 (2013) 舌鲷亚科Cynoglossinae鱼类基于COI条形码的系统发育关系. 热带海洋学报, 32(5), 85–92.]

- Minami T (1983) The early life history of a tongue fish *Cynoglossus joyneri*. Bulletin of the Japanese Society of Scientific Fisheries, 49, 719–724. (in Japanese with English abstract)
- Nakabo T (2000) Fishes of Japan with Pictorial Keys to the Species, 2nd ed. Tokai University Press, Tokyo. (in Japanese)
- Ni HE, Zheng ZM (2002) Comparison of shapes and growth features of three species in *Cynoglossus*. Marine Sciences, 26(12), 61–64. (in Chinese with English abstract) [倪海儿, 郑忠明 (2002) 几种舌鲷的形态和生长特性的比较. 海洋科学, 26(12), 61–64.]
- Pasco-Viel E, Charles C, Chevret P, Semon M, Tafforeau P, Viriot L, Laudet V (2010) Evolutionary trends of the pharyngeal dentition in Cypriniformes (Actinopterygii: Ostariophysi). PLoS ONE, 5, e11293.
- Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T (1989) Molecular Cloning. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Sharina SN, Kartavtsev YP (2010) Phylogenetic and taxonomic analysis of flatfish species (Teleostei, Pleuronectiformes) inferred from the primary nucleotide sequence of cytochrome oxidase 1 gene (Co-1). Russian Journal of Genetics, 46, 356–361.
- Song C, Yu YN, Zhang T, Yang G, Zhang LZ (2014) Phylogenetic analysis of Cynoglossidae in the Yangtze Estuary based on partial sequence of mitochondrial COI. Chinese Journal of Zoology, 49, 716–726. (in Chinese with English abstract) [宋超, 于亚男, 张涛, 杨刚, 章龙珍 (2014) 基于线粒体COI基因部分序列的长江口舌鲷科鱼类系统分类研究. 动物学杂志, 49, 716–726.]
- Su JX (1995) Fish and Marine Fish Culture, 2nd ed. China Agriculture Press, Beijing. (in Chinese) [苏锦祥 (1995) 鱼类学与海水鱼类养殖, 第二版. 中国农业出版社, 北京.]
- Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R (1991) Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. Biotechniques, 10, 506–513.
- Wan RJ, Jiang YW (2000) The species and biological characteristics of the eggs and larvae of osteichthyes in the Bohai and Yellow Sea. Journal of Shanghai Fisheries University, 9, 290–297. (in Chinese with English abstract) [万瑞景, 姜言伟 (2000) 渤、黄海硬骨鱼类鱼卵与仔稚鱼种类组成及其生物学特征. 上海水产大学学报, 9, 290–297.]
- Wan RJ, Jiang YW, Zhuang ZM (2004) Morphological and developmental characters at the early stages of the tonguefish *Cynoglossus semilaevis*. Acta Zoologica Sinica, 50, 91–102. (in Chinese with English abstract) [万瑞景, 姜言伟, 庄志猛 (2004) 半滑舌鲷早期形态及发育特征. 动物学报, 50, 91–102.]
- Wang ZD, Guo YS, Chen RL, He XY, Liu CW, Liu Y (2009) COI barcoding sequences of teleosts in the South China Sea. Oceanologia et Limnologia Sinica, 40, 608–614. (in Chinese with English abstract) [王中锋, 郭昱嵩, 陈荣玲, 何晓莹, 刘楚吾, 刘筠 (2009) 南海常见硬骨鱼类COI条码序列. 海洋与湖沼, 40, 608–614.]
- Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PD (2005) DNA barcoding Australia's fish species. Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences, 360, 1847–1857.
- Xu H, Li J, Kong XY, Xiao ZZ, Li YL, Zhang YC, Shi W, Wei ZP, Yu ZN (2008) Phylogenetic relationship and length variation in the first ribosomal internal transcribed spacer of Cynoglossinae species. Oceanologia et Limnologia Sinica, 39, 35–41. (in Chinese with English abstract) [徐晖, 李军, 孔晓瑜, 肖志忠, 李玉龙, 张艳春, 时伟, 位正鹏, 喻子牛 (2008) 6种舌鲷亚科鱼类ITS1序列长度多态性及系统分析. 海洋与湖沼, 39, 35–41.]
- Yagi Y, Kinoshita I, Fujita S, Ueda H, Aoyama D (2009) Comparison of the early life histories of two *Cynoglossus* species in the inner estuary of Ariake Bay, Japan. Ichthyological Research, 56, 363–371.
- Yang DL, Wu GZ, Pang HY (1983) The morphology of the early stage of longuefishes, *Cynoglossus semilaevis* Günther and *C. joyneri* Günther, in the Bohai Bay. Marine Sciences, 7(2), 29–32. (in Chinese with English abstract) [杨东莱, 吴光宗, 庞红艳 (1983) 渤海半滑舌鲷及焦氏舌鲷的鱼卵和仔稚鱼的形态. 海洋科学, 7(2), 29–32.]
- Zhou CW, Cheng QT (1997) Ichthyography of Shandong. Shandong Science and Technology Press, Ji'nan. (in Chinese) [周才武, 成庆泰 (1997) 山东鱼类志. 山东科学技术出版社, 济南.]
- Zhou MY, Chen X, Yang SY (2015) Identification of several fish eggs and larvae by DNA barcoding in Xiamen Water. Marine Environmental Science, 34(1), 120–125, 135. (in Chinese with English abstract) [周美玉, 陈骁, 杨圣云 (2015) 采用DNA条形码技术对厦门海域鱼卵、仔稚鱼种类的鉴定. 海洋环境科学, 34(1), 120–125, 135.]

(责任编辑: 高天翔 责任编辑: 时意专)

•研究报告•

新疆伊犁马铃薯根际芽胞杆菌纯培养多样性

刘国红¹ 刘 波^{1*} 车建美¹ 陈倩倩¹ 林乃铨² 崔卫东³

1 (福建省农业科学院农业生物资源研究所, 福州 350003)

2 (福建农林大学植物保护学院, 福州 350002)

3 (新疆农业科学院微生物应用研究所, 乌鲁木齐 830000)

摘要: 了解马铃薯根际土壤中芽胞杆菌种类多样性, 可为挖掘芽胞杆菌新资源提供基础。从新疆伊犁州9个地点采集了30份马铃薯根际土壤样品, 采用可培养法从中分离芽胞杆菌, 通过16S rRNA基因同源性鉴定了分离菌株的分类地位。共获得芽胞杆菌349株, 基于菌落形态特征和16S rRNA基因序列确定了66个代表菌株, 其中14株与近缘种模式菌株的16S rRNA基因序列相似性介于93.0–98.5%之间, 为潜在芽胞杆菌新种。349株芽胞杆菌属于9属66种, 分别为芽胞杆菌属(*Bacillus*)的41个种(41/66, 62.1%), 为最优势属; 类芽胞杆菌属(*Paenibacillus*)有9种(9/66, 13.6%), 赖氨酸芽胞杆菌属(*Lysinibacillus*)共6种(6/66, 9.1%), 嗜冷芽胞杆菌属(*Psychrobacillus*)共4种(4/66, 6.1%), 虚构芽胞杆菌属(*Fictibacillus*)有2种(2/66, 3.0%), 短芽胞杆菌属(*Brevibacillus*)、大洋芽胞杆菌属(*Oceanobacillus*)、鲁梅尔芽胞杆菌属(*Rummelibacillus*)和解硫胺素芽胞杆菌属(*Aneurinibacillus*)皆为1种。新疆9个地点马铃薯根际土壤中芽胞杆菌含量为 $2.20\text{--}8.86 \times 10^4$ cfu/g, 其中特克斯蒙古乡马铃薯根际土壤中芽胞杆菌的菌落含量和种类最多, 分别为 8.86×10^4 cfu/g和37种; 尼勒克县马场马铃薯根际土壤中的芽胞杆菌含量最少, 特克斯去昭苏路上和阜康西沟村的芽胞杆菌种类最少, 仅9种。但每个地点的优势种均相同, 均为简单芽胞杆菌(*Bacillus simplex*)和阿氏芽胞杆菌(*B. aryabhatai*)。芽胞杆菌种类可划分为高频度分布型(简单芽胞杆菌等4种)、中频度分布型(植物内生芽胞杆菌等12种)和低频度分布型(其余51种芽胞杆菌, 如草状芽胞杆菌)。新疆9个地点芽胞杆菌种类分布可分为高含量高丰度型(特克斯蒙古乡和农技推广园)和低含量低丰度型(如尼勒克县马场等地)。相关性分析发现, 马铃薯根际芽胞杆菌种类分布与海拔高度无显著相关性。新疆马铃薯根际土壤蕴含种类丰富的芽胞杆菌资源, 可为芽胞杆菌功能菌株开发提供丰富的菌种来源。

关键词: 芽胞杆菌, 马铃薯根际土壤, 多样性

Diversity of *Bacillus*-like species isolated from potato rhizosphere soils in Yili, Xinjiang

Guohong Liu¹, Bo Liu^{1*}, Jianmei Che¹, Qianqian Chen¹, Naiquan Lin², Weidong Cui³

1 Agricultural Bio-Resource Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003

2 College of Plant Protection, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002

3 Institute of Applied for Microorganism of Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830000

Abstract: This study aims to understand the diversity of *Bacillus*-like species found in potato rhizosphere soils in Xinjiang, and provide a basis for mining new resources. *Bacillus*-like bacteria were isolated from potato rhizosphere soils using the cultivable method and preliminarily identified based on the 16S rRNA gene sequences. The spatial distribution pattern of the *Bacillus*-like bacteria was analyzed using frequency distribution and number. A total of 349 *Bacillus*-like isolates were obtained from 30 soil samples, and identified as 66 species belonging to 9 genera and 2 families (Bacillaceae and Paenibacillaceae) within Bacilli by 16S rRNA gene sequences. Sixty six selective strains were chosen to be further analyzed based on colony morphology and 16S rRNA gene sequences, and 14 strains were potential novel species based on the lower

收稿日期: 2017-03-08; 接受日期: 2017-06-06

基金项目: 国家自然科学基金(31370059)、福建省自然科学基金(2016J01129)、福建省公益项目(2015R1018-7)、福建省农科院 PI 项目(2016PI-43)和院青年英才计划(YJRC2015-17)。

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: fzliubo@163.com

similarities found between 93.0–98.5% in their closed references type strains. The species numbers of each genus were 41 for *Bacillus* (41/66, 62.1%), 9 for *Paenibacillus* (9/66, 13.6%), 6 for *Lysinibacillus* (6/66, 9.1%), 4 for *Psychrobacillus* (4/66, 6.1%), 2 for *Fictibacillus* (2/66, 3.0%), and 1 for *Brevibacillus*, *Oceanibacillus*, *Rummelibacillus* and *Aneurinibacillus*, respectively. In the potato rhizosphere soils, the content range of *Bacillus*-like species were $2.20\text{--}8.86\times 10^4$ cfu/g. The highest colony content and *Bacillus*-like species, e.g. 8.86×10^4 cfu/g and 37 species, respectively, occurred in the Mongolian township of Tekes, while the lowest colony content was found in a stud-farm in Nilka County and the lowest *Bacillus*-like species (9 species) were found in Xigou Village of Fukang City and on the way from Tekes to Zhaosu County. There was large difference in the distribution of *Bacillus*-like species in the potato rhizosphere soils, but each site was characterized by the same dominant species, *Bacillus simplex* and *Bacillus aryabhattai*. Based on their occurrence frequency, the *Bacillus*-like species could be discriminated as high frequency species including *Bacillus simplex*, middle frequency species including *Bacillus endophyticus*, and low frequency species including *Bacillus mycoides*. Based on the number of *Bacillus*-like species, 9 collecting sites were divided into two groups, namely high content and richness and low content and richness. Moreover, there was no significant correlation between the distribution of *Bacillus*-like species and altitude. Thus, there were many *Bacillus*-like species in potato rhizosphere soils, which provide rich resources for exploring functional strains.

Key words: *Bacillus* species; potato rhizosphere soil; diversity

马铃薯是世界上很多国家非常重要的食品, 目前有130个国家将其作为重要的非谷物食品(Calvo et al, 2010; 徐海泉等, 2015)。芽胞杆菌是一类重要的微生物资源, 在自然界中广泛分布(Liu et al, 2016), 其大多数种类能够产生多种功能代谢产物, 有些种类能防治马铃薯软腐病(Rahman et al, 2012)和青枯病(Calvo et al, 2010; Saber et al, 2015), 有些种类对马铃薯生长具有促生作用(Calvo et al, 2010; Hanif et al, 2015)。目前, 尽管已有300多种芽胞杆菌被分离鉴定(LPSN), 但仍有大量的芽胞杆菌资源及其活性物质有待挖掘。土壤是芽胞杆菌及其生物活性物质的一个重要来源, 植物根际土壤的芽胞杆菌能够保护植物根部不被病原菌侵染, 且其中一些种类还对植物具有促生长能力(Asari et al, 2016; Huang et al, 2015; Liu et al, 2016a)。植物根际微生物组研究变得越来越重要, 健康的微生物组能促进植物的生长, 而植物根际土壤中的芽胞杆菌是健康微生物组的重要成员之一。

新疆是我国马铃薯主要种植基地之一, 昌吉回族自治州和哈萨克自治州(简称伊犁州)种植了大量的马铃薯。秦越等(2015)利用末端限制性片段长度多态性(T-RFLP)技术分析了连作栽培对马铃薯根际微生物多样性的影响, 发现芽胞杆菌是根际微生物的优势属, 占比例最大。王娜等(2016)也通过T-RFLP分析发现间作后马铃薯根际土壤细菌数量增加, 多样性指数高于连作栽培, 而且间作栽培能

够有效改善马铃薯根际土壤细菌菌群结构, 使一些有益菌属比例上升, 潜在致病菌比例下降甚至消失, 且出现了新的益生菌。白洋(2014)^①采用T-RFLP技术探究了用稻草包芯栽培方式在马铃薯不同生长期土壤细菌种类的变化, 表明整个生育时期稻草包芯处理后土壤细菌种类波动较小, 根际细菌中病菌数量较少, 益生菌(如芽胞杆菌等)的比例较大, 有益芽胞杆菌主要是侧孢短芽胞杆菌(*Brevibacillus laterosporus*)、短短芽胞杆菌(*Brevibacillus brevis*)、短小芽胞杆菌(*Bacillus pumilus*)等。

我们从新疆9个地点采集了马铃薯种根际土壤样本, 采用可培养法从中分离芽胞杆菌, 通过16S rRNA基因系统发育分析芽胞杆菌的分类地位, 以期为进一步挖掘利用马铃薯根际土壤中芽胞杆菌资源提供参考。

1 材料与方法

1.1 土壤样品采集

2013年7月27–30日, 于新疆伊犁州9个地点采集了马铃薯根际土壤样品30份(表1), 保存于无菌自封袋, 室温保存带回实验室放于4℃冰箱保存, 进行芽胞杆菌分离。

1.2 培养基和试剂

PCR仪和凝胶成像分析仪购自Bio-Rad公司;

^① 白洋 (2014) 马铃薯稻草包芯栽培的土壤酶活与细菌种群变化研究. 硕士学位论文, 福建农林大学, 福州.

表 1 新疆马铃薯根际土壤样本采集信息
Table 1 Information of potato rhizosphere soil samples from Xinjiang

编号 No.	采集地点 Collection site	海拔 Altitude (m)	经纬度 Location
S1	尼勒克县尼勒克镇公社种子队 Seed Team of Nilka Township, Nilka County	1,138	43°46'28" N, 82°35'01" E
S2	阜康市上户沟乡西沟村 Xigou Village, Shanghugou Township, Fukang City	1,261	44°00'17" N, 88°33'46" E
S3	尼勒克县马场 Machang, Nilka County	1,139	43°45'58" N, 82°34'43" E
S4	尼勒克县沙勒漫乡 Shaleman Township, Nilka County	1,110	43°47'08" N, 82°32'15" E
S5	昭苏县农业局试验场 Testing Ground of Agricultural Bureau, Zhaosu County	1,856	44°09'46" N, 81°09'14" E
S6	特克斯蒙古乡(施药) Mongolia Township, Tekes County (pesticide applied)	1,171	43°13'25" N, 81°54'27" E
S7	特克斯蒙古乡 Mongolia Township, Tekes County	1,181	43°13'17" N, 81°52'33" E
S8	特克斯去昭苏路上 On the way from Tekes to Zhaosu County	1,808	—
S9	特克斯县农业技术推广园 Agro Technical Extension Garden, Tekes County	1,181	43°13'17" N, 81°52'33" E

恒温培养箱(BI-250AG)购自施都凯仪器设备(上海)有限公司; 2×PCR Master Mix购自上海铂尚生物技术有限公司; 引物由上海铂尚生物技术有限公司合成。LB培养基配制参考葛慈斌等(2015)的描述。

1.3 芽胞杆菌的分离与鉴定

土壤中芽胞杆菌的分离主要参考刘国红等(2014)的方法。称取土壤样品10 g至90 mL无菌水, 震荡混匀20 min后, 80℃水浴10 min, 土壤悬浮液依次稀释成浓度为10⁻¹、10⁻²、10⁻³。取100 μL悬浮液至LB平板并涂布均匀, 30℃培养2天后观察菌落生长情况。根据菌落形态特征等进行芽胞杆菌种类归类、统计计数及纯化, 采用-80℃甘油冷冻法进行保存。采用Tris-饱和酚法提取芽胞杆菌基因组DNA, 参考Cheng和Jiang (2006)描述的方法。采用通用细菌16S rRNA引物进行扩增、测序, 主要参考Liu等(2016b)描述的方法。16S rRNA基因扩增引物为27F(5'-AGAGTTTGTATCTGGCTCAG-3')和 1492R(5'-GGTTACCT TGTTACGACTT-3')。检测出有条带的菌株PCR产物送至上海铂尚生物技术有限公司进行测序。

1.4 芽胞杆菌的系统发育分析

根据所得到序列在网站(<http://www.ezbio-cloud.net/>)上进行序列比对分析后(Kim et al, 2012), 结合BLASTn和RDP数据库比对初步判断得出芽胞杆菌种的分类地位。选择相关的参考菌株序列, 再经Clustal X对齐后(Thompson et al, 1997), 用软件Mega 6.0采用邻接法和Jukes-Cantor模型构建系统发育树(Jukes & Cantor, 1969; Felsenstein et al, 1985; Saitou & Nei, 1987; Tamura et al, 2013)。

1.5 芽胞杆菌种类多样性分析

统计各采样点马铃薯根际土样本芽胞杆菌种类数、数量总和, 比较各样本芽胞杆菌种类的变化, 分析芽胞杆菌种类在各个采样点土壤样本中出现的频次和数量。

1.6 芽胞杆菌种群数量、分离频度、海拔间的相关性分析

对9个地点的芽胞杆菌, 用DPS统计软件进行在土壤中的数量与海拔之间, 以及分离频度与在土壤中的数量之间的相关性分析。

2 结果

2.1 芽胞杆菌的分离与鉴定

根据分离菌株的菌落形态特征进行归类统计, 共分离获得芽胞杆菌349株, 通过对菌株16S rRNA基因序列的同源性进行比对, 对349个菌株进行16S rRNA基因序列分析并最终确定66个代表菌株进行后续分析。

基于16S rRNA基因系统发育分析结果表明, 在细菌属水平上的种群多样性非常丰富, 349株菌隶属9个属的66个种。芽胞杆菌属(*Bacillus*) 41个种(41/66, 62.1%), 类芽胞杆菌属(*Paenibacillus*) 9个种(9/66, 13.6%), 赖氨酸芽胞杆菌属(*Lysinibacillus*) 6个种(6/66, 9.1%), 嗜冷芽胞杆菌属(*Psychrobacillus*) 4个种(4/66, 6.1%), 虚构芽胞杆菌属(*Fictibacillus*) 2个种(2/66, 3.0%), 短芽胞杆菌属(*Brevibacillus*)、大洋芽胞杆菌属(*Oceanobacillus*)、鲁梅尔芽胞杆菌属(*Rummelibacillus*)和解硫胺素芽胞杆菌属(*Aneurinibacillus*)皆为1个种。16S rRNA相似性

在93–100%之间,说明部分分离菌株与其亲缘关系最近的模式种之间可能存在一定的遗传差异。

2.2 芽胞杆菌资源系统发育分析

66种芽胞杆菌的16S rRNA基因序列系统发育分析见图1。其中,FJAT-21955、FJAT-21963、FJAT-21352、FJAT-18003、FJAT-21351和FJAT-18019与其最相近模式菌株的16S rRNA基因相似性皆低于97.0%,分别为93.5% (*Bacillus altitudinis* 41KF2b^T)、94.1% (*Psychrobacillus psychrodurans* DSM 11713^T)、94.3% (*Bacillus simplex* NBRC 5720^T)、96.5% (*Bacillus drentensis* LMG 21831^T)、96.9% (*Bacillus paraflexus* RC2^T)和97.0% (*Paenibacillus uliginis* N3/975^T)。FJAT-18017、FJAT-22090和FJAT-18069与其亲缘关系最近模式菌株的16S rRNA基因相似性位于97–98%之间,分别为97.4% (*Bacillus thioparans* BMP-1^T)、97.7% (*Psychrobacillus psychrodurans* DSM 11713^T)和97.8% (*Lysinibacillus macroides* LMG 18474^T)。FJAT-22048、FJAT-22140、FJAT-22098、FJAT-22121和FJAT-18000与其最近模式菌株的相似性介于98–98.5%之间,分别为98.2% (*Bacillus horneckiae* DSM 23495^T)、98.3% (*Bacillus decolorationis* LMG 19507^T)、98.3% (*Lysinibacillus varians* GY32^T)、98.4% (*Bacillus fortis*)和98.4% (*Psychrobacillus insolitus* DSM 5^T)。根据原核生物种的界定阈值标准,上述菌株可能为芽胞杆菌潜在新种,为最终确定其分类地位,我们正在用包括生理生化特征、MLST序列分析、DNA-DNA杂交以及脂肪酸分析等多相分类方法对其进行鉴定,以确定其准确的分类地位。

2.3 芽胞杆菌种类分布频次

马铃薯根际芽胞杆菌种类分布可分为三大类:高频度分布型、中频度分布型和低频度分布型。

高频度分布类型包含4个种即简单芽胞杆菌(*Bacillus simplex*)、阿氏芽胞杆菌(*B. aryabhattai*)、矮缩芽胞杆菌(*B. atrophaeus*)和短小芽胞杆菌(*B. pumilus*)。其中简单芽胞杆菌和阿氏芽胞杆菌存在于9个采集地点的所有土壤样本中,矮缩芽胞杆菌在除特克斯去昭苏路上之外的其他8个地点的样本中获得(8/9, 88.9%),短小芽胞杆菌在除尼勒克县尼勒克镇公社种子队一队和尼勒克县沙勒漫乡外的7个地点获得(7/9, 77.8%)。

中频度类型分布在4–6个地点的土壤样本中,

包含12种芽胞杆菌,分别为植物内生芽胞杆菌(*Bacillus endophyticus*)、耐寒芽胞杆菌(*B. frigoritolerans*)、地衣芽胞杆菌(*B. licheniformis*)、烟酸芽胞杆菌(*B. niacini*)、嗜气芽胞杆菌(*B. aerophilus*)、苏云金芽胞杆菌(*B. thuringiensis*)、图瓦永芽胞杆菌(*B. toyonensis*)、含低硼赖氨酸芽胞杆菌(*Lysinibacillus parviboronicapiens*)、忍冷嗜冷芽胞杆菌(*P. psychrodurans*)、蜡状芽胞杆菌(*B. cereus*)、病研所芽胞杆菌(*B. idriensis*)和沙福芽胞杆菌(*B. safensis*)。其中沙福芽胞杆菌分布在尼勒克县尼勒克镇公社种子队一队、尼勒克县马场、尼勒克县沙勒漫乡、昭苏县农业局试验场、特克斯蒙古乡和特克斯农业科技推广园6个地点。

低频度类型分布在少数几个地点,分布极不均一。分布在1–3个地点的土壤样品中,包含其余的51种芽胞杆菌,其中14种为潜在芽胞杆菌新种。

2.4 芽胞杆菌种类及数量多样性

芽胞杆菌种类含量分布结果见表2。9个地点马铃薯根际土壤中芽胞杆菌含量不同,菌落含量范围为2.20–8.86×10⁴ cfu/g,尼勒克县马场土壤样品中的芽胞杆菌含量最少(2.20×10⁴ cfu/g),特克斯蒙古乡芽胞杆菌的含量最多(8.86×10⁴ cfu/g)。

马铃薯根际土芽胞杆菌优势菌群都是简单芽胞杆菌,每个地点分离到的芽胞杆菌种类不一致:特克斯蒙古乡马铃薯根际土中分离到的芽胞杆菌种类最多,为37种;其次是特克斯农技推广园(31种),最少的为特克斯→昭苏和阜康西沟村,皆为9种。

表2 新疆马铃薯根际土壤中芽胞杆菌含量分布(样品编号同表1)

Table 2 The content of *Bacillus* species in the potato rhizosphere soil from Xinjiang. Soil sample number see Table 1.

样本编号 Sample no.	芽胞杆菌含量 <i>Bacillus</i> colonies content (×10 ⁴ cfu/g)	种类数 Species number
S1	3.25	19
S2	5.00	9
S3	2.20	11
S4	6.60	15
S5	3.97	15
S6	7.70	15
S7	8.86	37
S8	4.30	9
S9	3.76	31

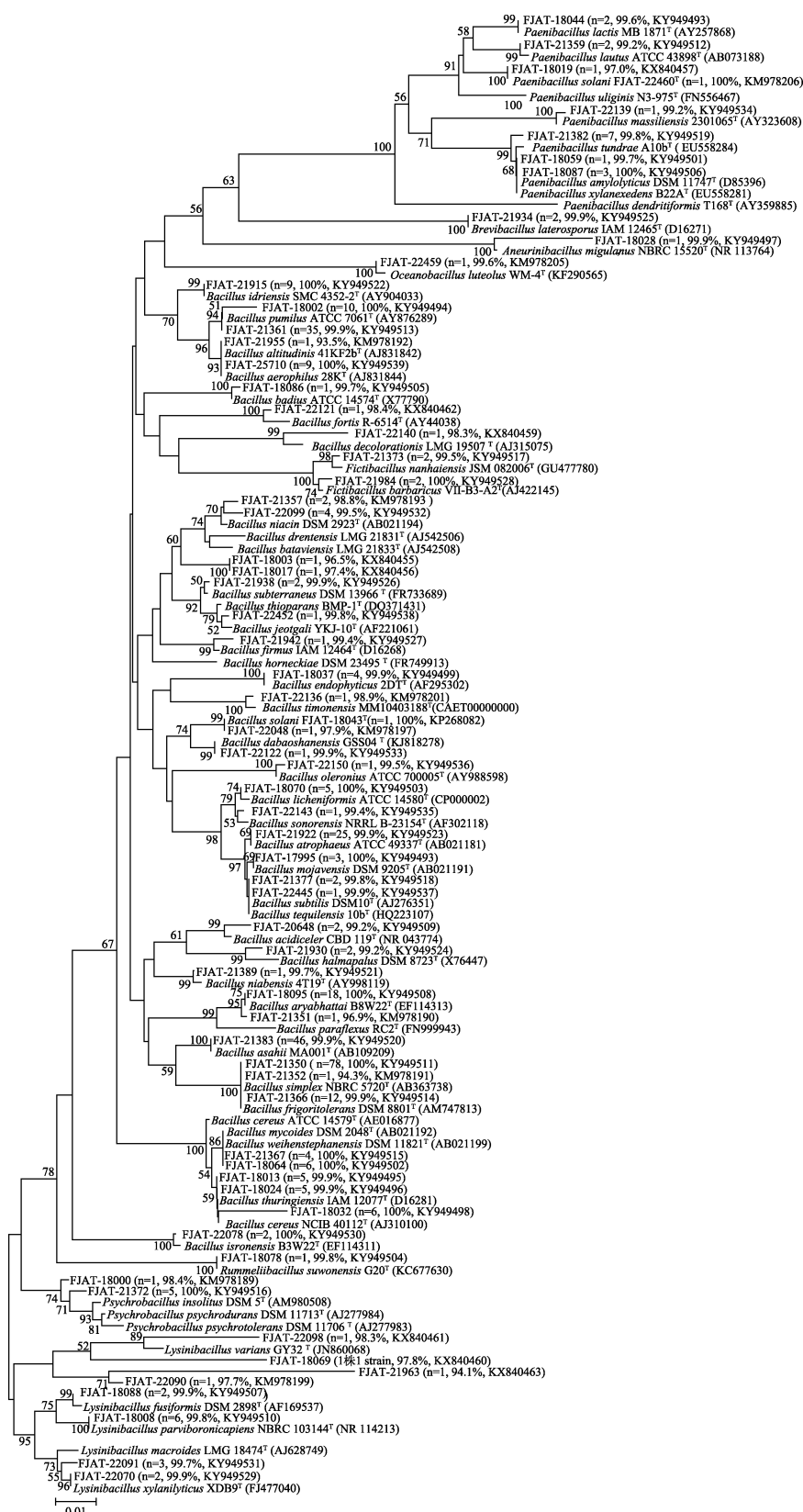


图1 基于16S rRNA基因的芽胞杆菌系统发育分析。 n 代表分离菌株数量,百分比值为分离菌株与近缘模式菌的16S rRNA基因相似性。

Fig. 1 Phylogenetic analysis of *Bacillus* species based on 16S rRNA gene sequence. n represents number of isolates, and percent values represent the 16S rRNA gene sequence similarities between isolates and related type species.

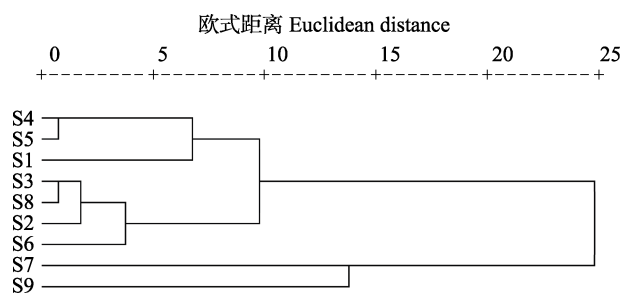


图 2 马铃薯根际土壤样品采集点的聚类分析。编号 S1–9 同表 1。

Fig. 2 Analysis of collection sites of potato rhizosphere soils. Soil samples S1–9 are the same as Table 1.

2.5 芽胞杆菌含量聚类分析

以表2数据构建矩阵进行聚类分析(图2), 当 $\lambda = 15$ 时, 9个采集地点的芽胞杆菌种类分布可划分为3大类: 第I类为高含量高丰度型, 包含特克斯蒙古乡和农技推广园; 第II类为低含量低丰度型, 包含其余7个土壤样本采集点, 可分为两大亚类型, 分别为低含量中丰度型和中含量低丰度型。

3 讨论

本研究结合纯培养法和16S rRNA基因系统发育分析法, 对新疆伊犁马铃薯根际土壤中芽胞杆菌种类多样性进行了调查。研究表明, 马铃薯根际土壤中可培养的芽胞杆菌种群多样性非常丰富, 获得的349株芽胞杆菌隶属于芽胞杆菌目9个属的66个种。其中多数菌株属于芽胞杆菌属, 该属的简单芽胞杆菌和阿氏芽胞杆菌几乎分布在所有采集的土壤样本中。马铃薯根际土壤存在一定量的芽胞杆菌潜在新资源, 目前已正式发表了2个新种, 即茄科芽胞杆菌(*Bacillus solani* FJAT-18043^T) (Liu et al, 2015)和茄科类芽胞杆菌(*Paenibacillus solani* FJAT-22460^T) (Liu et al, 2016b), 其余14株与其最相近模式菌株的16S rRNA基因序列同源性在93.0–98.5%之间。这些潜在新种的分类地位和生物学特性需进一步深入研究。

国内外学者基于16S rRNA基因的系统发育法分析了番茄(马宁宁, 2013)、烟草、玉米、田七、甘蔗、小麦、毛竹等植物根际土壤中芽胞杆菌物种分布。将本研究结果与上述结果进行比较, 发现本研究获得的芽胞杆菌在上述植物根际土壤中均有分布, 皆为作物根际的优势属。马铃薯块茎表面含有

丰富的芽胞杆菌, 主要为短小芽胞杆菌(Weinert et al, 2010), 且部分菌株具有一定的抗病原菌活性, 而本研究从马铃薯根际土壤中也获得了一定量的短小芽胞杆菌资源, 可能具有作为马铃薯病原菌生防制剂研发的潜力。毛竹根际土壤中含有大量的芽胞杆菌属和类芽胞杆菌属菌群, 优势种是蜡状芽胞杆菌和蕈状芽胞杆菌, 这与本文调查分析结果不同, 而且毛竹根际获得的类芽胞杆菌种类在马铃薯根际也不存在(李潞滨等, 2008), 这可能与植株本身的特性相关。烟草根际和非根际土壤中均含有丰富的芽胞杆菌资源, 优势种为巨大芽胞杆菌, 与同为茄科作物的马铃薯根际的优势种不同(林凤敏等, 2011)。田七和马铃薯根际的阿氏芽胞杆菌均为优势种, 但田七的优势种苏云金芽胞杆菌和*Bacillus siamensis* (Fan et al, 2016)在马铃薯根际含量不多, 而本研究获得的优势种简单芽胞杆菌和萎缩芽胞杆菌(*B. atrophaeus*)在田七根际含量也很少。同为粮食作物的玉米根际土壤中的优势芽胞杆菌种类与本文研究结果相同(刘国红等, 2014), 但含有的芽胞杆菌种类远低于马铃薯根际, 这可能与采集样本的数量和作物特性相关。Verma等(2016)在小麦根际获得的优势种群为蜡状芽胞杆菌类群(*Bacillus cereus* group)、枯草芽胞杆菌类群(*Bacillus subtilis* group)和巨大芽胞杆菌(*Bacillus megaterium*), 而纺锤形赖氨酸芽胞杆菌(*Lysinibacillus fusiformis*)和解木糖赖氨酸芽胞杆菌(*Lysinibacillus xylanilyticus*)在马铃薯根际均存在, 为低频率分布型。芽胞杆菌属是甘蔗根际土壤厚壁菌门的优势属(Pisa et al, 2011), 连作花生田根际土壤的优势菌为简单芽胞杆菌和巨大芽胞杆菌(颜艳伟等, 2011), 但本研究未分离获得巨大芽胞杆菌。

Sikorski等(2008)调查发现以色列“进化谷”芽胞杆菌种群结构丰富多样, 其中简单芽胞杆菌分布在所有采集样本中, 本文研究发现马铃薯土壤样品中亦含有高频率分布的简单芽胞杆菌, 这可能与该种自身生物特性有一定的相关性。简单芽胞杆菌能产生挥发性有机化合物, 提高马铃薯的产量(Velivelli et al, 2015), 还可以高效消除化学需氧量, 用于降解土壤中的氯磺隆和除草剂氟乐灵(Erguven et al, 2016)。阿氏芽胞杆菌亦具有广泛的分布特性, Lee等(2012)发现贫瘠土壤含有丰富的阿氏芽胞杆菌且对意大利苍耳(*Xanthium italicum*)具有促生作用, 具

有作为植物生长促生剂的潜力。藏红花(*Crocus sativus*)根际土壤和非根际土中均含有大量的阿氏芽胞杆菌(Ambardar & Vakhlu, 2013)。Zhang等(2013)首次报道萎缩芽胞杆菌能产生3种抗真菌物质, 高效抑制多种病原真菌生长, 可用于植物病原菌防治, 笔者亦从马铃薯根际获得了高频率分布的萎缩芽胞杆菌资源, 该种群可能对马铃薯的病害防治具有很大的作用。Verma等(2016)首次报道小麦根际土壤中的植物内生芽胞杆菌(*B. endophyticus*)和食木糖类芽胞杆菌(*Paenibacillus xylanexedens*)具有多功能的促生作用, 本文从马铃薯根际土壤中也获得了中频率分布的植物内生芽胞杆菌和低频率分布的食木糖类芽胞杆菌, 这2种芽胞杆菌可能对马铃薯生长具有一定的促进作用。

参考文献

- Ambardar S, Vakhlu J (2013) Plant growth promoting bacteria from *Crocus sativus* rhizosphere. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 29, 2271–2279.
- Asari S, Matzén S, Petersen MA, Bejai S, Meijer J (2016) Multiple effects of *Bacillus amyloliquefaciens* volatile compounds: plant growth promotion and growth inhibition of phytopathogens. *FEMS Microbiology Ecology*, 92, pii: fiw070.
- Cheng HR, Jiang N (2006) Extremely rapid extraction of DNA from bacteria and yeasts. *Biotechnology Letters*, 28, 55–59.
- Calvo P, Ormeño-Orrillo E, Martínez-Romero E, Zúñiga D (2010) Characterization of *Bacillus* isolates of potato rhizosphere from andean soils of Peru and their potential PGPR characteristics. *Brazilian Journal of Microbiology*, 41, 899–906.
- Erturk Y, Ercisli S, Haznedar A, Cakmakci R (2010) Effects of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) on rooting and root growth of kiwifruit (*Actinidia deliciosa*) stem cuttings. *Biological Research*, 43, 91–98.
- Fan ZY, Miao CP, Qiao XG, Zheng YK, Chen HH, Chen YW, Xu LH, Zhao LX, Guan HL (2016) Diversity, distribution, and antagonistic activities of rhizobacteria of *Panax notoginseng*. *Journal of Ginseng Research*, 40, 97–104.
- Felsenstein J (1985) Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783–789.
- Hanif MK, Hameed S, Imran A, Naqqash T, Shahid M, Van Elsland JD (2015) Isolation and characterization of a β -proteobacterium gene containing phosphobacterium *Bacillus subtilis* strain KPS-11 for growth promotion of potato (*Solanum tuberosum* L.). *Frontiers in Microbiology*, 6, 583.
- Huang XF, Zhou D, Guo J, Manter DK, Reardon KF, Vivanco JM (2015) *Bacillus* spp. from rainforest soil promote plant growth under limited nitrogen conditions. *Journal of Applied Microbiology*, 118, 672–684.
- Ge CB, Liu B, Che JM, Chen MC, Liu GH, Wei JC (2015) Diversity of *Bacillus* species inhabiting on the surface and endophyte of lichens collected from Wuyi Mountain. *Acta Microbiologica Sinica*, 55, 551–563. (in Chinese) [葛慈斌, 刘波, 车建美, 陈梅春, 刘国红, 魏江春 (2015) 武夷山地衣表生和内生芽胞杆菌种群的多样性. *微生物学报*, 55, 551–563.]
- Jukes TH, Cantor CR (1969) Evolution of protein molecules. In *Mammalian Protein Metabolism*, Vol. 3 (ed. Munro HN), pp. 21–132. Academic Press, New York.
- Kim OS, Cho YJ, Lee K, Yoon SH, Kim M, Na H, Park SC, Jeon YS, Lee JH, Yi H, Won S, Chun J (2012) Introducing EzTaxon-e: a prokaryotic 16S rRNA gene sequence database with phylotypes that represent uncultured species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62, 716–721.
- Lee S, Ka JO, Song HG (2012) Growth promotion of *Xanthium italicum* by application of rhizobacterial isolates of *Bacillus aryabhattai* in microcosm soil. *Journal of Microbiology*, 50, 45–49.
- Li LB, Liu M, Yang SZ, Liu L, Miao K, Yang K, Han JG (2008) Cultivable microbial diversity at the rhizosphere of *Phyllostachys pubescens*. *Acta Microbiologica Sinica*, 48, 772–779. (in Chinese with English abstract) [李璐滨, 刘敏, 杨淑贞, 刘亮, 缪崑, 杨凯, 韩继刚 (2008) 毛竹根际可培养微生物种群多样性分析. *微生物学报*, 48, 772–779.]
- Lin FM, Ji WX, Li HL (2011) Phylogenetic diversity of culturable bacteria in rhizosphere and non-rhizosphere of tobacco. *Hubei Agricultural Sciences*, 50, 1058–1062. (in Chinese with English abstract) [林凤敏, 姬文秀, 李虎林 (2011) 烟草根际与非根际细菌的系统发育多样性研究. *湖北农业科学*, 50, 1058–1062.]
- Liu B, Liu GH, Cetin S, Schumann P, Pan ZZ, Chen QQ (2016a) *Bacillus gobiensis* sp. nov., isolated from a soil sample. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66, 379–384.
- Liu B, Liu GH, Sengonca C, Schumann P, Ge CB, Wang JP, Cui WD, Lin NQ (2015) *Bacillus solani* sp. nov., isolated from rhizosphere soil of potato field in Xinjiang of China. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65, 4066–4071.
- Liu B, Liu GH, Sengonca C, Schumann P, Lan JL, Chen DJ, Cui WD, Lin NQ (2016b) *Paenibacillus solani* sp. nov., isolated from potato rhizosphere soil in Xinjiang, China. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66, 4486–4491.
- Liu GH, Zhu YJ, Liu B, Che JM, Tang JY, Pan ZZ, Chen ZH (2014) Diversity of culturable *Bacillus* species from maize (*Zea mays*) rhizosphere soil. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 22, 1367–1379. (in Chinese with English abstract) [刘国红, 朱育菁, 刘波, 车建美, 唐建阳, 潘志针,

- 陈泽辉 (2014) 玉米根际土壤芽胞杆菌的多样性. 农业生物技术学报, 22, 1367–1379.]
- Liu Y, Chen L, Zhang N, Li Z, Zhang G, Xu Y, Shen Q, Zhang R (2016) Plant-microbe communication enhances auxin biosynthesis by a root-associated bacterium, *Bacillus amylo-liquefaciens* SQR9. Molecular Plant-Microbe Interactions, 29, 324–330.
- Ma NN (2013) Study on soil microbial of properties in protected tomato root circumference. PhD dissertation, Shenyang Agricultural University, Shenyang. (in Chinese with English abstract) [马宁宁 (2013) 设施番茄根围土壤的微生物特性研究. 博士学位论文, 沈阳农业大学, 沈阳.]
- Pisa G, Magnani GS, Weber H, Souza EM, Faoro H, Monteiro RA, Daros E, Baura V, Bessalho JP, Pedrosa FO, Cruz LM (2011) Diversity of 16S rRNA genes from bacteria of sugarcane rhizosphere soil. Brazilian Journal of Medical and Biological Research, 44, 1215–1221.
- Qin Y, Ma K, Liu P (2015) Effect of potato continuous cropping on genetic diversity of soil microorganisms. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 23, 589–596. (in Chinese with English abstract) [秦越, 马琨, 刘萍 (2015) 马铃薯连作栽培对土壤微生物多样性的影响. 中国生态农业学报, 23, 589–596.]
- Rahman MM, Ali ME, Khan AA, Akanda AM, Uddin MK, Hashim U, Hamid SBA (2012) Isolation, characterization, and identification of biological control agent for potato soft rot in Bangladesh. Scientific World Journal, 2012, 723293.
- Saber WI, Ghoneem KM, Al-Askar AA, Rashad YM, Ali AA, Rashad EM (2015) Chitinase production by *Bacillus subtilis* ATCC 11774 and its effect on biocontrol of rhizoctonia diseases of potato. Acta Biologica Hungarica, 66, 436–448.
- Saitou N, Nei M (1987) The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution, 4, 406–425.
- Sikorski J, Brambilla E, Kroppenstedt RM, Tindall BJ (2008) The temperature-adaptive fatty acid content in *Bacillus simplex* strains from ‘Evolution Canyon’, Israel. Microbiology, 154, 2416–2426.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S (2013) MEGA 6: molecular evolutionary genetics analysis 6.0. Molecular Biology and Evolution, 30, 2725–2729.
- Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG (1997) The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acids Research, 25, 4876–4882.
- Velivelli SL, Kromann P, Lojan P, Rojas M, Franco J, Suarez JP, Prestwich BD (2015) Identification of mVOCs from Andean rhizobacteria and field evaluation of bacterial and mycorrhizal inoculants on growth of potato in its center of origin. Microbial Ecology, 69, 652–667.
- Verma P, Yadav AN, Khannam KS, Kumar S, Saxena AK, Suman A (2016) Molecular diversity and multifarious plant growth promoting attributes of Bacilli associated with wheat (*Triticum aestivum* L.) rhizosphere from six diverse agro-ecological zones of India. Journal of Basic Microbiology, 56, 44–58.
- Wang N, Lu SS, Ma K, Liu P (2016) The genetic diversity of rhizosphere soil bacteria under different intercropping patterns for potato in southern mountainous area of Ningxia. Journal of Arid Land Resources and Environment, 30(12), 193–198. (in Chinese with English abstract) [王娜, 陆姗姗, 马琨, 刘萍 (2016) 宁夏南部山区马铃薯不同间作模式对根际土壤细菌多样性的影响. 干旱区资源与环境, 30(12), 193–198.]
- Weinert N, Meincke R, Gottwald C, Heuer H, Schlöter M, Berg G, Smalla K (2010) Bacterial diversity on the surface of potato tubers in soil and the influence of the plant genotype. FEMS Microbiology Ecology, 74, 114–123.
- Xu HQ, Wang XL, Ma GS (2015) Nutrition feasibility analysis of development of potato as a staple food. Food and Nutrition in China, 21(7), 10–13. (in Chinese with English abstract) [徐海泉, 王秀丽, 马冠生 (2015) 马铃薯及其主食产品开发的营养可行性分析. 中国生物与营养, 21(7), 10–13.]
- Yan YW, Zhang H, Liu L, Xian HQ, Cui DJ (2011) Isolation and identification of dominant microorganisms in rhizosphere of continuous cropping with peanut. Acta Microbiologica Sinica, 51, 835–842. (in Chinese with English abstract) [颜艳伟, 张红, 刘露, 咸洪泉, 崔德杰 (2011) 连作花生田根际土壤优势微生物的分离和鉴定. 微生物学报, 51, 835–842.]
- Zhang X, Li B, Wang Y, Guo Q, Lu X, Li S, Ma P (2013) Lipopeptides, a novel protein, and volatile compounds contribute to the antifungal activity of the biocontrol agent *Bacillus atrophaeus* CAB-1. Applied Microbiology and Biotechnology, 97, 9525–9534.

(责任编辑: 东秀珠 责任编辑: 时意专)

•综述•

风媒传粉的研究方法探讨

朱亚如 龚燕兵*

(武汉大学生命科学院杂交水稻国家重点实验室 武汉 430072)

摘要: 种子植物的花粉传递依赖多样化的传粉媒介, 与动物传粉相比, 风媒传粉往往被认为效率较低而受到较少关注。然而, 绝大部分裸子植物和至少10%的被子植物依赖风媒传粉, 在被子植物中至少发生了65次从动物媒向风媒的传粉转变, 而且同种植物内风媒与虫媒并存的混合传粉机制也已屡见报道。因此, 亟需更加完善的研究方法以揭示生态系统中大量隐藏的风媒传粉现象和机理。本文首先介绍了风媒传粉植物的种类和生境多样性, 以明确风媒传粉的研究范围。在此基础上, 论述了在野外条件下应首选使用花粉捕获法(黏性玻片或空气颗粒取样器)测量空气中的花粉数量; 同时应结合传粉者排除法和套袋、去雄等传粉处理, 确定风媒传粉的生殖贡献大小以及动物传粉、自动自交和无融合生殖并存的可能性。如果野外条件受限, 应采集相关植物组织, 在实验室使用频闪摄影或沉降塔法测量花粉的沉降系数以推测风媒传粉的可能性, 并利用风洞实验和计算机模拟探明不同条件下的风媒传粉效率和空气动力学基础。同时, 应进一步研究影响风媒传粉的生物(风媒传粉综合征)和非生物因素, 以探寻风媒传粉发生的原因和进化生态后果。以上方法并不能相互替代, 研究者应尽量全面使用各类方法以准确描述风媒传粉现象并解释其适应机理。

关键词: 风媒传粉; 种子植物; 花粉; 野外方法; 空气动力学

Methods of wind pollination

Yaru Zhu, Yanbing Gong*

State Key Laboratory of Hybrid Rice, College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan 430072

Abstract: The transfer of pollen in most seed plants relies on diverse pollination vectors. In comparison with animal pollination (zoophily), wind pollination (anemophily) has long been regarded as an inefficient mode and thus has received relatively little attention. However, the majority of gymnosperm species and over 10% of angiosperm species are wind pollinated, and the evolution of wind pollination from insect-pollinated ancestors has occurred at least 65 times in angiosperms. Furthermore, ambophily, a combination of wind and insect pollination, is also reported frequently. More refined methods are thus seriously needed to explore the existence and mechanisms of wind pollination in diverse ecosystems. In this paper, we explore the scope of anemophily research by describing the species and habitat diversities of wind-pollinated plants. In field experiments, we recommend using pollen traps (sticky slides or airborne particle samplers) to quantify airborne pollen, and conducting pollinator exclusion, bagging, and emasculation treatments to explore the reproductive contribution of anemophily and the possibilities of zoophily, autogamy, and apomixis. In constrained field conditions, researchers can bring relevant plant tissues back to the laboratory for experiments examining aerodynamics, i.e., measuring the settling velocity of pollen using stroboscopic photography or drop towers, calculating the pollination efficiency using wind tunnels, and evaluating the aerodynamics based on computer models in different simulated conditions. Furthermore, the abiotic and biotic factors (wind pollination syndromes) associated with anemophily should also be studied to explore the causes as well as the ecological and evolutionary consequences of wind pollination. The above methods cannot substitute for one another, as researchers should use them as a comprehensive unit when possible to reveal the details and mechanisms of wind pollination.

Key words: wind pollination; seed plants; pollen; field methods; aerodynamics

收稿日期: 2017-03-06; 接受日期: 2017-05-04

基金项目: 国家自然科学基金(31670228)和湖北省自然科学基金(2011CDA095)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: ybgong@whu.edu.cn

种子植物的花粉传递依赖不同的传粉媒介, 虫媒传粉的多样性、普遍性和高效性使其受到大量关注(黄双全和郭友好, 2000), 而水媒和风媒传粉往往被认为效率较低而在自然生态系统中处于劣势地位(Darwin, 1876; Faegri & van der Pijl, 1979)。然而, 新的研究表明, 风媒传粉并不如想象中那么低效, 在某些环境条件或某些植物类群中, 其效率甚至高于虫媒传粉(Friedman & Barrett, 2009)。目前, 被子植物中已经发现至少65次从动物媒向风媒的传粉转变(Linder, 1998; Friedman, 2011)。传粉模式从虫媒转变为风媒, 相对普遍的原因可能在于植物只需要进化出相对简单的花部特征就可以适应风媒; 但从风媒转变为虫媒在自然界中却很少存在, 可能因为植物要重新获得与吸引、报酬和适应昆虫访花行为相关的复杂花部特征, 会经历更大的进化限制(Huang et al, 2013)。因此, 通常认为从虫媒到风媒的传粉系统转变在某种程度上是不可逆的(Cox, 1991; Dodd et al, 1999)。按照以上观点, 随着全球自然环境和动物传粉服务水平的双重变化(Hegland et al, 2009; Ollerton et al, 2014), 植物界中将极可能出现更高比例和多样化的风媒传粉现象。

传粉生物学研究中对风媒贡献的忽略往往源自对研究方法理解和运用上的一些误区。如某些植物被观察到了昆虫访问, 抑或其具有某些适应虫媒传粉的特征, 如散发气味、具有鲜艳颜色等, 都被认为是虫媒传粉的; 但最新研究表明, 具以上花部特征的如买麻藤属(*Gnetum*)和乌头属(*Aconitum*)植物, 均存在风媒传粉模式(Gong et al, 2016; Wang et al, 2016)。此外, 与虫媒传粉研究相似, 短时的观察和片面的实验并不能得到准确全面的结论(龚燕兵和黄双全, 2007); 如静风条件下的风媒传粉实验, 往往会错误评估植物的风媒传粉效率(Niklas, 2015)。这些研究方法上的缺陷, 极可能导致对植物风媒传粉存在性的不正确描述, 从而严重低估自然界中风媒传粉的普遍性和多样化的风媒传粉策略(Owens et al, 1998)。基于以上背景, 本文总结并评价了风媒传粉的研究方法, 以期能对开展相关植物繁殖生态和保护研究的学者提供方法学上的参考。

1 风媒传粉植物的多样性

1.1 种类多样性

种子植物在不同选择压力下进化出多样化的

传粉模式, 其中虫媒传粉植物的普遍性已受到大量关注, 而风媒传粉植物的种类多样性往往被低估。现存五大类种子植物——银杏(*Ginkgo biloba*)、松柏类(*conifers*)、苏铁类(*cycads*)、买麻藤目和被子植物中(Wang & Ran, 2014), 都已先后报道了不同比例风媒传粉模式的存在(Ackerman, 2000; Cully et al, 2002)。

裸子植物被认为是风媒传粉起源的, 其中银杏和松柏类植物都是风媒传粉的(Owens et al, 1998; Jin et al, 2012); 苏铁类植物中虫媒和风媒传粉均能发挥作用(王乾等, 1997; Kono & Tobe, 2007); 买麻藤目中风媒是最主要的传粉方式, 但在各属中比例有所不同(Ickert-Bond & Renner, 2016)。麻黄属(*Ephedra*)以风媒传粉为主(Bolinder et al, 2015), 而百岁兰(*Welwitschia mirabilis*)则主要为虫媒传粉(Wetschnig & Depisch, 1999), 早期研究认为买麻藤属是专性虫媒传粉的(Kato & Inoue, 1994), 但最新研究却揭示了其风媒传粉的存在(Gong et al, 2016)。

对于虫媒传粉起源的被子植物, 风媒传粉被认为是从虫媒传粉转变而来的衍生模式, 业已发现被子植物的许多类群中风媒传粉是独立进化而来的(Friedman & Barrett, 2009)。Ackerman (2000)的系统调查显示, 风媒传粉的被子植物分布在木兰亚纲、金缕梅亚纲、石竹亚纲、五桠果亚纲、蔷薇亚纲、菊亚纲、泽泻亚纲、棕榈亚纲、鸭跖草亚纲和百合亚纲中。在目的水平, 除鸭跖草亚纲中风媒传粉目的比例高达85%外, 其他各个亚纲都只有不到一半的目中出现了风媒传粉; 而以每目中风媒传粉科的数量做频率分布图, 则发现其符合对数正态分布规律, 即绝大部分的目中仅有0–2个科的植物是风媒传粉的, 比例最高的无患子目, 有高达5个科的植物具有风媒传粉模式。整体来讲, 被子植物中至少有18%的科和10%的种是风媒传粉的(Ackerman, 2000)。

1.2 生境多样性

风媒传粉植物在地球上并不是随机分布的, 而是具有明显的地理和生态趋势(Whitehead, 1969; Regal, 1982)。风媒花粉的成功传递不仅由风力决定, 许多生物与非生物因素都对风媒传粉有着重要影响, 如不同生境中植物群落结构的多样性、动物传粉服务的水平和稳定性、温湿度和降雨量等, 都能显著影响该生境中风媒传粉植物的比例(详见表1和下文第3节)。

表1 风媒和虫媒传粉的主要影响因素比对
Table 1 Key factors associated with wind vs. animal pollination

	风媒传粉 Wind pollination	动物传粉 Animal pollination
非生物因素 Abiotic factors		
分布 Distribution	温带 Temperate	热带或温带 Tropical or temperate
最佳风速 Optimum wind speed	低至中等 Low to moderate	零至低 Zero to low
降雨 Precipitation	不频繁 Infrequent	不频繁至频繁 Infrequent to common
湿度 Humidity	低 Low	中至高 Medium to high
生物因素 Biotic factors		
周围植被 Surrounding vegetation	开阔 Open	开阔至郁闭 Open to closed
同种密度 Conspecific density	中至高 Moderate to high	低至高 Low to high
开花一致性 Flowering consistency	同步 Synchronous	不同步 Less synchronous
开花数量 Flower number	多 Many	少 A few
花位置 Flower position	离叶较远 Held away from vegetation	无规律 Variable
花类型 Flower type	单性 Unisexual	两性 Hermaphrodite
花被 Perianth	缺失或减小 Absent or reduced	显眼 Showy
花颜色 Floral colour	绿或白 Greenish or whitish	艳丽 Constrasting
花气味 Floral scent	无或退化 Absent or reduced	常有 Often present
蜜腺 Nectaries	缺失或减小 Absent or reduced	具备 Present
柱头 Stigmas	羽状 Feathery	简单 Simple
单花胚珠数 Ovules per flower	一或少 One or few	多 Many
花粉量 Pollen grains number	多 Many	少 Few
花粉大小 Pollen size	变化较小, 一般10–50 μm Less variable, often 10–50 μm	变化较大, 一般 >60 μm Highly variable, often >60 μm
花粉黏性 Pollen viscosity	干 Dry	黏 Viscid
花粉表面纹饰 Pollen ornamentation	光滑, 花粉鞘缺失或退化 Smooth with reduced/absent pollenkitt	复杂并具花粉鞘 Often elaborate with pollenkitt

主要参考文献: Faegri & van der Pijl, 1979; Culley et al, 2002; Friedman & Barrett, 2009; 张大勇, 2004。
Key references: Faegri & van der Pijl, 1979; Culley et al, 2002; Friedman & Barrett, 2009; Zhang, 2004.

早期研究表明, 风媒传粉植物的比例往往随纬度和海拔的上升具有明显增加的趋势 (Regal, 1982)。温带地区植物居群相对聚集并且遮挡较少, 因而有利于花粉在空气中传播并成功传递到同种柱头。另外, 温带地区一般都具有严格的季节性, 相对于热带地区其植物生长季节较短, 因此很多树种通过早春开花以增加生长时间, 同时可避免与盛花期植物的传粉竞争。然而, 早春虫媒传粉服务相对缺乏且不稳定, 使得这些植物中很多依赖风媒传粉 (Elzinga et al, 2007)。正因如此, 温带的落叶森林、开阔草原、干旱荒漠及高山地区都易进化出风媒传粉物种 (如彭德力等, 2012)。Regal (1982) 以北美木本植物为对象, 统计了不同生境中风媒传粉植物的比例, 发现不同群落间风媒传粉植物比例变化较大, 其中大部分温带森林中都有一半以上的种类是风媒传粉的。

物种丰富的热带地区降雨较多、湿度较大、树叶遮挡以及植物分散生长等都不利于风媒传粉, 这些因素在低地雨林中的影响尤为严重。然而, Vamosi 等 (2006) 的大范围调查显示, 这些高生物多样性地区的植物因为虫媒传粉竞争而经历着更严重的花粉限制; 而花粉限制的选择压可能介导植物即使在这种不利的条件下也能进化出风媒传粉机制以寻求生殖保障 (Cully et al, 2002)。Bawa (1990) 的早期调查显示, 热带低地雨林中也有 1–4% 的物种具风媒传粉模式。

2 风媒传粉的研究方法

2.1 花粉捕获法

探寻风媒传粉的可能性, 可首先使用花粉捕获装置 (pollen traps) 明确植株周围的空气中是否携有花粉; 通过收集目标植物的花粉作为参照, 根据花

粉的大小、形状和表面纹饰等特征对捕获的花粉进行计数(如Gong et al, 2016)。花粉捕获装置需悬挂于植株附近的适当距离, 尽量分多个方向散开, 在每个主方向上可设置距离梯度, 如此可量化风媒花粉的传播能力。根据花期、散粉和柱头可授情况, 可选择在白天或者晚上的合适时间段内悬挂装置。天气干燥有风时更易捕获风媒花粉, 但在某些不利条件如下雨或无风时使用该方法, 则可以对比评价不同环境条件下的风媒传粉效率。

捕获花粉最简单有效因而被广泛使用的装置是黏性载玻片(sticky slide), 即涂有凡士林、甘油或其他任何黏性物质的显微镜载玻片。黏性玻片可以通过多种形式安装以截获花粉, 如可平铺于培养皿、玻璃筒等器皿中, 再将器皿置于合适高度的标杆顶端, 如此便可收集由于重力作用垂直下落的风媒花粉; 也可将黏性玻片通过长尾夹和绳线垂直悬挂安置, 以捕获因风力而横向运动的花粉; 抑或模拟目标植物制作假花序, 作为底座大量安置玻片(Ackerman & Kevan, 2005)。崔大练等(2008)在北重楼(*Paris verticillata*)开花植株的东南西北4个方位分别按照0.2、0.4、0.6和0.8 m的距离梯度安放涂有凡士林的玻片, 并以2小时为间隔回收玻片统计花粉捕获量, 从而得出该植物风媒花粉的传播能力和日散布规律。

使用以上方法也可能面临一些问题, 如雨天时玻片捕捉的花粉可能被雨水冲刷至黏性物质下层而难以计数, 又或直接被冲刷掉影响结果准确性。解决的办法是将玻片安放到顶端遮挡、但侧面敞开的简易装置中(如Durham sampler, 详见Ackerman & Kevan, 2005)。此外, 野外条件下携有花粉的昆虫可能误碰玻片而影响实验结果。因此, 在显微计数时应特别注意一些有明显触碰痕迹、花粉分布极不均匀的玻片, 样本量充足时可考虑将其删除; 还可通过观察确定玻片未被昆虫触碰、对玻片进行套网或在昆虫不活跃期(如夜间)悬挂玻片(Dafni & Dukas, 1986)等方法, 减少昆虫随机活动对风媒花粉捕获的干扰。

黏性玻片只能对空气中的花粉密度及传播距离进行相对定量测定, 精确测定需借助商业购买的空气颗粒取样器, 如英国Burkard Scientific公司的定量空气自动取样器和美国Sampling Technologies公司的Rotorod取样器。这些仪器都能在单位时间内

吸取固定体积的空气从而实现花粉密度的精确测定。前者在测定10 μm 以下花粉时效率较高, 而后者更适合测定大于10 μm 的花粉(Frenz, 1999)。

2.2 传粉者排除法

传粉者排除法(pollinator exclusion)是验证风媒传粉最直接有效的方法。一般来讲, 研究者需在植物开花前使用合适孔径的网袋, 套网隔绝潜在传粉者但允许风媒花粉进入, 将套网组(风媒)与自然对照组(风媒+虫媒)的坐果率和结籽率进行比较, 便能了解风媒传粉的生殖贡献情况(Kearns & Inouye, 1993)。Culley等(2002)总结了使用该方法对风媒虫媒混合传粉系统(ambophily)植物的研究, 发现不同植物中, 风媒的传粉贡献比例变化较大(8–93%), 但大部分处于中间水平。在实验过程中, 以下三类因素的影响可能导致实验结果不理想或难以解释, 需在野外引起重视。

其一为网袋因素。一般的网袋都空间有限, 在野外使用过程中很易与植物繁殖器官接触而影响有性生殖过程。为避免这种不利影响, 需对套网处理进行“升级”。如若隔绝的传粉者为鸟类, 则仅需使用支撑较好的细铁丝网即可(如Fang et al, 2012); 如果使用尼龙网袋或纱袋隔绝传粉昆虫, 最好使用硬铁丝等制作支架支撑网袋, 并在封口处用绳线或细铁丝密封(见《生物多样性》2007年第15卷第6期封面)。此外, 网袋的表面积较大可能富集空气中的花粉, 使得套网组接受比自然组更多的风媒花粉; 相反的情况, 尽管网袋孔径大于花粉直径, 网袋在某种程度上仍有可能阻挡风媒花粉的自由通行。因此, 为验证套袋对花粉的富集或阻碍, 需在套袋内外设置黏性玻片比较花粉密度, 以判断是否受到该类因素的影响(Sacchi & Price, 1988)。

其二为动物因素。套网往往无法隔绝某些小型昆虫的访问而影响实验结果。使用更小网孔的网袋或多层套网可以增加对小型昆虫访问的阻碍, 但也可能影响风媒花粉的进入。Baker和Cruden (1991)使用杀虫剂喷洒植物以驱除蓟马和蚜虫并取得了不错的效果。此外, 食花者(florivore)和食果者(frugivore)破坏花果可能影响有效数据的获取, 研究者应选择适当手段, 如增加套网时间等进行规避。

其三为植物因素。植物复杂的性系统(张大勇, 2004)、交配系统(陈小勇, 2004)和传粉系统(黄双全和郭友好, 2000)可能增加实验结果解读的复杂性。

研究者需在套网的基础上增加套袋(同时隔绝风媒和虫媒)和去雄处理并进行组合,判断自动自交(*autogamy*)和无融合生殖(*apomixis*)和风媒传粉植物中发生的可能性(技术路线详见图1)。

2.3 空气动力学

风媒传粉研究往往受诸多实际问题的限制,如人力成本制约大量黏性玻片的花粉计数,时间成本制约传粉者排除法的野外开展,因为从套网处理到结实率数据获取往往需要等候太长时间。在这种情况下,空气动力学则是一个很好的替代方法。研究者只需在野外快速收集研究物种的组织材料,通过干燥或冷冻等方法保存后带回实验室,开展后续实验即可。想在实验室内完全理解花粉在空气中的运动规律和实际效果是十分困难的,因为太多的变量需要考虑(见Ackerman & Kevan, 2005)。但就一般研究而言,风媒传粉效率主要受花粉终端沉降速度(*terminal settling velocity*, U_t)和周围气流加速场两个因素的影响(Niklas, 1985)。 U_t 可用来推测植物风媒传粉的可能性,风洞(*wind tunnel*)实验可以反映雌蕊周围气流加速场中花粉的真实运动情况,而电脑模拟可以对其进行计算和评估(Niklas & Buchmann, 1987; Bolinder et al, 2015)。

2.3.1 花粉沉降系数

U_t 就是在静止的气流中,花粉垂直下落达到稳定状态,即重力和阻力平衡后的运动速度(Niklas & Spatz, 2012),风媒传粉植物的 U_t 一般为2–6 cm/s (郭

友好, 1994)。密度低、体积小花粉往往 U_t 较小,因而具有更大的传播距离(Cresswell et al, 2010)。以下介绍测量 U_t 的两种常用方法及使用中的问题和改进建议:

(1)频闪摄影法。包括黑箱子和玻璃圆筒法,二者原理相似,只是提供花粉在静止气流中下落的装置不同:前者使用内壁涂有亚光材料以减少光散射的黑箱子(Niklas & Buchmann, 1987),后者使用圆柱形的玻璃圆筒(Bolinder et al, 2015)。测定技术均采用静止流体中花粉下落的频闪摄影技术。实验时需在黑暗的环境中放置好闪光灯和相机镜头,当闪光灯和相机快门打开的同时释放花粉,之后捕捉花粉的运动图像。使用匀速下落过程中两张连续图像的间距乘以闪光频率便可求得 U_t 。Bolinder等(2015)使用玻璃圆筒法测得*Ephedra foeminea*的 U_t 在4.7–21.44 cm/s之间,这种大的差异是由花粉的不同聚集程度引起的。Hirose和Osada (2016)的玻璃圆筒法也大致类似,只不过在玻璃圆筒底端安装发射波长为635 nm的激光装置,替代闪光灯照明以协助花粉运动过程的拍摄;他们研究的5种植物的 U_t 平均值分布在1.03–3.2 cm/s之间,花粉越大的物种, U_t 值越大。

(2)沉降塔法。沉降塔设备主要包括4个部分(详见Di-Giovanni et al, 1995; Borrell, 2012):花粉释放装置、双层圆柱筒(提供花粉下落所需的静止空气环境)、转盘(其上装载径向排列的单面涂有凡士林的玻片,并与花粉的释放同步进行)、控制面板(电动机

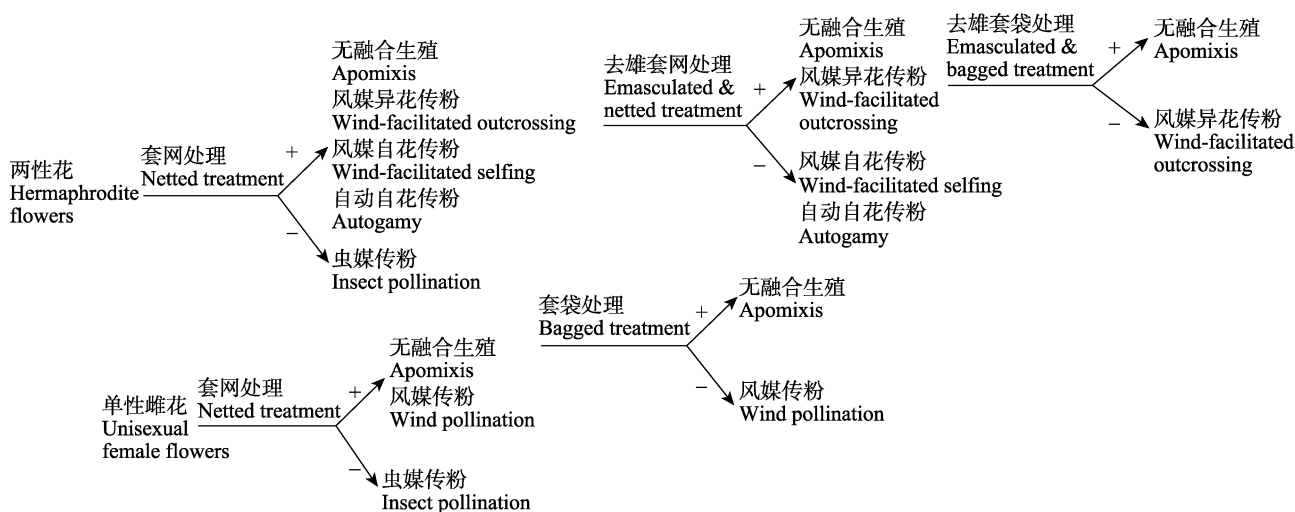


图 1 传粉者排除法结合传粉处理检验风媒传粉的技术路线。+表示结实率>0, -表示结实率=0。

Fig. 1 Technical routes to test wind pollination by pollinator exclusion and pollination treatments. + indicates seed set > 0, - indicates seed set = 0.

供电,可以控制圆盘转速)。实验中,花粉垂直下落距离已知,根据花粉在转盘玻片上的沉积位置和转盘转速来确定下落时间,最终求得 U_t 。Borrell (2012)对Di-Giovanni等(1995)的沉降塔设备加以改进,使用小型的振动刷代替原来的充气装置释放花粉,对6种禾本科和4种雪松属(*Cedrus*)植物的 U_t 进行快速测定;发现不同物种 U_t 差异显著,禾本科植物的 U_t 平均值在3.81–5.29 cm/s之间,显著低于雪松属植物的 U_t (6.72–9.18)。作者预测这种差异可以影响花粉的传播距离进而可能影响不同植物的遗传多样性和居群结构。

(3)问题和改进建议。为保证精确性, U_t 的测定最好采用新鲜或者冻存保鲜的花粉(Karl Niklas, 私人联系)。但对于一些野外采集后难以保鲜的花粉,终端沉降速度只能在野外实时测定。例如买麻藤(*Gnetum montanum*)的花药一旦离体或稍用力碰触便会氧化发黑,即使迅速–20℃冻存也无法避免(朱亚如, 个人观察)。另外,沉降塔设备在野外使用不便,Niklas和Buchmann (1987)的黑箱子法更加便捷。但在实际使用过程中,我们发现闪光灯的效果并不理想,而强光手电的效果更佳。可预先在黑箱内壁制作一些刻度条背景,便于记录花粉下落的距离。使用高清画质单反相机连续摄像,记录花粉匀速下落的距离和时间,即可求得 U_t 。

2.3.2 风洞实验

关于风洞实验,其工作场的建立需满足以下3个条件:(1)配备变速风扇。Niklas和Buchmann (1987)使用变速范围为0.20–15.5 m/s的风扇;(2)工作场中气流的稳定性。风洞中放置充满氦气的中性漂浮球,通过频闪照明观察球排出风洞的轨迹来判断(Niklas, 1984)。因闪光频率已知,该技术还可用来校准气流速度。实验中,也可借助风速仪对气流速度进行周期性检测;(3)相对均匀的花粉浓度。实验中释放的花粉量可由体积判断,释放点在风洞内部,花粉浓度可通过连续监测穿过拍摄区的花粉数量判断。Niklas和Buchmann (1987)对2种麻黄(*Ephedra trifurca*和*E. nevadensis*)的风洞实验结果显示,某一特定的风速下,植物在传粉过程中更易接受同种花粉。Cresswell等(2007)使用新鲜的花粉和雌球花材料,在风速和花粉密度均稳定的风洞中,对3种松科植物不同部位的花粉接受能力进行了比较,结果发现3种植物的迎风面均能接受约70%的花粉,背

风面只能接受约2%的花粉,而左右侧面接受的花粉比例在2种松属(*Pinus*)植物中无差异,但在*Cedrus libani*中却差异显著。

2.3.3 电脑模拟

基于风洞实验测定的不同物种花粉运动的差异,可通过电脑模拟来评估导致这种空气动力学差异的物理基础(Niklas & Buchmann, 1987; Cresswell et al, 2007)。电脑模拟前需获取的指标有:(1)花粉的密度、大小;(2)雌性生殖器官的大小、形态和普遍的朝向;(3)平均风速(Bolinder et al, 2015)。花粉密度测定可使用密度梯度离心法(Forster & Flenley, 1993),但如果 U_t 已知,也可以采用以下公式:

$$\rho = \frac{9U_t\mu}{2r^2g} + \rho_0$$

其中 r 是花粉半径, g 是重力加速度, ρ 和 ρ_0 分别是花粉和介质的密度, μ 是空气的动力粘度系数, U_t 是终端沉降速度(Niklas, 1985);而雌性生殖器官的形态和大小可根据实际情况使用数码拍照、MicroCT扫描仪或扫描电镜测定(Cresswell et al, 2007)。雌性生殖器官周围花粉行为的模拟详见Niklas和Kerchner (1986)设计的程序。Niklas和Buchmann (1987)使用电脑模拟*E. trifurca*和*E. nevadensis*胚珠周围气流场中花粉的运动行为,得到了与风洞实验相似的结果;并且预测,不同物种花粉大小和密度的差异,导致各物种花粉具有特定的惯性特征,结合不同物种胚珠所形成的特异空气动力微环境,即产生了风媒传粉过程中更易接受同种花粉的现象。Bolinder等(2015)的电脑模拟发现*E. foeminea*不具备任何风媒花粉捕捉的功能特征,这也与其虫媒传粉的早期观点一致。

3 风媒传粉影响因素的研究方法

传粉生物学的发展,已从单纯描述传粉现象向揭示传粉机理和传粉选择作用下植物的适应性进化等方向发展。因此,需对影响风媒传粉的因素进行研究,以更深入理解风媒传粉发生的原因和后果。影响风媒的因素很多,以下将其分为非生物和生物两大类,就其部分重要因素进行论述,更全面的因素总结见表1。

3.1 非生物因素

研究非生物因素,一般须在不同环境条件下,

在测量风媒传粉效率的基础上,对某个或几个关注的非生物因素进行测量(见表1),以寻找其中关联。风速、降雨量、温湿度等基础数据可从附近的气象站、野外工作台站等获取;但如果想了解实验居群微环境中的相关数据,则须针对性购买相关仪器进行测量。如我们购买的FODY TEMPUS Pro小型气象站,能够连续监测大部分影响风媒传粉的非生物因素。

风速是影响风媒传粉的一个重要因素,不但影响花粉的散播距离,同时还影响柱头对花粉的捕捉(Whitehead, 1969)。当风速大到可以克服花粉的 U_t ,但又不至于阻止柱头对花粉的接收时,同种个体间的花粉传递效率最高(Niklas, 1985; Culley et al, 2002)。鲁先文等(2008)使用风速计和黏性玻片法检验风速对沙棘(*Hippophae rhamnoides*)风媒传粉距离的影响,发现风速较低时花粉传播距离一般不超过25 m;但风速超过3.5 m/s时,顺风花粉传播距离可高至85 m。Molina等(2001)使用Burkard定量空气自动取样器研究车前属(*Plantago*)植物花粉密度与环境因素的关系,发现温度、湿度和风速对空气中的花粉密度均有显著影响。

高降雨量带来的湿度增加可影响花粉的聚集程度,风媒花粉在潮湿空气中极易变黏而导致 U_t 增加;湿度还能影响花药的脱水程度,从而影响花粉的释放(Niklas, 1985)。降雨最直接的影响就是“雨滴清除”现象,即适合大小的雨滴可在较短时间内清除空气中所有花粉(McDonald, 1962)。Gong等(2016)在晴雨两种天气条件下于小叶买麻藤(*Gnetum parvifolium*)雌雄株附近悬挂黏性玻片,发现晴天时,雌雄株附近玻片均能接收到花粉,但雨天时雌株附近玻片上却无花粉捕获。

3.2 生物因素

花粉的大小、密度、形态和超微结构都能影响风媒传粉效率,风媒花粉的大小一般在20–40 μm ,表面平滑干燥以减少花粉聚集(Ackerman & Kevan, 2005),一些风媒物种的花粉壁内部存在大量空白区域,有利于增加其浮力(Wodehouse, 1935)。利用电镜技术就能清楚观察到花粉表面和内部结构差异(Tekleva, 2016)。Bolinder等(2015)利用扫描和透射电镜技术对麻黄属植物的花粉进行研究,发现花粉壁的超微结构与终端沉降速度是相关联的,花粉壁顶盖下层空间内颗粒物质的相对比例和数量共

同决定花粉密度,并与整体的大小一起决定 U_t ,进而影响花粉散播能力。

而花柱的结构也十分重要,花柱暴露性、柱头黏性和表面积的增加都有利于提高风媒花粉捕获效率,如裸子植物能分泌传粉滴、禾本科植物具羽毛状或帚刷状柱头等(Faegri & van der Pijl, 1979)。朱俊义等(2014)利用扫描电镜技术,发现部分桦木科植物的花柱表皮细胞能形成乳突,有利于增加花粉接受面积从而提高风媒传粉效率。

除以上花部构成因素外,开花式样也能对风媒传粉产生重要影响(Friedman & Barrett, 2009)。一般来讲,风速随着高度的增加而增加,对于风媒传粉的雌雄同株物种,雄花处于较高位置更有利于花粉的散播(Bickel & Freeman, 1993)。Niklas (1987)利用风洞实验,发现紧凑和弥散型圆锥花序在花粉接受方面具二态性,即紧凑型圆锥花序对气流的阻力较大,所以花粉在花序的上风向处偏离,而在下风向处通过沉降被捕捉;而弥散型圆锥花序对气流的阻力较小,因此大部分的花粉在上风向处与花序碰撞并被捕捉。Friedman和Harder (2004)采用花序捆绑固定法以减少花序的随风移动幅度,发现该处理降低了紧凑型圆锥花序的花粉移出量,但不影响柱头花粉接受量;而在弥散型花序中,花粉的移出量不受影响,但柱头花粉接受量却显著降低。

4 结语

在自然界中,仅根据风媒传粉综合征(wind pollination syndrome; 表1; Faegri & van der Pijl, 1979)来判断风媒传粉的有无是不全面的,有些植物即使不完全具备这些典型特征,也可能具有风媒传粉模式(Gong et al, 2016)。在全球气候变化、生境片段化、生物入侵等自然选择压力下,植物某些细微特征的改变,都有可能带来传粉模式的转变(Friedman, 2011)。

相对于动物传粉研究,目前我国风媒传粉研究所关注的植物种类仍十分有限。已发表的论文大多仅描述风媒植物的适应特征(如朱俊义等, 2014),或使用野外实验方法研究风媒传粉的影响因素和生殖贡献(如鲁先文等, 2008; 崔大练等, 2008),目前仍未见空气动力学方法在我国风媒传粉研究中的应用。此外,仅有少量研究关注风媒与动物媒的并存现象及传粉转变的适应意义(Huang et al, 2013;

Gong et al, 2016; Wang et al, 2016)。

风媒传递的花粉往往体积较小而肉眼难辨, 相对于可直接观察的动物传粉过程, 其在野外研究中的隐蔽性更强。在野外实验中, 研究者应首选使用“花粉捕获法+传粉者排除法”的组合方法, 明确风媒传粉的可能性和生殖贡献大小。野外时间充足时, 应在各种环境条件下使用该组合方法对比测量风媒传粉效率。如野外条件受限, 研究者应快速收集相关植物组织材料, 在实验室内开展空气动力学研究。然而, 野外实验和室内方法并不能相互替代, 两类方法的综合对比运用才能由表及里地揭示自然传粉现象和发生机理(黄双全, 2012)。同时应特别注意, 风媒和虫媒传粉可并存于一种植物, 此类研究应结合使用传粉昆虫行为的研究方法(龚燕兵和黄双全, 2007)。本文就风媒传粉的研究方法进行了相对全面的总结和评价, 希望能对我国开展相关研究的学者有所裨益。

致谢: 感谢郭友好教授和Karl J. Niklas教授提供的宝贵资料和建议!

参考文献

- Ackerman JD (2000) Abiotic pollen and pollination: ecological, functional, and evolutionary perspectives. *Plant Systematics and Evolution*, 222, 167–185.
- Ackerman JD, Kevan PG (2005) Abiotic pollination. In: *Practical Pollination Biology* (eds Dafni A, Kevan PG, Husband BC), pp. 435–480. Enviroquest Ltd., Cambridge.
- Baker JD, Cruden RW (1991) Thrips-mediated self-pollination of two facultatively xenogamous wetland species. *American Journal of Botany*, 78, 959–963.
- Bawa KS (1990) Plant-pollinator interactions in tropical rain forests. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 21, 399–422.
- Bickel AM, Freeman DC (1993) Effects of pollen vector and plant geometry on floral sex ratio in monoecious plants. *American Midland Naturalist*, 130, 239–247.
- Bolinder K, Niklas KJ, Rydin C (2015) Aerodynamics and pollen ultrastructure in *Ephedra*. *American Journal of Botany*, 102, 457–470.
- Borrell JS (2012) Rapid assessment protocol for pollen settling velocity: implications for habitat fragmentation. *Bioscience Horizons*, 5, 1–9.
- Chen XY (2004) Mating systems. In: *Plant Life-History Evolution and Reproductive Ecology* (ed. Zhang DY), pp. 258–279. Science Press, Beijing. (in Chinese) [陈小勇 (2004) 交配系统. 见: 植物生活史进化与繁殖生态学 (张大勇主编), 258–279页. 科学出版社, 北京.]
- Cox PA (1991) Abiotic pollination: an evolutionary escape for animal-pollinated angiosperms. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 333, 217–224.
- Cresswell JE, Henning K, Pennel C, Lahoubi M, Patrick MA, Young PG, Tabor GR (2007) Conifer ovulate cones accumulate pollen principally by simple impaction. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 104, 18141–18144.
- Cresswell JE, Krick J, Patrick MA, Lahoubi M (2010) The aerodynamics and efficiency of wind pollination in grasses. *Functional Ecology*, 24, 706–713.
- Cui DL, Man XL, Ma YX, Zhang YS (2008) Study on pollination ecology of *Paris verticillata* M.-Bieb. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 28, 298–302. (in Chinese with English abstract) [崔大练, 满秀玲, 马玉心, 张玉生 (2008) 北重楼传粉生态学研究. 西北植物学报, 28, 298–302.]
- Culley TM, Weller SG, Sakai AK (2002) The evolution of wind pollination in angiosperms. *Trends in Ecology & Evolution*, 17, 361–369.
- Dafni A, Dukas R (1986) Insect and wind pollination in *Urginea maritima* (Liliaceae). *Plant Systematics and Evolution*, 154, 1–10.
- Darwin C (1876) *The Effects of Cross and Self Fertilisation in the Vegetable Kingdom*. John Murray, London.
- Di-Giovanni F, Kevan PG, Nasr ME (1995) The variability in settling velocities of some pollen and spores. *Grana*, 34, 39–44.
- Dodd ME, Silvertown J, Chase MW (1999) Phylogenetic analysis of trait evolution and species diversity variation among angiosperm families. *Evolution*, 53, 732–744.
- Elzinga JA, Atlan A, Biere A, Gigord L, Weis AE, Bernasconi G (2007) Time after time: flowering phenology and biotic interactions. *Trends in Ecology & Evolution*, 22, 432–439.
- Faegri K, van der Pijl L (1979) *The Principles of Pollination Ecology*, 3rd edn. Pergamon Press, Oxford.
- Fang Q, Chen YZ, Huang SQ (2012) Generalist passerine pollination of a winter-flowering fruit tree in central China. *Annals of Botany*, 109, 379–384.
- Forster M, Flenley JR (1993) Pollen purification and fractionation by equilibrium density gradient centrifugation. *Paleontology*, 17, 137–155.
- Frenz DA (1999) Comparing pollen and spore counts collected with the Rotorod Sampler and Burkard spore trap. *Annals of Allergy, Asthma & Immunology*, 83, 341–349.
- Friedman J (2011) Gone with the wind: understanding evolutionary transitions between wind and animal pollination in the angiosperms. *New Phytologist*, 191, 911–913.
- Friedman J, Barrett SCH (2009) Wind of change: new insights on the ecology and evolution of pollination and mating in wind-pollinated plants. *Annals of Botany*, 103, 1515–1527.

- Friedman J, Harder LD (2004) Inflorescence architecture and wind pollination in six grass species. *Functional Ecology*, 18, 851–860.
- Gong YB, Huang SQ (2007) On methodology of foraging behavior of pollinating insects. *Biodiversity Science*, 15, 576–583. (in Chinese with English abstract) [龚燕兵, 黄双全 (2007) 传粉昆虫行为的研究方法探讨. 生物多样性, 15, 576–583.]
- Gong YB, Yang M, Vamosi JC, Yang HM, Mu WX, Li JK, Wan T (2016) Wind or insect pollination? Ambophily in a subtropical gymnosperm *Gnetum parvifolium* (Gnetales). *Plant Species Biology*, 31, 272–279.
- Guo YH (1994) Pollination biology and the evolution of plants. In: *Plant Evolutionary Biology* (eds Chen JK, Yang J), pp. 232–280. Wuhan University Press, Wuhan. (in Chinese) [郭友好 (1994) 传粉生物学与植物的进化. 见: 植物进化生物学 (陈家宽, 杨继主编), 232–280页. 武汉大学出版社, 武汉.]
- Hegland SJ, Nielsen A, Lázaro A, Bjerknes AL, Totland Ø (2009) How does climate warming affect plant-pollinator interactions? *Ecology Letters*, 12, 184–195.
- Hirose Y, Osada K (2016) Terminal settling velocity and physical properties of pollen grains in still air. *Aerobiologia*, 32, 385–394.
- Huang SQ (2012) Pollination biology in China in the 21st century: getting a good start. *Biodiversity Science*, 20, 239–240. (in Chinese) [黄双全 (2012) 二十一世纪中国传粉生物学的研究: 良好的开端. 生物多样性, 20, 239–240.]
- Huang SQ, Guo YH (2000) Advances in pollination biology. *Chinese Science Bulletin*, 45, 225–237. (in Chinese) [黄双全, 郭友好 (2000) 传粉生物学的研究进展. 科学通报, 45, 225–237.]
- Huang SQ, Xiong YZ, Barrett SCH (2013) Experimental evidence of insect pollination in Juncaceae, a primarily wind-pollinated family. *International Journal of Plant Sciences*, 174, 1219–1228.
- Ickert-Bond SM, Renner SS (2016) The Gnetales: recent insights on their morphology, reproductive biology, chromosome numbers, biogeography, and divergence times. *Journal of Systematics and Evolution*, 54, 1–16.
- Jin B, Zhang L, Lu Y, Wang D, Jiang XX, Zhang M, Wang L (2012) The mechanism of pollination drop withdrawal in *Ginkgo biloba* L. *BMC Plant Biology*, 12, 59.
- Kato M, Inoue T (1994) Origin of insect pollination. *Nature*, 368, 195.
- Kearns CA, Inouye DW (1993) *Techniques for Pollination Biologists*. University Press of Colorado, Niwot.
- Kono M, Tobe H (2007) Is *Cycas revoluta* (Cycadaceae) wind- or insect-pollinated? *American Journal of Botany*, 94, 847–855.
- Linder HP (1998) Morphology and the evolution of wind pollination. In: *Reproductive Biology in Systematics, Conservation and Economic Botany* (eds Owens SJ, Rudall PJ), pp. 123–135. Royal Botanic Gardens, Kew.
- Lu XW, Ma RJ, Sun K (2008) Determination of the wind pollination distances and flowering characteristics of *Hippophae rhamnoides* L. ssp. *sinensis* Rousi (Elaeagnaceae). *Acta Ecologica Sinica*, 28, 2518–2525. (in Chinese with English abstract) [鲁先文, 马瑞君, 孙坤 (2008) 中国沙棘(*Hippophae rhamnoides* L. ssp. *sinensis* Rousi)的开花特性及风媒传粉距离的检测. 生态学报, 28, 2518–2525.]
- McDonald JE (1962) Collection and washout of airborne pollens and spores by raindrops. *Science*, 135, 435–437.
- Molina RT, Palacios IS, Rodríguez AFM, Muñoz JT, Corchero AM (2001) Environmental factors affecting airborne pollen concentration in anemophilous species of *Plantago*. *Annals of Botany*, 87, 1–8.
- Niklas KJ (1984) The motion of windborne pollen grains around conifer ovulate cones: implications on wind pollination. *American Journal of Botany*, 71, 356–374.
- Niklas KJ (1985) The aerodynamics of wind pollination. *The Botanical Review*, 51, 328–386.
- Niklas KJ (1987) Pollen capture and wind-induced movement of compact and diffuse grass panicles: implications for pollination efficiency. *American Journal of Botany*, 74, 74–89.
- Niklas KJ (2015) A biophysical perspective on the pollination biology of *Ephedra nevadensis* and *E. trifurca*. *The Botanical Review*, 81, 28–41.
- Niklas KJ, Buchmann SL (1987) Aerodynamics of pollen capture in two sympatric *Ephedra* species. *Evolution*, 41, 104–123.
- Niklas KJ, Kerchner V (1986) Aerodynamics of *Ephedra trifurca*. II. Computer modelling of pollination efficiencies. *Journal of Mathematical Biology*, 24, 1–24.
- Niklas KJ, Spatz HC (2012) *Plant Physics*. University of Chicago Press, Chicago.
- Ollerton J, Erenler H, Edwards M, Crockett R (2014) Extinctions of aculeate pollinators in Britain and the role of large-scale agricultural changes. *Science*, 346, 1360–1362.
- Owens JN, Takaso T, Runions CJ (1998) Pollination in conifers. *Trends in Plant Science*, 3, 479–485.
- Peng DL, Zhang ZQ, Niu Y, Yang Y, Song B, Sun H, Li ZM (2012) Advances in the studies of reproductive strategies of alpine plants. *Biodiversity Science*, 20, 286–299. (in Chinese with English abstract) [彭德力, 张志强, 牛洋, 杨扬, 宋波, 孙航, 李志敏 (2012) 高山植物繁殖策略的研究进展. 生物多样性, 20, 286–299.]
- Regal PJ (1982) Pollination by wind and animals: ecology of geographic patterns. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 13, 497–524.
- Sacchi CF, Price PW (1988) Pollination of the arroyo willow, *Salix lasiolepis*: role of insects and wind. *American Journal of Botany*, 75, 1387–1393.
- Tekleva M (2016) Pollen morphology and ultrastructure of several *Gnetum* species: an electron microscopic study. *Plant Systematics and Evolution*, 302, 291–303.

- Vamosi JC, Knight TM, Steets JA, Mazer SJ, Burd M, Ashman TL (2006) Pollination decays in biodiversity hotspots. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 103, 956–961.
- Wang LL, Zhang C, Yang ML, Zhang GP, Zhang ZQ, Yang YP, Duan YW (2016) Intensified wind pollination mediated by pollen dimorphism after range expansion in an ambophilous biennial *Aconitum gymnandrum*. *Ecology and Evolution*, 7, 541–549.
- Wang Q, Li CL, Yang SY, Huang R, Chen FL (1997) Pollination biology of *Cycas panzhihuaensis* L. Zhou et S. Y. Yang. *Acta Botanica Sinica*, 39, 156–163. (in Chinese with English abstract) [王乾, 李朝鑫, 杨思源, 黄荣, 陈发林 (1997) 攀枝花苏铁传粉生物学研究. *植物学报*, 39, 156–163.]
- Wang XQ, Ran JH (2014) Evolution and biogeography of gymnosperms. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 75, 24–40.
- Wetschnig W, Depisch B (1999) Pollination biology of *Welwitschia mirabilis* HOOK. f. (Welwitschiaceae, Gnetales). *Phyton*, 39, 167–183.
- Whitehead DR (1969) Wind pollination in the angiosperms: evolutionary and environmental considerations. *Evolution*, 23, 28–35.
- Wodehouse RP (1935) *Pollen Grains: Their Structure, Identification and Significance in Science and Medicine*. McGraw-Hill, New York.
- Zhang DY (2004) *Plant Life-History Evolution and Reproductive Ecology*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [张大勇 (2004) 植物生活史进化与繁殖生态学. 科学出版社, 北京.]
- Zhu JY, Zhang LF, Shen P, Ren BQ, Liang Y, Chen ZD (2014) Wind pollination characteristics of styles in Betulaceae. *Chinese Bulletin of Botany*, 49, 524–538. (in Chinese with English abstract) [朱俊义, 张力凡, 沈鹏, 任保青, 梁宇, 陈之端 (2014) 桦木科植物花柱适应风媒传粉的特征. *植物学报*, 49, 524–538.]

(责任编辑: 黄双全 责任编辑: 时意专)

•综述•

葡萄座腔菌科真菌的系统学和多样性探讨

李文英^{1,2,3*} 李 夏¹ 解开治¹ 邓旺秋² 庄文颖³

1 (广东省农业科学院农业资源与环境研究所农业部南方植物营养与肥料重点实验室/广东省养分资源循环利用与耕地保育重点实验室, 广州 510640)

2 (广东省微生物研究所省部共建华南应用微生物国家重点实验室, 广州 510070)

3 (中国科学院微生物研究所真菌学国家重点实验室, 北京 100101)

摘要: 葡萄座腔菌科的真菌是子囊菌中重要的代表性类群, 是农林生态系统中重要的组成部分。该类真菌物种资源丰富、全型特征多样, 包括许多具有重要经济价值和生态功能的类群, 隶属于子囊菌门(Ascomycota)果囊菌亚门(Pezizomycotina)座囊菌纲(Dothideomycetes)葡萄座腔菌目(Botryosphaeriales)。本文在概述葡萄座腔科真菌生态功能的基础上, 回顾了一百年来该类真菌目、科、属和种各级分类单元的建立及其系统分类研究历史, 重点评述以 von Arx & Müller 和 Barr 提出的两大分类系统, 总结了基于全型形态特征和多基因序列分析的现代分子系统学研究现状。虽然该类的分类系统日趋完善, 但中国的相关研究存在资源挖掘不够深入、研究的系统性不足等问题。主要针对资源挖掘必要性、分类依据科学性、物种特征全息化等几个方面存在的问题进行了分析和讨论, 并对未来研究方向进行展望, 以期为该类真菌的深入研究与开发利用提供科学依据。

关键词: 葡萄座腔菌目; 葡萄座腔菌科; 系统分类学; 生物多样性; 系统发育

Systematics and species diversity of botryosphaeriaceous fungi

Wenying Li^{1,2,3*}, Xia Li¹, Kaizhi Xie¹, Wangqiu Deng², Wenying Zhuang³

1 Key Laboratory of Plant Nutrition and Fertilizer in South Region, Ministry of Agriculture/Guangdong Key Laboratory of Nutrient Cycling and Farmland Conservation, Institute of Agricultural Resources and Environment, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640

2 State Key Laboratory of Applied Microbiology Southern China, Guangdong Institute of Microbiology, Guangzhou 510070

3 State Key Laboratory of Mycology, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101

Abstract: Botryosphaeriaceous fungi are an important ascomycete group (Botryosphaeriales, Dothideomycetes, Pezizomycotina, Ascomycota). They play essential roles in economic and ecological environments, especially in agroforestry ecosystems. In this overview, we introduce a wide variety of ecological functions of botryosphaeriaceous fungi. The taxonomic studies of the family Botryosphaeriaceae in its early stages have been reviewed in details since 1823, especially the two major classification systems proposed by von Arx & Müller and Barr. The research status, progress based on holomorphological characteristics and multilocus DNA sequence data are summarized towards updating our understanding of species diversity and classification systems of the group. In addition, the research history, current status and work to be done of the group in China are briefly stated. Problems regarding biodiversity and phylogeny are discussed. Research perspectives are proposed based on taxonomic features, species concepts and exploration of bioresources. This review is expected to provide useful information about effective utilization of fungal resources and control of the harmful effects of botryosphaeriaceous fungi.

Key words: Botryosphaeriales; Botryosphaeriaceae; systematic; biodiversity; phylogeny

葡萄座腔菌科真菌(botryosphaeriaceous fungi) 是子囊菌中重要的代表性类群, 其典型特征为: 子

收稿日期: 2017-07-25; 接受日期: 2017-08-15

基金项目: 科技部基础性工作专项(2013FY110400)、省部共建华南应用微生物国家重点实验室开放基金(SK-LAM001-2016)、真菌学国家重点实验室开放课题(SKLMKF201404)、广州市科技计划项目(201707010044, 201607010062)。

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: liwenying2006@126.com

囊果和分生孢子果为葡萄状子座型, 子囊双囊壁, 子囊孢子和分生孢子较大, 椭圆形至纺锤形, 许多是具有重要经济价值和生态功能的类群, 隶属于子囊菌门(Ascomycota)果囊菌亚门(Pezizomycotina)座囊菌纲(Dothideomycetes)葡萄座腔菌目(Botryosphaeriales) (Kirk et al, 2008; Phillips et al, 2013)。该类真菌为世界性分布, 寄生或腐生于单子叶植物、双子叶植物或裸子植物等寄主上, 主要生于木本植物的树干和枝条, 也发生于草本植物的叶片或茎秆上, 甚至地衣体上。有些为植物内生菌或腐生菌, 在自然界的生态平衡、物质能量循环中发挥一定作用, 有些则为植物病原菌, 引起许多重要植物病害, 具有重要的经济影响(Barr, 1987; Denman et al, 2000; Slippers & Wingfield, 2007)。

本文在分析葡萄座腔菌科真菌生态功能和回顾分类研究历史的基础上, 总结国内外研究进展, 分析中国研究现状, 并对未来的研究进行展望, 以期该类真菌的深入研究与开发利用提供科学参考。

1 生态功能及经济重要性

葡萄座腔菌科真菌及其相关类群的属和种丰富、形态各异、生态多样, 分布于除极地以外的所有地理和气候区域, 营腐生、寄生或内生生活, 在长势衰弱、濒临死亡或刚刚枯死的木本植物组织上较为常见, 大多数种类可以在人工培养基上生长(Denman et al, 2000; Huang et al, 2008)。它们占据着不同的生态位, 在农林生态系统中行使着各自不同的生态学功能。

该科真菌有些成员是植物腐生菌, 主要腐生或附生于各种乔木和灌木植物性基质上, 是农林生态系统中的重要组成。如色二孢属(*Diplodia*)真菌的一些种可有效降解木质素和纤维素, 分解枯枝落叶, 对保护生物多样性和维持生态平衡具有重要的意义(Sivanesan, 1984; Barr, 1987)。

还有些成员是熟知的植物内生菌, 可产生生物活性物质, 在生物防治和医药方面具有一定的应用前景。如毛色二孢属(*Lasiodiplodia*)的一些种, 具抗菌活性, 可促进名贵中药沉香的结香过程(韩晓敏等, 2014; Wei et al, 2014), 对羊蹄甲白粉病菌也具有拮抗作用(Kumar & Singh, 2009)。有些种对污染物具有降解或钝化效应, 在污染环境生物修复方面

具有应用前景(张志远等, 2012; Deng et al, 2014)。

葡萄座腔菌科真菌的更多成员为弱寄生菌, 条件适宜时易引起植物病害, 对农林生产具有重要的影响(吴小芹等, 2001; Slippers & Wingfield, 2007; Cunnington et al, 2009)。特别是葡萄座腔菌属(*Botryosphaeria*)、新壳梭孢属(*Neofusicoccum*)、色二孢属、小穴壳孢属(*Dothiorella*)、毛色二孢属等的优势类群会引起流胶、茎枯、梢枯、枝枯、溃疡、蒂腐、根腐、炭腐等多种植物病害(Slippers et al, 2007; Chen et al, 2011; Machado et al, 2014; Xu et al, 2015b), 寄生或腐生于多种作物果实, 引起果腐、环腐、蕉腐、轮纹等果实病害或采后货架期病害(Xu et al, 2015a; Zhou et al, 2015; Huang et al, 2016)。

葡萄座腔菌科及其相关类群的许多成员与人类生活及农林产业紧密相联, 引起了人们对它们的密切关注。由于该类真菌历经葡萄座腔菌属(1863)、葡萄座腔菌科(1918)、葡萄座腔菌目(2006)的分类地位变化, 广义的葡萄座腔菌类真菌囊括了以葡萄座腔菌科为主的葡萄座腔菌目中的相关类群, 许多属和种的归属目前还处于不断修订中。在百余年的研究历程中(1863–2016), 该类真菌分类地位和包含成员虽几经变化, 但主要属于葡萄座腔菌科, 本文仅以狭义的葡萄座腔菌科真菌的系统学和多样性为主线探讨其研究进展及未来展望。

2 经典分类研究

2.1 葡萄座腔菌科的建立及其概述

葡萄座腔菌科由Theissen和Sydow (1918)建立, 当时隶属于子囊菌门盘菌纲(Discomycetes)座囊菌亚纲(Dothideineae)假球壳菌目(Pseudosphaeriales), 囊括葡萄座腔菌属、暗葡萄座腔菌属(*Phaeobotryon*)和双葡萄座腔菌属(*Dibotryon*)等3个属。该科包含形态各异的一类真菌, 分类和命名等方面的变化多样, 曾有3,000多个名称与Botryosphaeriaceae相关(<http://www.indexfungorum.org/Names/names.asp>)。根据最新分类观点, 目前葡萄座腔菌科被处理为子囊菌门座囊菌纲下未定亚纲葡萄座腔菌目的模式科, 普遍认可包括约20属约180种, 其中葡萄座腔菌属为模式属(Phillips et al, 2013; Slippers et al, 2013; Dissanayake et al, 2016; 图1)。

2.2 历史与进展

葡萄座腔菌科真菌及其相关类群最早的研究

可以追溯到Fries在1823年以球壳孢(*Sphaeria dothidea*)为名对葡萄座腔菌(*Botryosphaeria dothidea*)的报道。Cesati和Notaris在1863年建立的葡萄座腔菌属,是指一类具球状、双囊壁子囊、能引起木本植物坏死的子囊菌,但当时没有指定模式种。1877年, Saccardo修订一些前述的种类,较为详细地描述

了该属的形态特征。1909年, Höhnelt曾建议将*B. berengeriana*作为该属的后选模式;而1915年, Theissen和Sydow却建议将*B. quercuum*作为后选模式。由于Cesati和De Notaris建立葡萄座腔菌属时没有包括上述2个种, Barr (1972)否定了他们的建议,提出将葡萄座腔菌作为该属的后选模式种,该提议被后人普遍采纳。Slippers等(2004)根据新指定的模式和附加模式明确了葡萄座腔菌的概念,并给予该属科学的描述。

Theissen在1916年曾将假球壳菌科归入多腔菌目(Myriangiales); 1917年, Theissen和Sydow认为假球壳菌科应该与座囊菌科(Dothideaceae)合并; 1918年建立座囊菌亚纲,囊括假球壳目葡萄座腔菌科葡萄座腔菌属。Theissen和Sydow (1918)建立葡萄座腔菌科时,曾将该科处理为假球壳菌科(Pseudosphaeriaceae)的一个亚科; Petrak (1923)否定他们的分类处理,把葡萄座腔菌属归入球壳菌目(Sphaeriales)中格孢腔菌科(Pleiosporaceae)的假球壳菌亚科(Pseudosphaeriaceae)。

Miller (1928, 1938)指出形成子囊果及子囊果包被的细胞组织存在根本的差异,这些不同的组织类型与子囊果中心体特征相关联。球壳菌目具典型子囊壳(perithecial ascomata)和侧丝,而座囊菌目子囊果为子囊座(ascostromatic ascomata),无侧丝。由于葡萄座腔菌属成员缺乏真正的子囊壳包被,所以从假球壳菌科转入座囊菌目。Nannfeldt (1932)将真子囊菌纲真菌分为3类:子囊果为闭囊壳类型(cleistothecial forms),子囊在子囊果内不规则散生,归入闭囊壳菌类(plectascales);子囊座类型(ascostromatic forms),子囊在预先形成的子座空腔内形成,被归入囊腔菌类(Ascoloculares);典型的球壳目,即子囊在子实层内生长发育的类群被归入子囊膜目(Ascohymeniales)。尽管这些术语当时没有被广泛接受,但它们与后来Luttrell(1955)提出的双囊壁(bitunicate)类群和单囊壁(unitunicate)类群的术语内涵基本一致。

Luttrell (1951, 1955)强调子囊果个体发育特性在分类上的重要性,提出核菌类(pyrenomycetous fungi)存在2种主要形态类型:单囊壁类子囊菌和双囊壁类子囊菌(腔子囊菌)。Luttrell (1951)还明确指出8种中心体发育类型,强调子囊间不育丝状体组织的在分类学上的重要性。根据假球壳菌科成员的

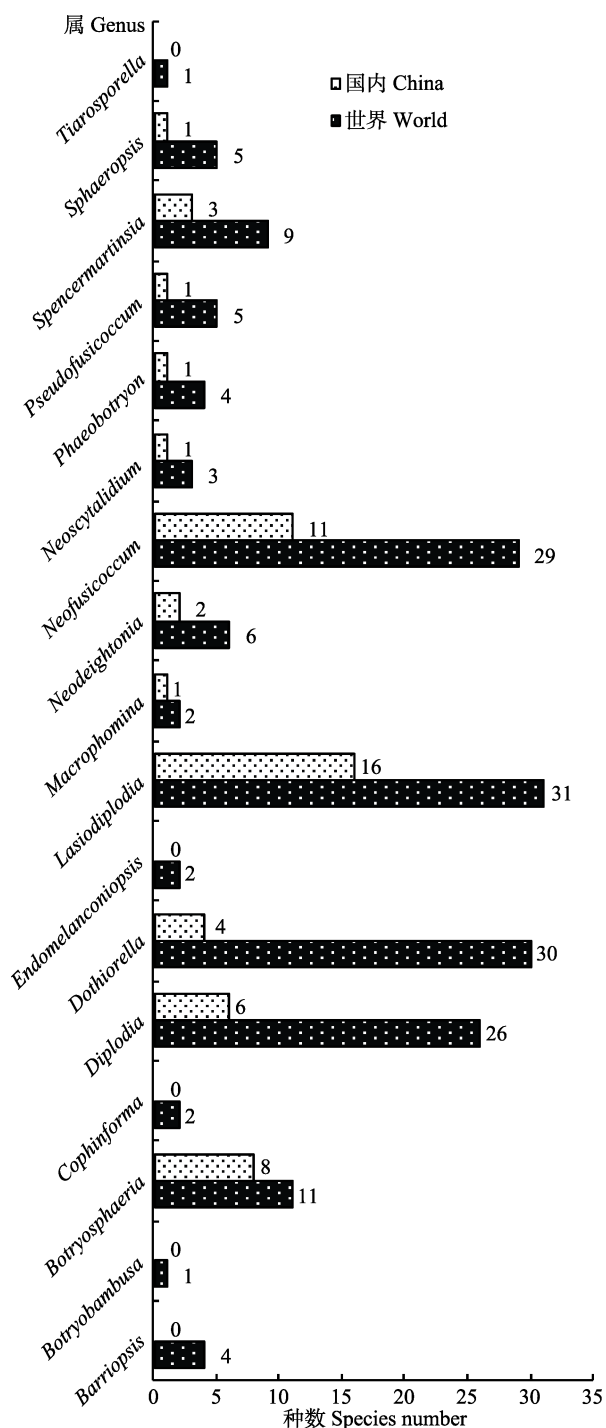


图1 葡萄座腔菌科属种多样性

Fig. 1 Diversity of genera and species in Botryosphaeriaceae

中心体类型将其移入座囊菌目,至此假球壳菌目不复存在。Luttrell (1955)用格孢腔菌目(Pleosporales)取代了假球壳菌目,其中重要类群葡萄腔菌属成员具备格孢腔菌型(Pleospora)中心体发育类型,因此归入格孢腔菌目。尽管Parguey-Leduc (1966)为葡萄座腔菌具备典型的格孢腔菌型中心体特征提供了确凿证据,但Barr (1972)并没有仔细研究子囊间组织清晰可见的该物种标本,在她的早期著作中,仍将葡萄座腔菌属归入座囊菌目。Barr (1979)之后承认葡萄座腔菌科具备典型的格孢腔菌型中心体特征,从而建立了比较成熟的分类系统,确定这类真菌应归入格孢腔菌目,该目中葡萄座腔菌科包括模式属葡萄座腔菌属等9个属(Barr, 1983, 1987)。上述观点得到一些学者的支持,如Eriksson (1981)强调葡萄座腔菌科主要成员中心体具备假囊壳和假侧丝等。

von Arx和Müller (1954, 1975)对葡萄座腔菌科与座囊菌科等相近科之间的区别特征进行了讨论,指出Luttrell (1955, 1973)和Barr (1972)承认的葡萄座腔菌科是由许多没有关联的属组成,对部分类群的归属处理不当,采用的分类学特征存在一些重叠与交叉,如球座菌属(*Guignardia*)和葡萄座腔菌属是近似属,不应该将它们归入座囊菌目和格孢腔菌目两个不同的目中,因此把所具有双囊壁的子囊菌都归入座囊菌目,由两个亚目和包括葡萄座腔菌科在内的34科组成,葡萄座腔菌科内承认14个属。之后的一些学者支持这个观点,如Sivanesan (1984)把葡萄座腔菌属和球座菌属都归入座囊菌目下的葡萄座腔菌科, Hawksworth等(1995)把以葡萄座腔菌属为代表的5个属归入座囊菌目中的葡萄座腔菌科。这种两个主要分类系统分庭抗礼的局面一直持续到20世纪90年代末分子系统学的出现(图2)。

3 基于分子系统学的属和种的多样性研究

DNA序列为探讨真菌界物种、属以至门各级分类阶元的系统发育关系提供了新的依据。Berbee (1996)利用18S rRNA的基因序列研究了腔菌纲(Loculoascomycetes)中各级分类单元之间的系统发育关系,然而,由于所使用的分析方法不同,葡萄座腔菌科2个属即葡萄座腔菌属和球座菌属的分类地位变化很大,在邻接树(neighbour-joining tree)中,大部分物种与座囊菌目中座囊菌属(*Dothidea*)的种

类聚在一起,但在最大似然树(maximum likelihood tree)中,它们则聚在格孢腔菌目中。在随后的18S rDNA序列研究中, Silva-Hanlin和Hanlin (1999)无法确定葡萄座腔菌属、球座菌属等葡萄座腔菌科进化支应归入座囊菌目还是格孢腔菌目。

Denman等(2000)回顾了葡萄座腔菌属及相关类群的分类研究历史,综合形态学和分子系统学的研究结果,重新分析了该类真菌的分类依据:该属真菌子囊和子囊孢子的特征比较稳定,但种间子囊孢子形态相近,大小重叠,很难用于划分种,故主要依据无性型的形态特征和分子证据来划分种, Kirk等(2001)在Ainsworth & Bisby's *Dictionary of the Fungi* (第9版)中记录该科7属69种。鉴于该类真菌的形态多样化,许多物种的概念过于宽泛, Crous等(2006)采用28S rDNA部分序列开展葡萄座腔菌科的分子系统学研究,指出广义的葡萄座腔菌属为多谱系类群,包括约20种,其无性型对应于当时18个腔孢菌类的属。Kirk等(2008)在Ainsworth & Bisby's *Dictionary of the Fungi* (第10版)中记录该科26属1,517种。

Schoch等(2006)基于座囊菌纲的96个分类单位的18S rRNA、28S rRNA、翻译延长因子1- α (EF1- α)和RNA聚合酶第二大亚基(RPB2)的基因序列数据构建了多基因系统树。结果表明,葡萄座腔菌属和球座菌属的所有成员聚类于一个进化分支,而与其他目关系疏远。为此建立一个新目,即葡萄座腔菌目,当时仅含葡萄座腔菌科。

近年来,分子证据大量用于子囊菌的系统分类,对葡萄座腔菌科及相关类群提出了许多不同的分类学观点(图2),承认了葡萄座腔科真菌的10–20个属不等(Lumbsch & Huhndorf, 2010; Hyde et al, 2011; Wijayawardene et al, 2012)。根据国际植物分类学会墨尔本会议修订的《国际藻类真菌及植物命名法规》和阿姆斯特丹宣言 (Hawksworth et al, 2011; McNeill et al, 2012),采用“一种真菌,一个名称”分类命名原则,无性阶段形态和培养特性纳入真菌系统分类研究,葡萄座腔菌科的概念及相关类群归属不断进行相应的清理与订正 (Kirk et al, 2013)。依据各属模式标本及相关分子证据特征, Liu等(2012)列出葡萄座腔科真菌27属, Hyde等(2013, 2014)列出该科28属,并对该科重要植物病原类群的系统分类和分子系统学研究进展进行了归纳总

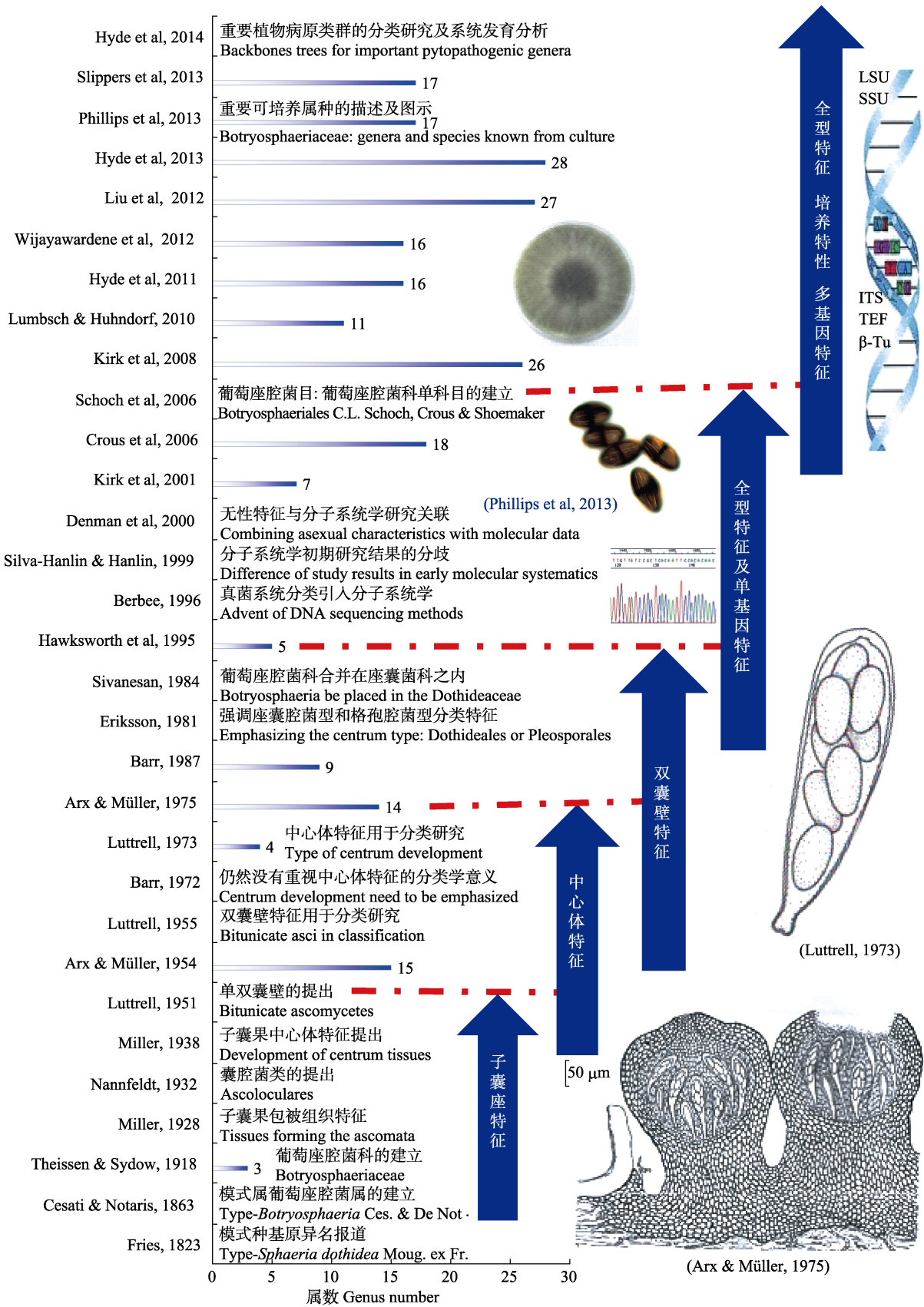


图2 葡萄座腔菌科研究进展年代记事表
Fig. 2 The chronicle table on research progresses in Botryosphaeriaceae

表1 葡萄座腔菌科及其各属研究进展和存在问题

Table 1 Research progresses and comments of genera in Botryosphaeriaceae

	存在的问题 Comments	主要文献 References
葡萄座腔菌科 Botryosphaeriaceae	模式科; 属种的分类与名称需要修订 Type family, many genera and species need to be corrected	Crous et al, 2006; Liu et al, 2012; Slippers et al, 2013; Phillips et al, 2013
<i>Barriopsis</i> A. J. L. Phillips et al, 2008	具分子证据, 但标本材料较少 A few molecular data, lack of fresh collections	Phillips et al, 2008; Abdollahzadeh et al, 2009; Doilom et al, 2014
<i>Botryobambusa</i> R. Phookamsak et al, 2012	单种属; 竹生, 具分子证据和全型特征 Monotypic genus on bamboo, some molecular data and holomorph characteristics	Liu et al, 2012; Hyde et al, 2013
葡萄座腔菌属 <i>Botryosphaeria</i> Ces. & De Not, 1863	模式属; 存在复合种, 大量记录名称仍需订正 Type genus, remaining species complex, lots of epithets need to be corrected	Denman et al, 2000; Slippers et al, 2004; Abdollahzadeh et al, 2013; Phillips et al, 2013
棺孢腔菌属 <i>Cophinforma</i> Doilom et al, 2012	具分子证据及全型特征, 需更多材料 A few molecular data and holomorph characteristics, lack of more fresh collections	Mehl et al, 2011; Liu et al, 2012; Phillips et al, 2013
色二孢属 <i>Diplodia</i> Fr, 1834	常见属; 大量记录名称需要清理与订正 Common genus, lots of epithets need to be corrected	Alves et al, 2004, 2014; Phillips et al, 2012, 2013
小穴壳孢属 <i>Dothiorella</i> Sacc, 1880	常见属; 大量记录名称需要订正, 缺乏有性材料 Common genus, lots of epithets need to be corrected, lack of teleomorph collections	Crous et al, 2006; Phillips et al, 2008; Phillips et al, 2013; Abdollahzadeh et al, 2014
<i>Endomelanconiopsis</i> E. I. Rojas & Samuels, 2008	具分子证据, 缺少有性特征材料 A few molecular data, lack of teleomorph collections	Rojas et al, 2008; Hyde et al, 2013
毛色二孢属 <i>Lasiodiplodia</i> Ellis & Everh, 1896	常见属; 具分子证据, 但有性特征材料较少 Common genus, some molecular data, but lack of fresh teleomorph collections	Alves et al, 2008; Abdollahzadeh et al, 2010; Phillips et al, 2008, 2013
亚大茎点菌属 <i>Macrophomina</i> Petr, 1923	较小属; 缺少更多分子证据及有性特征材料 Minor genus, lack of more molecular data and fresh teleomorph collections	Crous et al, 2006; Liu et al, 2012; Sarr et al, 2014
<i>Neodeightonia</i> C. Booth, 1970	新修订属; 具全型特征及分子证据 Revised genus, a few molecular data and holomorph characteristics	Punithalingam, 1969; Phillips et al, 2008, 2013; Liu et al, 2010, 2012; Hyde et al, 2013
新壳梭孢属 <i>Neofusicoccum</i> Crous, 2006	常见属; 具分子证据及全型特征 Common genus, a few molecular data and holomorph characteristics	Crous et al, 2006; Abdollahzadeh et al, 2013; Phillips et al, 2013; Hyde et al, 2014
新暗色柱节孢属 <i>Neoscytalidium</i> Crous & Slippers, 2006	具分子证据, 缺少有性特征材料 A few molecular data, lack of fresh teleomorph collections	Crous et al, 2006; Chuang et al, 2012; Lan et al, 2012; Phillips et al, 2013
暗葡萄腔菌属 <i>Phaeobotryon</i> Theiss. & Syd, 1915	新修订属; 具分子证据, 缺少全型特征材料 Revised genus, a few molecular data, lack of fresh holomorph collections	Phillips et al, 2008; Abdollahzadeh et al, 2009; Fan et al, 2015
拟壳梭孢属 <i>Pseudofusicoccum</i> Mohali, Slippers & M. J. Wingf, 2006	具分子证据, 缺少有性特征材料 A few molecular data, lack of fresh teleomorph collections	Crous et al, 2006; Pavlic et al, 2008; Mehl et al, 2011
斯潘氏菌属 <i>Spencermartinsia</i> A. J. L. Phillips et al, 2008	具较多分子证据, 缺乏有型特征材料 Some molecular data, lack of fresh teleomorph collections	Phillips et al, 2008; Abdollahzadeh et al, 2014
拟球壳霉属 <i>Sphaeropsis</i> Sacc, 1880	常见属; 大量记录名称需要清理与订正 Common genus, lots of epithets need to be corrected	Palmer et al, 1987; Phillips et al, 2008, 2013; Liu et al, 2012; Slippers et al, 2013
<i>Tiarospora</i> Höhn, 1919	具分子证据, 属内成员需进一步清理与订正 A few molecular data, lots of members need to be corrected	Liu et al, 2012; Jami et al, 2012

结。根据真菌全型形态特征、培养特性、分子证据, 结合各类群的分类研究及经济重要性等文献资料, Phillips等(2013)提供了该科可培养17属110种的特征描述、图示及分种检索表, Slippers等(2013)重新

构建了葡萄座腔菌目系统树, 列出该科28属, 其中17属提供了分子证据, 其余11属还需要对全型特征和分子证据进行深入研究。Wijayawardene等(2014)提出座囊菌纲最新分类系统, 其中葡萄座腔菌科为

葡萄座腔菌目中最大的科, 包括29属, Dissanayake等(2016)列出该科23属187种的名录并简要讨论, 在此汇总Phillips等(2013)对具培养特性和分子证据的17属的分类学处理(表1, 图1, 2)。

4 中国葡萄座腔菌类真菌多样性研究

中国葡萄座腔菌类真菌的研究最早可以追溯到对贝伦格葡萄座腔菌的报道(Teng, 1934)。早期分类学研究主要依据有性阶段的形态特征, 20世纪50–60年代, 戴芳澜、邓叔群、姜广正、余永年等学界前辈在全国进行了广泛的真菌资源和植物病害调查, 收集到许多标本材料, 研究结果收录在真菌分类研究的文献中。20世纪80年代后的很长一段时期, 中国葡萄座腔菌类真菌的分类研究工作一直未受到重视, 仅有零星报道(黄天章, 1977; 尚衍重, 1987; Sivanesan & Hsieh, 1989; Hsieh et al, 1994, 1996; Teng, 1996), 缺乏专门研究。《中国的真菌》中收录葡萄座腔菌类真菌2属3种(邓叔群, 1963), 《中国真菌总汇》收录2属14种(戴芳澜, 1979), Eriksson和Yue (1988)清理订正并记录2属12种, 《台湾真菌名录》中收录了分布在台湾省的2属28种(王也珍等, 1999), *Checklist of Hong Kong Fungi*中收录2属9种(Lu et al, 2000)。截至2006年, 按照现代分类学观点, 我国已知葡萄座腔菌类真菌1科5属26种。

近10年来, 笔者与合作者对我国葡萄座腔菌科开展了系统分类研究, 对保存于中国科学院微生物研究所真菌标本馆(HMAS)的所有葡萄座腔菌属及相关类群标本进行了重新鉴定, 按照现代分类学观点清理和修订了15个种, 发表6个新种, 2个中国新记录种(Li & Zhuang, 2007)。根据Ainsworth & Bisby's *Dictionary of the Fungi* (第10版) (Kirk et al, 2008)的分类观点, 李文英和庄文颖(2013)简述了中国葡萄座腔菌属的研究进展。结合近年来我国报道的一些新种和新记录种(李文英, 2008; Zhao, 2010; Chen et al, 2011; Zhou et al, 2016), 对采自全国各地的1,000余份标本材料进行了分类鉴定, 按照现代分类观点(Liu et al, 2012; Hyde et al, 2013; Phillips et al, 2013; Slippers et al, 2013; Dissanayake et al, 2016), 澄清并确认中国葡萄座腔菌科真菌12属55种(表1, 图1)。可以预见, 随着研究的深入, 对该类群在我国分布范围和物种数量将不断刷新。

我国对葡萄座腔菌科真菌的分子生物学研究

起步于对林木溃疡病、果树轮纹病、流胶病等重要植物病害病原菌的分类地位订正及重要病原菌之间的系统发育关系等(王金利等, 2007; 赵嘉平等, 2007; 余仲东等, 2010; 李夏等, 2015), 利用我国材料对葡萄座腔菌科及相关类群的系统学关系进行了初步探讨, 为建立趋于自然的分类系统提供了有力佐证(程燕林等, 2011; 王庆灵, 2013^①; Fan et al, 2015; Zhou et al, 2016), 如李文英和庄文颖(2009)采用18S 和28S nrDNA序列片段对部分葡萄座腔菌科及相关类群进行了系统发育分析, 提出当时分类地位不确定的双壁子囊菌大聚颈腔菌属(*Macrovalsaria*)与葡萄座腔菌属的关系比较接近, 应归于葡萄座腔菌科, 这一结果也得到后来学者的进一步证实和支持(Liu et al, 2012; Hyde et al, 2013; Wijayawardene et al, 2014)。上述研究为进一步探讨葡萄座腔菌科的属间关系以及深入开展该类真菌的分子系统学研究提供了科学依据。

5 存在问题及研究展望

近年来, 真菌分子系统学的研究进展与菌物命名法规的变革引起真菌分类系统的巨大变化, Wijayawardene等(2014)对葡萄座腔菌类真菌提出新分类系统, 但学者们普遍认为Phillips等(2013)和Dissanayake等(2016)提出的分类学处理得到了分子证据的支持, 更趋于合理。目前该类真菌的研究仍存在许多悬而未决的问题, 如有些属的分类地位和命名存在疑问, 有些属中大量名称有待清理与订正, 有些属种缺乏对全型特征的认识, 有些属和种之间的关系缺乏分子证据等(表1)。因此, 进一步加强资源挖掘, 深入开展该类真菌的系统分类和物种多样性研究十分必要。以物种全型的形态特征、培养特性及多基因序列佐证等作为重要分类依据, 是该类群分类学和系统发育研究的必然趋势。

我国葡萄座腔菌科的分类研究走过了80余年历程, 经过从有性特征分类至全型特征分类、从形态分类到分子系统研究的发展过程。近年来虽然陆续报道了一些新种和中国新记录种(表1, 图1), 但已知种数仅占全球物种数量的30%左右, 其中许多种类仍需清理与订正, 物种多样性和地理分布规律、生态功能和经济重要性等方面尚缺乏全面的研究。

^①王庆灵 (2013) 葡萄座腔菌科真菌的系统分类研究. 硕士学位论文论文, 河北农业大学, 河北保定。

中国具有多样化的气候与地理类型以及非常丰富的植被资源, 葡萄座腔菌科真菌丰富的物种多样性取决于多样化的生境。由于该类群生活史的不同阶段特征多样, 需要进一步扩大采集范围, 加强培养特性的研究, 以便获得更多、更全面的信息。在我国开展葡萄座腔菌科的资源多样性调查、标本采集、菌株分离培养和系统分类研究, 将进一步加深我国对该科物种多样性的认识, 为建立趋于自然的正确属、种概念和明确属间与种间的系统发育关系及其在具有双囊壁子囊的真菌中的分类地位提供更加充分的科学依据, 为有益真菌资源的储备及持续利用奠定基础, 为控制有害真菌的影响提供基础信息, 将对科学地认识我国生物多样性和生物资源保护利用起到积极的推动作用。

致谢: 在此文完成过程中, 中国林科院热带林业研究所梁俊峰研究员、西南大学董国菊博士在文稿修改中提出许多宝贵意见, 中国科学院微生物研究所郑焕娣博士、曾昭清博士、陈凯博士在文献提供等方面给予很大支持和帮助, 谨此致谢!

参考文献

- Abdollahzadeh J, Goltapeh EM, Javadi A, Shams-Bakhsh M, Zare R, Phillips AJL (2009) *Barriopsis iraniana* and *Phaeobotryon cupressi*: two new species of the Botryosphaeriaceae from trees in Iran. *Persoonia*, 23, 1–8.
- Abdollahzadeh J, Javadi A, Goltapeh EM, Zare R, Phillips AJL (2010) Phylogeny and morphology of four new species of *Lasiodiplodia* from Iran. *Persoonia*, 25, 1–10.
- Abdollahzadeh J, Javadi A, Zare R, Phillips AJL (2014) A phylogenetic study of *Dothiorella* and *Spencermartinsia* species associated with woody plants in Iran, New Zealand, Portugal and Spain. *Persoonia*, 32, 1–12.
- Abdollahzadeh J, Zare R, Phillips AJL (2013) Phylogeny and taxonomy of *Botryosphaeria* and *Neofusicoccum* species in Iran, with description of *Botryosphaeria scharifii* sp. nov. *Mycologia*, 105, 210–220.
- Alves A, Correia A, Luque J, Phillips AJL (2004) *Botryosphaeria corticola* sp. nov. on *Quercus* species, with notes and description of *Botryosphaeria stevensii* and its anamorph, *Diplodia mutila*. *Mycologia*, 96, 598–613.
- Alves A, Crous PW, Correia A, Phillips AJL (2008) Morphological and molecular data reveal cryptic speciation in *Lasiodiplodia theobromae*. *Fungal Diversity*, 28, 1–13.
- Alves A, Linaldeddu BT, Deidda A, Scanu B, Phillips AJL (2014) The complex of *Diplodia* species associated with *Fraxinus* and some other woody hosts in Italy and Portugal. *Fungal Diversity*, 67, 143–156.
- Barr ME (1972) Preliminary studies on the Dothideales in temperate North America. *Contributions from the University of Michigan Herbarium*, 9, 523–638.
- Barr ME (1979) A classification of Loculoascomycetes. *Mycologia*, 71, 935–957.
- Barr ME (1983) The ascomycetes connection. *Mycologia*, 75, 1–13.
- Barr ME (1987) Prodrum to class Loculoascomycetes. Published by the author, Amherst, Massachusetts, USA.
- Berbee ML (1996) Loculoascomycete origins and evolution of filamentous Ascomycetes morphology based on 18S rRNA gene sequence data. *Molecular Biology and Evolution*, 13, 462–470.
- Chen SF, Pavlic D, Roux J, Slippers B, Xie YJ, Wingfield MJ, Zhou XD (2011) Characterization of Botryosphaeriaceae from plantation-grown *Eucalyptus* species in South China. *Plant Pathology*, 60, 739–751.
- Cheng YL, Lv Q, Liang J, Zhang XY (2011) Relationships among fungi of Botryosphaeriaceae causing poplar canker. *Forest Pest and Disease*, (6), 12–17. (in Chinese with English abstract) [程燕林, 吕全, 梁军, 张星耀 (2011) 杨树溃疡病病原—葡萄座腔菌科真菌间关系的系统学初探. *中国森林病虫*, (6), 12–17.]
- Chuang MF, Ni HF, Yang HR, Shu SL, Lai SY, Jiang YL (2012) First report of stem canker disease of pitaya (*Hylocereus undatus* and *H. polyrhizus*) caused by *Neoscytalidium dimidiatum* in Taiwan. *Plant Disease*, 96, 906.
- Crous PW, Slippers B, Wingfield MJ, Rheeder J, Marasas WFO, Philips AJ, Alves A, Burgess T, Barber P, Groenewald JZ (2006) Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Studies in Mycology*, 55, 235–253.
- Cunnington JH, Priest MJ, Powney RA, Cother NJ (2009) Diversity of *Botryosphaeria* species on horticultural plants in Victoria and New South Wales. *Australasian Plant Pathology*, 36, 157–159.
- Deng Z, Zhang R, Shi Y, Hu L, Tan H, Cao L (2014) Characterization of Cd-, Pb-, Zn-resistant endophytic *Lasiodiplodia* sp. MXSF31 from metal accumulating *Portulaca oleracea* and its potential in promoting the growth of rape in metal-contaminated soils. *Environmental Science and Pollution Research*, 21, 2346–2357.
- Denman S, Crous PW, Taylor JW, Kang JC, Pascoe I, Wingfield MJ (2000) An overview of the taxonomic history of *Botryosphaeria*, and a re-evaluation of its anamorphs based on morphology and ITS rDNA phylogeny. *Studies in Mycology*, 45, 129–140.
- Dissanayake AJ, Phillips AJL, Li XH, Hyde KD (2016) *Botryosphaeriaceae*: Current status of genera and species. *Mycosphere*, 7, 1001–1073.
- Doilom M, Shuttleworth LA, Roux J, Chukeatirote E, Hyde KD (2014) *Barriopsis tectonae* sp. nov. a new species of Botryosphaeriaceae from *Tectona grandis* (teak) in Thailand.

- Phytotaxa, 176, 81–91.
- Eriksson OE (1981) The families of bitunicate ascomycetes. *Opera Botany*, 60, 1–220.
- Eriksson OE, Yue JZ (1988) The Pyrenomycetes of China, An Annotated Checklist. Umea, Vasterbotten, Sweden.
- Fan XL, Hyde KD, Liu JK, Liang YM, Tian CM (2015) Multigene phylogeny and morphology reveal *Phaeobotryon rhois* sp. nov. (Botryosphaeriales, Ascomycota). *Phytotaxa*, 205, 90–98.
- Han XM, Liang L, Zhang Z, Li XJ, Yang Y, Meng H, Gao ZH, Xu YH (2014) Study of production of sesquiterpenes of *Aquilaria senensis* stimulated by *Lasiodiplodia theobromae*. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 39, 192–196. (in Chinese with English abstract) [韩晓敏, 梁良, 张争, 李秀锦, 杨云, 孟慧, 高志晖, 徐艳红 (2014) 可可毛色二孢菌对白木香产生倍半萜诱导作用. *中国中药杂志*, 39, 192–196.]
- Hawksworth DL, Crous PW, Redhead SA, Reynolds DR, Samson RA, Seifert KA, Taylor JW, Wingfield MJ, Abaci O, Aime C, Asan A, Bai FY, de Beer ZW, Begerow D, Berikten D, Boekhout T, Buchanan PK, Burgess T, Buzina W, Cai L, Cannon PF, Crane JL, Damm U, Daniel HM, van Diepeningen AD, Druzhinina I, Dyer PS, Eberhardt U, Fell JW, Frisvad JC, Geiser DM, Geml J, Glienke C, Gräfenhan T, Groenewald JZ, Groenewald M, de Gruyter J, Guého-Kellermann E, Guo LD, Hibbett DS, Hong SB, de Hoog GS, Houbraken J, Huhndorf SM, Hyde KD, Ismail A, Johnston PR, Kadaifciler DG, Kirk PM, Kõljalg U, Kurtzman CP, Lagneau PE, Lévesque CA, Liu X, Lombard L, Meyer W, Miller A, Minter DW, Najafzadeh MJ, Norvell L, Ozerskaya SM, Oziç R, Pennycook SR, Peterson SW, Pettersson OV, Quaedvlieg W, Robert VA, Ruibal C, Schnürer J, Schroers HJ, Shivas R, Slippers B, Spierenburg H, Takashima M, Taşkın E, Thines M, Thrane U, Uztan AH, van Raak M, Varga J, Vasco A, Verkley G, Videira SI, de Vries RP, Weir BS, Yilmaz N, Yurkov A, Zhang N (2011) The Amsterdam declaration on fungal nomenclature. *IMA Fungus*, 2, 105–112.
- Hawksworth DL, Kirk PM, Sutton BC, Pegler DN (1995) *Ainsworth & Bisby's Dictionary of the Fungi*, 8th edn. CAB International, Wallingford.
- Hsieh WH, Chen CY (1994) *Sivanesia*, a new botryosphaeriaceous ascomycete genus on *Rubus* from Taiwan. *Mycological Research*, 98, 44–46.
- Hsieh WH, Chen CY (1996) Validation of *Sivanesia*. *Mycological Research*, 100, 1106.
- Huang LF, Fang BP, Li KM, Ye SJ, Chen JY, Luo ZX, Wang ZY (2016) First report of *Lasiodiplodia theobromae* causing a stem canker on sweetpotato in China. *Plant Disease*, 100, 1948.
- Huang TZ (1977) A new species of *Botryosphaeria*. *Acta Microbiologica Sinica*, 17, 303–305. (in Chinese with English abstract) [黄天章 (1977) 葡萄座壳属的一个新种. *微生物学报*, 17, 303–305.]
- Huang WY, Cai YZ, Hyde KD, Corke H, Sun M (2008) Biodiversity of endophytic fungi associated with 29 traditional Chinese medicinal plants. *Fungal Diversity*, 33, 61–75.
- Hyde KD, Jones EBG, Liu JK, Ariyawansa H, Boehm E, Boonmee S, Braun U, Chomnunti P, Crous PW, Dai DQ, Diederich P, Dissanayake A, Doilom M, Doveri F, Hong-sanan S, Jayawardena R, Lawrey JD, Li YM, Liu YX, Lücking R, Monkai J, Muggia L, Nelsen MP, Pang KL, Phookamsak R, Senanayake IC, Shearer CA, Suetrong S, Tanaka K, Thambugala KM, Wijayawardene NN, Wikee S, Wu HX, Zhang Y, Aguirre-Hudson B, Alias SA, Aptroot A, Bahkali A, Bezerra JL, Bhat DJ, Camporesi E, Chukenirot E, Gueidan C, Hawksworth DL, Hirayama K, Hoog SD, Kang JC, Knudsen K, Li WJ, Li XH, Liu ZY, Mapook A, McKenzie EHC, Miller AN, Mortimer PE, Phillips AJL, Raja HA, Scheuer C, Schumm F, Taylor JE, Tian Q, Tibpromma S, Wanasinghe DN, Wang Y, Xu JC, Yacharoen S, Yan JY, Zhang M (2013) Families of Dothideomycetes. *Fungal Diversity*, 63, 1–313.
- Hyde KD, McKenzie EHC, KoKo TW (2011) Towards incorporating anamorphic fungi in a natural classification—checklist and notes for 2010. *Mycosphere*, 2, 1–88.
- Hyde KD, Nilsson RH, Alias SA, Ariyawansa HA, Blair JE, Cai L, de Cock AWAM, Dissanayake AJ, Glockling SL, Goonasekara ID, Gorczak M, Hahn M, Jayawardena RS, van Kan JAL, Laurence MH, Lévesque CA, Li X, Liu JK, Maharachchikumbura SSN, Manamgoda DS, Martin FN, McKenzie EHC, McTaggart AR, Mortimer PE, Nair PVR, Pawłowska J, Rintoul TL, Shivas RG, Spies CFJ, Summerell BA, Taylor PWJ, Terhem RB, Udayanga D, Vaghefi N, Walther G, Wilk M, Wrzosek M, Xu JC, Yan JY, Zhou N (2014) One stop shop: backbone trees for important phytopathogenic genera. I. *Fungal Diversity*, 67, 21–125.
- Jami F, Slippers B, Wingfield MJ, Gryzenhout M (2012) Five new species of the Botryosphaeriaceae from *Acacia karroo* in South Africa. *Cryptogamie Mycologie*, 33, 245–266.
- Kirk PM, Cannon PF, David JC, Stalpers JA (2001) *Ainsworth & Bisby's Dictionary of the Fungi*, 9th edn. CAB International, Wallingford.
- Kirk PM, Cannon PF, Minter DW, Stalpers JA (2008) *Ainsworth & Bisby's Dictionary of the Fungi*, 10th edn. CAB International, Wallingford.
- Kirk PM, Stalpers JA, Braun U, Crous PW, Hansen K, Hawksworth DL, Hyde KD, Lücking R, Lumbsch TH, Rossman AY, Seifert KA, Stadler M (2013) A without-prejudice list of generic names of fungi for protection under the International Code of Nomenclature for Algae, Fungi and Plants. *IMA Fungus*, 4, 381–443.
- Kumar PS, Singh L (2009) *Lasiodiplodia theobromae* is a mycoparasite of a powdery mildew pathogen. *Mycobiology*, 37, 308–309.
- Lan GB, He ZF, Xi PG, Jiang ZD (2012) First report of brown

- spot disease caused by *Neoscytalidium dimidiatum* on *Hylocereus undatus* in Guangdong, Chinese Mainland. *Plant Disease*, 96, 1702.
- Li WY (2008) Taxonomy of Dothideales and Botryosphaeriales from China and phylogenetic approaches to the related fungi. PhD dissertation, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing. (in Chinese with English abstract) [李文英 (2008) 中国座囊菌目和葡萄座腔菌目系统分类研究. 博士学位论文, 中国科学院微生物研究所, 北京.]
- Li WY, Zhuang WY (2007) Re-examinations of Botryosphaeriaceae (Dothideomycetes) from China on deposit in HMAS. *Mycotaxon*, 100, 209–220.
- Li WY, Zhuang WY (2009) Preliminary study on relationships of Dothideales and its allies. *Mycosystema*, 28, 161–170. (in Chinese with English abstract) [李文英, 庄文颖 (2009) 座囊菌目及相关类群属间关系的系统学初探. 菌物学报, 28, 161–170.]
- Li WY, Zhuang WY (2013) Taxonomy studies on the *Botryosphaeria* from China. *Mycosystema*, 32, 108–114. (in Chinese with English abstract) [李文英, 庄文颖 (2013) 中国葡萄座腔菌属分类研究概况. 菌物学报, 32, 108–114.]
- Li X, Li WY, Sun LL, Xu PZ, Lu YS (2015) Analysis of holomorphological characteristics on the pathogen of olecranon peach gummosis in northern Guangdong Province. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 36, 2077–2082. (in Chinese with English abstract) [李夏, 李文英, 孙丽丽, 徐培智, 卢钰升 (2015) 粤北鹰嘴桃流胶病的病原全型特征分析. 热带作物学报, 36, 2077–2082.]
- Liu JK, Chomnunti P, Cai L, Phookamsak R, Chuksatiro E, Jones EBG, Moslem M, Hyde KD (2010) Phylogeny and morphology of *Neodeightonia palmicola* sp. nov. from palms. *Sydowia*, 62, 261–276.
- Liu JK, Phookamsak R, Doilom M, Wikee S, Li YM, Ariyawansa H, Boonmee S, Chomnunti P, Dai DQ, Bhat JD, Romero AI, Zhuang WY, Monkai J, Jones EBG, Chuksatiro E, Ko-Ko TW, Zhao YC, Wang Y, Hyde KD (2012) Towards a natural of classification of Botryosphaeriales. *Fungal Diversity*, 57, 149–210.
- Lu BS, Hyde KD, Ho WH, Tsui KM, Taylor JE, Wong KM, Yanna, Zhou DQ (2000) Checklist of Hong Kong Fungi. Fungal Diversity Press, Hong Kong.
- Lumbsch HT, Huhndorf SM (2010) Myconet Volume 14. Part One. Outline of Ascomycota—2009. Part Two. Notes on Ascomycete Systematics. Nos. 4751–5113. *Fieldiana, Life & Earth Sciences*, 1–64.
- Luttrell ES (1951) Taxonomy of the Pyrenomycetes. University of Missouri Studies, Science Series, 24, 1–120.
- Luttrell ES (1955) The ascostromatic Ascomycetes. *Mycologia*, 47, 511–532.
- Luttrell ES (1973) Loculoascomycetes. In: *The Fungi*, Vol. IV A: A Taxonomic Review with Keys (eds Ainsworth GC, Sparrow FK, Sussman AS), pp. 135–219. Academic Press, New York and London.
- Machado AR, Pinho DB, Pereira OL (2014) Phylogeny, identification and pathogenicity of the Botryosphaeriaceae associated with collar and root rot of the biofuel plant *Jatropha curcas* in Brazil, with a description of new species of *Lasiodiplodia*. *Fungal Diversity*, 67, 1–17.
- McNeill J, Barrie FR, Buck WR, Demoulin V, Greuter W, Hawksworth DL, Herendeen PS, Knapp S, Marhold K, Prado J, Prud'homme Van Reine WF, Smith GF, Wiersema JH, Turland NJ (2012) International Code of Nomenclature for Algae, Fungi, and Plants (Melbourne Code), adopted by the 18th International Botanical Congress Melbourne, Australia, July 2011 electronic. Bratislava: International Association for Plant Taxonomy. [Regnum Vegetabile No. 154.] Königsten: Koeltz Scientific Books.
- Mehl JWM, Slippers B, Roux J, Wingfield MJ (2011) Botryosphaeriaceae associated with *Pterocarpus angolensis* (kiat) in South Africa. *Mycologia*, 103, 534–553.
- Miller JH (1928) Biologic studies in the Sphaeriales-I. *Mycologia*, 20, 187–213.
- Miller JH (1938) Studies in the development of two *Myriangium* species and the systematic position of the order Myriangiales. *Mycologia*, 30, 158–181.
- Nannfeldt JA (1932) Studien über die morphologie und systematik der nichtlichenisierten inoperculaten Discomyceten. *Nova Acta Regiae Societatis Scientiarum Upsaliensis Series*, 4, 8, 1–368.
- Palmer MA, Stewart EL, Wingfield MJ (1987) Variation among isolates of *Sphaeropsis sapinea* in North Central United States. *Phytopathology*, 77, 944–948.
- Parguey-Leduc A (1966) Recherches sur l'ontogénie et l'anatomie comparée des ascocarpes des Pyrenomycètes ascoloculaires. *Annales des Sciences Naturelles. Botanique et Biologie Végétale* (Paris), 7, 505–690.
- Pavlic D, Wingfield MJ, Barber P, Slippers B, Hardy GESJ, Burgess TI (2008) Seven new species of the Botryosphaeriaceae from baobab and other native trees in Western Australia. *Mycologia*, 100, 851–866.
- Petrak F (1923) Mycologische Notizen V. No. 200. Über die Pseudosphaeriaceen v.h und ihre Bedeutung für die spezielle Systematik der Pyrenomyceten. *Annales Mycologici*, 21, 30–69.
- Phillips AJL, Alves A, Abdollahzadeh J, Slippers B, Wingfield MJ, Groenewald JZ, Crous PW (2013) The Botryosphaeriaceae: genera and species known from culture. *Studies in Mycology*, 76, 51–167.
- Phillips AJL, Alves A, Pennycook SR, Johnston PR, Ramaley A, Akulov A, Crous PW (2008) Resolving the phylogenetic and taxonomic status of dark-spored teleomorph genera in the Botryosphaeriaceae. *Persoonia*, 21, 29–55.
- Phillips AJL, Lopes J, Abdollahzadeh J, Bobev S, Alves A (2012) Resolving the *Diplodia* complex on apple and other Rosaceae hosts. *Persoonia*, 29, 29–38.
- Punithalingam E (1969) Studies on Sphaeropsidales in culture.

- Mycological Papers, 119, 1–24.
- Rojas EI, Herre AMLC, Arnold AE, Chaverri P, Samuels GJ (2008) *Endomelanconiopsis*, a new anamorph genus in the Botryosphaeriaceae. *Mycologia*, 100, 760–775.
- Sarr MP, Ndiaye M, Groenewald JZ, Crous PW (2014) Genetic diversity in *Macrophomina phaseolina*, the causal agent of charcoal rot. *Phytopathologia Mediterranea*, 53, 250–268.
- Schoch CL, Shoemaker RA, Seifert KA, Hambleton S, Spatafora JW, Crous PW (2006) A multigene phylogeny of the Dothideomycetes using four nuclear loci. *Mycologia*, 98, 1041–1052.
- Shang YZ (1987) Taxonomic study on the pathogen fungus of shoot blight of larch. *Acta Mycologica Sinica*, 6, 248–249. (in Chinese with English abstract) [尚衍重 (1987) 落叶松枯梢病菌分类地位的探讨. *真菌学报*, 6, 248–249.]
- Silva-Hanlin DMW, Hanlin RT (1999) Small subunit ribosomal RNA gene phylogeny of several loculoascomycetes and its taxonomic implications. *Mycological Research*, 103, 153–160.
- Sivanesan A (1984) The Bitunicate Ascomycetes and Their Anamorphs. Cramer, Vaduz, Liechtenstein.
- Sivanesan A, Hsieh WH (1989) New species and new records of ascomycetes from Taiwan. *Mycological Research*, 93, 340–351.
- Slippers B, Boissin E, Phillips AJL, Groenewald JZ, Lombard L, Wingfield MJ, Postma A, Burgess T, Crous PW (2013) Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriales: a systematic and evolutionary framework. *Studies in Mycology*, 76, 31–49.
- Slippers B, Crous PW, Denman S, Coutinho TA, Wingfield BD, Wingfield MJ (2004) Combined multiple gene genealogies and phenotypic characters differentiate several species previously identified as *Botryosphaeria dothidea*. *Mycologia*, 96, 83–101.
- Slippers B, Smit WA, Crous PW, Coutinho TA, Wingfield BD, Wingfield MJ (2007) Taxonomy, phylogeny and identification of Botryosphaeriaceae associated with pome and stone fruit trees in South Africa and other regions of the world. *Plant Pathology*, 56, 128–139.
- Slippers B, Wingfield MJ (2007) Botryosphaeriaceae as endophytes and latent pathogens of woody plants: diversity, ecology and impact. *Fungal Biology Reviews*, 21, 90–106.
- Tai FL (1979) *Sylloge Fungorum Sinicorum*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [戴芳澜 (1979) 中国真菌总汇. 科学出版社, 北京.]
- Teng SC (1934) Notes on *Sphaeriales* from China. *Sinensia*, 4, 389–390.
- Teng SC (1963) *Fungi of China*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [邓叔群 (1963) 中国的真菌. 科学出版社, 北京.]
- Teng SC (Korf RP ed.) (1996) *Fungi of China*. *Mycotaxon* Ltd., Ithaca.
- Theissen F, Sydow H (1918) Vorentwürfe zu den Pseudosphaeriales. *Annales Mycologici*, 16, 1–34.
- von Arx JA, Müller E (1954) Die Gattungen der amerosporen Pyrenomyceten. *Beiträge zur Kryptogamenflora der Schweiz*, 11, 1–434.
- von Arx JA, Müller E (1975) A re-evaluation of the bitunicate ascomycetes with keys to families and genera. *Studies in Mycology*, 9, 1–159.
- Wang JL, He W, Qin GF, Tao WQ, Zhao J, Tian SM (2007) Study on the anamorph and species of *Botryosphaeria*, the important pathogen of tree's canker. *Forest Research*, 20(1), 21–28. (in Chinese with English abstract) [王金利, 贺伟, 秦国夫, 陶万强, 赵俊, 田淑敏 (2007) 树木溃疡病重要病原葡萄座腔菌属、种及其无性型研究. *林业科学研究*, 20(1), 21–28.]
- Wang YZ, Wu SH, Zhou WN, Chang DZ, Chen KY, Chen SF, Chen CL, Tzeng SS, Liou JH, Hsieh WH, Hsieh HR, Chung CH, Chien CY (eds) (1999) List of the Fungi in Taiwan. Committee for Agriculture, Taipei. (in Chinese) [王也珍, 吴声华, 周文能, 张东柱, 陈桂玉, 陈淑芬, 陈城霖, 曾须雄, 刘锦惠, 谢文瑞, 谢焕儒, 钟兆玄, 简秋源 (1999) 台湾真菌名录. “行政院”农业委员会, 台北.]
- Wei W, Jiang N, Mei YN, Chu YL, Ge HM, Song YC, Ng SW, Tan RX (2014) An antibacterial metabolite from *Lasiodiplodia pseudotheobromae* F2. *Phytochemistry*, 100, 103–109.
- Wijayawardene NN, Crous PW, Kirk PM, Hawksworth DL, Boonmee S, Braun U, Dai DQ, D'souza MJ, Diederich P, Dissanayake A, Doilom M, Hongsan S, Gareth Jones EB, Groenewald JZ, Jayawardena R, Lawrey JD, Liu JK, Lücking R, Madrid H, Manamgoda DS, Muggia L, Nelsen MP, Phookamsak R, Suetrong S, Tanaka K, Thambugala KM, Wanasinghe DN, Wikee S, Zhang Y, Aptroot A, Ariyawansa HA, Bahkali AH, Bhat DJ, Gueidan C, Chomnunti P, De Hoog GS, Knudsen K, Li WJ, McKenzie EHC, Miller AN, Phillips AJL, Piątek M, Raja HA, Shivas RS, Slippers B, Taylor JE, Tian Q, Wang Y, Woudenberg JHC, Cai L, Jaklitsch WM, Hyde KD (2014) Naming and outline of Dothideomycetes–2014 including proposals for the protection or suppression of generic names. *Fungal Diversity*, 69, 1–55.
- Wijayawardene NN, McKenzie EHC, Hyde KD (2012) Towards incorporating anamorphic fungi in a natural classification-checklist and notes for 2011. *Mycosphere*, 3, 157–228.
- Wu XQ, He YQ, Liu ZH (2001) Occurrence and progress on tree cankers caused by *Botryosphaeria* spp. *Journal of Nanjing Forestry University*, 25, 61–66. (in Chinese with English abstract) [吴小芹, 何月秋, 刘忠华 (2001) 葡萄座腔菌属所致树木溃疡病发生与研究进展. *南京林业大学学报*, 25(1), 61–66.]
- Xu C, Wang C, Ju L, Zhang R, Biggs AR, Tanaka E, Li B, Sun G (2015a) Multiple locus genealogies and phenotypic characters reappraise the causal agents of apple ring rot in China. *Fungal Diversity*, 71, 215–231.
- Xu C, Zhang H, Zhou Z, Hu T, Wang S, Wang Y, Cao K (2015b) Identification and distribution of Botryosphaeriaceae

- species associated with blueberry stem blight in China. *European Journal of Plant Pathology*, 143, 1–16.
- Yu ZD, Zhao GC, Dan JY, Ren ZZ (2010) Phylogeny of *Botryosphaeria* species based on ITS-nrDNA sequences. *Mycosystema*, 29, 285–293. (in Chinese with English abstract) [余仲东, 赵官成, 淡静雅, 任争争 (2010) 葡萄座腔菌属 ITS-nrDNA的分子系统学分析. *菌物学报*, 29, 285–293.]
- Zhang ZY, Wang CP, Liu HB, Sun HW (2012) Bioremediation of PAHs contaminated soil from Beijing coking plant by *Lasiodiplodia theobromae*. *Environmental Science*, 33, 2832–2839. (in Chinese with English abstract) [张志远, 王翠苹, 刘海滨, 孙红文 (2012) 可可毛色二孢菌对焦化厂土壤多环芳烃污染修复. *环境科学*, 33, 2832–2839.]
- Zhao JP, Liang J, Lv Q, Zhang XY (2007) Review on the systematic taxonomy of genus *Botryosphaeria*. *Forest Research*, 20, 415–422. (in Chinese with English abstract) [赵嘉平, 梁军, 吕全, 张星耀 (2007) 葡萄座腔菌属系统分类评述. *林业科学研究*, 20, 415–422.]
- Zhao JP, Lü Q, Liang J, Decock C, Zhang XY (2010) *Lasiodiplodia pseudotheobromae*, a new record of pathogenic fungi from some subtropical and tropical trees in southern China. *Cryptogamie Mycologie*, 31, 431–439.
- Zhou Y, Dou Z, He W, Zhang X, Zhang Y (2016) *Botryosphaeria sinensis* sp nov., a new species from China. *Phytotaxa*, 245, 43–50.
- Zhou Y, Gong G, Cui Y, Zhang D, Chang X, Hu R, Liu N, Sun X (2015) Identification of Botryosphaeriaceae causing kiwifruit rot in Sichuan Province, China. *Plant Disease*, 99, 699–708.

(责任编辑: 陈双林 责任编辑: 时意专)

•生物编目•

中国哺乳动物多样性(第2版)

蒋志刚^{1,6*} 刘少英² 吴毅³ 蒋学龙^{4,6} 周开亚⁵

1 (中国科学院动物研究所, 北京 100101) 2 (四川林业科学研究院, 成都 610081)

3 (广州大学生命科学学院, 广州 510006) 4 (中国科学院昆明动物研究所, 昆明 650223)

5 (南京师范大学生命科学学院, 南京 210023) 6 (中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 鉴于哺乳动物分类系统的修订、中国哺乳动物的新发现以及保育实践的需要, 有必要更新中国哺乳动物多样性编目。在收集整理2015年3月以来发表的中国哺乳动物新种和新分布记录种的基础上, 我们采用新的分类系统, 结合作者的最新研究, 补充了以前知之甚少的藏南地区哺乳动物信息, 更新了中国哺乳动物多样性编目。主要修改有: (1)将鲸偶蹄类(Cetartiodactyla)列为总目, 将鲸类与偶蹄类恢复为鲸目(Cetacea)和偶蹄目(Artiodactyla); (2)劳亚食虫目增加了新种霍氏缺齿鼯(*Chodsigoa hoffmanni*)、林猬一新种(*Mesechinus* sp.)及由亚种提升为种的烟黑缺齿鼯(*Chodsigoa furva*); (3)翼手目增补了梵净山管鼻蝠(*Murina fanjingshanensis*)、渡濑氏鼠耳蝠(*Myotis rufoniger*)和葛氏菊头蝠(*Rhinolophus subbadius*), 删除了毛须鼠耳蝠(*Myotis hirsutus*)和琉球长翼蝠(*Miniopterus fuscus*); (4)灵长目增补了高黎贡白眉长臂猿(*Hoolock tianxing*)、戴帽叶猴(*Trachypithecus pileatus*)、懒猴(*Nycticebus coucang*)和西白眉长臂猿(*Hoolock hoolock*); (5)食肉目增补了分布在中国藏南的懒熊(*Melursus ursinus*)、亚洲胡狼(*Canis aureus*)、孟加拉狐(*Vulpes bengalensis*)、灰獾(*Herpestes edwardsii*)和渔猫(*Felis viverrinus*); (6)依据 Wilson 和 Mittermeier *Handbook of the Mammals of the World, Vol. 2, Ungulates* (2012)的偶蹄类分类系统, 重新厘定了中国偶蹄目动物分类。偶蹄目增加了阿尔泰盘羊(*Ovis ammon*)、哈萨克盘羊(*O. collium*)、高黎贡羚牛(*Budorcas taxicolor*)和印度鹿(*Muntiacus muntjak*)。将中国境内的梅花鹿合并为 *Cervus nippon*、驼鹿合并为 *Alces alces*。删去了阿拉善马鹿(*Cervus alashanicus*)、四川马鹿(*C. macneilli*)和矮岩羊(*Pseudos capreolus sharferi*)。将分布在西双版纳的小麂鹿定为麂鹿未定种(*Tragulus* sp.); (7)鲸目增加了恒河豚(*Platanista gangetica*), 删除了长喙真海豚(*Delphinus capensis*), 将短喙真海豚(*D. delphis*)的中文名修改为真海豚; (8)啮齿目增加了小板齿鼠(*Bandicota bengalensis*)、小猪尾鼠(*Typhlomys nanus*)、墨脱松田鼠(*Neodon medogensis*)、聂拉木松田鼠(*N. nyalamensis*)以及由亚种提升为种的大猪尾鼠(*Typhlomys daloushanensis*); 还增加了甘肃鼯鼠(*Myospalax cansus*)、比氏鼯鼠(*Biswamoyopterus biswasi*)、白腹鼠(*Niviventer niviventer*)、印度小鼠(*Mus booduga*)。删去了休氏壮鼠(*Hadromys humei*)。同时厘清了我国田鼠亚科 Arvicolini 族的分类; (9)兔形目增加了粗毛兔(*Caprolagus hispidus*)和尼泊尔黑兔(*Lepus nigricollis*)。理清了鼠兔属(*Ochotona*)的分类, 降级了5个鼠兔种, 提升了4个鼠兔亚种为种, 增加了5个新种。中国有29种鼠兔分布, 北美鼠兔(*O. princeps*)、斑颈鼠兔(*O. collaris*)、荷氏鼠兔(*O. hoffmanni*)、阿富汗鼠兔(*O. rufescens*)和草原鼠兔(*O. pusilla*)在中国没有分布。与2015年的《中国哺乳动物多样性》比较, 本编目删除了21个种, 新增了41个种, 其中, 新增了藏南地区分布的哺乳动物16种。截至2017年8月底, 中国记录到哺乳动物13目56科248属693种, 比《中国哺乳动物多样性》多1目1科3属20种。人们对18种中国哺乳动物的分类地位尚存在争议。中国有146种特有哺乳动物, 占中国哺乳动物总数的21%。兔形目、劳亚食虫目和偶蹄目中的特有种比率分别为37%、35%和25%。

关键词: 哺乳类; 长臂猿属; 乌叶猴属; 松田鼠属; 缺齿鼯属; 猪尾鼠属; 鼠兔属

China's mammal diversity (2nd edition)

Zhigang Jiang^{1,6*}, Shaoying Liu², Yi Wu³, Xuelong Jiang^{4,6}, Kaiya Zhou⁵

1 Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101

2 Sichuan Academy of Forestry, Chengdu 610081

收稿日期: 2017-03-27; 接受日期: 2017-07-09

基金项目: 环境保护部“生物多样性保护专项”、国家科技基础性工作专项(2013FY110300)和国家重点研发项目(2016YFC0503303)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: jiangzg@ioz.ac.cn

3 School of Life Sciences, Guangzhou University, Guangzhou 510006

4 Kunming Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223

5 College of Life Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210023

6 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049

Abstract: Due to recent modifications of mammalian taxonomy, discoveries of mammalogy in China, and conservation needs of the country, China's mammal diversity inventory is in urgent need of an update. We collected new species and records of mammal species in China from the literature since March 2015, adopted the new taxonomy, incorporated our own research, and added mammalian species of the Zangnan Region, to renew the inventory of mammal diversity in the country. The major changes in the new version of the inventory are the elevation of the order Cetartiodactyla to the super order Cetartiodactyla and the split of the order Cetartiodactyla in Jiang et al (2015) into orders Cetacea and Artiodactyla, respectively. *Chodsigoa hoffmanni* *C. furva* and *Mesechinus* sp. were added to the order Eulipotyphla. In the order Chiroptera, *Murina fanjingshanensis*, *Myotis rufoniger* and *Rhinolophus subbadius* were added, while *Myotis hirsutus* and *Miniopterus fuscus* were deleted from the inventory. In the order Primates, *Hoolock tianxing*, *Trachypithecus pileatus*, *Nycticebus coucang* and *Hoolock hoolock* were added to the inventory. In the order Carnivora, *Melursus ursinus*, *Canis aureus*, *Vulpes bengakensis*, *Herpestes edwardsii*, and *Felis viverrinus* were added. We reclassified the species in the order Artiodactyla according to the taxonomy of the *Handbook of the Mammals of the World, Vol. 2, Ungulates*. *Ovis ammon*, *O. collium*, *Budorcas taxicolor*, and *Muntiacus muntjak* were added to the order. All sika deer in the country were grouped as a single species, *Cervus nippon*, and all moose were grouped as a single species, *Alces alces*. *Cervus alashanicus* and *C. macneilli* as well as the dwarf blue sheep, *Pseudois sharferi*, were deleted, and the species of the *Tragulus* in Xishuangbanna was listed as *Tragulus* sp. In the order Cetacea, *Platanista gangetica* was added while *Delphinus capensis* was deleted. In the order Rodentia, new species, *Typhlomys nanus*, *Neodon medogensis* and *N. nyalamensis*, *Bandicota bengalensis* as well as *Myospalax cansus*, *Biswamoyopterus biswasi*, *Niviventer niviventer*, *Mus booduga*; and one species, *Typhlomys daloushanensis*, which was elevated from the status of subspecies, were added to the inventory, however, *Hadromys humei* was deleted from the inventory. The taxonomy of Arvicolini of Cricetidae was renewed. *Caprolagus hispidus* and *Lepus nigricollis* were added to the order Lagomorpha and the taxonomy of *Ochotona* was renewed, with 5 species downgraded from the status of species to subspecies while 4 were elevated from subspecies to species. Altogether there are 29 pika species in China. However, *O. princeps*, *O. collaris*, *O. hoffmanni*, *O. rufescens* and *O. pusilla* are not found in the country. The new inventory of China's mammals has 13 orders, 56 families, 248 genera and 693 species. Compared with that reported by Jiang et al (2015), there is now an additional order, family, three genera and 20 species in the new mammalian diversity inventory. Of the mammalian species in country, the statuses of 18 species, mostly rodents, are still in dispute amongst mammalogists. There are 146 endemic mammalian species in China, which accounted for 21% of the total mammal species in the country. Of those endemic species by order, the highest endemic rate is found in Lagomorpha (37%), followed by Eulipotyphla (35%) and Artiodactyla (25%). Overall, China has the richest mammal diversity in the world.

Key words: mammals; *Hoolock*; *Trachypithecus*; *Neodon*; *Chodsigoa*; *Typhlomys*; *Ochotona*

目前, 中国进入了一个生物多样性研究与保护的黄金时代。一方面, 中国政府积极履行《生物多样性公约》, 加大了生物多样性保护与研究的投入; 另一方面, 中国组织开展了大规模的生物多样性考察和野外生物学研究。中国科学家在野外考察中不断发现新的物种和新记录种。蒋志刚等(2015)曾报道中国有哺乳动物673种。此后, He等(2015)发表了梵净山管鼻蝠(*Murina fanjingshanensis*); Fan等(2017)发表了高黎贡白眉长臂猿(*Hoolock tianxing*); 刘少英等(2017)通过形态和分子系统学对鼠兔属

(*Ochotona*)进行了厘定并发表了新种; Liu等(2017)对田鼠亚科Arvicolini族啮齿动物进行了系统发育分析并发表了2个新种; 党飞红等(2017)订正了渡濑氏鼠耳蝠(*Myotis rufoniger*); Chen等(2017)研究了缺齿鼯属(*Chodsigoa*)的系统发育并发表了1个新种; Cheng等(2017)通过分子系统学澄清了猪尾鼠属(*Typhlomys*)的系统发育关系并发表了1个新种; 蒋学龙等(2017)重新厘定了壮鼠属(*Hadromys*)物种的分类问题; Hu等(2017)对中国分布的叶猴(*Trachypithecus pileatus*)有新发现。Wilson和Mittermeier从

2012年起,陆续提出了新的哺乳动物分类系统。此外,近年来动物学家对中国藏南地区的哺乳动物日益关注,本文作者通过各种途径获得了这一区域的有关哺乳动物分布信息。现在《IUCN濒危物种红色名录》每年更新一次,《中国生物物种名录》也每年更新。鉴于两年多来中国哺乳动物多样性的新发现、新记录及分类系统的变化,因此有必要及时更新中国哺乳动物编目,以适应中国生物多样性研究与保护实践的需要。

1 研究方法

本文在收集整理2015年3月至2017年8月发表的中国哺乳动物新种与新分布记录种的基础上,采用新的分类系统,调整了偶蹄目(Artiodactyla)和鲸目(Cetacea)的分类,对蒋志刚等(2015)的《中国哺乳动物多样性》进行了全面更新修订,编制了《中国哺乳动物多样性(第2版)》(附录1)。

根据现生物种基因组研究、化石和现生物种形态学的研究结果,Hu等(2012)认为偶蹄目和鲸目起源于共同的祖先,应将这2个目合并成1个分支,即鲸偶蹄类。IUCN濒危物种红色名录接受这一观点,将偶蹄目和鲸目合并,采用了鲸偶蹄目(Cetartiodactyla)。在蒋志刚等(2015)发表的《中国哺乳动物多样性》中也将鲸目与偶蹄目合并为鲸偶蹄目。但学术界对这个分支的分类等级还未达成一致。Zhou等(2012)、Vislobokova (2013)和Adams等(2015)把鲸偶蹄类列为总目级;而Wilson和Mittermeier (2012)在*Handbook of the Mammals of the World, Vol. 2, Ungulates*中仍采用鲸类与偶蹄类分别列为目级的分类单元。考虑到这一分类系统被普遍使用,本文接受Wilson和Mittermeier (2012)的观点。

在《中国哺乳动物多样性》(蒋志刚等, 2015)中,有22种哺乳动物的分类地位存在争议。经过研究,4个种的争议已经得到澄清。本着尊重研究结果的原则,本编目中仍保留了那些曾采集到标本、但后来未发现标本或未开展专门研究的物种,以及分类学家有证据支持其观点、而其他分类学家对这些种类尚不能统一意见的物种。由于历史的原因,过去对中国藏南地区的哺乳动物知之甚少。我们根据Kumar等(2013)、James等(2008)、Mishra等(2006)、Biswas等(2005)、Chetry等(2003)、Choudhury (2003)、Garshelis等(1999)的著作和IUCN濒危物种红色名

录(2017)的数据,在本编目中增加了中国藏南地区分布的哺乳动物。

2 结果

截至2017年8月底,中国共有哺乳动物13目56科248属693种。与《中国哺乳动物多样性》比较,《中国哺乳动物多样性(第2版)》新增了1目1科3属,删除了21个种,新增了41个种。有关修订按照目级阶元分别叙述如下:

(1)劳亚食虫目。Chen等(2017)发表了新种霍氏缺齿鼯(*Chodsigoa hoffmanni*)、蒋学龙等(2017)在高黎贡山发现林猬一新种(*Mesechinus* sp.),正在描述中。此外,烟黑缺齿鼯(*Chodsigoa furva*)由亚种提升为种。劳亚食虫目新增了这3个种。

(2)翼手目。He等(2015)发表了梵净山管鼻蝠。党飞红等(2017)订正了渡濑氏鼠耳蝠种名。Choudhury (2003)报道中国藏南地区有葛氏菊头蝠(*Rhinolophus subbadius*)分布。翼手目中收录了这3个种。Simmons (2005)认为毛须鼠耳蝠(*Myotis hirsutus*)是毛腿鼠耳蝠(*M. fimbriatus*)的同物异名。琉球长翼蝠(*Miniopterus fuscus*)引自王应祥(2003),但Simmons (2005)和郑锡奇等(2010)均不认同该种存在,故从翼手目中删除了毛须鼠耳蝠和琉球长翼蝠。

(3)灵长目。Fan等(2017)发现分布于中国高黎贡山的白眉长臂猿与东白眉长臂猿(*Hoolock leuconedys*)有明显差异,将之重新命名为高黎贡白眉长臂猿,亦名天行长臂猿,而东白眉长臂猿仅分布在中国藏南(Kumar et al, 2103)。胡慧建等在西藏山南地区考察时记录了叶猴在中国的新分布(Hu et al, 2017)。而在《中国哺乳动物多样性》(蒋志刚等, 2015)的编目中仅收录了菲氏叶猴(*T. phayrei*)和Shortridge's langur (*T. shortridgei*, 中文名翻译为“戴帽叶猴”)。我们建议将Shortridge's langur (*T. shortridgei*)更名为“灰叶猴”,将*T. pileatus*的中文名翻译为“戴帽叶猴”,加入编目。本次编目中,灵长目修订了高黎贡长臂猿名称、增加了高黎贡白眉长臂猿、戴帽叶猴(*T. pileatus*)和西白眉长臂猿(*Hoolock hoolock*) (Chetry et al, 2003; Choudhury, 2003; Biswas et al, 2005)。Mishra等(2006)报道在藏南有懒猴(*Nycticebus coucang*)分布。除了智人(*Homo sapiens*)以外的中国非人灵长类种数增加到30种。

(4)食肉目。食肉目增加了分布在中国藏南的懒

熊(*Melursus ursinus*)、亚洲胡狼(*Canis aureus*)、孟加拉狐(*Vulpes bengakensis*)、灰獾(*Herpestes edwardsii*)和渔猫(*Felis viverrinus*)。懒熊分布在中国藏南达旺的东、西卡门县(Garshelis et al, 1999; Choudhury, 2003; Chutia, 2010)。当地门巴族人狩猎懒熊, 由于种群数量下降, 懒熊被列入了CITES附录I和《IUCN熊类保育行动计划》(Garshelis et al, 1999)。

(5)偶蹄类。参考Wilson和Mittermeier (2012)的*Handbook of the Mammals of the World, Vol. 2, Ungulates*一书, 重新厘定了中国偶蹄类动物分类。在编目中增加了阿尔泰盘羊(*Ovis ammon*)和哈萨克盘羊(*O. collium*)。此外, 增加了分布于藏南地区的印度麂(*Muntiacus muntjak*)。Wilson和Mittermeier (2012)、Groves (2011, 2016)和蒋学龙等(2017)均报道中国有高黎贡羚牛(*Budorcas taxicolor*)分布。蒋志刚等2016年冬季在高黎贡山的野外考察中也证实了这一发现。于是, 本次编目收录了高黎贡羚牛。

同属动物在中国境内只有1个种的哺乳动物, 中文名沿用其中文习用名, 如梅花鹿、狍(*Capreolus pygargus*)、鹅喉羚(*Gazella yarkandensis*)。本文将中国境内的梅花鹿合并为1个种——*Cervus nippon*, 删去了华南梅花鹿(*C. pseudaxis*)、四川梅花鹿(*C. sichuanicus*)和台湾梅花鹿(*C. taiouanus*)。还删去了阿拉善马鹿(*C. alashanicus*)和四川马鹿(*C. macneilli*); 驼鹿也合并为1个种——*Alces alces*, 删去了美洲驼鹿(*A. americanus*)。根据周材权等(2003)、邹方东研究组(Zeng et al, 2008; Peng et al, 2012)、王小明研究组(曹丽荣等, 2003)的研究, 矮岩羊(*Pseudois sharferi*)不应当作为一个独立的物种, 一些岩羊(*P. nayaur*)种群中也出现了矮岩羊的特征。故从编目中删去了矮岩羊。

Meijaard和Groves (2004)测量了泰国标本馆藏的一张产于该国北部的小麂鹿(*Tragulid* sp.)标本, 发现这张标本的尺寸较爪哇小麂鹿(*T. javanicus*)和小麂鹿(*T. kanchil*)大, 于是, 他们将其定为威氏小麂鹿(*T. williamsoni*)。由于缺乏小麂鹿和威氏小麂鹿的系统发育比较分析, 仅基于1份标本进行形态分类, *T. williamsoni*是否成立仍存疑问。王应祥(2003)、潘清华等(2007)和蒋志刚等(2015)均将分布在西双版纳的小麂鹿定为威氏小麂鹿。蒋志刚等2015–2016年在西双版纳开展了麂鹿专项野外考察, 并以线粒体细胞色素*b* (Cyt *b*)基因为分子标记, 确认云南西

双版纳的小麂鹿不是爪哇小麂鹿(待发表), 但现有研究结果尚无法区分当地的小麂鹿是小麂鹿还是威氏小麂鹿。于是, 本次编目将分布在西双版纳的小麂鹿定为麂鹿未定种(*Tragulid* sp.)。

(6)鲸目。根据Cunha等(2015)的研究结果, 并不存在长喙真海豚(*Delphinus capensis*)这个物种, 故将长喙真海豚从编目中删除, 将短喙真海豚(*Delphinus delphis*)的中文名改为真海豚。修改后中国水域海豚科物种数为13属16种。依据Choudhury (2003)和Biswas等(2005)的研究, 在中国藏南地区有恒河豚(*Platanista gangetica*)分布, 列入恒河豚后, 中国哺乳类增加了1个科: 恒河豚科(Platanistidae)。

(7)啮齿目。本次增加了猪尾鼠属(*Typhlomys*)的1个新种——小猪尾鼠(*T. nanus*)和由亚种提升为种的大猪尾鼠(*T. daloushanensis*)(Cheng et al, 2017)。蒋学龙等(2017)指出休氏壮鼠(*Hadromys humei*)已经被订正为云南壮鼠(*H. yunnanensis*), 故从编目中删去了休氏壮鼠。编目中还增加了分布于中国藏南地区的比氏鼯鼠(*Biswamoyopterus biswasi*)、白腹鼠(*Niviventer niviventer*)、印度小鼠(*Mus booduga*)和小板齿鼠(*Bandicota bengalensis*)。此外, 依据审稿专家意见, 还在编目中增加了甘肃鼯鼠(*Myospalax cansus*)。Liu等(2017)厘清了我国田鼠亚科Arvicolini族的分类并发表了2个新种。该研究通过分子系统学结果, 将*Microtus clarkei*调整为*Neodon clarkei*; 将*Alexandromys*提升为属级分类单元, 并将东方田鼠(*Microtus fortis*)、经营田鼠(*M. limnophilus*)、台湾田鼠(*M. kikuchii*)、莫氏田鼠(*M. maximowiczii*)、根田鼠(*M. oeconomus*)置于*Alexandromys*属之下。他们还发表了新种墨脱松田鼠(*Neodon medogensis*)和聂拉木松田鼠(*N. nyalamensis*)。本编目作了相应修改。

(8)兔形目。刘少英等(2017)利用分子系统学和形态学相结合的方法厘清了鼠兔属的分类。该研究包括了除伊犁鼠兔(*O. iliensis*)之外的全世界所有鼠兔种。他们降级了5个鼠兔种, 提升了4个鼠兔亚种为种; 发表了5个新种; 他们认为黑鼠兔(*O. nigritia*)存在争议; 黄河鼠兔(*O. huangensis*)是达乌尔鼠兔的同物异名。包括黑鼠兔和伊犁鼠兔在内, 中国共有29种鼠兔分布(表1)。北美鼠兔(*O. princeps*)、斑颈鼠兔(*O. collaris*)、荷氏鼠兔(*O. hoffmanni*)、阿富汗鼠兔(*O. rufescens*)和草原鼠兔(*O. pusilla*)在中国

表1 中国鼠兔名录
Table 1 Checklist of pika in China

编号 No.	中文名 Chinese name	学名 Scientific name
1	高山鼠兔	<i>Ochotona alpina</i>
2	间颅鼠兔	<i>Ochotona cansus</i>
3	长白山鼠兔	<i>Ochotona coreana</i>
4	高原鼠兔	<i>Ochotona curzoniae</i>
5	大巴山鼠兔	<i>Ochotona dabashanensis</i>
6	达乌尔鼠兔	<i>Ochotona dauurica</i>
7	红耳鼠兔	<i>Ochotona erythrotis</i>
8	扁颅鼠兔	<i>Ochotona flatcalvariam</i>
9	灰颈鼠兔	<i>Ochotona forresti</i>
10	川西鼠兔	<i>Ochotona gloveri</i>
11	黄龙鼠兔	<i>Ochotona huanglongensis</i>
12	东北鼠兔	<i>Ochotona hyperborea</i>
13	伊犁鼠兔	<i>Ochotona iliensis</i>
14	柯氏鼠兔	<i>Ochotona koslowi</i>
15	拉达克鼠兔	<i>Ochotona ladacensis</i>
16	大耳鼠兔	<i>Ochotona macrotis</i>
17	满洲里鼠兔	<i>Ochotona mantchurica</i>
18	黑鼠兔	<i>Ochotona nigritia*</i>
19	奴布拉鼠兔	<i>Ochotona nubrica</i>
20	蒙古鼠兔(帕氏鼠兔)	<i>Ochotona pallasi</i>
21	邛崃鼠兔	<i>Ochotona qionglaiensis</i>
22	灰鼠兔	<i>Ochotona roylei</i>
23	红鼠兔	<i>Ochotona rutila</i>
24	峨眉鼠兔	<i>Ochotona sacraria</i>
25	锡金鼠兔	<i>Ochotona sikimaria</i>
26	藏鼠兔	<i>Ochotona thibetana</i>
27	狭颅鼠兔	<i>Ochotona thomasi</i>
28	循化鼠兔	<i>Ochotona xunhuaensis</i>
29	雅鲁藏布鼠兔	<i>Ochotona yarlungensis</i>

* 争议种 Species in dispute

没有分布。

兔形目增加了尼泊尔黑兔(*Lepus nigricollis*)和粗毛兔(*Caprolagus hispidus*)。粗毛兔分布在中国藏南地区喜马拉雅山南坡山脚的草甸草原生境。由于种群数量下降,生境萎缩,自1986年以来,粗毛兔被IUCN红色名录列为濒危(EN)物种(IUCN, 2017)。

依据Garshelis等(1999)、Choudhury (2003)、Biswas等(2005)和IUCN濒危物种红色名录(www.iucnredlist.org)等文献资料,本次编目新增补了藏南地区哺乳动物16种(表2)。

蒋志刚等(2015)报道的争议种中有4种的分类

表2 新增补的藏南地区哺乳动物
Table 2 Mammal species of the Zangnan Region newly added to the inventory

编号 No.	中文名 Chinese name	学名 Scientific name
1	葛氏菊头蝠	<i>Rhinolophus subbadius</i>
2	西白眉长臂猿	<i>Hoolock hoolock</i>
3	懒猴	<i>Nycticebus coucang</i>
4	亚洲胡狼	<i>Canis aureus</i>
5	孟加拉狐	<i>Vulpes bengakensis</i>
6	懒熊	<i>Melursus ursinus</i>
7	灰獐	<i>Herpestes edwardsii</i>
8	渔猫	<i>Felis viverrinus</i>
9	印度鹿	<i>Muntiacus muntjak</i>
10	恒河豚	<i>Platanista gangetica</i>
11	比氏鼯鼠	<i>Biswamoyopterus biswasi</i>
12	白腹鼠	<i>Niviventer niviventer</i>
13	印度小鼠	<i>Mus booduga</i>
14	小板齿鼠	<i>Bandicota bengalensis</i>
15	粗毛兔	<i>Caprolagus hispidus</i>
16	尼泊尔黑兔	<i>Lepus nigricollis</i>

地位已经澄清,然而,对另外18种的分类地位尚无统一意见。包括侯氏猬(*Mesechinus hughi*)、林猬(*M. sylvaticus*)、金背松鼠(*Callosciurus caniceps*)、长尾黄鼠(*Spermophilus parryii*)、台湾大鼯鼠(*Petaurista grandis*)、海南大鼯鼠(*P. hainana*)、白颊鼯鼠(黑龙江鼯鼠)(*P. leucogenys*)、白斑小鼯鼠(*P. marica*)、橙色小鼯鼠(*P. sybilla*)、云南大鼯鼠(*P. yunamensis*)、萨氏仓鼠(*Cricetulus sokolovi*) (Choudhury, 2003)、东亚屋顶鼠(*Rattus brunneusculus*)、海南白腹鼠(*Niviventer lotipes*)、甘肃鼯鼠、拟刺毛鼠(*N. huang*)、大五趾跳鼠(*Allactaga major*)、黑鼠兔和高丽兔(*Lepus coreanus*)。其中,啮齿目动物占89% (16种),鼯鼠(*Petaurista*)又占啮齿目动物争议种的约1/3。对这些存在争议的种需要开展专门研究,予以澄清。

中国有146种特有哺乳动物, 占中国哺乳动物总数的21%。特有率最高的是兔形目, 特有种占该目总种数的37%, 其次为劳亚食虫目(35%)和偶蹄目(25%)(表3)。中国的哺乳动物多样性仍在增加, 本编目报道的中国哺乳动物物种数目是有史以来最多的一次(图1)。中国是世界上哺乳动物物种最多的国家。

3 讨论

生物多样性编目基于生物分类学, 物种的概念

表3 中国哺乳动物各目、科、属种数与特有种数
Table 3 Number of species, genera and families as well as endemic species in the orders of China's mammalian fauna

目 Order	科数 No. of families		属数 No. of genera		种数 No. of species		特有种 No. of endemic species		特有率 Endemic species (%)	
	1st edn.*	2nd edn.#	1st edn.	2nd edn.	1st edn.	2nd edn.	1st edn.	2nd edn.	1st edn.	2nd edn.
劳亚食虫目 Eulipotyphla	3	3	24	24	87	89	30	31	34	35
攀鼯目 Scandentia	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
翼手目 Chiroptera	7	7	33	33	134	135	26	25	19	19
灵长目 Primates	4	4	9	9	27	31	6	7	22	23
鳞甲目 Pholidota	1	1	1	1	3	3	0	0	0	0
食肉目 Carnivora	10	10	39	40	58	63	2	1	3	2
海牛目 Sirenia	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
长鼻目 Proboscidea	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
奇蹄目 Perissodactyla	2	2	3	3	6	6	0	0	0	0
偶蹄目 Artiodactyla	6	6	28	28	67	64	19	16	28	25
鲸目 Cetacea	8	9	25	26	38	38	1	1	3	3
啮齿目 Rodentia	9	9	78	78	215	220	49	50	23	23
兔形目 Lagomorpha	2	2	2	3	35	41	16	15	46	37
总计 Total	55	56	245	248	673	693	149	146	22	21

* 《中国哺乳动物多样性》(蒋志刚等, 2015); # 《中国哺乳动物多样性(第2版)》。
* Inventory of China's Mammal Diversity (Jiang et al, 2015); # Inventory of China's Mammal Diversity, 2nd edn.

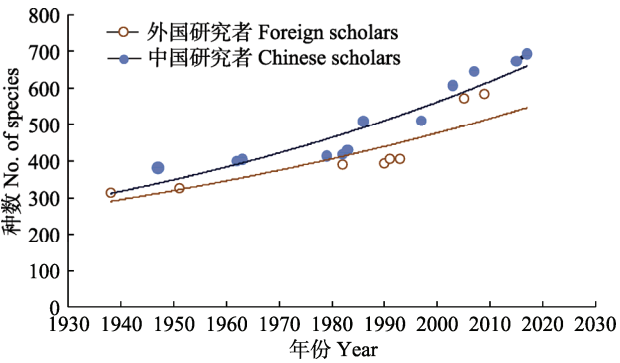


图1 中外研究者报道的中国哺乳动物多样性。数据来源为蒋志刚等(2015)的表1和本研究。
Fig. 1 China's mammalian species diversity reported by foreign and Chinese scholars. Source of the data is from the Table 1 in Jiang et al (2015) and this study.

是分类的基石。而分类学家却无法就物种概念达成一致，整个生物分类体系的基石并不牢固。生物分类有赖于分类学家、野外考察、标本采集和分类研究(Wilson, 2004)。然而，当代生物分类学正处于十字路口。生物多样性研究需要更多的分类学家，而新一代分类学家却青黄不接(Raven, 2004)。尽管近年来国家资助了生物多样性野外考察，但是由于大型珍稀动物数量的下降，以及各国对濒危物种实施保护，从野外获得哺乳动物的研究标本越来越困难。

3.1 物种的定义

作为生物学的一个基础问题，“物种”尚无一个统一的定义，而物种概念又是生命科学不可或缺的基础概念(洪德元, 2016; 孔宏智, 2016)。目前，有模式种、唯名论种、群体种、表型种、生态种、时间种、分支种和系谱种等数十个物种概念(蒋志刚, 2016)。因为分类学家可能无法就物种分类标准达成共识，一个专家对一个类群的知识往往囿于一个目、一个科、一个属、甚至一个种。当人们对物种的研究深入到DNA序列、到基因组学水平，人们发现了许多以前肉眼无法察觉的差异，根据这些差异，可以为新种的发表提供重要的分子生物学证据和参考。Apagow等(2004)综述了91例涵盖所有生物类群的研究，他们发现使用系统发育种(系谱种)概念时，物种数目比使用非系统发育种概念时平均多121%。随着系统发育种概念的广泛被接受与应用，可以期待今后的研究中人们会发现、发表更多的新种，如蒋学龙等(2017)在高黎贡山发现了林猬一新种。

当生殖隔离不再作为种的分类标准时，个体之间多大的差异是种级的差异，是由分类学家界定的。这些差异表现在DNA非编码区、基因、基因组、染色体组、蛋白质组、个体表型等层次。单个个体的DNA组在其一生中是不断变化的。DNA序列的差

异是否导致了性状的差异,是使用DNA序列差异分类时必须考虑的问题。即使是遗传组成相同时,表型也可能有差异。2001年诞生的第一只克隆猫(Cc cat)的毛色和其提供遗传物质的母猫的毛色就不一样。控制毛色的基因位于猫的X染色体上,由于提供遗传物质的母猫的1条X染色体DNA被甲基化随机失活而造成了毛色的差异(Wikipedia, 2017)。加之不同物种处于其进化过程的不同阶段,很难应用同一物种标准进行划分(张德兴, 2016)。

Garnett 和 Christidis (2017)对生物分类学家不能统一物种分类标准,从而无法建立唯一的分类体系而痛心疾首,认为这一状态妨碍了生物多样性保护。于是,他们号召人们结束这种“无政府状态”。殊不知,不同物种和分类系统是不同学者与学派对生命世界的认识,而生命世界客观存在。然而,这一客观在不断的演化之中。加之科学家都有创新求异的天性,没有必要、也不可能强求统一的、不变的生物分类体系。分类学应当注重于如何检验分类假说(Lambertz, 2017)。

鉴于这一事实,人们在管理野生动植物、保护生物多样性时,灵活地运用了物种概念(蒋志刚, 2017)。回首当年达尔文在100多年前说的“物种这个名词,我认为完全是为了方便起见,任意用来表示一群相互密切类似的个体的”(李虎, 2012),可能有几分道理。值得庆幸的是一位分类学家在其研究领域中能够运用相当一致的标准划分物种,而一个物种在相当长的时间中是稳定的。于是,不同领域的专家拼出了一个国家的生物多样性拼图、不同国家的专家拼出了全球生物多样性拼图。

3.2 物种分类

分类学家依据采集的标本进行分类研究,也常常依据馆藏标本进行分类。事实上,由于当时的采集收藏条件所限,一种动物常常仅采集了为数不多的标本;现在则出于保护伦理的考量,研究人员在野外尽量少采集或不采集标本(Costello et al, 2016)。国际动物命名法规委员会甚至通过了决议,允许使用照片而不是模式标本命名物种(Pape, 2016)。更多情形下,标本采集后,经过馆际交换,在一个博物馆里一种动物常常仅保留了一具头骨标本或一张皮张标本,并且这些标本常常是残缺不全的。经过长期保存后,标本中的DNA常常发生断裂,无法提取长片段DNA。尽管如此,有分类学家

常常在标本馆测量、描述标本形态,依据标本的大小和毛发色差而定种,将原来的一个种分出许多种。Grove和Grubb (2011)对偶蹄类的分类系统即是如此。因为采集的季节、动物的年龄、性别以及个体差异、甚至保存条件不同,都可能影响标本的大小和色差,这种仅仅根据一具或少数馆藏标本而定名种的方法,尽管省时省力,然而,其结论的可重复性值得商榷。

对物种分类系统和多样性的研究应当侧重当代采集的野外标本开展研究,因为进入人类纪(Anthropogene)以来,物种生存环境发生了极大的变化,有些物种在某些环境因子的胁迫下发生了种内甚至种间进化。博物馆馆藏标本是一个物种在过去时间断面的样本,并不一定代表物种现在的形态与遗传特征。对现生生物的研究应当采集野外标本。本文的鼠兔科、仓鼠科分类即是作者历时多年,行程数万公里,采集了标本,并结合分子分类和形态分类而进行的研究。

3.3 物种保护

物种是生物多样性的基石。生物多样性保护必须落实在物种保护之上。因此,IUCN濒危物种红色名录(www.iucnredlist.org)、CITES附录(www.cites.org)和国家重点保护野生动物名录都基于物种而制定。然而,濒危物种的保护应当采取更灵活的方式,我们既可以保护濒危的物种,也可以保护濒危的亚种。为了管理的方便,还可以像CITES附录一样,保护一个目,如灵长目的所有种,一个科,如犀科的所有种Rhinocerotidae spp.,一个属的所有种,如穿山甲属(*Manis*),也可以保护种下阶元,如亚种、甚至种群。

由于矮岩羊与岩羊的差异未达到种的差异(曹丽荣等, 2003; 周材权等, 2003; Zeng et al, 2008; Peng et al, 2012),而被归入岩羊的种下单元。然而,这并不是说矮岩羊不再需要保护。矮岩羊作为岩羊的一个特殊进化单元,如果长期保存其变异,独立进化,未来矮岩羊可能积累更多的遗传变异,有可能进化成为新种。今后在制定重点野生动物保护名录时,矮岩羊可以作为一个进化单元而保护。现在,人们越来越关心物种的性状,而不是仅仅计数物种数目(Cernansky, 2017)。尽管如此,保护生物多样性需要关注所有物种而非仅仅是明星物种,保护所有的遗传变异而不是仅仅有选择地保留部分

变异。

3.4 未来的方向

及时更新生物物种名录是一个世界潮流。及时更新中国哺乳动物编目, 可以了解中国生物多样性现状的重要组成部分, 十分必要。作为全球生物多样性编目之一部分, 中国科学家正在做出自己的努力, 及时总结中国哺乳动物分类研究的前沿和热点, 更新中国哺乳动物编目, 为及时评定物种生存状况, 更新中国哺乳动物红色名录和《中国生物物种名录》奠定了基础。特有种约占中国哺乳动物的1/5, 如大熊猫(*Ailuropoda melanoleuca*)、白唇鹿(*Przewalskium albirostris*)、普氏原羚(*Procapra przewalskii*)等, 这些特有种在中国的生存状况即是该物种在全球的生存状况。中国研究人员掌握了这些特有种生存状况的第一手资料, 对全球评定这些特有种的生存状况和濒危等级具有话语权。

濒危物种红色名录可以作为物种编目和新种的登记簿, 新种可以依据对其资料的掌握程度列入红色名录的“未评估”或“评估”(Dijkstra, 2017)。正是由于2012–2015年编制《中国生物多样性红色名录》, 我们(2015)对中国哺乳动物多样性进行了首次编目。本次编目还是为了修订《中国生物多样性红色名录——哺乳动物卷》而开展的前期工作。因此, 物种多样性编目与红色名录研究相互依托, 相互推动。

中国是一个多山之, 有第四纪冰期避难所, 高山峡谷的隔离为物种形成创造了条件。随着调查范围的扩大, 我们期待在横断山区、喜马拉雅山区、龙门山区发现更多的新种, 特别是啮齿目、劳亚食虫目和兔形目。形态标本、物种种群的野外分布和遗传结构仍是研究物种分类和系统进化必不可少的材料。DNA序列, 特别是条形码数据的快速积累, 为人们构建生命发生的系统树积累了数据。我们已经大量分类学数据, 但是这些数据零星分散(Scoble, 2004)。全球都在开展大规模生物多样性野外考察和监测, 大量的新物种被发现。全球每年发现的新种在10,000个以上(May, 2004)。发现跟踪新的物种信息已经成为一个挑战。数字出版物、网络数据库成为信息时代继图书馆、标本馆之后的又一生物多样性信息源(Knapp et al, 2007)。大数据和生物信息学将使得全球和区域的生物多样性拼图越来越完整。大数据的建、研究数据的共享是未来生物多样性研究的必由之路。近年来, 国家野生

动物主管部门组织了中国野生动物的系统考察, 将为中国野生动物研究、保护和管理积累宝贵的数据。中国国家自然科学基金应继续支持中国哺乳动物的基础分类和进化研究。

致谢: 感谢胡慧建研究员、范鹏飞教授提供资料, 胡一鸣、李立立、罗晓、周智鑫等参加野外考察。

参考文献

- Adams JC, Chiquet-Ehrismann R, Tucker RP (2015) The evolution of tenascins and fibronectin. *Cell Adhesion & Migration*, 9, 22–33.
- Apagow PM, Bininda-Emonds ORP, Crandall KA, Gittleman JL, Mace GM, Marshall JC, Purvis A (2004) The impact of species concept on biodiversity studies. *Quarterly Review of Biology*, 79, 161–179.
- Biswas KK, Soren PC, Basu D, Chattopadhyay S, Bhuinya S (2005) Observation on vertebrate fauna of D'ering Memorial Wildlife Sanctuary, “Arunachal Pradesh”. *Records of the Zoological Survey*, 105, 169–188.
- Cao LR, Wang XM, Fang SG (2003) A molecular phylogeny of bharal and dwarf blue sheep based on mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. *Acta Zoologica Sinica*, 49, 198–204. (in Chinese with English abstract) [曹丽荣, 王小明, 方盛国 (2003) 从细胞色素*b*基因全序列差异分析岩羊和矮岩羊的系统进化关系. *动物学报*, 49, 198–204.]
- Cernansky R (2017) Biodiversity moves beyond counting species. *Nature*, 546, 22–24.
- Chen ZZ, He K, Huang C, Wan T, Lin LK, Liu SY, Jiang XL (2017) Integrative systematic analyses of the genus *Chodsigoa* (Mammalia: Eulipotyphla: Soricidae), with descriptions of new species. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 180, 694–713.
- Cheng F, He K, Chang ZZ, Zhang B, Wan T, Li JT, Zhang BW, Jiang XL (2017) Phylogeny and systematic revision of the genus *Typhlomys* (Rodentia, Platacanthomyidae): with description of a new species. *Journal of Mammalogy*, 98, 731–743.
- Chetry D, Medhi R, Biswas J, Das D, Bhattacharjee PC (2003) Nonhuman primates in the Namdapha National Park, “Arunachal Pradesh”. *International Journal of Primatology*, 24, 383–387.
- Choudhury A (2003) *The Mammals of “Arunachal Pradesh”*. Astral International (P) Ltd, New Delhi.
- Chutia P (2010) Studies on hunting and the conservation of wildlife species in “Arunachal Pradesh”. *Sibcoltejo*, 5, 56–67.
- Costello AMJ, Beard KH, Corlett RT, Cumming GS, Devictor V, Loyola FR, Maas B, Miller-Rushing AJ, Pakeman R, Primack RB (2016) Field work ethics in biological research.

- Biological Conservation, 203, 268–271.
- Cunha HA, de Castro RL, Secchi ER, Crespo EA, Lailson-Brito J, Azevedo AF, Lazoski C, Solé-Cava AM (2015) Molecular and morphological differentiation of common dolphins (*Delphinus* sp.) in the southwestern Atlantic: testing the two species hypothesis in sympatry. PLoS ONE, 10, e0140251.
- Dang FH, Yu WH, Wang XY, Guo WJ, Zhuang ZS, Mei TY, Zhang QP, Li F, Li YC, Wu Y (2017) Taxonomic clarification of *Myotis rufoniger* from China. Sichuan Journal of Zoology, 36, 7–13. (in Chinese with English abstract) [党飞红, 余文华, 王晓云, 郭伟健, 庄卓升, 梅廷媛, 张秋萍, 李锋, 李玉春, 吴毅 (2017) 中国渡濑氏鼠耳蝠种名订正. 四川动物, 36, 7–13.]
- Darwin C (translated by Li H) (2012) Origin of Species. Tsinghua University Press, Beijing. (in Chinese) [李虎 (译) (2012) 物种起源. 清华大学出版社, 北京.]
- Dijkstra K-DB (2017) Taxonomy: use the Red List as a registry. Nature, 546, 599–600.
- Fan PF, He K, Chen X, Ortiz A, Zhang B, Zhao C, Li YQ, Zhang HB, Kimock C, Wang WZ, Groves C, Turvey ST, Roos C, Helgen KM, Jiang XL (2017) Description of a new species of *Hoolock* gibbon (Primates: Hylobatidae) based on integrative taxonomy. American Journal of Primatology, 79, e22631, doi: 10.1002/ajp.22631.
- Garnett ST, Christidis L (2017) Taxonomy anarchy hampers conservation. Nature, 546, 25–27.
- Garshelis DL, Joshi AR, Smith JLD, Rice CG (1999) Chapter 12, Sloth bear conservation action plan. In: Bears: Status Survey and Conservation Action Plan (eds Herrero S, Peyton B, Servheen C), pp. 226–240. IUCN Publications Services Unit. <http://www.iucn.org>. (accessed on 2017-04-03)
- Groves CP, Grubb P (2011) Ungulate Taxonomy. Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Groves C (2016) Systematics of the Artiodactyla of China in the 21st century. Zoological Research, 37, 119–125.
- He F, Xiao N, Zhou J (2015) A new species of *Murina* from China (Chiroptera: Vespertilionidae). Cave Research, 2, 1–5.
- Hong DY (2016) Biodiversity pursuits need a scientific and operative species concept. Biodiversity Science, 24, 979–999. (in Chinese with English abstract) [洪德元 (2016) 生物多样性事业需要科学、可操作的物种概念. 生物多样性, 24, 979–999.]
- Hu JY, Zhang YP, Yu L (2012) Summary of Laurasiatheria (Mammalia) phylogeny. Zoological Research, 33, E65–E74.
- Hu Y, Zhou Z, Huang Z, Li M, Jiang Z, Wu J, Liu W, Jin K, Hu H (2017) A new record of *Trachypithecus pileatus* in China. Zoological Research, 38, 203–205.
- IUCN (2017) IUCN Redlist. <http://www.iucnredlist.org>. (accessed on 2017-03-20)
- James J, Ramakrishnan U, Datta A (2008) Molecular evidence for the leaf deer *Muntiacus putaoensis* in “Arunachal Pradesh”. Conservation Genetics, 9, 927–931.
- Jiang XL, Li Q, Chen ZZ, Zhang B, Li XY, Wan T (2017) Checklist of mammals in Yunnan Province (2016 edn.). In: Checklist of Biodiversity in Yunnan Province (ed. Sun H), pp. 581–588. Yunnan People’s Publishing House, Kunming. (in Chinese) [蒋学龙, 李权, 陈中正, 张斌, 李学友, 万韬 (2017) 哺乳类. 见: 云南省生物物种名录 (2016版) (孙航编), 581–588页. 云南人民出版社, 昆明.]
- Jiang ZG (2017) On the connotation and extension of species concept used by the Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES). Biodiversity Science, 25, 88–90. (in Chinese) [蒋志刚 (2017) 论《濒危野生动植物种国际贸易公约》物种概念的内涵和外延. 生物多样性, 25, 88–90.]
- Jiang ZG (2016) How many species are there on the Earth? Chinese Science Bulletin, 61, 2337–2343. (in Chinese with English abstract) [蒋志刚 (2016) 地球上有多少物种? 科学通报, 61, 2337–2343.]
- Jiang ZG, Ma Y, Wu Y, Wang YX, Feng ZJ, Zhou KY, Liu SY, Luo ZH, Li CW (2015) China’s mammalian diversity. Biodiversity Science, 23, 351–364. (in Chinese with English abstract) [蒋志刚, 马勇, 吴毅, 王应祥, 冯祚建, 周开亚, 刘少英, 罗振华, 李春旺 (2015) 中国哺乳动物多样性. 生物多样性, 23, 351–364.]
- Knapp S, Polaszek A, Watson M (2007) Spreading the word. Nature, 446, 261–262.
- Kong HZ (2016) Biodiversity undertakings call for extensive discussion on species concept and the criteria for species delimitation. Biodiversity Science, 24, 977–978. (in Chinese) [孔宏智 (2016) 生物多样性事业呼唤对物种概念和物种划分标准的深度讨论. 生物多样性, 24, 977–978.]
- Kumar A, Sarma K, Krishna M, Devi A (2013) The eastern hoolock gibbon (*Hoolock leuconedys*) in eastern “Arunachal Pradesh”. Primate Conservation, 27, 115–123.
- Lambertz M (2017) Taxonomy: retain scientific autonomy. Nature, 546, 5999.
- Liu SY, Jin W, Liao R, Sun ZY, Zeng T, Fu JR, Liu Y, Wang X, Li PF, Tang MK, Chen LM, Dong L, Han MD, Gou D (2017) Phylogenetic study of *Ochotona* based on mitochondrial Cyt *b* and morphology with a description of one new subgenus and five new species. Acta Theriologica Sinica, 37, 1–43. (in Chinese with English abstract) [刘少英, 靳伟, 廖锐, 孙治宇, 曾涛, 符建荣, 刘洋, 王新, 李盼峰, 唐明坤, 谌利民, 董立, 韩明德, 苟丹 (2017) 基于Cyt *b*基因和形态学的鼠兔属系统发育研究及鼠兔属1新亚属5新种描述. 兽类学报, 37, 1–43.]
- Liu SY, Jin W, Liu Y, Murphy RW, Lü B, Hao HB, Liao R, Sun ZY, Tang MK, Chen WC, Fu JR (2017) Taxonomic position of Chinese voles of the tribe Arvicolini and the description of 2 new species from Xizang, China. Journal of Mammalogy, 98, 166–182.
- May R (2004) Tomorrow’s taxonomy: collecting new species in field will remain the rate-limiting step. Philosophical

- Transactions of the Royal Society B, 359, 733–734.
- Mishra C, Madhusudan MD, Datta A (2006) Mammals of the high altitudes of western “Arunachal Pradesh”, eastern Himalaya: an assessment of threats and conservation needs. *Oryx*, 40, 1–7.
- Pan QH, Wang YX, Yan K (2007) A Field Guide to the Mammals of China. China Forestry Publishing House, Beijing. (in Chinese) [潘清华, 王应祥, 岩崑 (2007) 中国哺乳动物彩色图鉴. 中国林业出版社, 北京.]
- Pape T (2016) Species can be named from photos. *Nature*, 537, 307.
- Peng Q, Tang L, Tan S, Li Z, Wang J, Zou F (2012) Mitogenomic analysis of the genus *Pseudois*: evidence of adaptive evolution of morphological variation in the ATP synthase genes. *Mitochondrion*, 12, 500–505.
- Raven PH (2004) Taxonomy: where are we now? *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 359, 729–730.
- Samper C (2004) Taxonomy and environmental policy. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 359, 721–728.
- Scoble MJ (2004) Unitary or unified taxonomy? *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 359, 699–710.
- Simmons NB (2005) Order Chiroptera. In: *Mammal Species of the World, A Taxonomic and Geographic Reference*, 3rd edn. (eds Wilson DE, Reeder DM), pp. 312–529. The Johns Hopkins University Press, Baltimore, MA.
- Vislobokova IA (2013) On the origin of Cetartiodactyla: comparison of data on evolutionary morphology and molecular biology. *Paleontological Journal*, 47, 321–334.
- Wang YX (2003) A Complete Checklist of Mammal Species and Subspecies in China: A Taxonomic and Geographic Reference. China Forestry Publishing House, Beijing. (in Chinese) [王应祥 (2003) 中国哺乳动物种与亚种分类名录与分布大全. 中国林业出版社, 北京.]
- Wikipedia (2017) CC (cat). [https://en.wikipedia.org/wiki/CC_\(cat\)#cite_note-2](https://en.wikipedia.org/wiki/CC_(cat)#cite_note-2). (accessed on 2017-03-20)
- Wilson DE, Mittermeier RA (2012) *Handbook of the Mammals of the World*, Vol. 2, Ungulates. Lynx Edicions, Barcelona.
- Wilson DE, Reeder DM (2005) *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*, 3rd edn. John Hopkins University Press, Baltimore, MA.
- Wilson EO (2004) Taxonomy as a fundamental discipline. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 359, 739.
- Zeng B, Xu L, Yue B, Li Z, Zou F (2008) Molecular phylogeography and genetic differentiation of blue sheep *Pseudois nayaur szechuanensis* and *Pseudois schaeferi* in China. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 48, 387–395.
- Zheng XQ, Fang YP, Zhou ZH (2010) *Illustrated Handbook of Bats in Taiwan*. Endemic Species Research Institute, “Council of Agriculture, Executive Yuan”, Taipei. (in Chinese) [郑锡奇, 方引平, 周政翰 (2010) 台湾蝙蝠图鉴. “行政院农业委员会”特有生物研究保育中心, 台北.]
- Zhang DX (2016) Why is it so difficult to reach a consensus in species concept? *Biodiversity Science*, 24, 1009–1013. (in Chinese with English abstract) [张德兴 (2016) 为什么在物种概念上难以达成共识? 生物多样性, 24, 1009–1013.]
- Zhou CQ, Zhou KY, Hu JC (2003) The validity of the dwarf bharal (*Pseudois schaeferi*) species status inferred from mitochondrial Cyt *b* gene. *Acta Zoologica Sinica*, 49, 578–584. (in Chinese with English abstract) [周材权, 周开亚, 胡锦涛 (2003) 从线粒体细胞色素*b*基因探讨矮岩羊物种地位的有效性. 动物学报, 49, 578–584.]
- Zhou XM, Xu SX, Xu JX, Chen BY, Zhou KY, Yang G (2012) Phylogenomic analysis resolves the interordinal relationships and rapid diversification of the Laurasiatherian mammals. *Systematic Biology*, 61, 150–164.

(责任编辑: 纪力强 责任编辑: 闫文杰)

附录 Supplementary Material

附录1 中国哺乳动物多样性编目(第2版)

Appendix 1 Inventory of China's mammal diversity (2nd Edition)
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017098-1.pdf>

附录 1 中国哺乳动物多样性编目(第 2 版)

Appendix 1 Inventory of China's mammal diversity (2nd edition)

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
劳亚食虫目 EULIPOTYPHILA			
猬科 ERINACEIDAE			
中国毛猬 <i>Hylomys suillus</i>		云南鼯䟽 <i>Sorex excelsus</i>	
海南新毛猬 <i>Neohylomys hainanensis</i>	✓	细鼯䟽 <i>Sorex gracillimus</i>	
中国鼯䟽 <i>Neotetracus sinensis</i>		远东鼯䟽 <i>Sorex isodon</i>	
东北刺猬 <i>Erinaceus amurensis</i>		柯氏鼯䟽 <i>Sorex kozlovi</i>	✓
大耳猬 <i>Hemiechinus auritus</i>		姬鼯䟽 <i>Sorex minutissimus</i>	
达乌尔猬 <i>Mesechinus dauuricus</i>		小鼯䟽 <i>Sorex minutus</i>	
侯氏猬 <i>Mesechinus hughi</i> *	✓	大鼯䟽 <i>Sorex mirabilis</i>	
小齿猬 <i>Mesechinus miodon</i>	✓	克什米尔鼯䟽 <i>Sorex planiceps</i>	
林猬 <i>Mesechinus sylvaticus</i> *	✓	扁颅鼯䟽 <i>Sorex roboratus</i>	
高黎贡林猬 <i>Mesechinus sp.</i>	✓	陕西鼯䟽 <i>Sorex sinalis</i>	✓
		藏鼯䟽 <i>Sorex thibetanus</i>	✓
鼯䟽科 TALPIDAE		苔原鼯䟽 <i>Sorex tundrensis</i>	
等齿鼯䟽 <i>Uropsilus aequodonenia</i>	✓	长爪鼯䟽 <i>Sorex unguiculatus</i>	
峨眉鼯䟽 <i>Uropsilus andersoni</i>	✓	淡灰黑齿鼯䟽 <i>Blarinella griselda</i>	
长吻鼯䟽 <i>Uropsilus gracilis</i>		川鼯 <i>Blarinella quadratauda</i>	✓
贡山鼯䟽 <i>Uropsilus investigator</i>	✓	狭颅黑齿鼯䟽 <i>Blarinella wardi</i>	
鼯䟽 <i>Uropsilus soricipes</i>	✓	大爪长尾鼯䟽 <i>Soriculus nigrescens</i>	
长尾鼯䟽 <i>Scaptonyx fuscicaudus</i>		米什米长尾鼯䟽 <i>Episoriculus baileyi</i>	
甘肃鼯 <i>Scapanulus oweni</i>	✓	长尾鼯 <i>Episoriculus caudatus</i>	
宽齿鼯 <i>Euroscaptor grandis</i>	✓	台湾长尾鼯 <i>Episoriculus fumidus</i>	✓
长吻鼯 <i>Euroscaptor longirostris</i>		大长尾鼯䟽 <i>Episoriculus leucops</i>	
短尾鼯 <i>Euroscaptor micrura</i>		缅甸长尾鼯 <i>Episoriculus macrurus</i>	
小齿鼯 <i>Euroscaptor parvidens</i>		灰腹长尾鼯䟽 <i>Episoriculus sacratu</i> s	✓
台湾缺齿鼯 <i>Mogera kanoana</i>	✓	高氏缺齿鼯 <i>Chodsigoa caovansunga</i>	
华南缺齿鼯 <i>Mogera insularis</i>		霍氏缺齿鼯 <i>Chodsigoa hoffmanni</i>	
缺齿鼯 <i>Mogera robusta</i>		烟黑缺齿鼯 <i>Chodsigoa furva</i>	
小缺齿鼯 <i>Mogera wogura</i>		川西缺齿鼯䟽 <i>Chodsigoa hypsibia</i>	✓
钓鱼岛鼯 <i>Mogera uchidai</i>	✓	小缺齿鼯䟽 <i>Chodsigoa lamula</i>	✓
白尾鼯 <i>Parascaptor leucura</i>		云南缺齿鼯䟽 <i>Chodsigoa parca</i>	
麝鼯 <i>Scaptochirus moschatus</i>	✓	滇北长尾鼯 <i>Chodsigoa parva</i>	✓
鼯䟽科 SORICIDAE		大缺齿鼯䟽 <i>Chodsigoa salenskii</i>	✓
天山鼯䟽 <i>Sorex asper</i>		斯氏缺齿鼯䟽 <i>Chodsigoa smithii</i>	✓
小纹背鼯䟽 <i>Sorex bedfordiae</i>		细尾缺齿鼯䟽 <i>Chodsigoa sodalis</i>	✓
帕米尔鼯䟽 <i>Sorex buchariensis</i>		水鼯䟽 <i>Neomys fodiens</i>	
中鼯䟽 <i>Sorex caecutiens</i>		微尾鼯 <i>Anourosorex squamipes</i>	
甘肃鼯䟽 <i>Sorex cansulus</i>	✓	台湾短尾鼯 <i>Anourosorex yamashinai</i>	✓
纹背鼯䟽 <i>Sorex cylindricauda</i>	✓	喜马拉雅水麝鼯 <i>Chimarrogale himalayica</i>	
栗齿鼯䟽 <i>Sorex daphaenodon</i>		利安得水麝鼯 <i>Chimarrogale leander</i>	
		灰腹水鼯 <i>Chimarrogale styani</i>	

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
蹼足鼯 <i>Nectogale elegans</i>		马氏菊头蝠 <i>Rhinolophus marshalli</i>	
小臭鼯 <i>Suncus etruscus</i>		单角菊头蝠 <i>Rhinolophus monoceros</i>	✓
臭鼯 <i>Suncus murinus</i>		丽江菊头蝠 <i>Rhinolophus osgoodi</i>	✓
灰麝鼯 <i>Crocidura attenuata</i>		高鞍菊头蝠 <i>Rhinolophus paradoxolophus</i>	
白尾梢麝鼯 <i>Crocidura fuliginosa</i>		皮氏菊头蝠 <i>Rhinolophus pearsoni</i>	
格氏小麝鼯 <i>Crocidura gmelini</i>		小菊头蝠 <i>Rhinolophus pusillus</i>	
南小麝鼯 <i>Crocidura indochinensis</i>		贵州菊头蝠 <i>Rhinolophus rex</i>	✓
大麝鼯 <i>Crocidura lasiura</i>		施氏菊头蝠 <i>Rhinolophus schnitzleri</i>	✓
白齿麝鼯 <i>Crocidura leucodon</i>		中华菊头蝠 <i>Rhinolophus sinicus</i>	
华南中麝鼯 <i>Crocidura rapax</i>	✓	小褐菊头蝠 <i>Rhinolophus stheno</i>	
山东小麝鼯 <i>Crocidura shantungensis</i>		葛氏菊头蝠 <i>Rhinolophus subbadius</i>	
西伯利亚麝鼯 <i>Crocidura sibirica</i>		托氏菊头蝠 <i>Rhinolophus thomasi</i>	
台湾长尾麝鼯 <i>Crocidura tanakae</i>	✓	楔鞍菊头蝠 <i>Rhinolophus xinanzhongguoensis</i>	✓
西南中麝鼯 <i>Crocidura vorax</i>		云南菊头蝠 <i>Rhinolophus yunanensis</i>	
五指山小麝鼯 <i>Crocidura wuchihensis</i>		蹄蝠科 HIPPOSIDERIDAE	
攀鼯目 SCANDENTIA		大蹄蝠 <i>Hipposideros armiger</i>	
树鼯科 TUPAIIDAE		灰小蹄蝠 <i>Hipposideros cineraceus</i>	
北树鼯 <i>Tupaia belangeri</i>		大耳小蹄蝠 <i>Hipposideros fulvus</i>	
翼手目 CHIROPTERA		中蹄蝠 <i>Hipposideros larvatus</i>	
狐蝠科 PTEROPODIDAE		莱氏蹄蝠 <i>Hipposideros lylei</i>	
抱尾果蝠 <i>Rousettus amplexicaudatus</i>		小蹄蝠 <i>Hipposideros pomona</i>	
棕果蝠 <i>Rousettus leschenaultii</i>		普氏蹄蝠 <i>Hipposideros pratti</i>	
琉球狐蝠 <i>Pteropus dasymallus</i>		三叶蹄蝠 <i>Aselliscus stoliczkanus</i>	
印度大狐蝠 <i>Pteropus giganteus</i>		无尾蹄蝠 <i>Coelops frithii</i>	
短耳犬蝠 <i>Cynopterus brachyotis</i>		犬吻蝠科 MOLOSSIDAE	
犬蝠 <i>Cynopterus sphinx</i>		宽耳犬吻蝠 <i>Tadarida insignis</i>	
球果蝠 <i>Sphaerias blanfordi</i>		华北犬吻蝠 <i>Tadarida latouchei</i>	
长舌果蝠 <i>Eonycteris spelaea</i>		皱唇犬吻蝠 <i>Tadarida plicata</i>	
安氏长舌果蝠 <i>MacroGLOSSUS sobrinus</i>		蝙蝠科 VESPERTILIONIDAE	
无尾果蝠 <i>Megaerops ecaudatus</i>		西南鼠耳蝠 <i>Myotis altarium</i>	
泰国无尾果蝠 <i>Megaerops niphanae</i>		缺齿鼠耳蝠 <i>Myotis annectans</i>	
鞘尾蝠科 EMBALLONURIDAE		栗鼠耳蝠 <i>Myotis badius</i>	✓
黑髯墓蝠 <i>Taphozous melanopogon</i>		尖耳鼠耳蝠 <i>Myotis blythii</i>	
大墓蝠 <i>Taphozous theobaldi</i>		远东鼠耳蝠 <i>Myotis bombinus</i>	
假吸血蝠科 MEGADERMATIDAE		布氏鼠耳蝠 <i>Myotis brandtii</i>	
印度假吸血蝠 <i>Megaderma lyra</i>		中华鼠耳蝠 <i>Myotis chinensis</i>	
马来假吸血蝠 <i>Megaderma spasma</i>		沼泽鼠耳蝠 <i>Myotis dasycneme</i>	
菊头蝠科 RHINOLOPHIDAE		大卫鼠耳蝠 <i>Myotis davidii</i>	✓
中菊头蝠 <i>Rhinolophus affinis</i>		毛腿鼠耳蝠 <i>Myotis fimbriatus</i>	✓
马铁菊头蝠 <i>Rhinolophus ferrumequinum</i>		绯鼠耳蝠 <i>Myotis formosus</i>	
台湾菊头蝠 <i>Rhinolophus formosae</i>	✓	长尾鼠耳蝠 <i>Myotis frater</i>	
华南菊头蝠 <i>Rhinolophus huananus</i>	✓	小巨足鼠耳蝠 <i>Myotis hasseltii</i>	
短翼菊头蝠 <i>Rhinolophus lepidus</i>		霍氏鼠耳蝠 <i>Myotis horsfieldii</i>	
大菊头蝠 <i>Rhinolophus luctus</i>		伊氏鼠耳蝠 <i>Myotis ikonnikovi</i>	
大耳菊头蝠 <i>Rhinolophus macrotis</i>		华南水鼠耳蝠 <i>Myotis laniger</i>	

蒋志刚, 刘少英, 吴毅, 蒋学龙, 周开亚. 中国哺乳动物多样性(第2版). 生物多样性, 2017, 25 (8): 886–895.
http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017098

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
宽吻鼠耳蝠 <i>Myotis latirostris</i>	√	大耳蝠 <i>Plecotus auritus</i>	
长指鼠耳蝠 <i>Myotis longipes</i>		灰大耳蝠 <i>Plecotus austriacus</i>	
大趾鼠耳蝠 <i>Myotis macrodactylus</i>		台湾大耳蝠 <i>Plecotus taivanus</i>	√
山地鼠耳蝠 <i>Myotis montivagus</i>		亚洲长翼蝠 <i>Miniopterus schreibersii</i>	
喜山鼠耳蝠 <i>Myotis muricola</i>		几内亚长翼蝠 <i>Miniopterus magnater</i>	
纳氏鼠耳蝠 <i>Myotis nattereri</i>		南长翼蝠 <i>Miniopterus pusillus</i>	
尼泊尔鼠耳蝠 <i>Myotis nipalensis</i>		金管鼻蝠 <i>Murina aurata</i>	
北京鼠耳蝠 <i>Myotis pequinus</i>	√	黄胸管鼻蝠 <i>Murina bicolor</i>	√
东亚水鼠耳蝠 <i>Myotis petax</i>		金毛管鼻蝠 <i>Murina chrysochaetes</i>	√
大足鼠耳蝠 <i>Myotis pilosus</i>		圆耳管鼻蝠 <i>Murina cyclotis</i>	
渡濑氏鼠耳蝠 <i>Myotis rufoniger</i>		艾氏管鼻蝠 <i>Murina eleryi</i>	
高颅鼠耳蝠 <i>Myotis siligorensis</i>		梵净山管鼻蝠 <i>Murina fanjingshanensis</i>	√
台湾鼠耳蝠 <i>Myotis taiwanensis</i>	√	姬管鼻蝠 <i>Murina gracilis</i>	√
东亚伏翼 <i>Pipistrellus abramus</i>		哈氏管鼻蝠 <i>Murina harrisoni</i>	
锡兰伏翼 <i>Pipistrellus ceylonicus</i>		东北管鼻蝠 <i>Murina hilgendorfi</i>	
印度伏翼 <i>Pipistrellus coromandra</i>		中管鼻蝠 <i>Murina huttoni</i>	
爪哇伏翼 <i>Pipistrellus javanicus</i>		白腹管鼻蝠 <i>Murina leucogaster</i>	
古氏伏翼 <i>Pipistrellus kuhlii</i>		罗蕾莱管鼻蝠 <i>Murina lorelieae</i>	√
棒茎伏翼 <i>Pipistrellus paterculus</i>		台湾管鼻蝠 <i>Murina puta</i>	√
普通伏翼 <i>Pipistrellus pipistrellus</i>		隐姬管鼻蝠 <i>Murina recondita</i>	√
小伏翼 <i>Pipistrellus tenuis</i>		水甫管鼻蝠 <i>Murina shuipensis</i>	√
大黑伏翼 <i>Arielulus circumdatus</i>		乌苏里管鼻蝠 <i>Murina ussuriensis</i>	
黄喉黑伏翼 <i>Arielulus torquatus</i>	√	毛翼管鼻蝠 <i>Harpiocephalus harpia</i>	
茶褐伏翼 <i>Falsistrellus affinis</i>		哈氏彩蝠 <i>Kerivoula hardwickii</i>	
大灰伏翼 <i>Falsistrellus mordax</i>		彩蝠 <i>Kerivoula picta</i>	
灰伏翼 <i>Hypsugo pulveratus</i>		泰坦尼亚彩蝠 <i>Kerivoula titania</i>	
萨氏伏翼 <i>Hypsugo savii</i>		灵长目 PRIMATES	
道氏伏翼 <i>Scotozous dormeri</i>		懒猴科 LORISIDAE	
南蝠 <i>Ia io</i>		蜂猴 <i>Nycticebus bengalensis</i>	
双色蝙蝠 <i>Vespertilio murinus</i>		倭蜂猴 <i>Nycticebus pygmaeus</i>	
东方蝙蝠 <i>Vespertilio sinensis</i>		猴科 CERCOPITHECIDAE	
北棕蝠 <i>Eptesicus nilssoni</i>		短尾猴 <i>Macaca arctoides</i>	
肥耳棕蝠 <i>Eptesicus pachyotis</i>		熊猴 <i>Macaca assamensis</i>	
大棕蝠 <i>Eptesicus serotinus</i>		台湾猴 <i>Macaca cyclopis</i>	
大山蝠 <i>Nyctalus aviator</i>		北豚尾猴 <i>Macaca leonina</i>	
褐山蝠 <i>Nyctalus noctula</i>		白颊猕猴 <i>Macaca leucogenys</i>	√
中华山蝠 <i>Nyctalus plancyi</i>	√	猕猴 <i>Macaca mulatta</i>	
扁颅蝠 <i>Tylonycteris pachypus</i>		达旺猴 <i>Macaca munzala</i>	
小扁颅蝠 <i>Tylonycteris pygmaeus</i>	√	藏酋猴 <i>Macaca thibetana</i>	√
褐扁颅蝠 <i>Tylonycteris robustula</i>		长尾叶猴 <i>Semnopithecus schistaceus</i>	
北京宽耳蝠 <i>Barbastella beijingensis</i>	√	印支灰叶猴 <i>Trachypithecus crepusculus</i>	
亚洲宽耳蝠 <i>Barbastella leucomelas</i>		黑叶猴 <i>Trachypithecus francoisi</i>	
斑蝠 <i>Scotomanes ornatus</i>		菲氏叶猴 <i>Trachypithecus phayrei</i>	
大黄蝠 <i>Scotophilus heathi</i>		戴帽叶猴 <i>Trachypithecus pileatus</i>	
小黄蝠 <i>Scotophilus kuhlii</i>		白头叶猴 <i>Trachypithecus poliocephalus</i>	

蒋志刚, 刘少英, 吴毅, 蒋学龙, 周开亚. 中国哺乳动物多样性(第2版). 生物多样性, 2017, 25 (8): 886–895.
http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017098

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
萧氏叶猴 <i>Trachypithecus shortridgei</i>		石貂 <i>Martes foina</i>	
滇金丝猴 <i>Rhinopithecus bieti</i>	√	紫貂 <i>Martes zibellina</i>	
黔金丝猴 <i>Rhinopithecus brelichi</i>	√	貂熊 <i>Gulo gulo</i>	
川金丝猴 <i>Rhinopithecus roxellana</i>	√	香鼬 <i>Mustela altaica</i>	
缅甸金丝猴 <i>Rhinopithecus strykeri</i>		白鼬 <i>Mustela erminea</i>	
长臂猿科 HYLOBATIDAE		艾鼬 <i>Mustela eversmanii</i>	
白掌长臂猿 <i>Hylobates lar</i>		黄腹鼬 <i>Mustela kathiah</i>	
西白眉长臂猿 <i>Hoolock hoolock</i>		伶鼬 <i>Mustela nivalis</i>	
东白眉长臂猿 <i>Hoolock leuconedys</i>		黄鼬 <i>Mustela sibirica</i>	
高黎贡白眉长臂猿 <i>Hoolock tianxing</i>	√	纹鼬 <i>Mustela strigidorsa</i>	
西黑冠长臂猿 <i>Nomascus concolor</i>		虎鼬 <i>Vormela peregusna</i>	
东黑冠长臂猿 <i>Nomascus nasutus</i>		鼬獾 <i>Melogale moschata</i>	
海南长臂猿 <i>Nomascus hainanus</i>	√	缅甸鼬獾 <i>Melogale personata</i>	
北白颊长臂猿 <i>Nomascus leucogenys</i>		亚洲狗獾 <i>Meles leucurus</i>	
人科 HOMINIDAE		猪獾 <i>Arctonyx collaris</i>	
智人 <i>Homo sapiens</i>		水獭 <i>Lutra lutra</i>	
鳞甲目 PHOLIDOTA		江獭 <i>Lutrogale perspicillata</i>	
鲛鲤科 MANIDAE		小爪水獭 <i>Aonyx cinerea</i>	
印度穿山甲 <i>Manis crassicaudata</i>		海豹科 PHOCIDAE	
马来穿山甲 <i>Manis javanica</i>		斑海豹 <i>Phoca largha</i>	
穿山甲 <i>Manis pentadactyla</i>		环斑小头海豹 <i>Pusa hispida</i>	
食肉目 CARNIVORA		髯海豹 <i>Erignathus barbatus</i>	
犬科 CANIDAE		灵猫科 VIVERRIDAE	
亚洲胡狼 <i>Canis aureus</i>		大斑灵猫 <i>Viverra zibetha</i>	
狼 <i>Canis lupus</i>		大灵猫 <i>Viverra zibetha</i>	
孟加拉狐 <i>Vulpes bengalensis</i>		小灵猫 <i>Viverricula indica</i>	
沙狐 <i>Vulpes corsac</i>		斑林狸 <i>Prionodon pardicolor</i>	
藏狐 <i>Vulpes ferrilata</i>		椰子猫 <i>Paradoxurus hermaphroditus</i>	
赤狐 <i>Vulpes vulpes</i>		果子狸 <i>Paguma larvata</i>	
貉 <i>Nyctereutes procyonoides</i>		熊狸 <i>Arctictis binturong</i>	
豺 <i>Cuon alpinus</i>		小齿狸 <i>Arctogalidia trivirgata</i>	
熊科 URSIDAE		缟灵猫 <i>Chrotogale owstoni</i>	
懒熊 <i>Melursus ursinus</i>		灰獾 <i>Herpestes edwardsii</i>	
棕熊 <i>Ursus arctos</i>		獾科 HERPESTIDAE	
黑熊 <i>Ursus thibetanus</i>		爪哇獾 <i>Herpestes javanicus</i>	
马来熊 <i>Helarctos malayanus</i>		食蟹獾 <i>Herpestes urva</i>	
大熊猫科 AILUROPODIDAE		猫科 FELIDAE	
大熊猫 <i>Ailuropoda melanoleuca</i>	√	荒漠猫 <i>Felis bieti</i>	
小熊猫科 AILURIDAE		丛林猫 <i>Felis chaus</i>	
小熊猫 <i>Ailurus fulgens</i>		野猫 <i>Felis silvestris</i>	
海狮科 OTARIIDAE		渔猫 <i>Felis viverrinus</i>	
北海狗 <i>Callorhinus ursinus</i>		兔狲 <i>Otocolobus manul</i>	
北海狮 <i>Eumetopias jubatus</i>		豹猫 <i>Prionailurus bengalensis</i>	
鼬科 MUSTELIDAE		猞猁 <i>Lynx lynx</i>	
黄喉貂 <i>Martes flavigula</i>		云猫 <i>Pardofelis marmorata</i>	

蒋志刚, 刘少英, 吴毅, 蒋学龙, 周开亚. 中国哺乳动物多样性(第2版). 生物多样性, 2017, 25 (8): 886–895.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017098>

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
金猫 <i>Pardofelis temminckii</i>		赤鹿 <i>Muntiacus vaginalis</i>	
云豹 <i>Neofelis nebulosa</i>		豚鹿 <i>Axis porcinus</i>	
金钱豹 <i>Panthera pardus</i>		水鹿 <i>Cervus equinus</i>	
虎 <i>Panthera tigris</i>		梅花鹿 <i>Cervus hortulorum</i>	
雪豹 <i>Panthera uncia</i>		西藏马鹿 <i>Cervus wallichii</i>	√
海牛目 SIRENIA		东北马鹿 <i>Cervus candanensis</i>	
儒艮科 DUGONGIDAE		马鹿 <i>Cervus yarkandensis</i>	√
儒艮 <i>Dugong dugon</i>		坡鹿 <i>Panolia siamensis</i>	
长鼻目 PROBOSCIDEA		白唇鹿 <i>Przewalskium albirostris</i>	√
象科 ELEPHANTIDAE		麋鹿 <i>Elaphurus davidianus</i>	√
亚洲象 <i>Elephas maximus</i>		狍 <i>Capreolus pygargus</i>	
奇蹄目 PERISSODACTYLA		驼鹿 <i>Alces alces</i>	
犀科 RHINOCEROTIDAE		驯鹿 <i>Rangifer tarandus</i>	
双角犀 <i>Dicerorhinus sumatrensis</i>		牛科 BOVIDAE	
爪哇犀 <i>Rhinoceros sondaicus</i>		大额牛 <i>Bos frontalis</i>	
大独角犀 <i>Rhinoceros unicornis</i>		印度野牛 <i>Bos gaurus</i>	
马科 EQUIDAE		爪哇野牛 <i>Bos javanicus</i>	
野马 <i>Equus ferus</i>		野牦牛 <i>Bos mutus</i>	
蒙古野驴 <i>Equus hemionus</i>		野水牛 <i>Bubalus arnee</i>	
藏野驴 <i>Equus kiang</i>		蒙原羚 <i>Procapra gutturosa</i>	
偶蹄目 ARTIODACTYLA		藏原羚 <i>Procapra picticaudata</i>	√
猪科 SUIDAE		普氏原羚 <i>Procapra przewalskii</i>	√
野猪 <i>Sus scrofa</i>		鹅喉羚 <i>Gazella yarkandensis</i>	
骆驼科 CAMELIDAE		藏羚 <i>Pantholops hodgsonii</i>	√
野骆驼 <i>Camelus ferus</i>		高鼻羚羊 <i>Saiga tatarica</i>	
鼷鹿科 TRAGULIDAE		秦岭羚牛 <i>Budorcas bedfordi</i>	√
小鼷鹿 <i>Tragulus sp.</i>		四川羚牛 <i>Budorcas tibetanus</i>	√
麝科 MOSCHIDAE		不丹羚牛 <i>Budorcas whitei</i>	
安徽麝 <i>Moschus anhuiensis</i>	√	贡山羚牛 <i>Budorcas taxicolor</i>	
林麝 <i>Moschus berezovskii</i>		赤斑羚 <i>Naemoredus baileyi</i>	
马麝 <i>Moschus chrysogaster</i>		长尾斑羚 <i>Naemoredus caudatus</i>	
黑麝 <i>Moschus fuscus</i>	√	缅甸斑羚 <i>Naemoredus evansi</i>	
喜马拉雅麝 <i>Moschus leucogaster</i>		喜马拉雅斑羚 <i>Naemoredus goral</i>	
原麝 <i>Moschus moschiferus</i>		中华斑羚 <i>Naemoredus griseus</i>	
鹿科 CERVIDAE		塔尔羊 <i>Hemitragus jemlahicus</i>	
獐 <i>Hydropotes inermis</i>		北山羊 <i>Capra sibirica</i>	
毛冠鹿 <i>Elaphodus cephalophus</i>		岩羊 <i>Pseudois nayaur</i>	
黑鹿 <i>Muntiacus crinifrons</i>	√	阿尔泰盘羊 <i>Ovis ammon</i>	
林鹿 <i>Muntiacus feae</i>		哈萨克盘羊 <i>Ovis collium</i>	
贡山鹿 <i>Muntiacus gongshanensis</i>	√	戈壁盘羊 <i>Ovis darwini</i>	
麂 <i>Muntiacus muntiacus</i>		西藏盘羊 <i>Ovis hodgsoni</i>	√
印度麂 <i>Muntiacus muntjak</i>		雅布赖盘羊 <i>Ovis jubata</i>	
叶麂 <i>Muntiacus putaoensis</i>		天山盘羊 <i>Ovis karelini</i>	
小鹿 <i>Muntiacus reevesi</i>	√	帕米尔盘羊 <i>Ovis polii</i>	

蒋志刚, 刘少英, 吴毅, 蒋学龙, 周开亚. 中国哺乳动物多样性(第2版). 生物多样性, 2017, 25 (8): 886–895.
http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017098

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
中华鬣羚 <i>Capricornis milneedwardsii</i>		太平洋斑纹海豚 <i>Lagenorhynchus obliquidens</i>	
台湾鬣羚 <i>Capricornis swinhoei</i>	√	瓜头鲸 <i>Peponocephala electra</i>	
喜马拉雅鬣羚 <i>Capricornis thar</i>		虎鲸 <i>Orcinus orca</i>	
鲸目 CETACEA		伪虎鲸 <i>Pseudorca crassidens</i>	
露脊鲸科 BALAENIDAE		小虎鲸 <i>Feresa attenuata</i>	
北太平洋露脊鲸 <i>Eubalaena japonica</i>		短肢领航鲸 <i>Globicephala macrorhynchus</i>	
灰鲸科 ESCHRICHTIIDAE		啮齿目 RODENTIA	
灰鲸 <i>Eschrichtius robustus</i>		松鼠科 SCIURIDAE	
须鲸科 BALAENOPTERIDAE		松鼠 <i>Sciurus vulgaris</i>	
小须鲸 <i>Balaenoptera acutorostrata</i>		金背松鼠 <i>Callosciurus caniceps</i>	
塞鲸 <i>Balaenoptera borealis</i>		赤腹松鼠 <i>Callosciurus erythraeus</i>	
布氏鲸 <i>Balaenoptera edeni</i>		印支松鼠 <i>Callosciurus inornatus</i>	
蓝鲸 <i>Balaenoptera musculus</i>		黄足松鼠 <i>Callosciurus phayrei</i>	
大村鲸 <i>Balaenoptera omurai</i>		蓝腹松鼠 <i>Callosciurus pygerythrus</i>	
长须鲸 <i>Balaenoptera physalus</i>		五纹松鼠 <i>Callosciurus quinquestratus</i>	
大翅鲸 <i>Megaptera novaeangliae</i>		明纹花松鼠 <i>Tamias macclellandii</i>	
恒河豚科 PLATANISTIDAE		倭花鼠 <i>Tamias maritimus</i>	
恒河豚 <i>Platanista gangeticus</i>		隐纹花松鼠 <i>Tamias swinhoei</i>	
白鱀豚科 LIPOTIDAE		橙喉长吻松鼠 <i>Dremomys gularis</i>	
白鱀豚 <i>Lipotes vexillifer</i>	√	橙腹长吻松鼠 <i>Dremomys lokriah</i>	
抹香鲸科 PHYSETERIDAE		珀氏长吻松鼠 <i>Dremomys pernyi</i>	
抹香鲸 <i>Physeter macrocephalus</i>		红腿长吻松鼠 <i>Dremomys pyrrhomerus</i>	
小抹香鲸 <i>Kogia breviceps</i>		红颊长吻松鼠 <i>Dremomys rufigenis</i>	
侏抹香鲸 <i>Kogia sima</i>		巨松鼠 <i>Ratufa bicolor</i>	
喙鲸科 ZIPHIIDAE		条纹松鼠 <i>Menetes berdmorei</i>	
鹅喙鲸 <i>Ziphius cavirostris</i>		岩松鼠 <i>Sciurotamias davidianus</i>	√
柏氏中喙鲸 <i>Mesoplodon densirostris</i>		侧纹岩松鼠 <i>Rupestes forresti</i>	√
银杏齿中喙鲸 <i>Mesoplodon ginkgodens</i>		北花松鼠 <i>Tamias sibiricus</i>	
小中喙鲸 <i>Mesoplodon peruvianus</i>		阿拉善黄鼠 <i>Spermophilus alashanicus</i>	
贝氏喙鲸 <i>Berardius bairdii</i>		短尾黄鼠 <i>Spermophilus brevicauda</i>	
朗氏喙鲸 <i>Indopacetus pacificus</i>		达乌尔黄鼠 <i>Spermophilus dauricus</i>	
鼠海豚科 PHOCOENIDAE		淡尾黄鼠 <i>Spermophilus pallidicauda</i>	
窄脊江豚 <i>Neophocaena asiaorientalis</i>		长尾黄鼠 <i>Spermophilus parryii</i> *	√
印太江豚 <i>Neophocaena phocaenoides</i>		天山黄鼠 <i>Spermophilus relictus</i>	
海豚科 DELPHINIDAE		灰旱獭 <i>Marmota baibacina</i>	
糙齿海豚 <i>Steno bredanensis</i>		长尾旱獭 <i>Marmota caudata</i>	
中华白海豚 <i>Sousa chinensis</i>		喜马拉雅旱獭 <i>Marmota himalayana</i>	
热带点斑原海豚 <i>Stenella attenuata</i>		西伯利亚旱獭 <i>Marmota sibirica</i>	
条纹原海豚 <i>Stenella coeruleoalba</i>		毛耳飞鼠 <i>Belomys pearsonii</i>	
飞旋原海豚 <i>Stenella longirostris</i>		复齿鼯鼠 <i>Trogopterus xanthipes</i>	√
真海豚 <i>Delphinus delphis</i>		红白鼯鼠 <i>Petaurista alborufus</i>	√
印太瓶鼻海豚 <i>Tursiops aduncus</i>		灰头小鼯鼠 <i>Petaurista caniceps</i>	
瓶鼻海豚 <i>Tursiops truncatus</i>		台湾大鼯鼠 <i>Petaurista grandis</i> *	√
弗氏海豚 <i>Lagenodelphis hosei</i>		海南大鼯鼠 <i>Petaurista hainana</i> *	√
里氏海豚 <i>Grampus griseus</i>		白颊鼯鼠 <i>Petaurista leucogenys</i> *	

蒋志刚, 刘少英, 吴毅, 蒋学龙, 周开亚. 中国哺乳动物多样性(第2版). 生物多样性, 2017, 25 (8): 886–895.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017098>

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
栗褐鼯鼠 <i>Petaurista magnificus</i>		奇岚绒鼠 <i>Caryomys inez</i>	✓
白斑小鼯鼠 <i>Petaurista punctatus</i>		银色高山鼯 <i>Alticola argentatus</i>	
红背鼯鼠 <i>Petaurista petaurista</i>		戈壁阿尔泰山鼯 <i>Alticola barakshin</i>	
霜背大鼯鼠 <i>Petaurista philippensis</i>		大耳高山鼯 <i>Alticola macrotis</i>	
橙色小鼯鼠 <i>Petaurista sybilla</i> *		蒙古高山鼯 <i>Alticola semicanus</i>	
灰鼯鼠 <i>Petaurista xanthotis</i>	✓	斯氏高山鼯 <i>Alticola stoliczkanus</i>	
云南大鼯鼠 <i>Petaurista yunamensis</i> *	✓	扁颅高山鼯 <i>Alticola strelzowi</i>	
沟牙鼯鼠 <i>Aeretes melanopterus</i>	✓	草原兔尾鼠 <i>Lagurus lagurus</i>	
绒毛鼯鼠 <i>Eupetaurus cinereus</i>		水鼯 <i>Arvicola amphibius</i>	
比氏鼯鼠 <i>Biswamoyopterus biswasi</i>	✓	云南松田鼠 <i>Neodon forresti</i>	
小飞鼠 <i>Pteromys volans</i>		青海松田鼠 <i>Neodon fuscus</i>	✓
黑白飞鼠 <i>Hylopetes alboniger</i>		高原松田鼠 <i>Neodon irene</i>	✓
海南小飞鼠 <i>Hylopetes phayrei</i>		帕米尔松田鼠 <i>Neodon juldaschi</i>	
河狸科 CASTORIDAE		林芝松田鼠 <i>Neodon linzhienensis</i>	✓
河狸 <i>Castor fiber</i>		锡金松田鼠 <i>Neodon sikimensis</i>	
仓鼠科 CRICETIDAE		白尾松田鼠 <i>Neodon leucurus</i>	
原仓鼠 <i>Cricetus cricetus</i>	NT	墨脱松田鼠 <i>Neodon medogensis</i>	
黑线仓鼠 <i>Cricetulus barabensis</i>		聂拉木松田鼠 <i>Neodon nyalamensis</i>	
藏仓鼠 <i>Cricetulus kamensis</i>	✓	克氏松田鼠 <i>Neodon clarkei</i>	
长尾仓鼠 <i>Cricetulus longicaudatus</i>		东方田鼠 <i>Alexandromys fortis</i>	
灰仓鼠 <i>Cricetulus migratorius</i>		台湾田鼠 <i>Alexandromys kikuchii</i>	✓
大仓鼠 <i>Tscherskia triton</i>		柴达木根田鼠 <i>Alexandromys limnophilus</i>	
无斑短尾仓鼠 <i>Allocrietulus curtatus</i>		莫氏田鼠 <i>Alexandromys maximowiczii</i>	
短尾仓鼠 <i>Allocrietulus eversmanni</i>		根田鼠 <i>Alexandromys oeconomus</i>	
坎氏毛足鼠 <i>Phodopus campbelli</i>		黑田鼠 <i>Microtus agrestis</i>	
小毛足鼠 <i>Phodopus roborovskii</i>		普通田鼠 <i>Microtus arvalis</i>	
林旅鼠 <i>Myopus schisticolor</i>		狭颅田鼠 <i>Microtus gregalis</i>	
鼯形田鼠 <i>Ellobius talpinus</i>		伊犁田鼠 <i>Microtus ilaeus</i>	
灰棕背鼯 <i>Myodes centralis</i>		蒙古田鼠 <i>Microtus mongolicus</i>	
天山林鼯 <i>Myodes frater</i>	✓	社田鼠 <i>Microtus socialis</i>	
棕背鼯 <i>Myodes rufocanus</i>		四川田鼠 <i>Volemys millicens</i>	✓
红背鼯 <i>Myodes rutilus</i>		川西田鼠 <i>Volemys musseri</i>	✓
克钦绒鼠 <i>Eothenomys cachinus</i>		布氏田鼠 <i>Lasiopodomys brandtii</i>	
中华绒鼠 <i>Eothenomys chinensis</i>	✓	棕色田鼠 <i>Lasiopodomys mandarinus</i>	
西南绒鼠 <i>Eothenomys custos</i>	✓	黄兔尾鼠 <i>Eolagurus luteus</i>	
滇绒鼠 <i>Eothenomys eleusis</i>	✓	蒙古兔尾鼠 <i>Eolagurus przewalskii</i>	
康定绒鼠 <i>Eothenomys hintoni</i>	✓	沟牙田鼠 <i>Proedromys bedfordi</i>	✓
黑腹绒鼠 <i>Eothenomys melanogaster</i>		凉山沟牙田鼠 <i>Proedromys liangshanensis</i>	✓
大绒鼠 <i>Eothenomys miletus</i>	✓	鼠科 MURIDAE	
昭通绒鼠 <i>Eothenomys olitor</i>	✓	长尾攀鼠 <i>Vandeleuria oleracea</i>	
玉龙绒鼠 <i>Eothenomys proditor</i>	✓	小狨鼠 <i>Hapalomys delacouri</i>	
川西绒鼠 <i>Eothenomys tarquinius</i>	✓	长尾绒鼠 <i>Hapalomys longicaudatus</i>	
丽江绒鼠 <i>Eothenomys fidelis</i>		笔尾树鼠 <i>Chiropodomys gliroides</i>	
德钦绒鼠 <i>Eothenomys wardi</i>	✓	费氏树鼠 <i>Chiromyscus chiropus</i>	
洮州绒鼠 <i>Caryomys eva</i>	✓	南洋鼠 <i>Chiromyscus langbianis</i>	

蒋志刚, 刘少英, 吴毅, 蒋学龙, 周开亚. 中国哺乳动物多样性(第2版). 生物多样性, 2017, 25 (8): 886–895.
http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017098

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
滇攀鼠 <i>Vernaya fulva</i>		小家鼠 <i>Mus musculus</i>	
红耳巢鼠 <i>Micromys erythrotis</i>		锡金小鼠 <i>Mus pahari</i>	
巢鼠 <i>Micromys minutus</i>		小板齿鼠 <i>Bandicota bengalensis</i>	
黑线姬鼠 <i>Apodemus agrarius</i>		板齿鼠 <i>Bandicota indica</i>	
高山姬鼠 <i>Apodemus chevrieri</i>	✓	印度地鼠 <i>Nesokia indica</i>	
中华姬鼠 <i>Apodemus draco</i>		短耳沙鼠 <i>Brachiones przewalskii</i>	✓
澜沧江姬鼠 <i>Apodemus ilex</i>	✓	红尾沙鼠 <i>Meriones libycus</i>	
大耳姬鼠 <i>Apodemus latronum</i>		子午沙鼠 <i>Meriones meridianus</i>	
喜马拉雅姬鼠 <i>Apodemus pallipes</i>		怪柳沙鼠 <i>Meriones tamariscinus</i>	
大林姬鼠 <i>Apodemus peninsulae</i>		长爪沙鼠 <i>Meriones unguiculatus</i>	
台湾姬鼠 <i>Apodemus semotus</i>	✓	大沙鼠 <i>Rhombomys opimus</i>	
乌拉尔姬鼠 <i>Apodemus uralensis</i>		刺山鼠科 PLATACANTHOMYIDAE	
云南壮鼠 <i>Hadromys yunnanensis</i>	✓	沙巴猪尾鼠 <i>Typhlomys chapensis</i>	
大齿鼠 <i>Dacnomys millardi</i>		武夷山猪尾鼠 <i>Typhlomys cinereus</i>	✓
黑缘齿鼠 <i>Rattus andamanensis</i>		大猪尾鼠 <i>Typhlomys daloushanensis</i>	
东亚屋顶鼠 <i>Rattus brunneusculus</i> *		小猪尾鼠 <i>Typhlomys nanus</i>	
缅甸鼠 <i>Rattus exulans</i>		鼯鼠科 SPALACIDAE	
黄毛鼠 <i>Rattus losea</i>		小竹鼠 <i>Cannomys badius</i>	
大足鼠 <i>Rattus nitidus</i>		银星竹鼠 <i>Rhizomys pruinosus</i>	
褐家鼠 <i>Rattus norvegicus</i>		中华竹鼠 <i>Rhizomys sinensis</i>	
拟家鼠 <i>Rattus pyctoris</i>		大竹鼠 <i>Rhizomys sumatrensis</i>	
黄胸鼠 <i>Rattus tanezumi</i>		暗褐竹鼠 <i>Rhizomys vestitus</i>	✓
安氏白腹鼠 <i>Niviventer andersoni</i>	✓	甘肃鼯鼠 <i>Myospalax cansus</i> *	
梵鼠 <i>Niviventer brahma</i>		中华鼯鼠 <i>Eospalax fontanierii</i>	✓
北社鼠 <i>Niviventer confucianus</i>		罗氏鼯鼠 <i>Eospalax rothschildi</i>	✓
台湾白腹鼠 <i>Niviventer coninga</i>	✓	秦岭鼯鼠 <i>Eospalax rufescens</i>	✓
褐尾鼠 <i>Niviventer cremoriventer</i>		斯氏鼯鼠 <i>Eospalax smithii</i>	✓
台湾社鼠 <i>Niviventer culturatus</i>	✓	草原鼯鼠 <i>Myospalax aspalax</i>	
灰腹鼠 <i>Niviventer eha</i>		阿尔泰鼯鼠 <i>Myospalax myospalax</i>	
川西白腹鼠 <i>Niviventer excelsior</i>	✓	东北鼯鼠 <i>Myospalax psilurus</i>	
针毛鼠 <i>Niviventer fulvescens</i>		睡鼠科 GLIRIDAE	
拟刺毛鼠 <i>Niviventer huang</i> *		林睡鼠 <i>Dryomys nitedula</i>	
海南白腹鼠 <i>Niviventer lotipes</i> *	✓	四川毛尾睡鼠 <i>Chaetocauda sichuanensis</i>	✓
白腹鼠 <i>Niviventer niviventer</i>		跳鼠科 DIPODIDAE	
缅甸山鼠 <i>Niviventer tenaster</i>		长尾蹿鼠 <i>Sicista caudata</i>	
红毛王鼠 <i>Maxomys surifer</i>		中国蹿鼠 <i>Sicista concolor</i>	
大泡灰鼠 <i>Berylmys berdmorei</i>		草原蹿鼠 <i>Sicista subtilis</i>	
青毛巨鼠 <i>Berylmys bowersi</i>		天山蹿鼠 <i>Sicista tianshanica</i>	
小泡灰鼠 <i>Berylmys manipulus</i>		林跳鼠 <i>Eozapus setchuanus</i>	✓
白腹巨鼠 <i>Leopoldamys edwardsi</i>		巴里坤跳鼠 <i>Allactaga balikunica</i>	
耐氏大鼠 <i>Leopoldamys neilli</i>		巨泡五趾跳鼠 <i>Allactaga bullata</i>	
印度小鼠 <i>Mus booduga</i>		小五趾跳鼠 <i>Allactaga elater</i>	
卡氏小鼠 <i>Mus caroli</i>		大五趾跳鼠 <i>Allactaga major</i> *	
仔鹿小鼠 <i>Mus cervicolor</i>		五趾跳鼠 <i>Allactaga sibirica</i>	
丛林小鼠 <i>Mus cookii</i>		小地兔 <i>Pygeretmus pumilio</i>	

名称 Names	特有种 Endemic sp.	名称 Names	特有种 Endemic sp.
五趾心颅跳鼠 <i>Cardiocranius paradoxus</i>		大耳鼠兔 <i>Ochotona macrotis</i>	
肥尾心颅跳鼠 <i>Salpingotus crassicauda</i>		满洲里鼠兔 <i>Ochotona mantchurica</i>	
三趾心颅跳鼠 <i>Salpingotus kozlovi</i>		黑鼠兔 <i>Ochotona nigritia</i>	✓
三趾跳鼠 <i>Dipus sagitta</i>		奴布拉鼠兔 <i>Ochotona nubrica</i>	
内蒙羽尾跳鼠 <i>Stylodipus andrewsi</i>		蒙古鼠兔 <i>Ochotona pallasii</i>	
羽尾跳鼠 <i>Stylodipus telum</i>		邛崃鼠兔 <i>Ochotona qionglaiensis</i>	✓
长耳跳鼠 <i>Euchoreutes naso</i>		灰鼠兔 <i>Ochotona roylei</i>	
豪猪科 HYSTRICIDAE		红鼠兔 <i>Ochotona rutila</i>	
帚尾豪猪 <i>Atherurus macrourus</i>		峨眉鼠兔 <i>Ochotona sacraria</i>	✓
马来豪猪 <i>Hystrix brachyura</i>		锡金鼠兔 <i>Ochotona sikimaria</i>	
中国豪猪 <i>Hystrix hodgsoni</i>		藏鼠兔 <i>Ochotona thibetana</i>	
兔形目 LAGOMORPHA		狭颅鼠兔 <i>Ochotona thomasi</i>	✓
鼠兔科 OCHOTONIDAE		循化鼠兔 <i>Ochotona xunhuaensis</i>	✓
高山鼠兔 <i>Ochotona alpina</i>		雅鲁藏布鼠兔 <i>Ochotona yarlungensis</i>	
间颅鼠兔 <i>Ochotona cansus</i>	✓	兔科 LEPORIDAE	
长白山鼠兔 <i>Ochotona coreana</i>		粗毛兔 <i>Caprolagus hispidus</i>	
高原鼠兔 <i>Ochotona curzoniae</i>		云南兔 <i>Lepus comus</i>	
大巴山鼠兔 <i>Ochotona dabashanensis</i>	✓	高丽兔 <i>Lepus coreanus*</i>	
达乌尔鼠兔 <i>Ochotona dauurica</i>		海南兔 <i>Lepus hainanus</i>	✓
红耳鼠兔 <i>Ochotona erythrotis</i>	✓	东北兔 <i>Lepus mandshuricus</i>	
扁颅鼠兔 <i>Ochotona flatcalvariam</i>	✓	尼泊尔黑兔 <i>Lepus nigricollis</i>	
灰颈鼠兔 <i>Ochotona forresti</i>		灰尾兔 <i>Lepus oiostolus</i>	
川西鼠兔 <i>Ochotona gloveri</i>	✓	华南兔 <i>Lepus sinensis</i>	
黄龙鼠兔 <i>Ochotona huanglongensis</i>	✓	中亚兔 <i>Lepus tibetanus</i>	
东北鼠兔 <i>Ochotona hyperborea</i>		雪兔 <i>Lepus timidus</i>	
伊犁鼠兔 <i>Ochotona iliensis</i>	✓	蒙古兔 <i>Lepus tolai</i>	
柯氏鼠兔 <i>Ochotona koslowi</i>	✓	塔里木兔 <i>Lepus yarkandensis</i>	✓
拉达克鼠兔 <i>Ochotona ladacensis</i>			

* 争议种



哺乳动物是高等脊椎动物。全球有哺乳动物5,488种, 归属于153科, 蒋志刚等根据最新的哺乳动物分类系统和中国新发现的哺乳动物种和哺乳动物新记录, 记录了中国有13目56科248属693种哺乳动物, 更新了中国哺乳动物多样性。从圆环最高点开始, 依顺时针方向旋转, 依次为中国13个目693种哺乳动物的代表种类: 长鼻目(Proboscidea)的亚洲象(*Elephas maximus*)(Yathin SK 摄), 偶蹄目(Artiodactyla)的西藏盘羊(*Ovis hodgsoni*)(蒋志刚摄), 劳亚食虫目(Eulipotyphla)的东北刺猬(*Erinaceus amurensis*)(蒋志刚摄), 鳞甲目(Pholidota)的穿山甲(*Manis pentadactyla*)(蒋志刚摄), 海牛目(Sirenia)的儒艮(*Dugong dugon*)(蒋志刚摄), 攀鼯目(Scandentia)的北树鼯(*Tupaia belangeri*)(马晓锋摄), 翼手目(Chiroptera)的尖耳鼠耳蝠(*Myotis blythii*)(黄元骏摄), 兔形目(Lagomorpha)的高原鼠兔(*Ochotona curzoniae*)(徐爱春摄), 啮齿目(Rodentia)的灰旱獭(*Marmota baibacina*)(蒋志刚摄), 奇蹄目(Perissodactyla)的野马(*Equus przewalskii*)(蒋志刚摄), 灵长目(Primates)的川金丝猴(*Rhinopithecus roxellana*)(蒋志刚摄), 鲸目的白鱔豚(*Lipotes vexillifer*)(中国科学院水生生物研究所供稿)。圆环中央是食肉目(Carnivora)的大熊猫(*Ailuropoda melanoleuca*)(蒋志刚摄)。

Mammals are higher terrestrial vertebrates. There are 5,488 mammal species in 153 families. Zhigang Jiang et al. collated the mammal diversity in China according to the newest taxonomic system of mammals and the new species and new records mammal species in China. The new inventory of China's mammals has 13 orders, 56 families, 248 genera and 693 species. Start from the top of the circle, turns clockwise, they are the representative members of the 13 orders of Mammalia in China: Asian elephant (*Elephas maximus*) (Photoed by Yathin SK), Tibetan argali (*Ovis hodgsoni*) (Photoed by Jiang Z), Amur hedgehog *Erinaceus amurensis* (Photoed by Jiang Z), Chinese pangolin (*Manis pentadactyla*) (Photoed by Jiang Z), Dugong (*Dugong dugon*) (Photoed by Jiang Z), Northern tree shrew (*Tupaia belangeri*) (Photoed by Ma Xiaofeng), Lesser mouse-eared myotis (*Myotis blythii*)(Photoed by Huang Y), Plateau pika (*Ochotona curzoniae*) (Photoed by Xu A), Grey marmot (*Marmota baibacina*) (Photoed by Jiang Z), Przewalski's wild horse (*Equus przewalskii*) (Photoed by Jiang Z), Golden snub-nosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*) (Photoed by Jiang Z), Baiji of Cetacea (*Lipotes vexillifer*)(Attributes to Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences) and the center is Giant panda of Carnivora (Photoed by Jiang Z).

•生物编目•

基于红外相机技术的皖南山区森林生态系统 兽类资源现状

刘 凯¹ 贺 君¹ 张继辉¹ 冯 俊¹ 宇 强¹ 顾长明² 吴海龙^{1*}¹ (安徽省重要生物资源保护与利用研究重点实验室, 安徽师范大学生命科学学院, 安徽芜湖 241000)² (安徽省自然保护区管理站, 合肥 230001)

摘要: 皖南山区是安徽省陆生脊椎动物资源最丰富的动物地理区域, 为获得该区域森林生态系统中兽类资源的概况, 本研究于2013年7月至2015年10月利用红外相机技术对该区8个省级以上自然保护区(或风景名胜区的兽类资源进行调查, 并通过与文献记录进行比较, 分析该区兽类资源的变化趋势及其原因。本研究共布设了121个相机位点, 其中有效相机位点109个, 累计6,375个相机工作日, 共获得兽类有效独立照片1,361张, 鉴定兽类5目12科19种。拍摄率和相对丰富度较高的前5种依次为小鹿(*Muntiacus reevesi*)、野猪(*Sus scrofa*)、藏酋猴(*Macaca thibetana*)、赤腹松鼠(*Callosciurus erythraeus*)和猪獾(*Arctonyx collaris*), 除藏酋猴外, 其他4种以及果子狸(*Paguma larvata*)在皖南山区广泛分布。就所监测到的国家重点保护动物而言, 猕猴(*Macaca mulatta*)的相对丰富度约为藏酋猴的2/5, 黑鹿(*Muntiacus crinifrons*)约为小鹿的1/5, 黄喉貂(*Martes flavigula*)和中华鬣羚(*Capricornis milneedwardsii*)均不到黑鹿的1/4, 而黑熊(*Ursus thibetanus*)在所监测到的兽类中相对丰富度最低。与30多年前的历史记录相比, 除黑熊外, 大中型食肉目动物无一拍摄记录, 暗示皖南山区森林生态系统中的豹(*Panthera pardus*)、云豹(*Neofelis nebulosa*)、狼(*Canis lupus*)等顶级捕食者已极其稀少, 或已消失, 而草食性的小鹿和杂食性的野猪成为该区相对丰富度最高的前两种兽类。广义线性模型(generalized linear model)分析结果显示, 在2个月的监测时间内, 红外相机捕获的物种数与调查区域面积($z = 2.04, P = 0.04$)和有效独立照片数($z = 2.10, P = 0.04$)呈正相关, 而与有效相机位点数($z = 1.63, P = 0.10$)以及相机工作日($z = 1.85, P = 0.06$)无显著相关性。本研究结果客观地反映出皖南山区森林生态系统大中型兽类资源现状, 为后续针对国家重点保护兽类开展动态监测以及保护和管理提供了基础资料。

关键词: 红外相机技术; 自然保护区; 拍摄率; 相对丰富度; 大中型兽类

Mammal resource status in the mountain forest ecosystems of southern Anhui Province based on camera trap data

Kai Liu¹, Jun He¹, Jihui Zhang¹, Jun Feng¹, Qiang Yu¹, Changming Gu², Hailong Wu^{1*}¹ Key Laboratory for the Conservation and Utilization of Important Biological Resources, Anhui Province; College of Life Sciences, Anhui Normal University, Wuhu, Anhui 241000² Nature Protection and Administration Station of Anhui Province, Hefei 230001

Abstract: To examine the diversity and abundance of mammals in the mountain forest ecosystems of southern mountainous areas in Anhui Province, a total of 121 cameras were installed at eight sample plots including two national and five provincial nature reserves and the Huangshan Mountain Scenic Area between July 2013 and October 2015. In total, 6,375 trap days and 1,361 effective independent photographs were collected. 19 species belonging to 5 orders and 12 families were recorded. The first five species of photographic rate and relative abundance index were *Muntiacus reevesi*, *Sus scrofa*, *Macaca thibetana*, *Callosciurus erythraeus*, and *Arctonyx collaris*. Except *Macaca thibetana*, the other four species among the five and *Paguma larvata* were widely distributed in mountainous areas of south Anhui Province. For those species under special state protection, the relative abundance index of *Macaca mulatta* was nearly two fifths of

收稿日期: 2017-02-07; 接受日期: 2017-05-12

基金项目: 科技部基础性工作专项(2015FY110200)和安徽省林业厅专项基金(2016FACJ2001)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: whlong@mail.ahnu.edu.cn

Macaca thibetana; the relative abundance index of *Muntiacus crinifrons* was nearly one fifth of *Muntiacus reevesi*; *Martes flavigula* and *Capricornis sumatraensis* was about one fourth of *Muntiacus crinifrons*. The relative abundance index of *Ursus thibetanus* was minimal among these recorded species. Compared to historical records collected thirty years ago, *Ursus thibetanus* was the sole large species in Carnivora captured by camera traps in this study, which indicates that the top predators, including *Panthera pardus*, *Neofelis nebulosa*, *Canis lupus* and *Cuon alpinus*, were extremely sparse or had vanished from this area. As a result, the vegetarian *Muntiacus reevesi* and omnivorous *Sus scrofa* had the highest abundance amongst those mammals in this area. Correlation analysis with generalized linear models indicated that the number of species captured by infrared cameras positively correlated with the surveyed area ($z = 2.04$, $P = 0.04$) and effective independent photographs ($z = 2.10$, $P = 0.04$), while it did not associate with effective camera sites ($z = 1.63$, $P = 0.10$) and total trap days ($z = 1.85$, $P = 0.06$). Results of this study provide baseline data for a follow-up to the dynamic monitoring, protection and management of key national protected mammals.

Key words: camera traps; nature reserve; photographic rate; relative abundance; large and medium-size mammal

皖南山区地处亚热带季风气候区, 地形复杂, 森林生态系统保存较好, 是安徽省陆生野生脊椎动物多样性最为丰富的区域, 也是华东地区的生物多样性热点区域(王岐山, 1986)。王岐山等(1966)对安徽兽类的地理分布进行了初步分析, 其中记录到皖南地区兽类56种; 黄文几等(1978)对安徽哺乳动物区系进行了较为深入的研究, 记录皖南地区有兽类72种; 王岐山等(1981)记录黄山风景区兽类8目19科49种。此外, 梁仁济和董永文(1984)曾针对皖南地区翼手目动物开展过专项研究, 记录该区翼手类29种; 徐亚君等(1985)记录徽州地区蝙蝠19种; 刘春生等(1986)对黄山啮齿类区系组成开展了专项调查, 记录该区啮齿类20种。

关于大中型兽类, 胡小龙等(1995)对皖南黑熊(*Ursus thibetanus*)资源的分布和数量进行了专项调查, 提出栖息地丧失和乱捕滥猎是导致皖南黑熊资源栖息地片段化和种群下降的主要原因。韩德民等(1995)基于皮张收购资料以及访问调查等方法对安徽豹猫(*Prionailurus bengalensis*)资源的专项调查, 提出由于灭鼠药的大量使用导致豹猫种群数量明显下降, 且从年皮张收购量来看, 直接狩猎也是该物种野生种群数量快速下降的主要原因之一。徐宏发等(1998)对皖南地区华南梅花鹿(*Cervus nippon*)的分布和现状进行了调查, 发现皖南梅花鹿栖息地破碎化严重, 狩猎、栖息地丧失和不断增长的放牧等因素是导致该物种野生种群下降的主要原因。

自《野生动物保护法》(1988)颁布以来, 皖南各地传统的狩猎方式逐渐得到控制, 森林资源的乱

砍滥伐现象也基本得到遏制。然而, 针对中国南方山区的森林兽类, 基于动物活动痕迹的调查方法往往难以奏效(肖治术等, 2014)。近二十多年来, 鲜有针对皖南山区兽类区系组成和特定物种的专项调查报告, 各自然保护区兽类本底资源的调查多半引用历史文献记录。红外相机技术可以在研究对象不被干扰的情况下实现全天候不间断监测, 为森林生态系统中的兽类资源调查和监测提供了新途径(O'Connell et al, 2011; 张履冰等, 2014), 已被广泛应用于野生动物多样性调查与监测, 以及动物行为和生态等方面的研究(Sanderson & Trolle, 2005; 刘芳等, 2012; 李峰和蒋志刚, 2014)。

我们于2013年7月至2015年10月利用红外相机技术对皖南山区森林生态系统兽类资源进行了初步调查, 以期获得该区域兽类资源现状(各物种的相对丰富度), 并通过与文献记录进行比较, 分析皖南地区兽类物种组成变化及其原因, 为后续针对国家重点保护兽类物种开展动态监测以及保护和管理提供基础资料。

1 研究方法

1.1 研究区域自然概况

皖南山区位于安徽省南部, 西南和东南分别毗邻江西和浙江, 北与沿江平原相接。地形以中、低山为主, 九华山、黄山以及白际-天目山3条近似平行的山脉呈西南至东北方向横贯全境, 山脉之间分布有串珠状的山谷和盆地。黄山莲花峰海拔1,873 m, 为安徽省最高峰。皖南山区属中亚热带湿润季风气候, 年均降水量1,200–1,700 mm, 年均日照时数为

1,800–2,100 h, 年均气温15.4–16.3℃, 无霜期约230天。主要地带性植被为亚热带常绿阔叶林、常绿阔叶与落叶阔叶混交林, 以及部分针叶林和竹林。

1.2 红外相机调查区域

目前, 皖南山区具有典型和代表意义的天然林基本上都建立了国家级或省级自然保护区。本研究旨在获得该区域大中型兽类物种组成概况, 为保证调查

区域能够充分代表皖南山区森林生态系统, 同时最大限度降低监控期间红外相机的丢失概率, 选择了牯牛降和清凉峰2个国家级自然保护区, 贵池老山、休宁岭南、祁门查湾、宁国板桥和青阳盘台等5个省级自然保护区, 以及黄山风景区共8个区域。各调查区域的详细信息以及调查时间和红外相机数见表1和图1。

表1 本研究各调查区域基本概况及红外相机数(括号内为核心区面积)
Table 1 Location of study areas and the number of camera used for each surveyed area in this study (Numbers in the bracket are core zone area of the nature reserve)

	东经 East longitude	北纬 North latitude	面积 Area (ha)	调查时间 Survey time	相机数 Number of camera
黄山风景区 Huangshan Mountain Scenic Area (HS)	118°01'–118°17'	30°01'–30°18'	16,060	2015.5–2015.10	36
牯牛降国家级自然保护区 Guniujiang National Nature Reserve (GNJ)	117°15'–117°34'	29°59'–30°06'	6,713 (3,147)	2015.8–2015.12	29
清凉峰国家级自然保护区 Qingliangfeng National Nature Reserve (QLF)	118°45'–118°53'	30°03'–30°09'	7,811 (2,543)	2014.1–2014.3	18
老山省级自然保护区 Laoshan Provincial Nature Reserve (LS)	117°39'–117°48'	30°19'–30°27'	13,855 (4,284)	2013.7–2013.11	24
岭南省级自然保护区 Lingnan Provincial Nature Reserve (LN)	118°36'–118°40'	30°28'–30°33'	5,000 (226.7)	2014.5–2014.7	8
板桥省级自然保护区 Banqiao Provincial Nature Reserve (BQ)	119°10'–119°20'	29°23'–30°05'	2,771 (800)	2014.5–2014.7	7
查湾省级自然保护区 Zhawan Provincial Nature Reserve (ZW)	117°31'–117°33'	29°37'–29°39'	1,600 (453)	2014.3–2014.6	7
盘台省级自然保护区 Pantai Provincial Nature Reserve (PT)	117°39'–117°48'	30°19'–30°27'	540 (206)	2014.7–2014.9	4

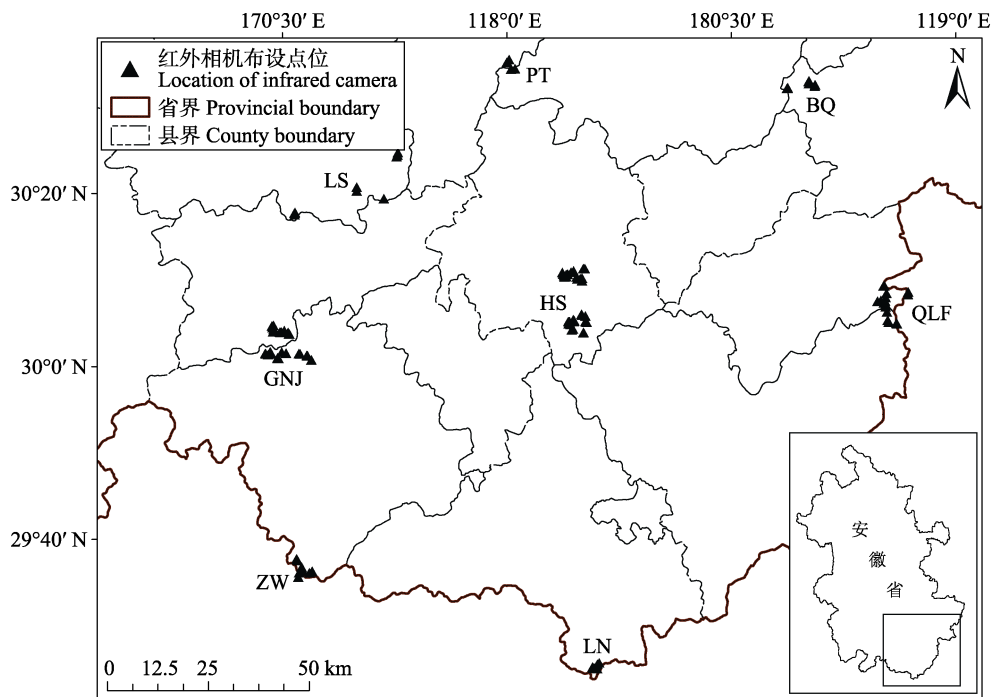


图1 调查区域及红外相机位点分布图。各区域名称缩写见表1。
Fig. 1 Maps showing study areas and infrared camera locations in this study. Acronym for each surveyed area are shown in Table 1.

1.3 相机布设

根据皖南各自然保护区现状, 以及区域内大中型兽类的活动习性, 为最大限度地捕获多数物种信息和降低红外相机丢失概率, 本研究红外相机主要放置在各保护区的核心区和缓冲区。首先将各保护区划分为1 km × 1 km的公里网格, 在核心区和缓冲区抽取30–50%的网格放置红外相机, 每个网格内放置至少1 台, 每两台之间间隔不少于300 m, 每台放置时间至少2个月。相机主要布设在海拔500–1,000 m的常绿阔叶林以及常绿阔叶与落叶阔叶混交林中, 选择动物活动痕迹(粪便、足迹、水源等)较多的地点安装相机, 相机离地面高度0.3–0.4 m, 根据地形调节相机使镜头基本与地面平行。详细记录相机编号、GPS位点、安装时间等。相机型号为Ltl-6210MC数字相机, 照片为500万像素, 每台相机装有8 G的SD存储卡和12节AA电池。拍摄模式为24 h连续工作, 两次拍照的最短间隔为0.8 s; 每次触发后拍照3张和1段30 s的视频。各调查区域的监测时间、相机数以及相机工作日见附录1。

1.4 数据处理与分析

按相机编号建立文件夹, 每台相机所拍摄的照片分别存入相应的文件夹。删除空白照片和视频, 确定能够鉴别物种的有效照片和视频。对于同一相机位点上拍摄的同一物种连续照片, 以时间间隔大于30 min作为1次独立捕获, 记录为1张独立照片(O'Brien et al, 2003)。分别统计各物种出现的照片总数和独立照片数。依据蒋志刚等(2015)的分类系统对所监测到的物种进行分类。

分别统计各调查区域以及皖南山区的物种相

对丰富度(relative abundance, RA): $RA = A_i / N$, 其中, A_i 为第*i*种兽类的独立照片数; N 为相应调查区域内所拍摄兽类总的独立照片数。

分别统计各调查区域以及皖南山区的物种拍摄率(photographic rate, PR): $PR = 100N_j / T$, 其中, N_j 指第*j*种动物的独立照片数; T 为相应区域总的相机工作日。

在R3.1.1软件中, 利用vegan软件包中的稀疏曲线法(rarefaction curve)拟合各调查区域捕获的兽类物种数与相机工作日之间的关系, 以检验抽样强度是否充分。利用广义线性模型(generalized linear model, GLM)分别对各保护区所监测到的物种数量与保护区面积、相机工作日、独立有效照片数等变量之间的相关性进行分析。针对数量数据, 使用Poisson分布进行模型拟合, 根据模型的*HF*值(残差/df)判定数据组与Poisson分布的符合程度, 较大的*HF*值(*HF* > 1)意味着偏离Poisson分布, 会导致显著性检验程度被高估。

2 结果

2.1 红外相机监测概况

本研究在8个调查区域共布设了121个相机位点, 因丢失或操作失误、恶劣气候等因素导致未能正常工作的相机位点12个。其中, 清凉峰自然保护区的监测时间在冬季(2014.1–2014.3), 无效相机位点数最多(5个), 可能与冬季的低温和雨雪天气有关。共有109个相机位点正常工作时间超过1个月, 累积6,375个相机工作日(表2)。共获得12,022张拍摄到动物的照片, 其中, 可鉴别兽类物种的有效照片4,828张,

表2 皖南山区各调查区域红外相机拍摄结果以及兽类物种数量。各调查区域名称缩写见表1。
Table 2 Camera trapping efforts and mammal species identified from the photos in all surveyed areas in south Anhui Province. Acronyms for each surveyed area are shown in Table 1.

	有效相机位点数 Number of sites	相机工作日 Camera days	独立有效照片数 Number of photos	物种数 Number of species
黄山风景区 HS	34	2,019	474	14
牯牛降国家级自然保护区 GNJ	28	1,498	257	12
清凉峰国家级自然保护区 QLF	13	637	99	8
老山省级自然保护区 LS	12	966	232	15
岭南省级自然保护区 LN	7	382	55	9
板桥省级自然保护区 BQ	7	405	163	12
查湾省级自然保护区 ZW	5	287	58	9
盘台省级自然保护区 PT	3	181	23	6
合计 Total	109	6,375	1,361	19

表3 皖南山区各调查区域的兽类物种相对丰富度。各调查区域名称缩写见表1。
Table 3 Relative species abundance based on camera trapping for each surveyed area in south Anhui Province. Acronyms for each surveyed area are shown in Table 1.

物种 Species	相对丰富度 Relative abundance (%)								
	黄山风景区 HS	牯牛降 GNJ	清凉峰 QLF	老山 LS	查湾 ZW	岭南 LN	盘台 PT	板桥 BQ	合计 Total
赤腹松鼠 <i>Callosciurus erythraeus</i>	8.86	21.01	9.09	7.33	7.02	1.82	8.70	4.29	9.99
倭花鼠 <i>Tamias maritimus</i>	0.63	6.61		1.29					1.69
中国豪猪 <i>Hystrix hodgsoni</i>	1.27	0.39			7.02			0.61	0.88
黑熊 <i>Ursus thibetanus</i>					1.72				0.07
豹猫 <i>Prionailurus bengalensis</i>	0.42			0.43					0.22
黄喉貂 <i>Martes flavigula</i>	1.48	0.39		2.16		5.45		1.23	1.32
黄鼬 <i>Mustela sibirica</i>	0.84	0.78		1.29	10.53			0.61	1.18
鼬獾 <i>Melogale moschata</i>				0.86					0.15
狗獾 <i>Meles leucurus</i>								1.23	0.15
猪獾 <i>Arctonyx collaris</i>	4.43	3.50	4.04	11.21	15.79	9.09	8.70	11.04	6.91
果子狸 <i>Paguma larvata</i>	4.22	7.78	3.03	10.34	5.26	3.64	13.04	11.04	6.83
食蟹獾 <i>Herpestes urva</i>				1.72					0.29
野猪 <i>Sus scrofa</i>	10.78	24.51	23.23	22.41	7.02	5.45	4.35	2.45	14.77
小鹿 <i>Muntiacus reevesi</i>	33.76	19.84	28.28	17.67	35.09	50.91	52.17	25.15	27.99
黑鹿 <i>Muntiacus crinifrons</i>	4.64	9.34	4.04	6.03		18.18	13.04		5.66
中华鬣羚 <i>Capricornis milneedwardsii</i>	0.21	2.72	2.02	1.29		3.64		1.23	1.25
猕猴 <i>Macaca mulatta</i>	1.05			3.88	12.28	1.82		34.35	5.73
藏酋猴 <i>Macaca thibetana</i>	27.42	3.11		12.07				6.75	13.01
华南兔 <i>Lepus sinensis</i>			26.26						1.91

占比40.16%；可鉴别鸟类物种的照片4,400张，占比36.6%，其余为夜行性啮齿类或因距离过远而无法鉴别物种的照片。在4,828张兽类照片中，独立有效照片1,361张(表2)，经鉴定，隶属5目12科19种(表3)。

2.2 皖南山区森林兽类资源概况

在基于红外相机监测所鉴定出的19种兽类中，有国家Ⅰ级重点保护动物1种，即黑鹿(*Muntiacus crinifrons*)，国家Ⅱ级重点保护动物5种，即黑熊、黄喉貂(*Martes flavigula*)、中华鬣羚(*Capricornis milneedwardsii*)、猕猴(*Macaca mulatta*)和藏酋猴(*M. thibetana*)；列入IUCN (2016) (<http://www.iucnredlist.org/>)红色名录的易危种2种，近危种8种；列入CITES附录Ⅰ的4种，附录Ⅱ的1种(附录1)。

从类群上来看，被监测到的食肉目物种数量最多，有5科9种，占所监测总物种数的47.37%，但这个类群多数物种的相对丰富度并不高，9种累积相对丰富度仅为17.2%。而且，除黑熊外，均为中小型兽类。鲸偶蹄目动物3科4种，物种数量虽不及食肉目，但小鹿(*Muntiacus reevesi*)和野猪(*Sus scrofa*)在

各调查区域的相对丰富度均位居前列(表3)。

就皖南山区整体而言，拍摄率和物种相对丰富度最高的前5种均是小鹿、野猪、藏酋猴、赤腹松鼠(*Callosciurus erythraeus*)和猪獾(*Arctonyx collaris*)(表3，附录1)。各调查区域均有拍摄记录的5种动物是：小鹿、野猪、赤腹松鼠、猪獾和果子狸(*Paguma larvata*)，且相对丰富度也较高(表3)；但一些物种仅在某一区域出现，如：黑熊(查湾)、鼬獾(*Melogale moschata*)(老山)、食蟹獾(*Herpestes urva*)(老山)、华南兔(*Lepus sinensis*)(清凉峰)，或在少数区域出现，如：豹猫(黄山、老山)、倭花鼠(*Tamias maritimus*)(黄山、牯牛降、老山)。国家重点保护动物藏酋猴、猕猴、黄喉貂、黑鹿和中华鬣羚在多数调查区域均有分布，但仅藏酋猴在黄山风景区和老山保护区具有较高的相对丰富度；猕猴的相对丰富度约为藏酋猴的2/5；黑鹿约为小鹿的1/5；黄喉貂和中华鬣羚的相对丰富度均不及黑鹿的1/4；而黑熊的拍摄率和相对丰富度在所有监测到的物种中最低(表3，附录1)。

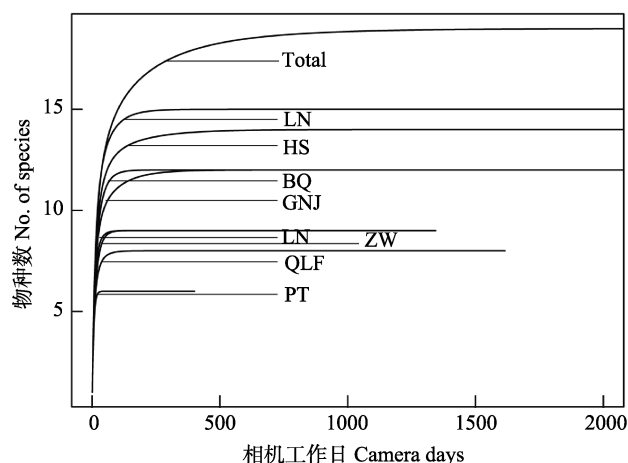


图2 皖南及各调查区域兽类物种数与相机工作日拟合的稀疏曲线。各调查区域缩写见表1。

Fig. 2 Rarefaction curve for estimating the relationship between the number of captured species with trapping days in all surveyed areas in south Anhui Province. Acronyms for each surveyed area are shown in Table 1.

2.3 不同调查区域兽类物种的分布

基于红外相机监测数据,就皖南地区兽类物种多样性而言,老山省级自然保护区记录到的物种数最多,有15种,其次是黄山风景区(14种),牯牛降国家级自然保护区和板桥省级自然保护区(各12种),岭南和查湾省级自然保护区(各9种),清凉峰国家级自然保护区(8种),而盘台省级自然保护区记录到的物种数最少,仅6种(表2)。

稀疏曲线拟合结果显示,就各调查区域物种数与有效相机工作日之间的关系而言,当相机日达到400时,所有保护区的物种数均趋向饱和,实际上,部分调查区域在相机日不到200时物种数就已经趋向饱和。当以皖南山区为整体进行拟合时,在相机日达到1,000时,物种数趋向饱和(图2)。

广义线性模型(GLM)相关性分析结果显示,红外相机监测到的物种数量与保护区面积($z = 2.04, P = 0.04$)和独立有效照片数($z = 2.10, P = 0.04$)呈显著正相关,而与相机位点数($z = 1.63, P = 0.10$)和相机工作日($z = 1.85, P = 0.06$)之间的相关性不显著,但所监测到的物种数呈现出随相机工作日增加而增多的趋势,这与稀疏曲线起始段所预测的结果相一致。

3 讨论

本研究所选择的8个调查区域包含了国家级和省级自然保护区以及黄山风景区,能够比较全面地代表皖南山区森林生态系统类型。物种数量与相机

工作日拟合的稀疏曲线结果表明,本研究各调查区域的抽样强度均比较充分(图2)。《安徽兽类志》记录皖南地区兽类83种(王岐山, 1990),其中食虫目3科5种,啮齿目5科20种,兔形目和鳞甲目各1科1种,灵长目1科2种,食肉目5科20种,偶蹄目3科8种。由于红外相机拍摄技术自身的特点,难以对夜间活动的小型啮齿类和营飞行生活的翼手类进行有效监测,即使拍摄到照片,有时也难以进行准确的物种识别。因此,本文仅对皖南山区大中型兽类(包括食肉目、偶蹄目和灵长目动物)以及通过外形易于识别的松鼠科动物区系组成变化及其原因进行分析。

在3个大中型类群中,灵长目物种组成没有变化,其种群数量虽难以与历史数据进行对比,但藏酋猴的相对丰富度仅次于小鹿和野猪,而在半数以上保护区有拍摄记录,表明这两种灵长目动物在皖南山区至少属常见物种。

食肉目变化最显著,《安徽兽类志》曾记录皖南地区有5科20种,然而本次监测仅记录到5科9种(表3, 附录1)。其中,犬科动物未有记录,且熊科、猫科、灵猫科和獾科(食蟹獾从原灵猫科独立为獾科)动物各记录1种,记录物种最多的是鼬科(5种)。黑熊是本研究唯一记录到的大型食肉动物,20世纪90年代中期,该物种还曾分布于歙县和休宁县的17个乡镇以及牯牛降国家级自然保护区(胡小龙等, 1995),但本研究仅在查湾省级自然保护区记录到1次,岭南和牯牛降自然保护区均无记录,推测黑熊在皖南的分布范围已进一步萎缩,种群数量也明显减少。大型猫科动物(云豹 *Neofelis nebulosa* 和豹 *Panthera pardus*)和犬科动物(豺 *Cuon alpinus*)在安徽主要分布于皖南山区。第一次全国陆生野生脊椎动物调查期间,作者曾在牯牛降国家级自然保护区目睹群豺捕食野猪的场景。2000年前后,石台、休宁等地曾在短期内多次救护过下山的小云豹(安徽省自然保护管理站内部资料),但此后皖南各地鲜有记录。此外,体型稍小的金猫(*Catopuma temminckii*)、大灵猫(*Viverra zibetha*)和小灵猫(*Viverricula indica*)在所有调查区域均无拍摄记录,这些物种早在20世纪80年代初就已经十分稀少(王岐山, 1990)。豹猫在皖南各地曾有广泛分布,也是皖南地区传统的毛皮经济动物,但过度猎杀、滥用鼠药以及栖息地质量退化等因素导致其野生种群在20世纪80年代中后期急剧下降(韩德民等, 1995),本次调查仅黄山风景区和老

山自然保护区有记录,但物种丰富度很低(仅0.22)。综上所述,除中小型鼬科动物外,皖南地区大部分食肉目动物野生种群已很稀少或在部分地区可能已消失,其主要原因有:近期历史上的过度猎杀、栖息地片段化以及滥用鼠药等。

《安徽兽类志》曾记录皖南山区偶蹄目3科8种,其中青羊(*Naemorhedus griseus*)仅是历史记录,皖南可能并无该物种的分布(王岐山,1990;徐亚君,1997)。本次利用红外相机监测记录偶蹄目3科4种(表3,附录1),其中,小鹿和野猪在所有调查区域的相对丰富度都位居前列,黑麂和中华鬃羚的分布范围和相对丰富度虽不及小鹿和野猪,但在半数以上区域均有拍摄记录,表明这两种动物在皖南的分布范围也比较广。獐(*Hydropotes inermis*)喜栖息于湿地附近的山坡灌丛,梅花鹿则多出没于高山草甸,二者均非典型森林兽类,本研究未针对上述两种生境进行监控,没有拍摄记录当属正常。但令人意外的是,与小鹿和黑麂生境需求相似的毛冠鹿(*Elaphodus cephalophus*)在所有调查区域竟无一拍摄记录,推测其种群数量很低。在大型捕食者近乎缺失的情况下,毛冠鹿极低的种群密度是否与同域分布且体型大小相近的小鹿和黑麂竞争有关,还有待于进一步研究。

近年来,皖南山区不少村民经常反映野猪对农作物损毁严重,要求省级林业主管部门放宽对野猪和小鹿等动物的狩猎限制。本研究监测结果显示,野猪和小鹿确实在皖南山区有较高丰富度,成为该区域大中型兽类中的优势种,这可能与区域大中型食肉类动物种群数量较小与保护力度加强及打击偷猎行为相关。但是否放宽狩猎限制或放宽到什么程度,需要对相关物种的种群与栖息地现状及潜在的威胁因子做充分评估后,方可做出决策,且涉及到狩猎的技术性问题,特别是有针对性的狩猎,如:野猪。本次监测结果虽然表明小鹿、野猪在皖南山区分布广泛,且相对丰富度较高,但现有数据还不能支撑是否可放宽狩猎限制。事实上,在野外调查过程中,我们发现皖南山区一些保护区仍存在不同程度的非法偷猎现象,既有传统的狩猎方式(网捕、套捕、夹捕等),更有利用电网等新型的狩猎工具。这些偷猎行为很有可能伤及黑麂、中华鬃羚等濒危野生动物,因此,目前禁猎仍是物种保护特别是大中型兽类保护的优先策略。

致谢: 本研究得到安徽省自然保护管理站、皖南各自然保护区、黄山风景区以及相关林业工作站的大力支持;安徽师范大学胡好远教授为本文的数据统计提供了指导;安庆师范大学赵凯博士为本文的制图提供了帮助,在此一并致谢。

参考文献

- Han DM, Hu XL, Gu CM, Wang BZ (1995) An investigation on leopard cat in Anhui Province. *Journal of Anhui University (Natural Sciences)*, (4), 82–88. (in Chinese with English abstract) [韩德民, 胡小龙, 顾长明, 王保洲 (1995) 安徽省豹猫分布和数量. *安徽大学学报(自然科学版)*, (4), 82–88.]
- Hu XL, Han DM, Wang BZ, Gu CM (1995) The investigation on Asiatic black bear in Anhui Province. *Journal of Anhui University (Natural Sciences)*, (2), 105–109. (in Chinese with English abstract) [胡小龙, 韩德民, 王保洲, 顾长明 (1995) 安徽省黑熊资源调查. *安徽大学学报(自然科学版)*, (2), 105–109.]
- Huang WJ, Wen YX, Huang ZY, Mu DW, Tang ZY, Lian ZC (1978) Investigation of mammals and geographical division of Anhui. *Journal of Fudan University (Natural Science)*, (1), 86–104. (in Chinese) [黄文几, 温业新, 黄正一, 穆大威, 唐子英, 练作宸 (1978) 安徽省哺乳动物调查和地理区划. *复旦学报(自然科学版)*, (1), 86–104.]
- Jiang ZG, Ma Y, Wu Y, Wang YX, Feng ZJ, Zhou KY, Liu SY, Luo ZH, Li CW (2015) China's mammalian diversity. *Biodiversity Science*, 23, 351–364. (in Chinese with English abstract) [蒋志刚, 马勇, 吴毅, 王应祥, 冯祚建, 周开亚, 刘少英, 罗振华, 李春旺 (2015) 中国哺乳动物多样性. *生物多样性*, 23, 351–364.]
- Li F, Jiang ZG (2014) Is nocturnal rhythm of Asian badger (*Meles leucurus*) caused by human activity? A case study in the eastern area of Qinghai Lake. *Biodiversity Science*, 22, 758–763. (in Chinese with English abstract) [李峰, 蒋志刚 (2014) 狗獾夜间活动节律是受人类活动影响而形成的吗? 基于青海湖地区的研究实例. *生物多样性*, 22, 758–763.]
- Liang RJ, Dong YW (1984) Bats from South Anhui. *Acta Theriologica Sinica*, 4, 321–328. (in Chinese with English abstract) [梁仁济, 董永文 (1984) 皖南地区翼手类初步研究. *兽类学报*, 4, 321–328.]
- Liu CS, Wu WN, Yu ZC, Meng JH, Zhang DR (1986) A study on the rodent fauna on Huangshan Mountain of Anhui Province. *Chinese Journal of Zoology*, 21(6), 18–21. (in Chinese) [刘春生, 吴万能, 俞正楚, 孟冀辉, 张大荣 (1986) 安徽省黄山啮齿类区系研究. *动物学杂志*, 21(6), 18–21.]
- Liu F, Li DQ, Wu JG (2012) Using infra-red cameras to survey wildlife in Beijing Songshan National Nature Reserve. *Acta Ecologica Sinica*, 32, 730–739. (in Chinese with English ab-

- stract) [刘芳, 李迪强, 吴记贵 (2012) 利用红外相机调查北京松山国家级自然保护区的野生动物物种. 生态学报, 32, 730–739.]
- O'Brien TG, Kinnaird MF, Wibisono HT (2003) Crouching tigers, hidden prey: Sumatran tiger and prey populations in a tropical forest landscape. *Animal Conservation*, 6, 131–139.
- O'Connell AF, Nichols JD, Karanth KU (2011) *Camera Traps in Animal Ecology: Methods and Analyses*. Springer, New York.
- Sanderson JG, Trolle M (2005) Monitoring elusive mammals: unattended cameras reveal secrets of some of the world's wildest places. *American Scientist*, 93, 148–155.
- Wang QS (1986) The zoogeographical division of Anhui Province. *Journal of Anhui University (Natural Sciences)*, (1), 45–58. (in Chinese with English abstract) [王岐山 (1986) 安徽动物地理区划. 安徽大学学报(自然科学版), (1), 45–58.]
- Wang QS (1990) *The Mammal Fauna of Anhui*. Anhui Science and Technology Publishing House, Hefei. (in Chinese with English abstract) [王岐山 (1990) 安徽兽类志. 安徽科学技术出版社, 合肥.]
- Wang QS, Chen BH, Liang RJ (1966) The pilot study on geological distribution of mammals in Anhui Province. *Chinese Journal of Zoology*, 8(3), 101–106. (in Chinese with English abstract) [王岐山, 陈璧辉, 梁仁济 (1966) 安徽兽类地理分布的初步研究. 动物学杂志, 8(3), 101–106.]
- Wang QS, Hu XL, Xing QR, Xiong CP, Lin ZX (1981) An investigation of birds and mammals of Huangshan in Anhui Province. *Journal of Anhui University (Natural Sciences)*, (2), 138–158. (in Chinese) [王岐山, 胡小龙, 邢庆仁, 熊成培, 林祖贤 (1981) 安徽黄山的鸟兽资源调查报告. 安徽大学学报(自然科学版), (2), 138–158.]
- Xiao ZS, Li XH, Jiang GS (2014) Applications of camera trapping to wildlife surveys in China. *Biodiversity Science*, 22, 683–684. (in Chinese) [肖治术, 李欣海, 姜广顺 (2014) 红外相机技术在我国野生动物监测研究中的应用. 生物多样性, 22, 683–684.]
- Xu HF, Lu HJ, Sheng HL, Gu CM (1998) Status and current distribution of South China Sika Deer. *Chinese Biodiversity*, 6, 87–91. (in Chinese with English abstract) [徐宏发, 陆厚基, 盛和林, 顾长明 (1998) 华南梅花鹿的分布和现状. 生物多样性, 6, 87–91.]
- Xu YJ (1997) Discussion on the wild animal resources in Huangshan area. *Journal of Huangshan University*, 7(1), 1–11. (in Chinese) [徐亚君 (1997) 黄山市野生动物资源论证. 黄山学院学报, 7(1), 1–11.]
- Xu YJ, Cheng BG, Fang DA, Wang L (1985) A preliminary observation on Chiroptera in Huizhou Region, Anhui Province and their overwintering ecology. *Acta Theriologica Sinica*, 5, 87–93. (in Chinese with English abstract) [徐亚君, 程炳功, 方德安, 汪林 (1985) 安徽省徽州地区翼手类及其越冬生态的初步观察. 兽类学报, 5, 87–93.]
- Zhang LB, Cui SP, Huang YJ, Chen DQ, Qiao HJ, Li CW, Jiang ZG (2014) Infrared camera traps in wildlife research and monitoring in China: issues and insights. *Biodiversity Science*, 22, 696–703. (in Chinese with English abstract) [张履冰, 崔绍朋, 黄元骏, 陈代强, 乔慧捷, 李春旺, 蒋志刚 (2014) 红外相机技术在我国野生动物监测中的应用: 问题与限制. 生物多样性, 22, 696–703.]

(责任编辑: 蒋学龙 责任编辑: 闫文杰)

附录 Supplementary Material

附录1 基于红外相机调查的皖南山区兽类物种名录以及拍摄率和相对丰富度

Appendix 1 Species list, photographic rate and relative abundance of mammals captured by camera traps in south Anhui Province
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017031-1.pdf>

附录2 红外相机拍摄的皖南山区代表性兽类照片

Appendix 2 Representative mammals recorded by camera traps in south Anhui Province
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017031-2.pdf>

刘凯, 贺君, 张继辉, 冯俊, 宇强, 顾长明, 吴海龙. 基于红外相机技术的皖南山区森林生态系统兽类资源现状. 生物多样性, 2017, 25 (8): 896–903.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017031>

附录 1 基于红外相机调查的皖南山区兽类物种名录以及拍摄率和相对丰富度

Appendix 1 Species list, photographic rate and relative abundance of mammals captured by camera traps in south Anhui Province

物种 Species	保护级别 Protection category	独立照片数 Number of independent photos	拍摄率 Photographic rate	相对丰富度 Relative abundance
灵长目 Primates				
猴科 Cercopithecidae				
1. 猕猴 <i>Macaca mulatta</i>	II	78	1.22	5.73
2. 藏酋猴 <i>Macaca thibetana</i> ▲	II, NT, Appendix II	177	2.78	13.01
食肉目 Carnivora				
熊科 Ursidae				
3. 黑熊 <i>Ursus thibetanus</i>	II, VU, Appendix I	1	0.02	0.07
猫科 Felidae				
4. 豹猫 <i>Prionailurus bengalensis</i>	Appendix I	3	0.05	0.22
鼬科 Mustelidae				
5. 黄喉貂 <i>Martes flavigula</i>	II, NT	18	0.28	1.32
6. 黄鼬 <i>Mustela sibirica</i>		16	0.25	1.18
7. 鼬獾 <i>Melogale moschata</i>	NT	2	0.03	0.15
8. 狗獾 <i>Meles leucurus</i>	NT	2	0.03	0.15
9. 猪獾 <i>Arctonyx collaris</i>	NT	94	1.47	6.91
灵猫科 Viverridae				
10. 果子狸 <i>Paguma larvata</i>	NT	93	1.46	6.83
獾科 Herpestidae				
11. 食蟹獾 <i>Herpestes urva</i>	NT	4	0.06	0.29
鲸偶蹄目 Cetartiodactyla				
猪科 Suidae				
12. 野猪 <i>Sus scrofa</i>		201	3.15	14.77
鹿科 Cervidae				
13. 小麂 <i>Muntiacus reevesi</i> ▲		381	5.98	27.99
14. 黑麂 <i>Muntiacus crinifrons</i> ▲	I, VU, Appendix I	77	1.21	5.66
牛科 Bovidae				
15. 中华鬣羚 <i>Capricornis milneedwardsii</i>	II, NT, Appendix I	17	0.27	1.25
啮齿目 Rodentia				
松鼠科 Sciuridae				
16. 赤腹松鼠 <i>Callosciurus erythraeus</i>		136	2.13	9.99
17. 倭花鼠 <i>Tamias maritimus</i>		23	0.36	1.69
豪猪科 Hystricidae				
18. 中国豪猪 <i>Hystrix hodgsoni</i>		12		0.88
兔形目 Lagomorpha				
兔科 Leporidae				
19. 华南兔 <i>Lepus sinensis</i>		26	0.41	1.91

I, II 分别代表国家 I、II 级重点保护动物; VU, NT 分别代表 IUCN 红色名录中的易危种和近危种; Appendix I, II 分别代表 CITES 附录 I、II 物种。▲ 中国特有种。

I and II, First Class and Second Class National Key Protected Animals; VU and NT, Vulnerable and Near Threatened in IUCN Red List; Appendix I, II: CITES Appendix I, II. ▲ Endemic to China.

刘凯, 贺君, 张继辉, 冯俊, 宇强, 顾长明, 吴海龙. 基于红外相机技术的皖南山区森林生态系统兽类资源现状. 生物多样性, 2017, 25 (8): 896–903.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2017031>

附录 2 红外相机拍摄的皖南山区代表性兽类照片

Appendix 2 Representative mammals recorded by camera traps in south Anhui Province



黑鹿 *Muntiacus crinifrons*



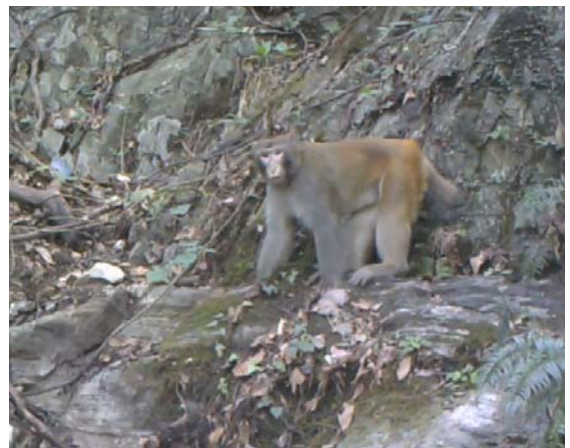
中华鬣羚 *Capricornis milneedwardsii*



黑熊 *Ursus thibetanus*



黄喉貂 *Martes flavigula*



猕猴 *Macaca mulatta*



藏酋猴 (黄山短尾猴) *Macaca thibetana*

•生物编目•

《墨尔本法规》中的“后选模式”和“原白”概念及其应用

朱相云*

(中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京 100093)

The two terms “lectotype” and “protologue” in Melbourne Code and their applications

Xiangyun Zhu*

State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093

判断一个新分类群的名称是否合格发表, 必须基于原作者发表论文(论著)的原白(protologue)。又由于分类群的名称依附于与其关联的命名模式(nomenclatural type), 因此, 模式指定(type designation)在分类学研究中有举足轻重的作用。本文作者在阅读新近发表的植物分类学研究论文, 特别是有关分类群修订的文章时, 遇到越来越多的“后选模式指定”(lectotypification)。详细考证之后发现诸多错误, 主要体现在对后选模式及原白概念的错误理解上。在《国际藻类、菌物和植物命名法规》(International Code of Nomenclature for Algae, Fungi, and Plants) (Melbourne Code, 以下简称《墨尔本法规》) (<http://www.iapt-taxon.org/nomen/main.php>) (McNeill et al, 2012)中, “后选模式”详见规则9.2和词汇中的第157页, “原白”则在辅则8A.4的脚注和词汇中的159页中有详细解释。

在规则9.2中是这样表述后选模式的: “A lectotype is a specimen or illustration designated from the original material as the nomenclatural type, in conformity with Art. 9.11 and 9.12, if no holotype was indicated at the time of publication, or if the holotype is missing, or if a type is found to belong to more than one taxon (see also Art. 9.14). For sanctioned names, a

lectotype may be selected from among elements associated with either or both the protologue and the sanctioning treatment (Art. 9.10)”。可翻译为: “如果在发表论文时(含发表新类群, 译者注), 原作者(译者注)没有指明主模式、主模式丢失或发现该模式属于多个分类群时(见规则9.14), 可从原始材料(见规则9.3, 译者注)中指定标本或插图作为命名模式, 该标本或插图即为后选模式。它与规则9.11和9.12保持一致。就认可名称(sanctioned name)而言, 后选模式可从其原白或/和认可处理的成分中选取”。

在辅则8A.4脚注1中是这样表述原白的: “Protologue (from Greek πρότος, protos, first; λόγος, logos, discourse): everything associated with a name at its valid publication, e.g. description, diagnosis, illustrations, references, synonymy, geographical data, citation of specimens, discussion, and comments”。可翻译为: “原白(源于希腊语, πρότος, protos为首次; λόγος, logos为短文): 与合格发表名称关联的任何信息如描述、特征集要、插图、参考文献、异名、地理资料、引证标本、讨论及评注”。

导致错误或重复指定后选模式的主要原因在于作者未能全面掌握研究相关类群的文献。如果这些错误不予纠正, 将会致使后来学者盲目遵从, 以

收稿日期: 2017-06-07; 接受日期: 2017-07-2

基金项目: 国家自然科学基金(31570192, 31270240)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: xiangyunzhu@ibcas.ac.cn

讹传讹。根据规则9.19,首次基于规则9.11–9.13指定的后选模式必须遵从,除非(a)主模式或选择新模式后而其原始材料被重新找到,(b)后选模式与原白严重不符或存在与原白一致的其他成分或(c)违反规则9.14。现就以下案例逐一分析,以便引起分类学家足够的重视。

案例1 关于*Pourthiaea* Decne.的后选模式。Liu和Hong (2016: 208)提到:“*Pourthiaea* Decne. (1874: 146).—Type, designated here: *Pourthiaea villosa* (Thunb.) Decne. (1874: 147). Basionym: *Crataegus villosa* Thunb. (1784: 465)”。从字面上可以理解为, Liu和Hong (l.c.)在这里为属*Pourthiaea* Decne.指定了模式,但具体是什么类型的模式,读者不得而知。根据规则7.10注解2,“designated here”仅适用于2001年1月1日(含)的后选模式(lectotype)、新模式(neotype)和附加模式(epitype),由此判定Liu和Hong (l.c.)为该属指定了后选模式。然而,Greuter等(1993: 917)已经明确写道:“*Pourthiaea* Decne. in Nouv. Arch. Mus. Hist. Nat. 10: 125, 146. 1874.—Type: *P. villosa* (Thunb.) Decne. (*Crataegus villosa* Thunb.)—[DICOTYLEDONES: ROSACEAE]”。根据规则9.2, Greuter等(l.c.)的模式指定应为后选模式指定(根据规则10.1注解1)(在*Pourthiaea* Decne.的原白中包含有11种,Decaisne (1874: 125, 146–149)并未给该属指定模式),根据规则9.19, Greuter等(l.c.)的指定必须遵从, Liu和Hong (l.c.)的后选模式指定显然是多余的,应予废弃。

案例2 关于水杉(*Metasequoia glyptostroboides* Hu & W. C. Cheng)的后选模式。*Metasequoia* Hu & W. C. Cheng作为保留名在规则11.8 Ex. 32中已有详细解释。根据规则55.1,只要*Metasequoia*是合格发表的,即使是非法名称,其属下种只要满足合格发表的条件,也是合法的。Hu和Cheng (1948: 154)基于现代植物发表新种水杉,原白依次包括英文描述(pp. 154–157)、引证标本(p. 157, 采集人及采集号分别为C. J. Hsueh no 5, C. J. Hsueh no 5I, C. T. Hua no 2, C. T. Hua nos 179, 180, 181, C. T. Hua no 26, S. Coll. s.n. 和S. Coll. 183)、插图(Plate 1)、中文描述(pp. 160–161)和分布(Plate 2),并注明论文发表日期为1948年5月15日。尽管当时作者没有指定主模式,但根据规则40.1和40.2,该种仍然属于合格发表。Ma等(2005: 476)依据规则9.2,从原始材料所引证

的标本中选择C. J. Hsueh no 5的部分采集作为该种的后选模式(存于NF),该论文合格发表于2005年6月17日。由于忽略了Ma等(l.c.)的后选模式指定, Farjon (2005: 114)从原始材料中选择C. T. Hua no 2标本,重新为该种指定了后选模式(存于NF),该论著发表日期为2005年7月8日,晚于前者21天。林祁和曹子余(2007: 291)在没有看到Ma等(l.c.)和Farjon (l.c.)后选模式指定的情况下,又从原始材料中选择标本,重新指定C. J. Hsueh no 5标本为其后选模式(存于PE),发表日期为2007年2月10日,明显晚于前二者。只要Ma等(l.c.)的选择符合规则9.19,他们的选择必须遵从。Farjon (l.c.)与林祁和曹子余(l.c.)的指定显然是无效的,应予废弃。如果后人在研究过程中忽略了Ma等(l.c.)的指定,而误引证Farjon (l.c.)或林祁和曹子余(l.c.)的指定,将会产生错误的引证。

案例3 Hong (2015: 273)写道:“13. *Lobelia erectiuscula* H. Hara, J. Jap. Bot. 40: 328.1965. ≡ *Lobelia erecta* Hook. f. & Thomson, Proc. J. Linn. Soc. Bot. (应为J. Proc. Linn. Soc. Bot.) 2: 28. 1857 (应为1858 ‘1857’), non De Vriese (1845)”。作者在此为*Lobelia erectiuscula* H. Hara指定了新模式(neotype)。实际情况是:*Lobelia erecta* Hook. f. & Thomson为晚出同名(Art. 53.1),属于非法名称,而*Lobelia erectiuscula* H. Hara为此晚出同名的替代名(Art. 6.11),二者的模式是相同的(Art. 7.4)。只有在*Lobelia erecta* Hook. f. & Thomson的原白中的原始材料丢失或不存在的情况下,才有必要指定新模式(Art. 9.13)。经考证,*Lobelia erecta* Hook. f. & Thomson的原始材料(Art. 9.3)是“Hab. Himalayae orientalis regione temperatâ, Sikkim, alt. 9000–13000 ped.! (fl. August!) (v. v.), 且保存在K和GH。根据Art. 9.19,此处的新模式指定是多余的、无效的,应予废除。

致谢:感谢中国科学院植物研究所杨永副研究员提供部分水杉文献。

参考文献

- Decaisne MJ (1874) Mémoire sur la famille des Pomacées. Nouvelles Archives du Muséum d'Histoire Naturelle, 10, 125, 146–149.
Farjon A (2005) A Monograph of Cupressaceae and Sciadopitys,

- p. 114. Royal Botanic Gardens, Kew.
- Greuter W, Brummitt RK, Farr E, Kilian N, Kirk PM, Silva PC (1993) Names in Current Use for Extant Plant Genera, p.917. Koeltz Scientific Book, D-61453 Königstein, Germany.
- Hong DY (2015) *Lobelia* L. In: Flora of Pan-Himalaya, Vol. 47 (ed. Hong DY), pp. 254–281. Science Press, Beijing.
- Hu HH, Cheng WC (1948) On the new family Metasequoiaceae and on *Metasequoia glyptostroboides*, a living species of the genus *Metasequoia* found in Szechuan and Hupeh. Bulletin of the Fan Memorial Institute of Biology, 1, 153–162.
- Lin Q, Cao ZY (2007) Lectotypifications of four names of Chinese taxa in Gymnospermae. Acta Botanica Yunnanica, 29, 291–292. (in Chinese with English abstract) [林祁, 曹子余 (2007) 中国裸子植物四个植物名称的后选模式指定. 云南植物研究, 29, 291–292.]
- Liu BB, Hong DY (2016) A taxonomic revision of the *Pourthiaea villosa* complex (Rosaceae). Phytotaxa, 244, 201–247.
- Ma JS, Barringer K, Clemants S (2005) A revision of the typification of *Metasequoia glyptostroboides* (Taxodiaceae). Taxon, 54, 475–476.
- McNeill J, Barrie FR, Buck WR, Demoulin V, Greuter W, Hawksworth DL, Herendeen PS, Knapp S, Marhold K, Prado J, Prud'homme van Reine WF, Smith GF, Wiersema JH, Turland NJ (2012) International Code of Nomenclature for Algae, Fungi, and Plants (Melbourne Code) Adopted by the Eighteenth International Botanical Congress, Melbourne, Australia, July 2011. Regnum Vegetabile Volume, 154, Koeltz Scientific Books, Germany.
- Thunberg CP (1784) Systema Vegetabilium: Secundum Classes Ordines Genera Species cum Characteribus et Differentiis, 14 edn. (ed. Murray JA), p. 465. Gottingae, Germany.

(责任编辑: 严岳鸿 责任编辑: 时意专)

•保护论坛•

探讨我国与邻国共有药用植物的惠益分享机制

刘文静 徐靖* 银森录 田瑜 李俊生

(中国环境科学研究院生物多样性研究中心, 北京 100012)

摘要: 多国共有遗传资源的惠益分享是全球多边惠益分享机制谈判中的重要议题。我国邻国众多, 掌握我国与邻国共有药用植物的数量和空间分布格局是我国参加全球多边惠益分享机制谈判应当关注的焦点问题。本文对我国与邻国共有药用植物的地理分布格局进行了分析。结果表明, 我国药用植物多与东南亚、东北亚及南亚的国家(地区)所共有, 其中与越南共有的药用植物数量最多(220种), 其次为日本(144种), 再次为缅甸(75种), 第4为印度(42种), 我国与邻国共有药用植物呈现地区集中性。由此得出的结论有: (1)与亚洲国家(地区)探讨建立次区域性质的多边惠益分享机制对于我国具有重要意义和价值; (2)应重视与东南亚、南亚和东北亚等共有药用植物较多国家(地区)的双边合作; (3)由于《名古屋议定书》跨界合作条款短时间内难以发挥作用, 目前应支持多边惠益分享机制的讨论, 为我国完善国内立法和推动次区域谈判争取时间。

关键词: 遗传资源; 名古屋议定书; 获取与惠益分享; 全球多边惠益分享机制; 跨界合作

Mechanisms of benefit-sharing of medicinal plants found in China and neighboring countries

Wenjing Liu, Jing Xu*, Senlu Yin, Yu Tian, Junsheng Li

Biodiversity Research Center, Chinese Academy of Environmental Sciences, Beijing 100012

Abstract: The genetic resources that are commonly shared by many countries are a core issue in the negotiation of the Global Multilateral Benefit-Sharing Mechanism (GMBSM). Because China is a country that has many neighboring countries, understanding the partitioning and spatial patterns is a key issue in China's participation in the GMBSM negotiation. We analyze the geographical distribution of the plants which are shared among China and its neighboring countries and regions. The results indicate that medicinal plants found in China are commonly shared with Southeast Asia, Northeast Asia, and South Asia. Among them, China shares the most medicinal plants (220 species) with Vietnam, followed by Japan (144 species) and Myanmar (75 species), and lastly India (42 species). This study shows that: (1) Discussing the establishment of a regional multilateral benefit-sharing mechanism is significant to China; (2) China should pay more attention to bilateral cooperation with neighboring countries and regions found in Southeast Asia, Northeast Asia, and South Asia, as these regions share the most medicinal plants, and (3) Due to the transboundary situation clause in the Protocol is hard to play its role in a short time, additional support is needed in the negotiation of GMBSM in order to allow more time for China's domestic legislation and sub-regional negotiation.

Key words: genetic resources; Nagoya Protocol; access and benefit-sharing; global multilateral benefit-sharing mechanism; transboundary cooperation

《名古屋议定书》通过后, 全球多边惠益分享机制(Global Multilateral Benefit-Sharing Mechanism, GMBSM)成为遗传资源获取与惠益分享谈判进程中的重要议题。《名古屋议定书》第10条要求缔约

方考虑GMBSM的必要性及其模式, 目的是处理在跨界以及无法准予或获得事先知情同意的情况下公平公正地分享因利用遗传资源及其相关的传统知识产生的惠益(SCBD, 2011)。GMBSM巧妙地规

收稿日期: 2016-12-24; 接受日期: 2017-04-16

基金项目: 环境保护部自然生态保护司生物多样性国际合作及履约项目(2024004045)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: xujing263@163.com

避了议定书的时间和地理范围这个长期争执无果的问题(Chee, 2010; 薛达元, 2010), 是未经谈判但被谈判各方接受的折中条款(张小勇, 2017)。非洲集团认为, 必须建立GMBSM, 以解决多国共有遗传资源的获取与惠益分享问题; 欧盟等则认为, 应当广泛收集各方观点和建议, 以确定GMBSM是否适用于多国共有遗传资源的情况(徐靖等, 2013)。

2016年12月召开的《名古屋议定书》缔约方大会第二次会议邀请各方提供执行议定书时遇到的无法用双边模式处理的情况(SCBD, 2016a), 这充分说明目前包括中国在内的各国均缺乏数据来支撑其观点, GMBSM条款可能推迟甚至可能继续规避议定书的时间和地理范围等具有根本性争议的问题(Greiber et al, 2012)。可以预见, 各方就GMBSM达成一致前, 将会进行长时间反复的协商(Nijar, 2011)。因此, 掌握本国与其他大洲、次区域及国家(地区)共有遗传资源的基本情况, 是各方确定谈判立场并判定建立GMBSM必要性的关键指标。

医药用途的遗传资源获取与惠益分享是遗传资源获取与惠益分享国际制度的重点关注领域。我国药用植物丰富, 且利用历史悠久。第三次中药资源普查结果显示, 我国现有记载的药用植物达11,146种(张惠源等, 1995), 已知临床常用的植物药材达700多种(董静洲等, 2005)。此外, 我国民族众多, 各族人民在数千年的生产和生活实践中创造了丰富的传统知识, 包括中医药和民族医药在内的传统医药闻名世界(薛达元等, 2012)。同时, 我国也一直是国外机构和个人获取遗传资源的重要目标国(毕列爵, 1983; 武建勇等, 2011a, b, 2013)。因此, 我国与他国(地区)共有药用资源的惠益分享制度与我国的利益密切相关, 亟需了解与他国(地区)共有药用植物的现状, 确立我国在国际谈判中的立场。

生物遗传资源的分布往往是依据自然边界, 而非国家边界。虽然已有学者对我国植物的分布区类型进行过系统的研究(吴征镒, 1991; 吴征镒等, 2003), 但未明确植物遗传资源的所属国家, 而《名古屋议定书》承认国家对管辖范围内的生物遗传资源拥有主权, 获取与惠益分享活动须明确遗传资源的所属国家。为此, 本文以我国与他国(地区)共有的药用植物为研究对象, 以国家(地区)边界统计药用植物的分布格局, 分析我国与他国(地区)共有的药用植物的数量, 以掌握与他国(地区)共有药用植物的空

间分布情况, 为我国参与GMBSM议题谈判及次区域合作提供参考。

1 数据与方法

1.1 数据来源

本文首先由中国科学院植物研究所覃海宁教授基于《中国生物物种名录(2013年版)》的高等植物名录(Qin et al, 2013) 提取在国外也有分布记录的种子植物种类。在此基础上, 作者与Huang等(2011)发表的我国特有种子植物名录进行比对, 排除其中的重复物种。然后由中国中医科学院中药研究所杨光博士与全国中药资源普查数据库中的药用植物名录进行比对, 获得我国与他国(地区)共有的药用种子植物4,265种。最后作者通过检索《中国植物志》(中国科学院《中国植物志》编辑委员会, 2004)和*Flora of China* (Wu et al, 2013), 确定4,265种共有药用种子植物的洲际分布和国家(地区)分布信息。据此, 本文建立了包括物种名(拉丁名和中文名)、属名(拉丁名和中文名)、科名(拉丁名和中文名)、国外地理分布范围在内的与他国(地区)共有的药用种子植物信息库。本文所述“共有”药用种子植物, 是指依据《中国植物志》和*Flora of China*的记载, 同时分布于我国和其他国家(地区)的药用植物, 包括原产于我国和其他国家(地区)的物种以及引种栽培和外来归化的物种。

1.2 研究方法

统计我国与他国(地区)共有的药用植物的分类情况, 基于全球、次区域和国家(地区)三个尺度分析其地理分布情况。本研究中, 全球尺度分为亚洲、欧洲、大洋洲、非洲和美洲5大洲。亚洲次区域尺度分为东北亚、东南亚、南亚、中亚和西亚5个次区域。对5个次区域进一步划分如下: 东北亚分为蒙古、朝鲜半岛和日本; 东南亚分为菲律宾、越南、老挝、柬埔寨、缅甸、泰国、马来西亚、文莱、新加坡、印度尼西亚和东帝汶; 南亚分为尼泊尔、不丹、孟加拉国、印度、巴基斯坦、斯里兰卡、马尔代夫、克什米尔、阿富汗和伊朗; 中亚分为哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦、塔吉克斯坦、乌兹别克斯坦和土库曼斯坦; 西亚分为巴林、科威特、阿曼、卡塔尔、沙特阿拉伯、阿联酋、伊拉克、约旦、黎巴嫩、巴勒斯坦和叙利亚。此外, 俄罗斯虽属于欧洲, 但与我国接壤, 因此也加入国家(地区)尺度的分析。

2 研究结果

2.1 共有药用植物统计

我国与他国(地区)共有种子植物15,140种(隶属于253科2,893属)。其中,有药用价值的植物物种数量共计4,265种,隶属于216科1,581属,占共有种子植物物种总数的28.17%,其中有121种(46科104属)原产于其他国家(地区)。

我国与他国(地区)共有的药用植物中,蓼科蓼属(*Polygonum*)有44种;菊科蒿属(*Artemisia*)有34种;大戟科大戟属(*Euphorbia*)有31种;兰科石斛属(*Dendrobium*)有30种。

此外,药用植物物种数量在20–30种之间的科属分别为罂粟科紫堇属(*Corydalis*)、蔷薇科的委陵菜属(*Potentilla*)及悬钩子属(*Rubus*)、毛茛科铁线莲属(*Clematis*)及乌头属(*Aconitum*)、桑科榕属(*Ficus*)、薯蓣科薯蓣属(*Dioscorea*)、杜鹃花科杜鹃花属(*Rhododendron*)和鸢尾科鸢尾属(*Iris*)。其余科属药用植物物种数量均在20种以下。

2.2 共有药用植物在全球尺度的分布格局

我国与全球其他国家(地区)共有药用植物4,265种。其中,有2,509种(隶属于172科1,040属)与亚洲国家(地区)共有,占58.83%。在两大洲及以

上范围内分布的共有药用植物为1,534种(隶属于152科794属),占35.97%。此外,世界范围内广泛分布的药用植物仅222种(隶属59科176属),仅占5.21%。

2.3 共有药用植物在亚洲次区域尺度的分布格局

我国与亚洲其他国家(地区)共有药用植物物种数量为2,509种。其中,与单独一个次区域共有的药用植物共1,360种(隶属于153科678属),占在亚洲分布的共有药用植物的54.20%。结果显示,我国与东南亚、东北亚、南亚共有药用植物种数最多(表2)。与两个及以上次区域共有药用植物1,137种(隶属于151科646属),占在亚洲分布的共有药用植物的45.32%。在亚洲范围内广泛分布的药用植物仅有12种(隶属于7科12属),所占比例仅为0.48%。

2.4 共有药用植物在国家(地区)尺度的分布格局

研究结果显示,我国和周边邻近国家(地区)单独共有药用植物数量为680种,隶属于121科416属(表3),主要是与我国陆地接壤或隔海相望的国家(地区)。

按照与单个国家(地区)共有药用植物数量进行排序,我国与越南共有的药用植物数量最多,其次为日本,再次为与缅甸和印度。

表1 我国与他国(地区)共有药用植物在全球尺度的分布格局
Table 1 Distribution of medicinal plants commonly shared with other countries at global scale

大洲 Continents	种 Species (%)	属 Genus	科 Family
总计 Total	4,265(100)	1,581	216
亚洲 Asia	2,509(58.83)	1,040	172
欧洲、亚洲 Europe and Asia	856(20.07)	419	95
世界广布 Widely distributed in the world	222(5.21)	176	59
亚洲、大洋洲 Asia and Oceania	171(4.01)	142	66
欧洲、亚洲、美洲 Europe, Asia and America	127(2.98)	101	13
亚洲、美洲 Asia and America	88(2.06)	67	40
亚洲、非洲 Asia and Africa	75(1.76)	70	39
亚洲、大洋洲、非洲 Asia, Oceania and Africa	62(1.45)	52	27
欧洲、亚洲、非洲 Europe, Asia and Africa	55(1.29)	48	28
欧洲、亚洲、大洋洲 Europe, Asia and Oceania	20(0.47)	20	15
欧洲、亚洲、非洲、美洲 Europe, Asia, Africa and America	20(0.47)	18	13
亚洲、大洋洲、非洲、美洲 Asia, Oceania, Africa and America	19(0.45)	18	13
欧洲、亚洲、大洋洲、美洲 Europe, Asia, Oceania and America	13(0.3)	13	11
欧洲、亚洲、大洋洲、非洲 Europe, Asia, Oceania and Africa	12(0.28)	11	9
亚洲、大洋洲、美洲 Asia, Oceania and America	8(0.19)	8	7
亚洲、非洲、美洲 Asia, Africa and America	8(0.19)	8	7

表2 与他国(地区)共有的药用植物在亚洲各次区域尺度分布格局
Table 2 Distribution of medicinal plants commonly shared with other countries at sub-regional scale

次区域 Sub-region	种 Species (%)	属 Genus	科 Family
总计 Total	2,509(100)	1,040	172
东南亚、南亚 Southeast Asia and South Asia	836(33.32)	509	132
东南亚 Southeast Asia	630(25.11)	385	122
东北亚 Northeast Asia	375(14.95)	259	97
南亚 South Asia	284(11.32)	206	82
东北亚、东南亚、南亚 Northeast Asia, Southeast Asia and South Asia	117(4.66)	100	51
东北亚、东南亚 Northeast Asia and Southeast Asia	91(3.63)	80	50
中亚 Central Asia	63(2.51)	50	23
东北亚、南亚 Northeast Asia and South Asia	27(1.08)	27	19
南亚、中亚 South Asia and Central Asia	22(0.88)	21	14
东北亚、中亚 Northeast Asia and Central Asia	17(0.68)	15	10
亚洲广布 Widely distributed in Asia	12(0.48)	12	7
东北亚、南亚、中亚 Northeast Asia, South Asia and Central Asia	10(0.4)	10	9
西亚 West Asia	8(0.32)	8	7
南亚、西亚 South Asia and West Asia	4(0.16)	4	4
东北亚、中亚、西亚 Northeast Asia and West Asia	3(0.12)	2	2
东南亚、南亚、西亚 Southeast Asia, South Asia and West Asia	3(0.12)	3	3
东北亚、南亚、中亚、西亚 Northeast Asia, South Asia, Central Asia and West Asia	2(0.08)	2	2
东北亚、东南亚、南亚、中亚 Northeast Asia, Southeast Asia, South Asia and Central Asia	1(0.04)	1	1
东北亚、南亚、西亚 Northeast Asia, South Asia and West Asia	1(0.04)	1	1
东南亚、南亚、中亚 Southeast Asia, South Asia and Central Asia	1(0.04)	1	1
南亚、中亚、西亚 South Asia, Central Asia and West Asia	1(0.04)	1	1
中亚、西亚 Central Asia and West Asia	1(0.04)	1	1

表3 与周边邻国共有药用植物在国家(地区)尺度分布格局
Table 3 Distribution of medicinal plants commonly shared with other countries/regions at national scale

国家(地区) Countries/regions	种 Species (%)	属 Genus	科 Family
总计 Total	680(100)	416	121
越南 Vietnam	220(32.35)	168	84
日本 Japan	144(21.18)	116	60
缅甸 Myanmar	75(11.03)	60	43
印度 India	42(6.18)	41	27
朝鲜半岛 Korean peninsula	39(5.74)	35	23
俄罗斯 Russia	29(4.26)	28	13
泰国 Thailand	27(3.97)	24	19
蒙古 Mongolia	21(3.09)	19	13
尼泊尔 Nepal	19(2.79)	18	17
不丹 Bhutan	16(2.35)	15	14
哈萨克斯坦 Kazakhstan	16(2.35)	14	8
老挝 Laos	7(1.03)	7	7
印度尼西亚 Indonesia	6(0.88)	5	5
菲律宾 Philippines	6(0.88)	6	6
吉尔吉斯斯坦 Kyrgyzstan	4(0.59)	4	4
克什米尔 Kashmir	3(0.44)	3	2
马来西亚 Malaysia	2(0.29)	2	2
柬埔寨 Cambodia	1(0.15)	1	1
巴基斯坦 Pakistan	1(0.15)	1	1
孟加拉国 Bangladesh	1(0.15)	1	1
塔吉克斯坦 Tajikistan	1(0.15)	1	1

按照国家(地区)所在地理位置进行归类, 与我国单独共有药用植物数量最多的国家(地区)主要分布在东南亚(越南、缅甸、泰国、老挝、印度尼西亚、菲律宾、马来西亚和柬埔寨), 共344种(隶属于97科238属); 然后依次为东北亚(日本、朝鲜半岛和蒙古) 204种(隶属于69科158属)和南亚(印度、尼泊尔、不丹、克什米尔、巴基斯坦和孟加拉国)82种(隶属于44科78属)。与中亚(哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦和塔吉克斯坦)共有药用植物数量相对较少, 共21种(隶属于12科19属)。另外, 与俄罗斯共有药用植物29种。

3 讨论

3.1 关于研究数据

本研究以我国现有已公开发表的植物物种名录为基础, 尝试通过对现有植物调查、分类和编目基础研究数据的再加工, 分析我国对将GMBSM适用于跨境共有遗传资源的应有态度, 识别我国在遗传资源获取和惠益分享跨境合作问题上的重点国家(地区), 为我国参加《名古屋议定书》谈判提供参

考。从了解我国与他国(地区)共有药用种子植物的总体趋势这一角度来看, 本研究所用数据可以满足这一需求。当然, 由于GMBSM问题的谈判仍在进行, 随着今后植物调查、分类与编目研究的深入, 植物物种名录的不断完善, 不排除采用更新的数据对此问题进一步研究的可能性。

3.2 “跨界合作”的可行性

《名古屋议定书》第11条规定, 缔约方可以通过跨界合作来处理多国共有药用植物惠益分享问题。但该条款并未对缔约方提出强制性义务, 完全属于自愿性质, 其实施效果将依赖于国内立法, 目前很难真正发挥作用。截至2017年5月22日, 亚洲只有17个国家成为《名古屋议定书》缔约方, 其中, 蒙古、老挝、越南、缅甸、印度、不丹、巴基斯坦、塔吉克斯坦、哈萨克斯坦和吉尔吉斯斯坦这10个国家是我国的陆地接壤邻国。但只有印度、不丹和菲律宾这3个国家制定了遗传资源获取与惠益分享国内立法, 且其立法中尚无与跨界合作相关的规定, 依托跨界合作处理与他国(地区)共有药用植物的惠益分享问题缺乏法律依据。因此, 以跨界合作的方式解决我国与他国(地区)共有药用植物的获取与惠益分享问题尚不可行, 这为建立多边惠益分享机制提供了空间。

3.3 多边惠益分享机制在不同尺度的可行性

GMBSM虽为处理多国共有遗传资源的获取与惠益分享问题提供了潜在解决方案, 但我国与他国(地区)共有的药用植物中仅有两百余种是世界广布种, 数量相对较少。而药用植物开发需要较长周期, 短期内难以产生足以分享的全球性货币性收益, 少量药用植物开发产生的惠益很可能无法支撑GMBSM运行所需成本。因此, 目前来看在全球层面建立多边惠益分享机制缺乏可操作性。

我国与他国(地区)共有的药用植物有58.83%集中分布在亚洲, 与东南亚、南亚、东北亚等国家(地区)共有药用植物总数比例更是高达84.7%, 呈现出明显的地区集中性。这表明亚洲国家(地区)之间具备建立多边惠益分享机制的基本条件, 同时也存在较强需求。

3.4 栽培植物和归化种的惠益分享机制

本研究建立的数据库中包含百余种与他国(地区)共有的药用栽培植物。但这些药用植物的引种时间不明确, 甚至有很多种的原产国不详, 如菊科的

金盏花(*Calendula officinalis*)和红花(*Carthamus tinctorius*)、姜科的姜黄(*Curcuma longa*)、苋科的反枝苋(*Amaranthus retroflexus*)。对此, 应该区别传统利用和依赖生物技术产生高附加值产品的创新型利用这两种方式。如果进行引种栽培目的是非商业性观赏或食用, 则无须分享惠益; 如果研发药品, 则需要进一步考虑其惠益分享机制。此外, 我国也有一些与他国共有的药用植物是归化种, 对此, 应该同样区分获取目的和用途, 再选择适用的惠益分享机制。

4 政策建议

4.1 在国内立法中加入跨界合作规定

我国已加入《名古屋议定书》, 需要依据国内立法来处理多国共有药用植物获取与惠益分享问题。但目前国内立法体系还不完善(赵富伟和薛达元, 2008), 与邻国跨界合作缺乏法律依据, 建议在国内立法中加入跨界合作的规定, 积极应对与邻国共有药用植物获取与惠益分享问题。

与此同时, 我国应当在《名古屋议定书》后续谈判中支持GMBSM谈判进程, 并表达在次区域层面建立多边惠益分享机制的观点, 积极寻求邻国的理解和支持。通过推动国际谈判, 为我国制定遗传资源获取与惠益分享国内立法和次区域层面的谈判争取时间。

4.2 有针对性地与邻国开展合作

针对与单个接壤国家(地区)共有的药用植物, 应采用双边合作的方式, 两国设立统一的获取和惠益分享标准, 共同应对其他国家(地区)获取共有药用植物, 同时共同开发利用共有药用植物。其中, 重点合作对象为越南、缅甸和印度等与我国单独共有药用植物数量较多的接壤国家。

针对与多个接壤国家(地区)共有的药用植物, 应考虑次区域层面的合作。我国应在同时符合我国和这些国家(地区)国内立法的前提下, 积极推动与这些接壤国家(地区)建立次区域层面的多边惠益分享机制, 争取建立相对一致的获取与惠益分享标准, 共同应对发达国家获取共有药用植物的需求, 同时共同开发共有药用植物。其中, 在次区域层面的重点磋商对象是东南亚的越南、缅甸、老挝, 南亚的印度、尼泊尔和不丹, 中亚主要是哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦和塔吉克斯坦。

针对与单个非接壤国家(地区)共有的药用植物,由于这些国家(地区)与我国没有共同边境,两国共有的药用植物是否适用于《名古屋议定书》第11条仍存在争议。为避免使用者竞相到获取与惠益分享要求低甚至没有要求的原产国获取药用植物,从而促使共有药用植物的多个原产国之间产生“逐底竞争”,最终导致共有药用植物的获取与分享活动完全偏离《名古屋议定书》保护生物多样性的初衷,因此不能将这类资源纳入《名古屋议定书》的“双边模式”来处理。我国应积极与其进行双边合作,共同应对其他国家(地区)的获取活动。其中,双边合作的对象主要是日本和韩国。

针对多个非接壤国家(地区),主要包括菲律宾、马来西亚、文莱、印度尼西亚在内的与我国隔海相望的东南亚国家,我国与上述国家共有的药用植物是否适用于《名古屋议定书》第11条仍存在争议,我国应优先考虑多边合作的方式。

针对世界广布种,原则上考虑纳入全球多边惠益分享机制,但是目前来看不具有可操作性。我国应该积极跟踪和参与GMBSM议题的后续谈判,并重点关注关于遗传资源的数字序列信息(SCBD, 2016b)等其他具有潜在惠益分享价值的标的物的谈判动向。

此外,应注意有些药用植物与其他大洲的国家(地区)共有,例如非洲和南美洲国家(地区)。由于这些国家(地区)与我国距离较远,共有药用植物一般属于栽培植物或者广布种,因此,无须特别考虑与这些国家(地区)的合作,按照栽培植物或广布种的方式处理即可。

4.3 明确栽培植物和归化种的惠益分享问题

为明确栽培植物和归化种的惠益分享机制,应该首先摸清其原产国家(地区),然后明确其使用目的,如果进行商业开发,再根据不同的情况选择合适的惠益分享机制。对于原产地不明确的栽培植物和归化种,应该研究纳入GMBSM;对于已知原产国的栽培植物和归化种,应该与原产国协商采用《名古屋议定书》确定的“双边模式”来处理惠益分享问题。此外,应该注意到许多药用栽培植物已被培育成新品种,应该尊重《国际植物新品种保护公约》赋予育种者的权利,在法律规定的期限内具有控制新品种的繁殖、使用以及销售的权利,这类遗传资源无须纳入多边惠益分享机制。

致谢: 特别感谢中国科学院植物研究所覃海宁教授和中国中医科学院中药研究所杨光博士为本文研究数据提供帮助。感谢中国科学院植物研究所刘冰研究员和于胜祥博士以及中国环境科学研究院关潇博士为本文涉及的科属名称核对工作提供帮助。感谢审稿专家和责任编委为本文提出宝贵的意见和建议。

参考文献

- Bi LJ (1983) The botanical exploration in China by western countries during the 149 years (1800–1949) before liberation. *Wuhan Botanical Research*, 1, 119–128. (in Chinese) [毕列爵 (1983) 从19世纪到建国之前西方国家对我国进行的植物资源调查. *武汉植物学研究*, 1, 119–128.]
- Chee YL (translated by Yin J) (2010) Different reaction on New Access and Benefit-Sharing Protocol. *Bulletin of Biodiversity and Traditional Knowledge*, 24(5), 1–4. (in Chinese) [殷金 (译) (2010) 对最新的获取与惠益分享议定书的不同反应. *生物多样性与传统知识简报*, 24(5), 1–4.]
- Dong JZ, Yi ZL, Jiang JX (2005) Current situation of the research on the germplasm resources of medicinal plants in China. *Journal of West China Forestry Science*, 34(2), 95–101. (in Chinese with English abstract) [董静洲, 易自力, 蒋建雄 (2005) 我国药用植物种质资源研究现状. *西部林业科学*, 34(2), 95–101.]
- Flora Reipublicae Popularis Sinicae Editorial Committee (2004) *Flora Reipublicae Popularis Sinicae*. Science Press, Beijing. (in Chinese) [中国科学院《中国植物志》编辑委员会 (2004) *中国植物志*. 科学出版社, 北京.]
- Greiber T, Moreno SP, Åhrén M, Carrasco GN, Kamau EC, Medaglia JC, Oliva MJ, Perron-Welch F, Ali A, Williams C (2012) An Explanatory Guide to the Nagoya Protocol on Access and Benefit-Sharing, International Union for Conservation of Nature and Natural Resources, pp.127. IUCN, Gland & IUCN Environmental Law Centre, Bonn.
- Huang JH, Chen JH, Ying JS, Ma KP (2011) Features and distribution patterns of Chinese endemic seed plant species. *Journal of Systematics and Evolution*, 49, 81–94.
- Nijar GS (2011) Research Papers 36: The Nagoya Protocol on Access and Benefit Sharing of Genetic Resources: Analysis and Implantation Options for Developing Countries, pp. 1–43. South Centre, Geneva.
- Qin HN (2013) China Checklist of Higher Plants, In the Biodiversity Committee of Chinese Academy of Sciences ed. *Catalogue of Life China 2013 Annual Checklist*. CD-ROM. Science Press, Beijing.
- SCBD (Secretariat of Convention on Biological Diversity) (2011) X/1 Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from Their Utilization to the Convention on Biological

- Diversity: Text and Annex. In: Report of the Tenth Meeting of the Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity, Montreal, Canada. UNEP/CBD/COP/10/27, 76–92.
- SCBD (Secretariat of Convention on Biological Diversity) (2016a) The Need for and Modalities of a Global Multilateral Benefit-Sharing Mechanism (Article 10). In: decision adopted by the parties to the Nagoya Protocol on access and benefit-sharing, Cancun, Mexico. UNEP/CBD/NP/MOP/DEC/2/1.
- SCBD (Secretariat of Convention on Biological Diversity) (2016b) Digital sequence information on genetic resources. In: decision adopted by the parties to the Nagoya Protocol on access and benefit-sharing, Cancun, Mexico. UNEP/CBD/NP/MOP/DEC/2/14.
- Wu JY, Xue DY, Zhao FW (2013) Plant genetic resources collection of some botanic gardens in the USA and UK from China. *Resources Science*, 35, 1499–1509. (in Chinese with English abstract) [武建勇, 薛达元, 赵富伟 (2013) 欧美植物园引种中国植物遗传资源案例研究. *资源科学*, 35, 1499–1509.]
- Wu JY, Xue DY, Zhou KX (2011a) Past and present status of introduced plant genetic resources in China. *Journal of Minzu University of China (Natural Sciences Edition)*, 20(2), 49–53. (in Chinese with English abstract) [武建勇, 薛达元, 周可新 (2011a) 中国植物遗传资源引进、引出或流失历史与现状. *中央民族大学学报(自然科学版)*, 20(2), 49–53.]
- Wu JY, Xue DY, Zhou KX (2011b) Diversity and dynamics of introduced plant from China in Royal Botanic Garden Edinburgh. *Journal of Plant Genetic Resources*, 12, 738–743. (in Chinese with English abstract) [武建勇, 薛达元, 周可新 (2011b) 皇家爱丁堡植物园引种中国植物资源多样性及动态. *植物遗传资源学报*, 12, 738–743.]
- Wu ZY (1991) The areal-types of Chinese genera of seed plants. *Acta Botanica Yunnanica*, Suppl. IV, 1–139. (in Chinese) [吴征镒 (1991) 中国种子植物属的分布区类型. *云南植物研究*, 增刊IV, 1–139.]
- Wu ZY, Raven PH, Hong DY (2013) *Flora of China*. Science Press, Beijing & Missouri Botanical Garden Press, St. Louis.
- Wu ZY, Zhou ZK, Li DZ, Peng H, Sun H (2003) The areal-types of the World families of seed plants. *Acta Botanica Yunnanica*, 25, 245–257. (in Chinese with English abstract) [吴征镒, 周浙昆, 李德铎, 彭华, 孙航 (2003) 世界种子植物科的分布区类型系统. *云南植物研究*, 25, 245–257.]
- Xu J, Cai L, Wang AH, Xue DY, Yang QW, Li JS, Yin SL (2013) The global multilateral benefit-sharing mechanism: a new focus in genetic resources access and benefit-sharing negotiations. *Biodiversity Science*, 21, 127–131. (in Chinese with English abstract) [徐靖, 蔡蕾, 王爱华, 薛达元, 杨庆文, 李俊生, 银森录 (2013) 全球多边惠益分享机制: 遗传资源获取与惠益分享谈判的新焦点. *生物多样性*, 21, 127–131.]
- Xue DY (2010) A new milestone of the Convention on Biological Diversity: Nagoya ABS Protocol (1st part). *Environmental Protection*, (23), 68–70. (in Chinese) [薛达元 (2010) 《生物多样性公约》新里程碑: 《名古屋ABS议定书》(上). *环境保护*, (23), 68–70.]
- Xue DY, Qin TB, Cai L (2012) *The Regime of Access and Benefit Sharing for Traditional Knowledge Associated with Genetic Resources*. China Environmental Science Press, Beijing. (in Chinese with English summary) [薛达元, 秦天宝, 蔡蕾 (2012) 遗传资源相关传统知识获取与惠益分享制度研究. 中国环境科学出版社, 北京.]
- Zhang HY, Zhao RH, Yuan CQ, Sun CQ, Zhang ZY (1995) *China Journal of Chinese Materia Medica*, 20, 387–390. (in Chinese) [张惠源, 赵润怀, 袁昌齐, 孙传奇, 张志英 (1995) 我国的中药资源种类. *中国中药杂志*, 20, 387–390.]
- Zhang XY (2017) *A Study on the International Law of Genetic Resources*. Intellectual Property Press, Beijing. (in Chinese) [张小勇 (2017) 遗传资源国际法问题研究. 知识产权出版社, 北京.]
- Zhao FW, Xue DY (2008) International trends and state legislation on access and benefit-sharing of genetic resources. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 24, 92–96. (in Chinese with English abstract) [赵富伟, 薛达元 (2008) 遗传资源获取与惠益分享制度的国际趋势及国家立法问题探讨. *生态与农村环境学报*, 24, 92–96.]

(责任编辑: 杨庆文 责任编辑: 时意专)

• 书评 •

《江苏植物志》修订再版，令人耳目一新

马克平*

(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)

Revised version of *Flora of Jiangsu* with refreshing additions

Keping Ma*

State Key Laboratory of Vegetation and Environmental Change, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093

《江苏植物志》上册和下册分别于1977年和1982年出版，时隔30年后得以修订再版，可喜可贺。总览新版《江苏植物志》1–5卷(2013–2015年出版，刘启新主编)，令人耳目一新。

第一，收载江苏省植物的类群数量和范围增加。与原《江苏植物志》相比，修订版增加了苔藓植物；而且维管植物种数也增加了近1/3。原版收载维管植物197科2,350种，修订版收录235科3,132种。比较好地反映了江苏植物分类学的研究进展。

第二，利用《中国植物志》、*Flora of China*和《中国生物物种名录》(2011)等新的研究成果，订正了原版中存在的分类学错误，并将最新的分类学研究成果整合到修订版中。科学性显著提高。

第三，被子植物科的排列主要参考Cronquist分类系统(1981)，部分科的排列参考了APG III系统(2009)，体现了与时俱进的时代特色。

第四，修订版第1卷列出了全部收录种的凭证标本(以野生植物为主)的采集号和收藏的标本馆，附有不同植物资源类别的物种名录和高等植物常用形态特征术语和图解等，提供了丰富的信息。

第五，根据标本、野外调查记录和文献，细化了植物在江苏的分布信息，一般到市(县)级；而且对江苏省已经发现野外灭绝或近于灭绝的物种如中华水韭(*Itoetes sinensis*)、珊瑚菜(*Glehnia littoralis*)、南京木蓝(*Indigofera chenii*)、钟山草(*Petitmenginia matsumurae*)等明确指出了它们的生存现状，为保护和规划提供确切信息。

第六，根据档案记载等，清楚地补充记录了

《江苏植物志》原版编写过程、编写人员和分工，改正了特殊历史时期只署名“江苏省植物研究所”的缺憾，还历史以本来面目。

第七，修订版全书版式新颖美观，每种植物都配有一张线描图，且随种类插附，方便读者使用。在艺术设计与专业实用结合上达到新水平。

在《中国植物志》和*Flora of China*等出版后，省级植物志是否还有必要继续编？吴征镒院士在所写之序中明确指出“我觉得植物志需要继续做，而且要深入做”。省级植物志如何深入来做？笔者提出三点建议供参考：(1)内容上保持现有省级植物志的样式，适当补充优化，强调每种植物都要标出凭证标本号与保存的标本馆，便于查阅核实。而且省内的分布尽量细化到县一级，有条件时提供分布点信息，便于研究和实际应用，鼓励绘制分布图。(2)改变目前资料手册型的志书形式，编写研究型植物志，在现有内容的基础上，增加科属研究进展评述和讨论方面的内容。(3)同时出版电子版，特别是在线形式，内容可以更加丰富，包括多媒体资料和重要的文献信息等，并不断更新。

目前，除陕西和吉林省外，各个省都出版了或正在编研省级植物志，有些省份如江苏、内蒙古和台湾等出版了修订版；有些市如深圳和温州等出版了市域植物志；有些县如湖北竹溪和通城县的植物志已经出版，山东邹县和云南新平的植物志正在编写等。这些植物志的编研和出版发行，为植物多样性保护和利用提供了丰富可靠的信息，值得大力提倡和鼓励。

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: kpma@ibcas.ac.cn