

第四届全国生物多样性监测研讨会 摘要集

主办单位

中国科学院生物多样性委员会
中国生物多样性监测与研究网络
北京生物多样性科学研究会

承办单位

广东车八岭国家级自然保护区管理局
南岭森林生态系统国家野外科学观测研究站（南岭国家站）
广东省科学院动物研究所
中山大学生态学院
中国生物多样性监测与研究网络-兽类网
中国生物多样性监测与研究网络-森林网
北京生态学会



2021年9月23-24日

第四届全国生物多样性监测研讨会

摘要集

主办单位

中国科学院生物多样性委员会
中国生物多样性监测与研究网络
北京生物多样性科学研究会

承办单位

广东车八岭国家级自然保护区管理局
南岭森林生态系统国家野外科学观测研究站（南岭国家站）
广东省科学院动物研究所
中山大学生态学院
中国生物多样性监测与研究网络-兽类网
中国生物多样性监测与研究网络-森林网

目 录

大会报告人简介.....	7
Andrew Gonzalez	7
白 明.....	7
储诚进.....	8
冯晓娟.....	9
郭庆华.....	9
刘徐兵.....	10
牛振国.....	10
王天明.....	11
肖治术.....	11
徐海根.....	12
于明坚.....	12
周 平.....	13
大会报告摘要.....	14
A global biodiversity observation system for a nature-positive world.....	14
结合监测、实验和模型理解森林生物多样性.....	14
植物-土壤相互作用与森林群落物种共存	15
湿地生物多样性遥感监测与评价	16
千岛湖陆桥岛屿系统的植物多样性监测与研究.....	16
南岭昆虫多样性格局研究——SITE100 全球大科学计划.....	17
中国生物多样性监测与研究网络（Sino BON）进展.....	18
全国生物多样性观测网络建设进展.....	18
基于物联网、大数据和人工智能驱动下的东北虎豹国家公园生物多样性 实时监测.....	19
构建中国生物多样性核心遥感指标的一些思考.....	20
自然保护地野生动物综合监测技术体系建设及车八岭案例.....	20
南岭生态系统与生物多样性研究现状与进展.....	21
专题报告摘要.....	24

专题一、动物多样性监测.....	24
亚太区鲛观测网络计划——推动鲛种群的有效保护*.....	24
广东省中华穿山甲种群及栖息地调查.....	25
基于长期监测的山地鸟类种间合作网络研究.....	27
New hopes and challenges: the growing cross-border population of Myanmar snub-nosed monkey urging transboundary conservations between China and Myanmar.....	28
重金属污染对喀斯特森林鸟类多样性的影响.....	29
The avian community structure of Wuyi Mountains is sensitive to recent climate warming.....	30
探讨广西保护区的森林网络中动物声音多样性指数、海拔和植被多样性的关系.....	31
天津八仙山同域分布食肉目物种日活动节律比较研究.....	32
沿海虾塘冬歇期生态补偿政策增加迁徙水鸟多样性.....	33
基于红外相机技术的天津盘山风景名胜区鸟兽资源监测.....	34
基于前沿监测技术探讨“大开发”对鸟类迁徙及其栖息地的影响.....	34
天津盘山风景名胜区人类干扰对野生动物活动节律影响的初步研究.....	35
基于红外相机技术的天津八仙山林下鸟类群落初步研究.....	36
专题二、森林多样性监测.....	37
利用转录组分析方法揭示森林垂直结构中植物光调控基因的表达模式.....	37
Niche Differentiation and Multitrophic Interactions Both Contribute To Coexistence of Euphorbiaceae in Tropical Tree Assemblage.....	38
Vertical variation in leaf traits and crown structure promote coexistence of forest tree species.....	40
温带次生针阔混交林生物多样性与生态系统功能关系及其作用机制.....	41
负密度制约在物种共存中的作用.....	42
鼎湖山老龄常绿阔叶林台风灾后的受损研究.....	42
邻域生物关系，年际气象差异以及生境异质性影响温带森林幼苗存活.....	43
呼中自然保护区乔灌木 beta 多样性特征及其驱动分析.....	44
中国东北地区 12 个建群树种对气候变化响应的 MaxEnt 模型分析.....	45

专题三 草原/荒漠多样性监测.....	46
Biodiversity-productivity relationship under realistic diversity-loss scenarios	46
长期氮沉降和极端干旱对温带荒漠土壤微生物群落的影响	47
浑善达克沙地生物多样性现状及其受人类活动的影响探索	48
温带荒漠一年生植物是否具有更灵活的生活史特征应对气候变化? 以尖喙牦牛儿苗为例.....	49
Functional diversity rather than species diversity can be accurately assessed by remote sensing in sandy grassland.....	50
遥感大数据助力草地植物多样性监测.....	51
荒漠藓类结皮对环境变化的适应特征及其死亡后的生态效应.....	52
围封草原枯落物累积对植物群落特征及多样性的影响.....	53
荒漠短命植物层片结构与生产力对极端降水和干旱的敏感性研究....	54
内蒙古典型草原不同放牧样地生态系统服务及其关系研究.....	55
中国针茅草原特征及分类.....	55
基于无人机高光谱成像技术评估土壤对草地物种多样性监测的影响	56
专题四 土壤动物多样性监测.....	57
湖南八大公山土壤动物多样性初探.....	57
Earthworms contribute to concurrent nitrogen mineralization and stabilization in straw-amended soil under lettuce	58
Soil fauna diversity and soil greenhouse gas emissions	59
东北典型温带森林土壤动物与碳循环关系探讨.....	60
横断山脉地区蚯蚓分类及分化与扩散研究.....	61
河西走廊中部戈壁土壤动物多样性及其对气候变化的响应.....	62
Community assembly of Collembola in a wetland landscape matrix as inferred by phylogenetic and trait-based approaches.....	63
Local-scale soil nematode diversity in a subtropical forest depends on the phylogenetic and functional diversity of neighbor trees	64
亚热带森林植物多样性与土壤甲螨多样性研究*.....	65
增温氮沉降对川西亚高山森林土壤线虫的影响.....	66

长白山区跳虫垂直分布格局及其驱动因子.....	67
农田节肢动物不同取样方法的综合比较.....	68
有机农场的农田生物多样性调查与评价.....	69
专题五 微生物多样性监测.....	70
基于 CForBio 大样地的森林土壤微生物多样性研究.....	70
森林叶际表生与内生真菌的群落及共生网络结构研究.....	70
丛枝菌根真菌对灌溉和氮磷添加的响应.....	71
松材线虫入侵背景下马尾松林土壤微生物多样性的监测与研究.....	72
整合多类型变异的遗传多样性及在酿酒酵母中的应用.....	73
Fungi are more specialized than bacteria in response to changes in plant communities in a temperate forest.....	74
专题六 生物多样性监测新技术.....	75
使用树栖红外相机方法监测食果互作.....	75
红外相机在上海市野生狗獾种群监测中的应用.....	75
Image Filtering and Labelling Assistant (IFLA): Expediting the analysis of data obtained from camera traps	76
大熊猫国家公园野生动物红外相机监测现状.....	77
环境 DNA 技术在水生生物多样性研究及生态评估中的应用.....	78
基于鸟类遥测和环境遥感监测的信息挖掘.....	79
基于公众参与的城乡草本植物监测实践探索——以上海市乡土草本植物多样性监测研究为例.....	80
几种重要海洋鱼类资源的环境 DNA 监测研究.....	81
环境 DNA metabarcoding 技术在鱼类多样性监测中的应用问题.....	82
一款高效物种多样性调查软件介绍.....	83
专题七 生物多样性监测数据管理、存储与共享.....	83
海洋生物多样性数据处理与管理.....	84
亚洲生物多样性监测与数据共享.....	84
CERN 生物多样性长期监测数据管理、存储与共享.....	84
大监测的概念与应用.....	85
生物多样性监测数据全生命周期管理系统.....	86

鼎湖山站生物多样性监测数据管理、存储与共享*	87
专题八 南岭生物多样性研究	87
从群落学视角研究野生鸟类疾病	87
Diversity of Diaporthe: species-rich or genetically diverse	88
南岭植物多样性与标本整理	89
南岭森林群落 β 多样性格局及其驱动因素	90
黑石顶自然保护区不同演替阶段土壤种子库动态变化研究摘要	90
专题九 中国生物圈保护区生物多样性监测实践	91
广东车八岭保护区生物多样性智能监测	91
雷公山、高黎贡山和星斗山自然保护区秃杉群落对比研究	92
汗马生物圈保护区生物多样性监测实践	92
半自然水域长江江豚母幼互动行为的初步研究	93
山东黄河三角洲国家级自然保护区生物多样性保护与监测实践	94

大会报告人简介

Andrew Gonzalez



Andrew Gonzalez is Professor, Fellow of the Royal Society of Canada, and Liber Ero Chair in Biodiversity Conservation in the Department of Biology, McGill University. His research is focused on the cause and consequences of biodiversity change. He is an ISI highly cited researcher (2019, 2020) – a distinction given to the top 0.1% of the world's researchers, across 21 research fields. He is the founding Director of the Quebec Centre for Biodiversity Science a large research network of more than 120 researchers and 800 graduate students and postdoctoral researchers distributed across 13 universities in Quebec. He is the co-Chair of the Group on Earth Observations Biodiversity Observation Networks (GEO BON) an international network that contributes to effective management policies for the world's biodiversity and ecosystem services. He was member of the Executive Council of the Canadian Society for Ecology and Evolution, and member of the Expert Panel on Biodiversity Science for the Council of Canadian Academies in 2010. He has spoken at the World Economic Forum in Davos (2016, 2017) and TEDx. He is co-founder of the environmental consultancy and spin-off company eco2urb.

白 明



中国科学院动物研究所研究员，博士生导师。鞘翅目形态与进化研究组组长，中国科学院大学教授，德国洪堡学者。长期从事昆虫分类与进化研究，重点关注甲虫的分类和进化。通过引进与研发新技术实现形态数据获取、模拟、分析的现代化进程，创立了世界甲虫智能分科系统（甲天下），推动下一代昆虫分类学的

发展。已在国内外发表学术论文 200 余篇，其中以第一或通讯作者在 *Current Biology*、*Nature Communications*、*Science Advances* 等期刊发表 SCI 论文 100 余篇，专著四部。曾获 2019 年度中国科学院青年科学家国际合作伙伴奖，2016 年度周尧昆虫分类学奖励基金一等奖，中国昆虫学会第五届青年科技奖，新疆建设兵团科学技术进步奖三等奖。曾主持国家自然科学基金委国合重点基金、中科院一带一路专项、香港生物多样性专项等项目。

储诚进



中山大学生态学院副院长，中山大学“百人计划”引进人才，理学博士，教授，博士生导师。分别获国家自然科学基金委杰出青年科学基金（2019）和优秀青年科学基金（2016）资助，曾获中国生态学会第三届青年科技奖。主要从事生物多样性维持与保护、生态系统演化与健康等研究。结合理论模拟模型、野外长期观测和室内控制实验，多尺度、跨营养级揭示影响生物多样性和生态系统健康的生物（包括土壤微生物、土壤动物、植食性昆虫、生物间竞争等）和非生物因子（包括气候、地形、土壤营养元素等）。包括在 *National Science Review*, *Nature Communications*, *Ecology Letters*, *Ecological Monographs*, *New Phytologist*, *Global Change Biology*, *Ecology*, *Journal of Ecology* 等生态学主流期刊发表学术论文 70 余篇；译著 3 部。

冯晓娟



中国科学院植物研究所副所长，研究员。中国生物多样性监测与研究网络（Sino BON）办公室主任，担任中国土壤学会国际合作工作委员会副主任、中国生态学会学会稳定同位素生态等6个专业委员会委员。获国家自然科学基金委杰出青年科学基金（2020）和优秀青年科学基金（2014）资助。主要从事土壤碳循环与全球变化研究，聚焦于“土壤有机质的分子生物地球化学”；应用生物标志物、有机单体同位素等分子水平的地球化学方法，结合生态系统控制实验，研究陆源有机碳在陆地以及河流系统中的循环及其对气候变化的响应。以第一/通讯作者在 PNAS、Nature Geoscience、Nature Communications、Global Change Biology 等学术期刊发表论文 40 余篇。

郭庆华



北京大学教授，博士生导师。北京大学本科和硕士，美国加州大学伯克利分校博士；回国前系加州大学默塞德分校环境工程学院创始教授、终身正教授；2020 年入选科技部创新人才推进计划“中青年科技创新领军人才”。曾任中国科学院植物研究所研究员，国科大岗位教授，国际华人地理信息科学协会（CPGIS）主席；现任中科院无人机应用与管控研究中心副主任，中科院植被与环境变化国家重点实验室学术委员会副主任，《生物多样性》副主编，Remote Sensing 期刊编委，国科大授课教授等职务。

主要致力于以无人机平台为主的激光雷达相关软硬件研发，及其在生态和城市的应用；在生态学、地理信息及遥感科学的主流期刊 PNAS、Ecology、IEEE GRSM、RSE、ISPRS 等发表 SCI 论文 130 余篇，出版专著《激光雷达森林生态应用——理论、方法及实例》等两部。

刘徐兵



中山大学生命科学学院教授、博士生导师，国家优秀青年科学基金获得者，英国皇家学会牛顿高级学者，中山大学生态学系副主任。主要从事森林群落的物种共存和生物多样性领域基础理论研究，近期工作以热带雨林和南亚热带常绿阔叶林为研究对象，从寄主植物与土壤微生物相互作用的角度，系统地探讨了森林生态系统的群落构建和多样性维持机制。近年作为第一作者或通讯作者发表一系列高水平论文，相关成果入选 ESI 高被引论文，同时最新发表的论文还被 F1000 Prime 推荐为本研究领域具有重要意义的杰出成果。

牛振国



中国科学院空天信息创新研究院遥感科学国家重点实验室研究员。近年来研究领域和兴趣包括湿地遥感分类制图、湿地保护评价、湿地与全球变化等，先后负责承担科技部重点研发计划、国家自然科学基金等国家级项目 6 项，参与 4 项。项目经费 2000 余万元。先后在 Nature、科学通报、中国科学等发表论文 110 余篇。Google scholar 引用近 3300 次，H-index 26。

相关研究先后为 Nature、CCTV、人民网、新华网、科技日报、人民广播电台等 10 余家主流媒体跟踪报道。中国湿地遥感制图“荣获中国遥感应用协会颁发的 2010 年度中国遥感领域十大事件”。

王天明



北京师范大学教授，博士生导师。现任北京师范大学生态系副主任、国家林草局东北虎豹监测与研究中心常务副主任，东北虎豹国家野外站常务副站长。主要从事东北虎豹等大型兽类的野外生态学和保护生物学研究，并负责东北虎豹国家公园生态大数据云平台的建设和应用示范。近几年主持国家自然科学基金项目 5 项，科技部重点研发项目专题 1 项，其它省部级项目 5 项，发表论文 40 余篇。2020 年入选第二批全国高校“双带头人”教师党支部书记工作室。

肖治术



中国科学院动物研究所研究员，博士生导师；动物所动植物种间互作研究学科带头人，兼任中国动物学会动物行为学专业委员会常务理事兼副秘书长、中国兽类多样性监测网工作组副组长。多年来，他以动物和种子为研究系统重点探讨动植物物种之间的行为、进化和生态适应机制，探讨群落或生态系统结构、功能和生态过程变化及其对全球变化的响应机制；开展植物-害鼠（害虫）-天敌（微生物）之间的多营养级互作机制研究以及区域生物多样性监测

及保护评估技术研发，近期致力于我国野生动物（兽类）红外相机监测研究网络建设。主持国家重点研发计划、国家自然科学基金项目等 10 余项目。在国内外期刊上发表学术论文 100 余篇，其中 SCI 论文 30 余篇。

徐海根



生态环境部南京环境科学研究所研究员、副所长，从事生物多样性与生物安全研究。2006 年入选“百千万人才工程”国家级人选；2002-2015 年为江苏省“333 高层次人才培养工程”中青年科技领军人才；2013 年入选第一批国家环境保护专业技术领军人才。荣获国家科技进步奖二、三等奖各 1 项，部级科技奖一等奖 1 项、二等奖 4 项、三等奖 2 项，科技部“十一五”国家科技计划执行突出贡献奖和野外科技工作先进集体称号。发表论文 160 余篇，其中《Science》(Letter)2 篇；主编著作/独著 19 部，参编多部；制订标准 18 项，包括较为系统的生物多样性观测标准体系。主持 973、科技支撑、重大科技专项、重点研发等项目/课题 20 余项。

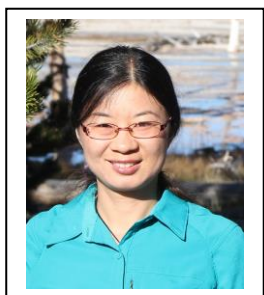
于明坚



浙江大学生命科学学院教授、博士生导师，主要从事生态学、生物多样性和岛屿生物地理学等研究工作。现兼任浙江省植物学会理事长、中国植物学会常务理事和浙江省生态学会副理事长等职。先后主持国家自然科学基金项目 7 项（包括重点项目 1 项和中美国自然科学基金委生物多样性领域合作研究项目 1 项）、国家重点研发计划政府间国际科技创

新合作专项项目 1 项和浙江省自然科学基金重大项目 1 项等 70 多项科研项目。发表学术论文 150 多篇，其中 20 多篇以通讯和第一作者在国际权威和主流刊物如 *Biological Reviews*、*Ecology*、*Journal of Ecology*、*Journal of Biogeography*、*Ecography* 和 *Diversity and Distributions* 等上发表；作为主编、副主编或编委出版专著 7 部，教材 2 册。现任 *Plants*、*Rethinking Ecology*、植物生态学报、植物资源与环境学报、亚热带植物科学等刊物编委。

周 平



广州地理研究所自然地理与资源环境研究部主任、研究员。担任广东省生态学会副理事长，中国地理学会山地分会委员，广东省国土空间生态修复协会专家委员会委员，南岭森林生态系统国家野外科学观测研究站常务副站长。2014 年入选广东省杰出女科技工作者；2016 年入选第七届“母亲河奖”绿色卫士；2020 年享受国务院政府特殊津贴。主要从事森林生态学研究。近年来主

持环境变化和生态系统响应、森林碳汇与生态修复等国家自然科学基金、国家公益性行业专项、省级科技创新、地方标准编制等项目 30 余项。在南岭开展的项目有“南岭森林碳汇与水资源生态安全研究”、“南岭国家级自然保护区生物多样性科学考察”、“南岭森林生态系统野外科学观测与研究”等。以第一完成人取得的“广东森林生态系统定位观测网络及服务功能评估”成果获广东省科学技术进步奖二等奖、“全球陆地潜在碳汇分析系统研发与应用”成果获广东省科学技术进步奖三等奖。在《*Nature Communications*》、《*Journal of Geographical Research: Atmospheres*》、

《*Journal of Hydrometeorology*》、《*Journal of Hydrology*》、《*Agricultural and Forest Meteorology*》、《*Catena*》、《植物生态学报》等国内外学术期刊上发表论文 70 多篇，主编专著 5 部，主编 3 项地方标准，获软件著作权 5 项。

大会报告摘要

A global biodiversity observation system for a nature-positive world

Andrew Gonzalez F.R.S.C.

(Dept. Biology | McGill University, Quebec, Canada)

A global biodiversity observation system is needed to guide policy and action to meet the goals of the new Global Biodiversity Framework (GBF) of the Convention on Biological Diversity. While there may be as many as 15,000 monitoring schemes worldwide these efforts are not harmonized and coordinated to form a global system. I will present a path to building a global biodiversity observation system (GBiOS). GBiOS would form a distributed but interconnected systems of observations and monitoring networks that combine technologies for observing biodiversity from space, in the air, in the ocean, on land, and freshwaters. Data is collected remotely and in situ by a network of partners, including Indigenous Peoples, citizen scientists, and researchers around the world. GBiOS would allow biodiversity trends to be detected and attributed, the efficacy of different actions to be measured, and priorities for achieving the goals of the GBF to be targeted. Investment in a GBiOS will allow nations to assess and guide their progress towards the goals of the GBF, but more importantly it will pay for itself by allowing them to address and anticipate biodiversity crises, including pest and disease outbreaks, food shortages, and ecosystem instabilities, and identify the measures needed to prevent their occurrence or mitigate their impacts. A GBiOS will deliver the critical capacity for society to guide the implementation of the policies needed to reverse biodiversity loss and attain a Global Goal for Nature that envisages an “equitable, carbon-neutral, nature-positive world” by 2050.

结合监测、实验和模型理解森林生物多样性

储诚进

(中山大学, 广州 510275)

阐明生物多样性的维持机制是开展生态系统保护的基础。对于森林而言, 由于树木生活史周期长、大型控制实验较难开展、多生态过程同时起作用等特点, 我们提出结合监测、实验和模拟全面深入理解森林生物多样性的维持机制。随着森林长期动态监测样地在全世界的建立, 作

为处理和认识复杂自然系统的重要思维方式，“基于个体”（individual-based）的思想贯穿于诸多研究种群统计学参数的工作当中，进而探究周围有机体对目标个体乃至物种共存和生物多样性的影响。

植物-土壤相互作用与森林群落物种共存

刘徐兵

（中山大学生命科学学院，广州 510275）

加强生物多样性的基础理论研究，对于加强生物多样性保护、促进生物资源可持续利用具有重要的意义。我们以亚热带常绿阔叶林为研究对象，结合长达十余年的森林固定监测样地和幼苗样方调查数据，并开展了多个大型幼苗移栽实验，从寄主植物与土壤微生物相互作用的角度，探讨森林生态系统的群落构建和多样性维持机制。首次通过控制实验验证了不同物种及不同种群间的谱系密度制约效应，揭示了植物-土壤反馈的作用机制；阐明了寄主种群密度如何调节土壤病原菌的群落结构，分析了病原菌-寄主复杂网络的谱系保守性，为负密度制约假说提供分子机制上的解释；解析了病原菌和菌根真菌在距离制约效应中的不同作用，揭示了不同类型菌根植物对限制性磷元素的差异化利用；通过在野外自然条件下精确控制菌根菌丝网络与幼苗的相互作用，揭示了森林林下土壤中菌根真菌组成的地下高速网络通过连接母树和同种幼苗，进而实现母树对幼苗生长存活和抗病性的显著促进作用；通过不同类型菌根真菌调节寄主植物对限制性磷元素不同形态化合物的利用和分割，阐明了不同类型菌根植物生态位分化和稳定共存机制。相关成果不仅完善了森林群落物种共存机制的理论体系，同时也为生物多样性保护和病害防治提供了重要的理论依据。

关键词：植物-土壤反馈，病原菌，菌根真菌，幼苗动态，生态位分化，群落构建，亚热带森林

湿地生物多样性遥感监测与评价

牛振国, 张波, 霍轩琳

(中国科学院空天信息创新研究院, 北京, 100101)

生物多样性的丧失是当今面临的主要环境问题之一, 自然和人为因素造成的生物栖息地的破坏和退化是导致生物多样性变化的根本因素。作为地球表层三大自然生态系统之一, 湿地是生物多样性重要的栖息地。湿地在全球范围内发生了大幅度的丧失, 尤其在发展中国家和地区, 这种广泛的退化和丧失的趋势依然存在。基于遥感技术开展生物多样性的监测是生物多样性研究和保护的热点内容之一。报告围绕生物多样性遥感监测、大尺度湿地遥感分类的进展等展开。在遥感科学和技术发展的推动下, 生物多样性遥感监测在种群动态、群落多样性、功能属性与功能多样性以及保护有效性等方面取得了很多的进展和共识。但面对生物多样性保护和可持续发展的需求, 生物多样性监测依然面临着理论和技术研究深度不够, 学科交叉融合不深、应用保护研究缺少等系列挑战。

关键词: 湿地; 生物多样性; 一体化遥感; 生态遥感

千岛湖陆桥岛屿系统的植物多样性监测与研究

于明坚

(浙江大学生命科学院, 杭州 310058)

生物多样性的重要性和持续丧失的严重性正日益受到公众的关注, 其中植物多样性是生态系统服务的基础、绿水青山的主体, 故对其进行长期监测与研究具有十分重要的意义。千岛湖水库大坝于 1959 年建成蓄水, 由此同步形成的、边界清晰、基质一致的 1000 多个不同大小的陆桥岛屿及其与大陆森林共同组成的片段化景观, 则是开展相关研究极为难得的天然实验室。于 2009-2010 年在千岛湖 29 个样岛建立了 12.71ha 的植物群落长期监测样地, 并于 2019 年完成了第二次复查工作; 2012 年在千岛湖大陆建立了一个 1ha、此后又建立了共 4.95ha 的监测样地, 并于 2021 年完成了大部分样地一次以上复查工作; 于 2011 年开始建立了近

558 个 1m² 的幼苗监测样方，每年春秋各监测一次；2013 年以来，共设置了 396 个种子雨收集器，每月收集、分类一次。监测与研究发现：29 个样岛上的第一次调查记录的胸径 $\geq 1\text{cm}$ 木本植物物种数为 76 种、个体数为 186781，第二次复查后两者分别为 73 和 126763，期间个体死亡率很高；落叶阔叶植物、灌木比常绿阔叶植物和乔木具有更高的死亡率；大岛比小岛个体死亡率低，且个体死亡率在小岛上有增高、在大岛上则有降低的趋势。共记录到 80 种木本植物幼苗，其中 2012 年春观测到的幼苗最多，为 1748 株；2016 年秋观测到的幼苗最少，为 535 株；幼苗物种数呈逐步增多、而个体数呈先减少后增多的趋势；随着岛屿面积的增大，观察到幼苗的成树物种比逐渐增加。共收集到 52 种木本植物的成熟种子，其中 2016 年收集到最多，为 205573 粒；2020 年收集到最少，为 89312 粒；种子雨密度与年份和岛屿大小之间均无显著相关性。在此基础上，开展了多维度和多尺度植物多样性的研究，在 *Journal of Ecology*、*Ecography* 和 *Journal of Biogeography* 等刊物上发表了一系列学术论文。

关键词：生物多样性；木本植物；生境片段化；群落动态；幼苗；种子雨

南岭昆虫多样性格局研究——SITE100 全球大科学计划

白明

（中国科学院动物研究所，北京 100101）

昆虫形态多样、行为复杂、数量庞大、种类丰富，是构成生态系统的重要成员。近些年来，昆虫多样性的减少引起人们的极大关注。因此，通过在全球定点布设长期样地，定量评估昆虫多样性与环境之间的关系具有重要意义。在此背景下，经中国科学院动物研究所白明研究员与英国自然历史博物馆 Alfried Vogler 教授反复研讨，最终与诸多同行共同提出了“SITE100 (Site-based, Insects, Taxonomy, Environment, 100)”国际大科学计划。项目计划在全球选定 100 个大样地（中国至少 10 个大样地），

从物种多样性、形态多样性和遗传多样性三个维度探究全球昆虫多样性格局。同时为了进一步提升监测效能，新型自动化智能监测装备的研发也愈发迫切。本报告分两方面，一方面是汇报 SITE100 中国样地的进展情况，第二方面是整合下一代昆虫分类学、大数据、人工智能、物联网等技术，创制新型智能生物多样性监测装备，有效服务环保、农林、海关等国民经济主战场。

中国生物多样性监测与研究网络（Sino BON）进展

冯晓娟^{1,2*}, 吴慧¹, 马克平^{1,2}

(1 中国科学院植物研究所, 北京 100093; 2 中国科学院大学, 北京 100049)

“中国生物多样性监测与研究网络”（Sino BON）由中国科学院按照“科学规划、统一布局”的原则于 2013 年启动建设。平台定位旨在实现全国典型区域重要类群中长期变化态势分析，为国家履行《生物多样性公约》、保护生物多样性和生物资源提供翔实可靠的生物多样性变化数据与决策支持。目前建成了覆盖全国 30 个主点 60 个辅点、包含针对动物、植物、微生物等多种生物类群的 10 个专项监测网和 1 个综合监测管理中心。平台的主要工作包括：建立布局合理、综合配套的生物多样性测网络（30 个主点，60 个辅点）；借助现代科学技术手段，从基因、物种、种群、群落、生态系统和景观等水平上对生物多样性进行多层次的全面监测与系统研究。过去几年中，Sino BON 在生物多样性野外监测台站建设、监测标准制定、数据平台搭建和多个生物类群的生物多样性维持机制和跨营养级互作机理研究方面取得了一些重要进展。本报告将重点介绍 Sino BON 的网络框架、监测内容以及近两年的亮点工作。

全国生物多样性观测网络建设进展

徐海根, 伊剑锋, 刘威等

(生态环境部南京环境科学研究所, 南京 210042)

生物多样性是生态环境质量的重要内涵和核心指标。生物多样性观测是生态环境保护的一项重要基础性工作。《中国生物多样性保护战略与行动计划》（2011-2030年）将生物多样性观测网络建设列为优先行动之一。我国生物多样性观测的研究基础较好，已建立了用于科学研究的生物多样性观测网络，开发了一系列观测标准，为建立业务化运行的观测体系奠定了较好的基础。但目前还面临着四方面的问题：一是部委之间、部委与地方之间联动不畅；二是顶层设计系统性不够；三是观测数据分散；四是观测评估标准不统一。为此建议：一是破除制度障碍，形成各方参与的生物多样性保护和观测体系；二是明确各方权责，构建业务化运行的生物多样性观测网络；三是搭建观测平台，确保观测网络服务于生态环境管理；四是基于生态文明建设需求，制定适应新时代发展要求的生物多样性观测评估标准。

基于物联网、大数据和人工智能驱动下的东北虎豹国家公园生物多样性实时监测

王天明

（北京师范大学，北京 100875）

面向生物多样性保护的国家重大战略需求，以东北虎豹国家公园为案例，研发了“侦测感知、智能挖掘、云存贮”一体化的生物多样性监测系统 and 建设了生态大数据云平台。将 AI 深度学习技术应用于野生动物智能识别，实现了动物、人类活动和环境要素等监测数据的实时传输、云端存储、在线访问和综合评估，实现了对我国重要生态区生物多样性变化的实时监测，揭示了濒危旗舰物种东北虎豹种群的状态和濒危机制，实现了“互联网+生态”的自然保护地智慧化管理范式，为中国国家公园保护地的有效性评估提供了方案。

构建中国生物多样性核心遥感指标的一些思考

郭庆华

(北京大学, 北京 100871)

由于气候变化与人类活动的加剧,生物多样性正处于前所未有的快速变化中。目前,各国政府和相关的国际组织已经积极投入到生物多样性监测和保护的全球行动中,如何构建一套科学、合理、实用的指标体系是当前生物多样性监测和评估研究的热点和难点。地球观测组生物多样性观测网络(GEO-BON)参考气候监测核心指标,提出了生物多样性核心指标(Essential Biodiversity Variables, EBV)这一框架,为监测指标的标准化和全球化提供了基础。随着对地观测技术的进步,长时间、跨尺度、海量异构多源遥感数据不断涌现,数据融合和深度学习方法的发展也使得各种遥感产品变得更易获取。与其他国家相比,我国生物多样性丰富、植被类型多样、地形地貌复杂,构建一套适用于我国的生物多样性核心指标将面临更大的挑战。本研究从生物多样性核心指标提出的遗传组成、物种种群、物种特征、群落组成、生态系统结构和生态系统功能的六个层面出发,综述和分析现有遥感产品在上述层面的使用情况以及存在的不足之处。最后从数据相关性、指标易获取性、可重复获取性等方面对可用指标和数据产品进行了遴选,为构建我国生物多样性核心遥感指标提供参考,也为后续指示生物多样性的遥感产品研发提供支持。

关键词: 生物多样性、EBV、激光雷达、结构多样性、数据融合

自然保护地野生动物综合监测技术体系建设及车八岭案例

肖治术

(中国科学院动物研究所, 北京 100101)

红外相机技术、“3S”技术和网络信息技术等是当前自然保护地野生动物及栖息地监测研究的重要手段。这些新技术应用正在改变国内外自然保护地野生动物监测和保护体系。然而,新技术的应用面临新的需求和挑战,如我国众多自然保护区的调查研究缺乏统一的标准规范,难以

进行深入的对比研究与动态评估。针对多类群、多层次、多尺度开展全方位的区域生物多样性综合监测研究，需要全链条的顶层设计和多学科交叉，并发展形成自然保护地天空地一体化综合监测技术规范和评估体系。因此，联网监测研究是新技术应用的发展趋势，是中国自然保护地科研监测协同创新平台建设的发展要求。针对我国区域生物多样性监测能力建设不足，以及野生动物监测设施设备落后和长期监测体系缺乏等问题，本报告以提高野生动物智能监测和保护能力为目标，通过集成研发野生动物智能监测关键技术体系，以车八岭自然保护区为示范样板进行野生动物智能全境监测技术示范应用，为我国以国家公园为主体的自然保护地体系建设提供科技支撑和技术服务。

南岭生态系统与生物多样性研究现状与进展

周平

(广东省科学院广州地理研究所, 广州 510070)

南岭地处 $23^{\circ} 37' - 27^{\circ} 14' N$, $109^{\circ} 43' - 116^{\circ} 41' E$ 之间, 由越城岭、都庞岭、萌渚岭、骑田岭和大庾岭 5 条主要山岭组成, 东西跨度约 700 km, 南北跨度约 400 km, 南岭山地保存着中国最完整的中亚热带常绿阔叶林, 是具有国际意义的生物多样性区域。1928 年, 首次由矿床学家冯景兰在南岭韶关市仁化县注意到了分布广泛的第三纪 (6500 万年-165 万年前) 红色砂砾岩层独特地貌被其命名为“丹霞”层至今已经有 93 年之久。1942 年, 地质学家李四光先生在《南岭何在?》首次阐释了南岭的地质构造。从上世纪 60 年代开始, 中国地质大学的古生物学者邢立达教授和世界恐龙足迹学家马丁·洛克利先生在南岭的南雄市油山杨梅坑红层中陆续发现了大量的恐龙化石和恐龙蛋化石, 向人们再现了南岭 6500 万年前白垩纪的恐龙世界。南岭有 1981 年被列入 CITES 公约附录 I 保护名单的中国特有虎亚种华南虎 (*Panthera tigris Amoyensis*)、有发育于喀斯特地形的洞深 95 米“倒立漏斗”通天簏、有

同纬度带上最丰富的生物多样性、有被费孝通教授誉为全国三个民族之一的“南岭民族走廊”。然而，南岭森林曾一度遭到砍伐破坏，再也难觅野生的华南虎的踪影。

20世纪80年代，中国科学院国家计划委员会自然综合考察委员会组织专家，对南岭进行了综合科学考察，并于90年代初出版了地质、地貌、土壤、植被、大型真菌、社会经济等系列丛书，为南岭后续生态系统和生物多样性研究打下了坚实的基础。1993年，植物生态学家陈灵芝论述南岭是中国具有国际意义的陆地生物多样性关键地区之一；同年，陈万成发现南岭动物区系成分主要来源于华北区和华南区成分的渗入，显现出南北动物交错分布的区系特征，以华南区成分占优势，支持将该区划属东洋界/华南区/闽广沿海亚区内。1994年陈涛发现南岭山地还拥有大量的古老、孑遗、原始和特有的华夏植物区系成分。1994年，广东南岭国家级自然保护区成立，森林生态系统和野生动植物得到有效保护。南岭山地温暖湿润的气候、充足的光照、充沛的降水、沟壑纵横的地形为各种动植物繁衍生息提供了理想的生态环境，也是许多孑遗植物的避难所。1997年，庞雄飞再次论述它属于生物多样性特产地。进入21世纪后，南岭山地被划定为中国十大生物多样性热点地区之一，也是原国家林业部与世界自然基金会选定的40处A级保护地点。截至目前，仅在南岭山地里约600公顷的南岭国家级自然保护区内记录到的野生高等植物已累计达287科1262属3892种；陆栖脊椎动物近570种。其中75种被列入濒危野生动植物物种国际贸易公约附录。该区域是研究植物的发展变迁及与其它植物区系联系和区别的较好基地。近期，南岭的研究再度活跃起来，广东省科学院广州地理研究所的周平和杨龙等再次启动了南岭科学考察，并将南岭与同纬度典型地区进行了比较，周国逸等论述了南岭的多学科综合研究价值，多个专业团队在南岭开展深入研究。特别是南岭森林生态系统国家野外科学观测研究站的建立，布设了生态系统和生物

多样性监测平台，汇聚了水文、土壤、大气、植物、动物、微生物的专家学者进行深入探索南岭自然生态奥秘。南岭丰富的动、植物多样性蕴含了丰富的基因多样性，并在复杂多变的地形下造就了丰富生态系统多样性，为古生物学、进化生物学、生物群落学、生态系统生态学、自然地理学等提供了广阔且具有全球代表性的研究对象；南岭山地生态系统在全球气候变化和人类活动干扰下组成、结构和功能如何演变，南岭森林和水的关系以及水源涵养机理如何，南岭的生物多样性栖息地保护和众多的珍稀濒危及孑遗物种如何维持是当前在南岭开展生态系统和生物多样性研究的重要课题。

关键词：南岭；生物多样性；生态系统；科学考察；学科综合

专题报告摘要

专题一、动物多样性监测

亚太区鲨观测网络计划——推动鲨种群的有效保护*

关杰耀^{1**}, 单锦城², Mark Botton³

(1 北部湾大学广西北部湾海洋生物多样性养护重点实验室, 广西钦州 535011; 2 原香港城市大学生物与化学系, 香港九龙; 3 美国福特汉姆大学自然科学系, 纽约 10023)

中国鲨 (*Tachypleus tridentatus*)、圆尾蝎鲨 (*Carcinoscorpius rotundicauda*) 和南方鲨 (*T. gigas*) 是亚洲海域仅有的三种鲨。其中, 中国鲨自 1980 年代以来被大量捕捞生产鲨试剂, 用于疫苗、注射药品以及其他医药器材的痕量内毒素检测。同时, 中国鲨的食用与消费对其种群也造成了巨大的威胁。2019 年, IUCN 红色名录中将中国鲨的濒危等级正式更新为“濒危”, 其余两种鲨目前处于重新评估阶段。这些鲨物种在中国、印度、孟加拉、越南、新加坡以及日本受相关野生动物法律保护, 其整体保护成效较不明显。其中主要原因是鲨种群基线数据的缺失, 加上各国或地区鲨种群监测方法极不统一, 已阻碍了区域性鲨保护计划的推行。

2021 年, 北部湾大学河口生态研究团队联合 IUCN 鲨专家组, 在中国沿海省(区)首先启动“亚太区鲨观测网络计划”, 推动中国海域中国鲨和圆尾鲨幼体种群的长期系统性监测。本计划目前成员单位有科研单位、海洋保护地管理中心和环保公益组织等 14 家, 分别在福建、广东、广西、海南和香港等设置了观测站 25 个。2021 年 5 月至 7 月期间, 在各省(区)开展了启动工作交流会 4 场, 对成员单位代表人员进行鲨幼体资源标准化调查技术培训, 并在广西北海滨海国家湿地公园、广西合浦儒艮国家级自然保护区、海南新盈红树林国家湿地公园、海南新英湾保

* 质兰基金会、广西高校引进海外高层次人才“百人计划”和广西八桂青年学者资助项目

护区等观察站开展实地考察培训 8 场，截至 2021 年 8 月已完成蜚育幼生境调查站位 15 个。

本计划拟在 2022 年进一步对马来西亚、新加坡和印度尼西亚等东盟国家进行开放推广，通过“中国方案”推动亚太区国家三种蜚在种群数量、分布和趋势等重要基线数据的长期积累，对亚太区蜚种群的保护与评估将起到积极作用。

关键词：中国蜚；圆尾蜚；濒危；活化石；IUCN

广东省中华穿山甲种群及栖息地调查

华彦，窦红亮，魏世超，孙松，张玉林

(广东省森林培育与保护利用重点实验室，广东省林业科学研究院，广州，510520)

中华穿山甲 (*Manis pentadactyla*) 主要分布于我国台湾、海南和长江流域以南地区，是热带和亚热带森林生态系统中的重要组成部分，也是森林健康与生态功能的重要指示物种。由于栖息地丧失、滥捕乱猎等原因，中华穿山甲的分布区和种群数量急剧下降，许多曾经广泛分布的地区多年未见中华穿山甲的踪迹。因此，急需开展野生种群和栖息地的调查、监测和评估，为制定中华穿山甲的保护策略提供理论依据。

本研究综合运用问卷调查、洞穴路线调查以及生境样方调查等多种调查方法，选取广东省惠东乌禽嶂林区、韶关天井山林区、河源和平县林区、紫金莲花山林区、潮州凤凰山林区和深圳内伶仃岛 6 个中华穿山甲主要历史分布区，开展中华穿山甲种群和栖息地调查，并应用洞穴计数法、GAM 模型以及 Maxent 模型分析中华穿山甲种群的密度、数量和生境选择特征，预测其栖息地分布，评估广东省中华穿山甲种群和栖息地现状，主要调查结果如下：

1) 在 6 个调查样区累积布设调查路线 136 条，路线总长度约 516 km，调查面积达到 179.82 km²，共发现中华穿山甲洞穴 453 处。

2) 通过洞穴路线调查和种群密度估计，广东省调查总体区域中华穿

山甲平均相对密度为 0.5296 ± 0.0122 只/ km^2 ，惠东乌禽嶂林区和潮州凤凰山林区中华穿山甲种群密度相对较高，为 0.5806 ± 0.0356 只/ km^2 和 0.4266 ± 0.1125 只/ km^2 ；深圳内伶仃岛和韶关天井山林区中华穿山甲种群密度相对较低，为 0.2739 ± 0.0471 只/ km^2 和 0.2154 ± 0.0393 只/ km^2 ；紫金莲花山林区中华穿山甲种群密度最低，为 0.1760 ± 0.0398 只/ km^2 。

3) 通过调查总体区域中华穿山甲平均相对密度和中度适宜以上的栖息地面积估计，广东省中华穿山甲种群数量为 $7,939 \pm 183$ 只。

4) 广东省中华穿山甲适宜栖息地约为 $43,645 \text{ km}^2$ ，茂名市、肇庆市、韶关市、广州市、河源市、惠州市、揭阳市、梅州市和潮州市皆有较适宜栖息地的分布，其他地市也有零星分布。

5) 适宜栖息地中，高度适宜的栖息地面积仅有 $4,219 \text{ km}^2$ ，仅占全省土地面积 ($17,9700 \text{ km}^2$) 的 2.35%，占全省林地面积 ($10,6000 \text{ km}^2$) 的 3.98%。面积最多的是河源市 (772 km^2)，其次是韶关市 (679 km^2)、茂名市 (564 km^2)、梅州市 (386 km^2) 和揭阳市 (280 km^2)；中度适宜栖息地面积约有 $10,772 \text{ km}^2$ ，依次为河源市 ($1,850 \text{ km}^2$)，其次是韶关市 ($1,646 \text{ km}^2$)、梅州市 ($3,575 \text{ km}^2$)、茂名市 (838 km^2) 和清远市 (708 km^2)。影响中华穿山甲栖息地分布的主要因素是距居民区距离、海拔和人口密度。

6) 穿山甲所挖的洞穴增加了生境异质性，为超过 40 种陆生脊椎动物提供了庇护所、觅食场、求偶场等利用资源，穿山甲在南方森林生态系统中扮演了“生态系统工程师”的重要角色，为构成稳定的种间互作关系提供了必要的条件，为维系森林生态系统的结构与功能发挥了重要的生态作用。

关键词：中华穿山甲；种群；栖息地；调查；生态作用

基于长期监测的山地鸟类种间合作网络研究

张强¹, 邹发生¹, Marcel Holyoak²

(1 广东省科学院动物研究所动物生态与进化研究中心, 广州 510260; 2 Department of Environmental Science and Policy, University of California, Davis, CA 95616, USA)

海拔胁迫梯度上多维度山地生物多样性的变化趋势、空间分布格局, 及背后的群落构建机制是目前生态学研究热点与难点。为探究鸟类功能性状受进化历史的影响程度, 功能性状是否影响山地鸟类群落结构与集群近缘鸟种的共存等问题。本研究以 2011-2020 年间南岭山地鸟类群落监测数据为对象, 收集 20 种涉及鸟类形态、觅食、繁殖特征的功能性状数据, 同时结合谱系进化、植被变量分析关键功能矩阵在鸟类群落及社会组织上的生态位间隔与分化差异。结果表明: 南岭繁殖鸟类群落海拔增加呈现物种丰富度增加, 而功能和谱系多样性显著降低这一特有的分布格局。与零模型对比的群落结构分析(多个整合特征及谱系度量)显示高海拔受强烈生境过滤影响, 导致分布有为数众多亲缘关系较近, 且特有的鸢科及画眉科鸟类(多繁殖于 1000m 以上)。进一步的单个特征分析强调了扩散能力、海拔范围以及繁殖窝卵数对上述类群鸟类空间分布的显著影响。另一方面, 与繁殖鸟类有所不同, 鸟类近缘种集群这一特殊社会组织的共存更多的受限制相似性的影响, 如种间相互作用。近缘种间的共存与生态位分化应更多考虑繁殖、觅食等特征, 而非单一的形态差异。与此相反, 非集群鸟类的海拔分布差异更易受环境因子的影响, 如植被结构。综上所述, 基于单个功能特征的群落构建分析能更好的阐明多样性格局背后物种生态学差异。山地海拔梯度上鸟类多样性的保护应特别注意高海拔特有鸟类, 并维持区内完整的气候与生物垂直带谱自然景观。

关键词: 环境过滤; 种间竞争; 生态位保守; 近缘种; 生活史特征

New hopes and challenges: the growing cross-border population of Myanmar snub-nosed monkey urging transboundary conservations between China and Myanmar

Chen Yixin¹, Li Cheng¹, Xiao Zhishu², Zhou Guowei³, Zhang Zhongjian³, Wang Xinwen³, He Guipin³, Wang Bin³, Li Ming⁴, Xiang Zuofu^{1*}

(1 College of Life Science and Technology, Central South University of Forestry & Technology, Changsha, Hunan 410004, China; 2 State Key Lab of Integrated Management of Pest Insects and Rodents, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; 3 Lushui Bureau of Gaoligong Mountain National Nature Reserve, Liuku, Yunnan 673229, China; 4 Key Lab of Animal Ecology and Conservation Biology, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

Clarifying distribution and population status of threatened faunas living near international borders are highly essential to establish accurate transboundary conservation strategies. The Critically Endangered Myanmar snub-nosed monkey (*Rhinopithecus strykeri*) only occurred in mid-section of Gaoligong Mountain region along the northern China-Myanmar border. Insufficient information of detailed distribution and population status severely precluded coordination of transboundary conservations. Aiming to enrich knowledge of distribution and population status of Myanmar snub-nosed monkey near the border, we carried out comprehensive interview, direct tracking and infra-red camera trapping from January 1st 2019 to February 28th 2021 in Pianma town, Yunnan province, China. We found only one group occupying home range of c.a. 51.5 km² in the area, spanning Gaoligong Mountain National Nature Reserve in Pianma town and some adjacent, unprotected forest of Pawaku village in Myanmar. We also recorded totalling 4 times that this group travelled across borderline into Myanmar territory, thus firstly confirmed it to be cross-border population. Contrary to any previous censuses, we currently counted the group comprising of much more individuals (at least 149 individuals) and social units (at least 20 units) while it featured with nearly stabled ratio of adults/immatures (1.13:1), suggesting

trend of population growth in recent years. However, we also found presences of poaching targeting the species and transboundary forest fire along the borderline, particularly in Myanmar side. In sum, our findings provided crucial details of Myanmar snub-nosed monkey's distribution and population status in Pianma town, not only firstly signifying new hope on population recovery of the Critically Endangered species, but also bringing new challenges in conservations. We emphasise the importance of establishing collaborative conservation strategies between China and Myanmar, to protect cross-border group of Myanmar snub-nosed monkey in the future.

Keywords: Myanmar snub-nosed monkey; *Rhinopithecus strykeri*; distribution; population structure; Gaoligong Mountain; poaching; threats; transboundary conservation

重金属污染对喀斯特森林鸟类多样性的影响

刘士龙, 谭筱彩, Eben Goodale, 蒋爱伍*

(广西森林生态与保育重点实验室 广西大学林学院, 南宁 530005)

2018年-2021年冬季采用样线法对广西大新铅锌矿污染区和非污染区喀斯特森林鸟类丰富度和多度进行了调查, 物种累积曲线结果显示抽样调查充分。结果如下: 1) 共记录到鸟类 100 种, 隶属于 9 目 39 科, 其中雀形目 85 种, 隶属于 30 科。2) 在污染区, 共记录到鸟类 73 种, 隶属于 8 目 33 科; 在非污染区, 共记录到鸟类 88 种, 隶属于 8 目 36 科。3) 在非污染区, 鸟类数量($t = 3.49, df = 576.29, p = 0.001$)和密度($t = 2.412, df = 9.84, p = 0.04$)高于污染区, 而污染区均匀度指数($t = -2.92, df = 11.17, p = 0.01$)显著高于非污染区, Shannon-Wiener 指数高于污染区, 但无显著差异。4) 污染区和非污染区鸟类群落主要由食虫鸟集团、食果鸟集团、地面层鸟集团和林冠层鸟集团组成。5) 在污染区, 功能多样性 (FRic) 与物种丰富度 ($R^2=0.879, p=0.004$) 和 Shannon-Wiener 指数 ($R^2=0.771,$

$p=0.025$) 呈显著正相关, Shannon-Wiener 指数与物种丰富度 ($R^2=0.969$, $p=0.00008$) 也显著相关; 在非污染区, 物种丰富度与 FRic ($R^2=0.752$, $p=0.0031$) 和 Shannon-Wiener 指数 ($R^2=0.949$, $p=0.00003$) 呈显著正相关, 功能均匀度 (FEve) 与 Shannon-Wiener 指数 ($R^2=-0.827$, $p=0.001$) 和物种丰富度 ($R^2=-0.895$, $p=0.003$) 呈显著负相关关系。

关键词: 重金属; 喀斯特; 鸟类多样性; 鸟类集团; 功能多样性

The avian community structure of Wuyi Mountains is sensitive to recent climate warming

Long Ma, Luzhang Ruan*

(School of Life Sciences, State Ministry of Education Key Laboratory of Poyang Lake Environment and Resource Utilization, Nanchang University, Nanchang, 330031, P.R. China)

Climate change has become a challenge for biodiversity. As birds are sensitive to environmental change, they are considered as excellent models in studies on the effects of habitat conversion interacting with climate change. A nuanced understanding of the original drivers of the community structure involves the study of beta diversity metrics of different scales related to environmental factors. In this study, we attempted to unveil the drivers of bird community structure by studying beta diversity and its partitioning components with climate warming, thereby gaining insight into avian community structure trends. A systematic survey was conducted in eight regions of the Wuyi Mountains (WMs) from 2015 to 2019. Our results showed that the annual mean temperature and annual precipitation of the WMs have been increasing in a synchronous manner for the last 30 years, while the bird community structure changed in an uneven manner. Species adopted different strategies when facing climate change and the dominant bird species alternated in the mountains with the bird community structure

changing sequentially. A comprehensive analysis of bird distribution data and environmental factors showed that the bird community structure was mainly preserved by the environmental filtering process, while some regions with habitats largely different from those of the neighboring regions experienced climate-induced competitive exclusion. In an overall stable bird community in the WMs, the species were slightly affected by global climate change; however, a few bird communities were sensitive to climate warming in local areas with environmental heterogeneity. Specialists at the mid-altitude mountains will suffer severe negative consequences, while human activities will alleviate effectively the negative impact of future climate change. These findings suggest that mild agricultural activities should be allowed in the mountains in the context of conservation and management strategies.

Key words: Beta diversity; environmental filtering; competitive exclusion; environmental heterogeneity; human activity

探讨广西保护区的森林网络中动物声音多样性指数、海拔和植被多样性的关系

陈有芳¹, 罗应华¹, Christos Mammides¹, 曹坤芳¹, 朱师丹¹, Eben Goodale^{1*}
(广西大学林学院, 广西森林生态与保护重点实验室, 南宁 530004)

随着人类活动干扰的加剧, 生态系统遭到不同程度的破坏, 且破坏的速度前所未有的。为了更好地评估人类对不同生态系统与生物多样性的干扰和影响, 自动录音成为一种新的生态研究手段与生物多样性评估技术。目前, 声学指数已被用于评估不同人类干扰梯度中动物类群的多样性, 同时研究调查也验证了用声学指数与传统动物多样性的相关性。然而, 声学指数的能否能探测到更精细尺度的栖息地梯度的工作较少, 例如成熟森林中植被的差异, 特别是在长期使用的植被网络中。

我们在广西海拔约 300 米到 1800 米之间的 27 个 1 公顷森林植被网

络中,用自动录音机器检测森林植被中的动物声音的多样性,主要是收集鸟类(早上)和昆虫(晚上)的数据。通过对两个类群的声音背景的调查,分析和评估调查地点中非生物和生物相关因素对七个声学多样性指数的潜在影响。根据动物多样性文献,我们假设声学指数与海拔高度的关系最强,与垂直结构(垂直异质性、冠层高度和树木密度)的关系居中,与树种多样性的关系最弱。我们对大约 38200 分钟的录音进行分析,广义线性混合模型和模型平均的结果表明海拔确实是最主要的预测变量。在 14 个模型中(7 个指数 x 2 个时间段)存在 6 个模型的系数不包含零的置信区间,并且在所有这些显著关系中,声学多样性随海拔降低。接下来是声学指数也受到植被垂直结构差异性的影响,其中有两个指数(ADI 和 NDSI)与植被垂直结构存在显著性差异;只有一个指数(H)与植被多样性之间存在显著性差异。通过指数对比发现,H 指数有三个显著的关系,而 ACI,BIO 和 AR 没有。我们的结论是,如果使用多个声学指数进行分析,自主记录仪可用于调查可能影响长期使用的植被网络上动物多样性的景观或植被相关梯度。

天津八仙山同域分布食肉目物种日活动节律比较研究

胡欣月¹, 赵铁建², 冯小梅², 孙国明², 朱金保², 王玉申², 赵大鹏^{1*}

(1 天津师范大学生命科学学院,天津 300387; 2 天津八仙山国家级自然保护区管理局,天津 301900)

2017 年 6 月至 2018 年 10 月,本研究应用红外相机技术对天津八仙山国家级自然保护区内的豹猫(*Prionailurus bengalensis*)、果子狸(*Paguma larvata taivana*)、猪獾(*Arctonyx collaris*)、亚洲狗獾(*Meles leucurus*)四种同域分布食肉目物种的日活动节律开展比较研究。本研究发现:1)基于整体数据,豹猫存在 3 个活动高峰期,分别为 20:00-21:00、01:00-02:00 和 03:00-05:00;猪獾存在 2 个活动高峰期,分别为 21:00-24:00 和 02:00-04:00;果子狸存在 2 个活动高峰期,分别为 20:00-22:00 和

00:00-01:00; 亚洲狗獾存在 2 个活动高峰期, 分别为 21:00-02:00 和 03:00-04:00; 2) 豹猫、猪獾和亚洲狗獾的日活动节律不存在显著季节差异, 而果子狸的日活动节律存在显著季节差异, 即果子狸秋季存在两个活动高峰期而春季和夏季仅存在 1 个活动高峰期; 3) 在全年和单季节两个不同时间尺度上, 两两研究物种间日活动节律存在不同程度的差异表达。

关键词: 日活动节律; 食肉目; 同域分布

沿海虾塘冬歇期生态补偿政策增加迁徙水鸟多样性

代文章¹, Eben Goodale¹, 贺如川², Christos Mammides¹, 刘世龙¹, 周丽萍¹, 唐上波³, 苏搏³, 劳向跃¹, 蒋爱伍^{1*}

(1 广西大学林学院, 广西森林生态与保护重点实验室, 南宁, 530004; 2 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; 3 广西防城港北仑河口红树林国家级自然保护区, 广西, 538000)

生态补偿机制在我国生态恢复的许多方面都取得了巨大的成功。但是, 当前的机制并没有使生物多样性所需要的栖息地的数量大规模增长。同时, 农业用地的扩大和城市化的导致了我国湿地及其依赖湿地相关的生物, 特别是迁徙水鸟的数量迅速减少。利用一项新的国家湿地生态补偿计划的资金, 在广西北部湾地区的五个村庄租用了水产养殖虾塘进行实验, 实验时间选择在冬季和春季虾塘冬歇期时, 对虾塘进行抽水工程的干预, 降低虾塘的水深。在抽水后的虾塘中, 迁徙水鸟的物种丰富度是不抽水虾塘的 2 倍, 丰度是不抽水虾塘的 10 倍。同时, 在实验区域的迁徙水鸟没有受到人类活动和建筑面积等因素的影响。结果表明, 这种简单的抽水干预措施有利于增加水鸟的潜在栖息地, 包括为越冬水鸟提供短暂的可利用的栖息地。然而, 项目取得了成功, 但由于资金的延迟, 实验区域的规模急剧缩小。表面灵活的资金投入, 和全面的生态评估, 对于有效利用政府有限的生态补偿资金是非常重要的。

关键词: 水产养殖; 人工湿地; 保护资金; 迁徙鸟类; 湿地管理

基于红外相机技术的天津盘山风景名胜区鸟兽资源监测

张宇硕¹, 卢宪旺², 关洪武², 张卫兵², 孙宝军², 冀贺莲², 田雅慧², 李佳琦³,
赵大鹏^{1*}

(1. 天津师范大学生命科学学院, 天津, 300387; 2. 中国天津盘山风景名胜区管理局, 天津, 301900; 3. 生态环境部南京环境科学研究所, 南京, 210042)

风景名胜区属于我国自然保护地的自然公园类别, 在自然保护地体系中的作用不容忽视。2019年7月至2020年5月, 本研究应用红外相机技术基于公里网格布设方法首次对天津盘山风景名胜区(国家5A级风景名胜区)哺乳动物和鸟类资源进行调查监测, 全域共布设40台红外相机, 总有效监测日为11886天。本研究共获得2936张野生动物的独立有效照片, 其中哺乳动物和鸟类分别为5目8科13属13种和6目16科30属37种。哺乳动物中相对多度指数居前3位的是松鼠(*Sciurus vulgaris*)、蒙古兔(*Lepus tolai*)和岩松鼠(*Sciurotamias davidianus*); 鸟类中相对多度指数居前3位的是红嘴蓝鹊(*Urocissa erythroryncha*)、山噪鹛(*Garrulax davidi*)和环颈雉(*Phasianus colchicus*); 哺乳动物和鸟类的物种多样性指数均存在显著季节差异。本研究将为天津盘山风景名胜区的野生动物资源保护以及天津自然保护地体系的综合管理提供基础科学依据。

关键词: 红外相机技术; 生物多样性; 自然保护地; 盘山

基于前沿监测技术探讨“大开发”对鸟类迁徙及其栖息地的影响

曹垒^{1,2*}, 孟凡娟¹, 赵青山¹

(1 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085; 2 中国科学院大学, 北京 100049)

迁徙鸟类与地球上不同生态系统、当地生物多样性和人类文化的时空关联, 诠释了“地球生命共同体”的理念。《关于特别是作为水禽栖息地的国际重要湿地公约》用鸟类数量来确定国际重要湿地, 将地球上受

威胁最严重的湿地生态系统和水鸟这两者的保护紧密联系在一起。亚洲的湿地丧失和退化导致水鸟数量锐减，相关监测和保护已迫在眉睫。中国科学院联合 10 个国家的鸟类和生态环境相关研究机构，建立了亚洲最大且拥有自主知识产权的迁徙鸟类运动生态数据库，获得了亚洲大型鸟类迁徙策略和通道的基础数据。研究发现，亚洲 20 多个国家的大型迁徙水鸟均利用我国的湿地，其集中利用区域不超过国土面积的 1.5%，主要分布在 6 条大河流域的湿地。进而，探讨了湿地面积、涨落区和水文过程与鸟类数量和行为的关联性。“大开发”，尤其是对湿地和水资源的开发，导致了水鸟栖息地丧失和退化、水鸟数量锐减。从全球视角分析，保护迁徙鸟类及其栖息地是人类面临的共同挑战。近年来，我国已对典型湿地开启了成功保护，这也为全球生物多样性保护提供了宝贵的实践经验和信心。最后，文章还提出了关于我国牵头组织全球迁徙鸟类及其栖息地监测和保护的建议。

关键词：水鸟；迁徙；湿地；保护；卫星追踪；流域综合管理

天津盘山风景名胜区人类干扰对野生动物活动节律影响的初步研究

莫秀洪¹，莫麒麟¹，卢宪旺²，关洪武²，张卫兵²，孙宝军²，冀贺莲²，田雅慧²，赵大鹏^{1*}

(1.天津师范大学生命科学学院，天津，300387；2.中国天津盘山风景名胜区管理局，天津，301900)

2019 年 7 月至 2020 年 8 月，本研究应用红外相机技术重点关注天津盘山风景名胜区人类干扰对野生动物活动节律的影响效应，比较分析相对多度指数 (RAI) 位居前五位的留鸟和哺乳动物在有人类活动位点区域与无人类活动位点区域之间的日活动节律差异，以及不同强度人类活动干扰区域之间的日活动节律差异。本研究发现：1) 人类干扰对留鸟活动节律的影响较小，RAI 位居首位的红嘴蓝鹊 (*Urocissa erythroryncha*) ($\Delta = 0.8257$, $p=0.041$) 的区域间日活动节律存在显著分化；而 RAI 位居二

至五位的山噪鹛 (*Garrulax davidi*) ($\Delta=0.8575$, $p=0.170$)、环颈雉 (*Phasianus colchicus*) ($\Delta=0.8780$, $p=0.705$)、山斑鸠 (*Streptopelia orientalis*) ($\Delta=0.8703$, $p=0.361$)和喜鹊 (*Pica pica*) ($\Delta=0.7802$, $p=0.101$) 的区域间日活动节律无显著分化; 2) 人类干扰对昼行性哺乳类物种日活动节律的影响高于夜行性哺乳类物种, 猪獾 (*Arctonyx collaris*) ($\Delta=0.6686$, $p=0.448$) 和亚洲狗獾 (*Meles leucurus*) ($\Delta=0.8420$, $p=0.641$) 的区域间日活动节律无显著分化; 而松鼠 (*Sciurus vulgaris*) ($\Delta=0.7752$, $p<0.0001$)、岩松鼠 (*Sciurotamias davidianus*) ($\Delta=0.8535$, $p=0.024$) 和蒙古兔 (*Lepus tolai*) ($\Delta=0.8534$, $p=0.039$) 的区域间日活动节律存在显著分化; 3) 各物种在不同强度人类活动干扰区域的个体日活动节律存在差异。

关键词: 盘山; 人为干扰; 日活动节律; 野生动物

基于红外相机技术的天津八仙山林下鸟类群落初步研究

邓靖¹, 马宝莹¹, 赵铁建², 冯小梅², 孙国明², 朱金保², 王玉申², 赵大鹏^{1*}
(1.天津师范大学生命科学学院, 天津 300387; 2.天津八仙山国家级自然保护区管理局, 天津 301909)

本研究应用红外相机技术对天津八仙山国家级自然保护区林下鸟类开展群落研究。基于 30 个相机位点 11067 个野外捕获日的监测数据, 共收集到 3322 张鸟类红外照片, 获得 744 张鸟类独立有效照片, 共记录到鸟类 7 目 14 科 23 属 34 种。结果表明: 1) 在居留类型和区系组成方面, 留鸟和旅鸟最多, 古北界最多; 2) 在相对丰富度方面, 红嘴蓝鹊 (*Urocissa erythroryncha*)、大山雀 (*Parus cinereus*) 和山斑鸠 (*Streptopelia orientalis*) 三个物种的拍摄率和相对丰富度居于前 3 位; 3) 在不同自然季节和不同时段比较中, 2018 年 5 月和春迁期鸟类物种数最多; 4) 不同海拔区段鸟类物种数和丰富度指数比较, 均为 500-699m 海拔区段最多; 多样性指数和均匀度指数比较, 均为 700-899m 海拔区段最高; 优势度指数比较,

900-1099m 海拔区段最高。

关键词：红外相机技术；林下鸟类；相对丰富度；时空分布；八仙山

天津八仙山国家级自然保护区野生狗獾集群模式和时空活动规律

陈秋婷¹，赵铁建²，冯小梅²，孙国明²，朱金保²，王玉申²，赵大鹏^{1*}

(1. 天津师范大学生命科学学院，天津 300387；2. 天津八仙山国家级自然保护区管理局，天津 301909)

2017年6月至2019年3月，本研究以天津八仙山国家级自然保护区为研究地点，首次应用红外相机技术同时关注野生狗獾 (*Capreolus pygargus*) 的集群模式和时空活动规律。本研究发现：1) 狗獾表现出5种集群模式，其中以单雄和单雌模式为主；各种集群模式的出现频次呈现显著的季节差异 ($\chi^2 = 10.867$, $df = 3$, $p = 0.012$)、温度区段差异 ($\chi^2 = 12.141$, $df = 4$, $p = 0.016$) 和海拔区段差异 ($\chi^2 = 13.286$, $df = 3$, $p = 0.004$)；2) 狗獾的日活动曲线整体呈双峰型，活动高峰期主要集中在 5:00-7:00 和 18:00-20:00；日活动节律不存在显著季节间差异；3) 在不同温度区段中，狗獾全年相对活动强度的高峰为 11-20°C；在不同海拔区段中，狗獾于 501-700m 相对活动强度出现高峰；4) 狗獾在不同季节的相对活动强度存在极显著季节差异 ($\chi^2 = 49.535$, $df = 3$, $p < 0.0001$)，其中秋季显著高于其他三季。综上所述，季节因素在不同程度上影响着野生狗獾的集群模式和时空活动规律。本研究结果为野生狗獾的生态保护及相关自然保护区的综合管理提供科学参考依据。

关键词：红外相机技术；食草动物；时空活动规律；集群模式

专题二、森林多样性监测

利用转录组分析方法揭示森林垂直结构中植物光调控基因的表达模式

梅启明

(中国科学院华南植物园，广州 510650)

光在森林群落构建中起关键作用：光不仅是光合作用的能量来源，

还是调控植物生长发育的主要环境信号。在森林群落中，高大的冠层树木截获了大部分的光，因而冠下层植物处于荫蔽环境之中。森林垂直结构上的光环境变化包括光强度衰减和光谱偏移，而树林在不同光环境中生存和生长的能力与物种的内在属性密切相关。因此，植物如何响应光环境的变化是群落生态学中一个重要问题。

本研究利用转录组方法研究森林垂直结构中植物光调控基因的表达模式。与光合作用、光呼吸、光受体和光保护等相关的 20 个基因的表达水平（TPM 和 FKPM）被用作功能性状来分析光环境对森林垂直结构上植物生理生化的影响。目的是研究以下两个生态学问题：（1）阳生种和耐荫种之间转录组谱的区别；（2）同种植物不同冠层间转录组谱的区别。

主要研究结果：与阳生种相比，耐荫种的特征是光受体（*Phot1/2* 和 *PhyA/B*）光呼吸（*pglpl/2*）和光保护基因（*Lhca5*、*Lhca7*、*PsbS* 和 3 种光解酶）表达量较高，而捕光复合物（*Lhca1/2* 和 *Lhcb1/2*）表达量较低。对于蓝光受体 *Cry1/2* 和 *RuBisCO* 的表达量，阳生种和耐荫种之间的差异不显著。另外，不论是阳生种还是耐荫种，捕光复合物和光保护基因的表达量都在强光下上调，而光受体基因的表达在冠下层表达量较高。结果表明，阳生种在强光照条件下表现出较强的光合作用，而耐荫种对于光的利用率更高，但更易受到光损伤。

关键词：转录组；光合作用；光呼吸；光受体；光保护垂直结构

Niche Differentiation and Multitrophic Interactions Both Contribute To Coexistence of Euphorbiaceae in Tropical Tree Assemblage

Xuezhao Wang^{1,2}

(1 CAS Key Laboratory of Tropical Forest Ecology, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla, Yunnan, China

2 University of Chinese Academy Sciences, Beijing, China)

Understanding the mechanisms that mediate community assembly in tropical forest tree communities remains a fundamental challenge. Previous

research suggests three major avenues for testing assembly mechanisms in communities featuring many closely related species. First, multivariate trait space may better reflect alternative strategies of coexisting plants than individual traits. Second, assessing phylogenetic patterns of functional traits among closely related species may provide evolutionary context to coexistence mechanisms. Third, quantifying chemical defenses and multitrophic interactions may shed light on the role that selection by shared natural enemies for chemical divergence plays in trait evolution and coexistence among congeneric species. Here, we integrated these three approaches to test hypotheses concerning the assembly of closely related species. We collected 41 functional traits related to resource acquisition, photosynthetic capacity, water loss and transport efficiency, and defensive ability in 26 Euphorbiaceae species in tropical forest dynamics plot in southwestern Yunnan, China. We found centrality traits could better reflect the ecological strategy of Euphorbiaceae compared with all traits in each trait dimension. In addition, most resource utilization traits show significant phylogenetic signal, while all defensive traits lacked phylogenetic signal. This imply contrasting phylogenetic patterns in resource utilization and defensive traits. Finally, overdispersion of plant defensive traits at any spatial scales, especially secondary metabolites could influence the coexistence of Euphorbiaceae species in tropical forest, which may reflect selective pressure of herbivores. Our results demonstrate that different spatio-temporal patterns of trait dimensions may promote the coexistence of closely related species, and that selection pressure by shared natural enemies may play an especially important role in diversity maintenance in species-rich lineages in tropical forests.

Keywords: closely related species; Euphorbiaceae; convergent evolution; divergent evolution; trait dimensions; herbivores; secondary metabolites

Vertical variation in leaf traits and crown structure promote coexistence of forest tree species

Jiayi Feng^{1,2}, Juyu Lian^{1,2}, Wanhui Ye^{1,2*}

(1 Key Laboratory of Vegetation Restoration and Management of Degraded Ecosystems, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou, Guangdong 510650, China; 2 Center of Plant Ecology, Core Botanical Gardens, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou, Guangdong 510650, China)

Species coexistence mechanisms represent a hotspot in community ecology research. Horizontal variation in species characteristics is not always enough to explain the high diversity of forest tree species. Vertical variation of species characteristics is less well understood but may be a promising research direction. In this study vertical variation in the leaf traits and crown structure traits of seven common tree species were analysed with respect to differences between species in height groups and within the same height range, and also different parts of the individual tree crown, in order to reveal coexistence mechanisms of subtropical forest tree species. Results showed there were multiple levels of traits variation in the vertical dimension, validating the existence of vertical niche differentiation for subtropical forest species. The differences in functional traits rose among different species height groups, among species co-occurring within the same height range and among different parts of the individual tree crown. Variation of comparative advantages which was charactered by these traits between species across different height ranges was also one of the manifestations of niche differentiation in vertical dimension. Moreover, contrary results between lower height ranges and higher ranges in the relationship between species'

differences in functional trait and species' difference of abundance were found, further confirming that there was obvious vertical niche separation in the community. This study emphasized the importance of vertical variation in species performances in elucidating the mechanisms of tree species coexistence in subtropical forest.

Keywords: vertical variation; leaf traits; crown structure; niche differentiation; canopy

温带次生针阔混交林生物多样性与生态系统功能关系及其作用机制

郝珉辉

(北京林业大学, 北京 100083)

生物多样性与生态系统功能关系是生态学研究的核心问题。尤其是随着全球气候变化以及物种丧失的加剧, 探讨生物多样性与生态系统功能关系及其内在作用机制对于保护生物多样性、提高生态系统功能以及缓解全球气候变化有着十分重要的意义。传统的生物多样性研究多以物种数量为判断依据, 然而真正的生物多样性并非只包含了物种多样性一个维度, 而是物种多样性、功能多样性和系统发育多样性等多个维度的集合。开展多维度的生物多样性研究, 有助于从生态过程和进化历史的角度, 更加全面地揭示生物多样性与生态系统功能关系, 阐明其内在作用机制。本研究以吉林蛟河 21 公顷针阔混交林样地为研究对象, 以两次植被调查数据为基础, 并结合植物的功能性状和系统发育信息, 探讨了不同维度的多样性与生态系统功能(生物量和生产力)关系; 同时检验了生态位互补假说、生物量比率假说和植被数量假说等潜在解释机制。结果显示: 1.在针阔混交林中, 不同维度的多样性扮演着不同的角色, 其中: 功能多样性和系统发育多样性能够直接影响森林的生物量或生产力, 而物种多样性则是通过促进功能多样性和系统发育多样性间接发挥作用; 2.生物多样性与生态系统功能的关系是多种生态学机制共同作用的结

果，生态位互补效应和生物量比率效应并不相互排斥。本研究整合了物种、功能性状和系统发育来探讨不同维度多样性与生态系统功能之间的直接与间接作用关系，同时检验了生物多样性影响生态系统功能的潜在生态学机制。研究结果有利于进一步扩展我们对温带针阔混交林中生物多样性与生态系统功能的认识，同时对森林的生态经营与多样性保护具有一定的指导意义。

关键词：生物多样性；生态系统功能；功能多样性；功能性状；系统发育多样性；生态位互补假说；生物量比率假说

负密度制约在物种共存中的作用

姜雨，马莉薇*，黄选瑞
(河北农业林学院，河北保定 071001)

生物多样性的维持机制是生物多样性的研究重点。近些年，越来越多的研究结果支持由 Janzen-Connel 假说发展而来的负密度制约假说。该假说认为同种个体之间的资源竞争、有害生物入侵（病原微生物、食草动物等）和化感作用为其他物种的生存提供资源。负密度制约假说作为生物多样性重要的维持机制，其对群落中物种多样性变化的影响具有重要的价值和意义。本文首先回顾了负密度制约假说的发展史，之后根据假说的形成和定义梳理其形成机理，最后总结相关研究进展，理清负密度制约目前的研究方向和影响负密度制约假说的因子。

关键词：负密度制约假说；物种共存；生物多样性；影响因子

鼎湖山老龄常绿阔叶林台风灾后的受损研究

倪云龙^{1,2}，汪铁军³，曹洪麟¹，李艳朋⁴，宾粤¹，张入匀⁵，王悦^{1,2}，练琚愉^{1*}，叶万辉^{1*}

(1 中国科学院华南植物园 植被恢复与退化生态系统管理重点实验室，广州 510650；2 中国科学院大学，北京 100049；3 特温特大学 地理信息科学与地球观测学院自然资源系；4 中国林业科学院 热带林业研究所森林生态研究中心；5 华东师范大学 生态与环境科学学院)

全球气候变化背景下，台风对世界各地的森林生态系统产生越来越严重和广泛的影响。然而，少有研究探究强台风对亚热带常绿阔叶林的影响，特别是稀少的亚热带老龄常绿阔叶林。本文基于鼎湖山南亚热带常绿阔叶林 20 公顷动态监测样地，定量调查和比较了超强台风山竹对次生林和老龄林的影响。研究表明，老龄林的受损程度（以受损树木的基径面积比率进行衡量）约是次生林的两倍多；森林结构和组成在确定森林脆弱性响应于强台风的过程中发挥了重要作用。此研究增进了老龄林如何应对全球气候变化的了解。

关键词：气候变化；极端气候事件；自然干扰；生物因子；非生物因子；森林脆弱性

邻域生物关系，年际气象差异以及生境异质性影响温带森林幼苗存活

徐智超

（中国科学院沈阳应用生态研究所，沈阳 110016）

同种负密度制约效应（CNDD）和生态位分化假说是解释生物多样性和物种共存非常重要的两个机制。然而，年际气象变异作为非生物因子却很少被应用到局域森林群落动态的研究中，这导致在衡量生物和非生物因子相对重要性的研究中出现一定的偏差。基于长白山阔叶红松林 25 公顷动态监测样地我们提出以下科学问题：1) 年际气象差异，生物因子（同种大树幼苗和异种大树幼苗）和生境条件（地形和土壤）对幼苗存活的相对重要性是怎样的？2) 年际气象差异如何影响密度制约的生物关系（CNDD）？3) 三者的影响是否在不同的功能性状组之间具有差异？结果表明在群落水平上（ $R^2=0.44$ ），气象差异（64.7%）具有最高的解释力，其次是生物因子（8.3%）和生境条件（6.8%）。特别是非生长季较厚的积雪以及低温环境能够显著促进幼苗存活。交互效应发现，较厚的积雪和有效积温以及高海拔显著削弱了同种负密度制约效应的强度，然而降水和土壤湿度增加以及非生长季温度升高能够加强同种负密度制

约效应。同时，我们的分析表明三者的相对重要性在不同的功能组之间具有明显差异性，尤其是生物因子在重力传播类群中的相对重要性要显著高于其他类群，并且重力传播相对于风力传播物种受到了更强的同种负密度制约效应。本研究发现了年际气象差异在影响幼苗存活动态中的重要作用，同时能够显著降低或者促进密度制约的生物关系强度，这也将进一步影响高密度制约效应维持高物种多样性的生物进程。

关键词：同种负密度制约效应；年际气象差异；物种性状；幼苗存活；相对重要性

呼中自然保护区乔灌木 beta 多样性特征及其驱动分析

余丹琦

(东北林业大学, 哈尔滨 150040)

植物多样性保护是天然林保护的重要目标，揭示自然保护区 beta 多样性特征、组分格局与保护因子相关机制是天然林保护与生态服务综合提升的基础。本研究选取大兴安岭呼中国家级自然保护区及毗邻地区共 71 块不同保护强度的样方作为研究对象，调查每块样方保护位置、群落结构，并采集 0-20cm 土壤样品，室内进行土壤理化性质的测定。将样方间的 beta 多样性分解为物种周转和物种多度差异两种组分，通过 Mantel 分析、冗余分析和方差分解分析多方法解析保护过程（保护位置和保护强度）、土壤因子、群落结构对 beta 多样性及其组分的影响。结果表明：（1）在呼中保护区，Sørensen 指数均值大小顺序为草本层（0.78）>灌木层（0.7）>乔木层（0.49）。（2）乔木和草本层中，物种多度差异组分对于 beta 多样性的贡献均占主导地位（65%和 59%），而灌木层则是由物种周转组分占主导地位（66%）。（3）Mantel 检验结果表明，乔、灌、草三层 beta 多样性及其组分与保护过程相关指标显著相关的数目最多；土壤因子只对灌木层 beta 多样性及分解组分有影响，对草本层影响不大，其中经纬度、海拔、保护强度均与呼中保护区乔、灌、草三层 beta 多样

性显著正相关 ($P < 0.05$) (4) 方差分解分析和冗余分析表明, 保护区植物整体和乔木层 beta 多样性受群落结构影响最大; 灌木层主要受保护过程影响其解释力分别为土壤因子和群落结构的 2.5 和 6 倍; 草本层 beta 多样性主要受保护过程和群落因子影响; 乔木胸径对保护区 beta 多样性变化具有最大的解释作用。

中国东北地区 12 个建群树种对气候变化响应的 MaxEnt 模型分析

杜倩

(森林植物与生态学教育部重点实验室, 东北林业大学化学化工与资源利用学院, 哈尔滨 150040)

气候变化是当前全球生物多样性面临的巨大威胁之一, 对东北森林树种的地理分布格局具有较大影响, 尚缺乏基于主要树种、未来不同气候模式的综合研究。本研究基于 12 种建群树种的分布数据及 23 个环境变量 (19 生物气候因子、土地利用类型、海拔、坡度、坡向) 数据, 应用 MaxEnt 模型对东北地区乔木树种在三种气候变化情景下 (SSP126 可持续路径、SSP245 中间路径、SSP585 化石燃料为主发展路径) 的潜在丰富度分布格局、主导环境变量以及树种损失、获得和周转情况进行了预测。结果表明: 未来气候情景适生区面积减小的关键种有: 兴安落叶松、山杨、春榆、白桦、水曲柳、胡桃楸、蒙古栎、辽东桤木, 减小幅度达到 10% - 30%; 适生区面积变化不大的关键种有: 红皮云杉、樟子松、黄檗; 适生区增加的关键种有: 红松。东北地区乔木树种的潜在适宜性分布会受到气候变化的影响, 降水因素对东北地区树种分布格局起关键作用, 尤其是降水量季节性变化是影响东北地区 50% 左右树种分布格局的主导环境因子; 东北地区乔木树种在无迁移和 SSP585 气候情景下受威胁程度相对较高, 而 SSP126 气候情景下, 树种大多处于低风险状态; 考虑树种完全迁移也能够抵消树种受威胁的状况。网格单元中物种损失和周转的预测表明, 树种损失率较高的地区往往树种周转率也相对较高。

预测气候变化对东北地区树木分布格局的影响，有助于我们制定更有效的气候变化适应策略，以确保东北地区森林的可持续发展。

专题三 草原/荒漠多样性监测

Biodiversity-productivity relationship under realistic diversity-loss scenarios

Qingmin Pan^{1,2}, Amy J. Symstad³, Yongfei Bai¹, Jianhui Huang¹, Jianguo Wu⁴, Shahid Naem⁵, Dima Chen⁶, Dashuan Tian⁷, Qibing Wang¹ & Xingguo Han^{1*}

(¹State Key Laboratory of Vegetation and Environmental Change, Institute of Botany, the Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100093, China; ²University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; ³U.S. Geological Survey, Northern Prairie Wildlife Research Center, Hot Springs, SD 57747, USA; ⁴School of Life Sciences and School of Sustainability, Arizona State University, Tempe, AZ 85287, USA; ⁵Department of Ecology, Evolution, and Environmental Biology, Columbia University, New York 10027, USA; ⁶College of Biological and Pharmaceutical Sciences, China Three Gorges University, Yichang, 443002, China; ⁷Key Laboratory of Ecosystem Network Observation and Modeling, Institute of Geographic Sciences and Natural Resources Research, CAS, Beijing 100101, China)

Understanding the biodiversity-productivity relationship and the underlying mechanisms in natural ecosystems under realistic extinction scenarios remains a major challenge for ecologists despite its importance for predicting the impacts of rapid loss of biodiversity worldwide. Here we report the results of a plant functional group (PFG) removal experiment conducted on the Mongolian Plateau, the largest remaining natural grassland in the world. Our results demonstrated that the form of the biodiversity-productivity relationship varied from positive linear, positive saturating, neutral, to unimodal under different PFG extinction patterns in terms of which PFG was finally remained. Moreover, the form of this relationship under the same extinction pattern sometimes changed through time. The abundance of the remaining PFG(s) before removal and their post-extinction compensation following the loss of others were two major mechanisms affecting the

biodiversity-productivity relationship under realistic extinction patterns. Abundance effect promoted positive responses of productivity to biodiversity, but compensation effect caused several biodiversity-productivity relationships, hinging on its direction (positive or negative) and strengths. As indicated by the values of compensation index, negative, zero and partial compensations contributed to the positive relationships, while full compensation resulted in a neutral relationship. Over-compensation at intermediate PFG richness levels created a unimodal curve, but at the lowest level can lead to a negative linear relationship.

长期氮沉降和极端干旱对温带荒漠土壤微生物群落的影响

荣晓莹¹, 徐鹏^{1,2}, 周晓兵¹, 张元明¹

1: 中国科学院新疆生态与地理研究所, 荒漠绿洲国家重点实验室, 乌鲁木齐 830011

2: 中国科学院大学, 北京 100049

微生物群落为中亚荒漠土壤提供关键的生态系统服务, 其多样性与驱动的养分循环功能高度依赖于全球气候变化。氮沉降改变土壤微生物群落的结构和功能, 对比其他土壤生态系统, 由于荒漠土壤的水分及氮素限制, 推测荒漠土壤微生物群落响应氮沉降更为敏感。生物土壤结皮是荒漠生态系统的重要组成部分, 生物结皮微生物群落如何响应氮沉降, 尤其响应长期、低水平的氮沉降值得我们进一步探索 and 关注。另外, 我国北方荒漠化发展速率加快, 持续的干旱化已严重威胁区域生存环境, 生态环境退化和荒漠化等问题突出, 评估温带荒漠土壤微生物群落响应长期氮沉降水平以及极端干旱, 有助于我们进一步认识气候变化下的区域荒漠化特征。本研究中, 我们于古尔班通古特沙漠设置长期氮素添加(0.3, 0.5, 1.0, 1.5, 3 g N m⁻² yr⁻¹)和极端干旱(干旱三年和干旱十年)样地, 系统分析长期施氮与极端干旱对微生物群落多样性的影响。研究结果显示, N1.5 是引起藻生物结皮微生物多样性显著变化的氮添加阈值。细菌、真

菌及固氮菌群群落差异响应不同氮素添加处理，其中，藻生物结皮固氮菌群响应最为敏感，细菌群落次之，真菌群落响应最不敏感。此外，高氮沉降速率（N1.5 与 N3）显著降低藻生物结皮微生物群落蓝细菌门的相对丰度，并且微生物群落共现网络稳定性下降，将来，氮沉降可能促使藻生物结皮形成不依赖于蓝藻分解碳基质与利用氮养分的特征。极端干旱对荒漠土壤微生物群落多样性的影响结果显示，荒漠土壤不同丰度微生物类群差异响应极端干旱，稀有类群微生物群落对极端干旱响应较丰富类群更敏感，且极端干旱处理降低荒漠土壤细菌及真菌群落网络的复杂性，对比稀有类群，丰富类群具有更高的节点拓扑参数，显示出强的微生物相互作用特征。因此，稀有类群具有强的干旱响应特征，而丰富类群对促进荒漠土壤微生物相互作用很关键。

关键词：中亚；干旱区；分子生态网络；稀有微生物类群；丰富微生物类群

浑善达克沙地生物多样性现状及其受人类活动的影响探索

苏华，李永庚

（植被与环境变化国家重点实验室，中国科学院植物研究所，北京 100093）

浑善达克沙地是我国北方四大沙地之一，总面积约 5.4 万 km²，是我国北方重要的生态屏障。浑善达克沙地地处半干旱区，地下水资源丰富，生境异质性高，区内分布有稀疏的乔木、各类灌木及草本植物，呈现典型的榆树疏林灌丛草地景观，其生物多样性、生产力水平均远高于同地区的典型草原。据统计，浑善达克沙地有维管植物 256 种，分属于 46 科 49 属，其中被子植物约 250 种，约占 98%，以菊科、禾本科、苋科、蔷薇科、豆科、唇形科为六大优势科。

浑善达克沙地生态研究站于 2001 年由中国科学院植物研究所和正蓝旗人民政府合作建立，地处浑善达克沙地腹地，长期以来通过定位观测、野外调查、控制实验等手段对沙地生物多样性进行监测，主要进展如下：

1) 浑善达克站对沙地植物群落进行了长期连续监测, 对比 2001 年、2003 年、2009 年和 2020 年的监测数据发现短期禁牧围封会促进退化草地恢复, 植物地上生物量在围封 2 年后达到 1175.76 g m^{-2} 左右, 植物多样性在围封 8 年后达到 12 种左右, 但持续近二十年的围封割草带走大量养分, 导致草地再次退化, 植物地上生物量和多样性分别下降到 $75.61 \pm 37.26 \text{ g m}^{-2}$ 和 6.5 ± 1.29 种。2) 浑善达克站开展的畜禽草耦合促进退化草地恢复实验结果表明, 以每亩草地 25 只鸡的密度开展小群散养牧鸡生产对植物多样性影响不显著, 植物物种丰富度、多样性指数和均匀度指数与不放牧对照相比均没有显著变化, 这与鸡的采食量低和采食喜好偏爱幼嫩多汁的植物部位有关。尽管如此, 牧鸡会改变植物群落的物种组成, 植物群落由马蔺、披针叶黄华等为优势种逐渐演替为由羊草、冰草等为优势种。

基于我们在浑善达克沙地的生物多样性野外监测实践和控制实验结果, 提出如下思考及建议: 1) 针对沙地地势起伏多变、植物生境异质性高的特点, 一方面, 生物多样性调查应结合无人机遥感监测等技术手段根据生境类型进行多点布测, 以便掌握更全面的沙地植物多样性数据; 另一方面, 应结合建立保护区、资源圃等手段开展重要植物种的保护与利用; 2) 文献资料中缺乏关于沙地动物多样性的报道, 而我们牧鸡实验过程中发现大型动物多样性较高, 应尽快采用红外相机监测等先进技术, 结合牧鸡实验开展沙地野生动物多样性调查与监测, 获取浑善达克沙地野生动物本底资源名录等基础数据, 以完善沙地生物多样性数据库。

关键词: 浑善达克沙地; 植物多样性; 围封; 牧鸡; 野生动物

温带荒漠一年生植物是否具有更灵活的生活史特征应对气候变化? 以尖喙牻牛儿苗为例

刘会良¹, 陈艳锋¹, Jerry M. Baskin², Carol C. Baskin², 张道远¹, 张元明^{1,*}

(1 荒漠与绿洲生态国家重点实验, 中国科学院新疆生态与地理研究所, 中国乌鲁木齐

齐 830011; 2 肯塔基大学生物系, 肯塔基大学, 美国列克星敦市, 40506)

降水的年际及季节变化可能强烈地影响沙漠一年生植物的生活史和生长。本研究在中国西北部中亚古尔班通古特沙漠建立样地, 通过对比野外四年的监测数据(2016年9月至2020年11月), 比较了干湿春季和干湿秋季对温带荒漠一年生尖喙牻牛儿苗(*Erodium oxyrinchum*)春萌(SG)和秋萌(AG)植株的种子萌发、生长和F2种子休眠的影响。结果显示: 干秋降低了秋萌植株密度, 干春降低了春萌植株和秋萌植株的生长。在干春, 春萌植株对降水的响应比秋萌植株更敏感, 而在湿春, 春萌植株和秋萌植株对降水的响应相似。在干春和湿春, 春萌植株和秋萌植株的大部分形态性状均在生长初期迅速增加, 随后趋于平稳或下降。在干春, 秋萌植株的大部分形态特征均大于或多于春萌植株; 在湿春条件下, 春萌植株的形态特征大于或多于干春条件。在湿春, 春萌植株分配给繁殖器官的生物量略高于干春。秋萌植株在湿春比干春产生更多比例的休眠种子。另外, 在中国西北地区, 降水变化趋势不可能对这种常见的沙漠一年生植物的生物学特征产生影响。结果表明, 尖喙牻牛儿苗灵活的生存适应策略能够保证该植物应对气候变化, 并且将长期在该沙漠草本群落中占有优势地位。这一结果也挑战了人们普遍认为沙漠植物可能对气候变化产生负面影响的结论。

关键词: 一年生植物; 气候变化, 干春/秋; 尖喙牻牛儿苗; F2 种子休眠; 生活史灵活性; 湿春/秋

Functional diversity rather than species diversity can be accurately assessed by remote sensing in sandy grassland

Yu Peng, Wenjing Zhong, Chuyi Zhou, Shiqian Luo, Lu Zhu, Mengde Zhu, Zhuoyi Wu
(College of Life & Environmental Sciences, Minzu University of China, Beijing, China 100081)

The prediction of grasslands plant diversity using satellite images has been intensively studied. However, the accuracy of functional diversity (FD)

is still unknown. Therefore, high spatial resolution Worldview-3 (WV-3) multiple spectral data were used to predict species and FD at the pixel scale (1.2×1.2 m) over central Hunshandak Sandland, Inner Mongolia, north China. Data acquired from 120 field plots (6×6 m) were used to train and validate several statistical learning methods with a primary objective of linking the satellite spectral and texture indices to the plant diversity indices. Among the several diversity indices tested, functional trait diversity, in particularly Functional Attribute Diversity (FAD1), Modified Functional Attribute Diversity (MFAD) were best predicted (coefficient of determination approximately 0.29 and 0.14, respectively, $n=48$) using texture indices. However, species diversity (richness, H, E, or D) and other FDs haven't not been well predicted by WV-3 data. WV data did not significantly improve the prediction accuracy for plant diversity in sandy grassland. Further, high plot-level vegetation coverage can improve the performance of spectral indices for predicting H, E, D and FD. These results highlighted the assessing variability across field conditions and demonstrated the capacity of high spatial-spectral satellite images to monitor plant functional diversity in sandy grasslands.

Key words: Plant diversity; Species diversity; Functional diversity; Texture; Remote sensing; Sandy grassland

遥感大数据助力草地植物多样性监测

赵玉金, 白永飞

(中国科学院植物研究所, 北京 100093)

草地植物多样性监测一直是生态学家和遥感学家共同关注的热点问题。传统的草地植物多样性监测以地面调查和定点台站监测为主, 区域空间代表性和时间连续性差。卫星遥感有助于不同时间与空间尺度的草

地生物多样性监测。然而，目前国内外有关植物多样性的遥感监测多以森林为研究对象，草地个体小、小尺度内物种多样且立体结构难以分离，导致草地植物多样性遥感监测相比森林生态系统更为困难。无人机具有成本低、操作灵活的优点，结合地面调查，辅以高光谱传感器，可实现对高空间、高光谱和高时间分辨率的草地多样性监测（中尺度），进一步集成地面观测（小尺度）、多源卫星遥感建模技术（大尺度），构建多维度、多尺度、高频率的天空地一体化草地植物多样性监测大数据与技术体系，促使遥感技术方法与生态学理论的有机融合，为实现小尺度研究到大尺度监测的无缝链接提供了强有力的技术手段。本报告主要以锡林郭勒草原多样性监测为例，介绍基于地基遥感和无人机空基遥感的草地多样性遥感监测技术、主要结果与生态应用，以期为区域草原生物多样性保护提供科技支撑。

关键词：无人机；高光谱；功能多样性；物种多样性；遥感；多尺度

荒漠藓类结皮对环境变化的适应特征及其死亡后的生态效应

尹本丰, 李永刚, 张庆, 周晓兵, 陶冶, 张静, 张元明*

（荒漠与绿洲生态国家重点实验室, 中国科学院新疆生态与地理研究所, 乌鲁木齐 830011）

荒漠藓类植物作为生物土壤结皮的重要组成部分，在维持荒漠地表稳定、改变地表水文过程和养分循环等方面扮演重要角色。在自然状态下，藓类结皮通常呈现出典型的斑块状分布，这种斑块式聚集分布是否有利于其适应不利环境条件还鲜有报道。此外，随着全球气候的持续变暖和降水格局的剧烈变化，荒漠藓类植物出现了不同程度的死亡，藓类植物的死亡将如何影响荒漠地表的生物地球化学循环过程还缺乏研究。本研究以古尔班通古特沙漠优势藓类植物齿肋赤藓为研究对象，对其斑块的适应特征及其死亡后对土壤水分及养分过程的影响进行了研究。结果发现，齿肋赤藓斑块在古尔班通古特沙漠中主要以面积小于 100 cm² 的斑块分布为主，在沙丘底部主要呈聚集分布。齿肋赤藓斑块具有明显的

边缘效应和面积效应，斑块中心区域的碳、氮、磷养分含量显著高于边缘，大斑块显著高于小斑块。然而，齿肋赤藓的死亡会显著抑制地表水分的入渗速率和累计入渗量，降低土壤含水量。藓类植物死亡后其土壤有机碳、全氮、全磷、硝态氮和速效磷含量及与土壤碳、氮、磷循环相关的酶活性均显著增加，尤其是硝态氮含量可影响至 20 cm 土层。但藓类植物死亡后土壤养分与土壤胞外酶的化学计量特征关系由显著相关变得不相关。因此，荒漠藓类植物的死亡显著改变了土壤的生物地球化学循环过程，引起土壤养分和土壤胞外酶化学计量关系的解耦合。

关键词：齿肋赤藓，生态适应性，古尔班通古特沙漠，土壤酶活性，化学计量

围封草原枯落物累积对植物群落特征及多样性的影响

侯东杰

(内蒙古农业大学，呼和浩特 010018)

围封是一种简单、有效的退化草原修复措施，已在中国北方草原地区大面积实施。长期围封引起部分区域地表枯落物的过量累积，导致植物群落结构与功能及多样性发生改变。本研究在内蒙古地区对围封 5 年的大针茅 (*Stipa grandis*) 草原、克氏针茅 (*S. krylovii*) 草原和羊草 (*Leymus chinensis*) 草原进行了枯落物去除实验。研究表明：(1) 生长季枯落物累积降低土壤温度 1.3~2.2°C，提高土壤水分 2.8%~3.1%。(2) 枯落物累积显著提高了羊草种群的叶片长度、叶片重量、单叶面积、茎干重量、节间长度，综合提高羊草种群的植株高度、单株重量和总叶面积。

(3) 枯落物累积显著提高了三种草原中羊草种群的高度、盖度和地上生物量，却显著降低了三种草原中大针茅、克氏针茅和糙隐子草 (*Cleistogenes squarrosa*) 种群的盖度、密度、地上生物量。(4) 枯落物累积显著提高了三种草原的群落高度和地上生物量并降低群落盖度。

(5) 枯落物累积降低了群落 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数、Pielou

指数和单位面积物种丰富度。本研究从枯落物累积的角度为围封草原群落的演替研究提供了新的视角与观点，也为草原生态系统的科学管理提供基础数据。

荒漠短命植物层片结构与生产力对极端降水和干旱的敏感性研究

臧永新¹, 周晓兵¹, 陶冶¹, 尹本丰¹, 马剑英^{2*}, 张元明^{1**}

(1 荒漠与绿洲生态国家重点实验室, 中国科学院新疆生态与地理研究所, 乌鲁木齐 830011; 2 长白山地理过程与生态安全教育部重点实验室, 东北师范大学, 长春 130024)

极端降水和极端干旱事件是生态系统功能改变的主要驱动因素之一，尤其是在荒漠生态系统。在气候变化的背景下，极端降水和干旱事件发生的频次在不断增加。此外，沙垄作为沙漠的基本地形单元，不同沙垄部位常伴随土壤质地、地表温度和土壤养分等差异，这些差异可能会弱化或放大极端降水和干旱对植物的影响。然而，极端降水和干旱将如何影响不同沙垄部位短命植物草本层片结构和生产力，目前尚不清晰。本研究于古尔班通古特沙漠南缘沙垄四个不同坡位（西坡底、西坡中、东坡中、东坡底）处，设立了 65%减少和增加降雨的装置，试图了解极端降水和干旱如何影响短命草本层片的组成和生产力，以及坡位因素在其中的调节作用。结果表明：1) 荒漠短命植物层片结构和生产力对极端降水和干旱响应敏感，但又具有一定的稳定性，体现在极端降水和干旱均显著改变了短命植物层片地上生产力，但优势物种保持不变；2) 沙垄西坡和东坡间短命植物层片生产力对极端降水的敏感性差异不显著，但西坡短命植物层片对极端干旱的敏感性显著强于东坡；3) 此外，短命植物层片生产力对极端干旱的敏感性强于极端降水。这些结果将为更全面地理解和预测气候变化背景下的植被动态和生态系统功能的变化提供科学参考。

关键词：古尔班通古特沙漠；不同坡位；极端降水；极端干旱；短命植物

内蒙古典型草原不同放牧样地生态系统服务及其关系研究

李梦圆, 李晓兵*, 刘丝雨, 李响, 吕鑫, 党东良, 窦华顺
(北京师范大学自然资源学院, 地理科学学部, 北京 100875)

放牧作为草原的主要土地利用方式, 是影响内蒙古典型草原生态系统服务 (ES) 供应和生态系统服务间关系的关键因子。本文在内蒙古典型草原区的对照 (CK)、轻牧 (LG)、中牧 (MG) 和重牧 (HG) 4 种放牧梯度下, 量化了 8 个关键的生态系统服务 (ES): 生物多样性、牧草采食量、牧草质量 (牧草粗蛋白含量)、气候调节 (土壤有机碳储量)、土壤矿质氮、土壤保持 (地上生物量)、防风固沙 (地下生物量) 和土壤侵蚀防治 (凋落物生物量) 并计算了总生态系统服务; 利用结构方程模型阐述放牧通过生物多样性对生态系统服务的影响; 通过 RMSE 量化生态系统服务对的权衡程度。研究表明放牧强度显著影响除了土壤有机碳和土壤矿质氮的其他六种生态系统服务 (ES); 随放牧强度增加, 支持服务和供给服务增加, 而大多数的调节服务减少, 调节服务与其他服务之间存在普遍的权衡关系; 为实现最大的生态系统服务利益及最小的 ES 对之间的权衡度, 内蒙古典型草原的最适放牧压在 170 SSU·d·hm⁻²·y⁻¹-340 SSU·d·hm⁻²·y⁻¹ 之间。研究结果为内蒙古典型草原可持续发展的草地放牧管理政策提供决策依据。

关键词: 草地; 放牧强度; 生物多样性; 生态系统服务

中国针茅草原特征及分类

乔鲜果
(中国科学院植物研究所, 北京 100093)

针茅草原是中国草原中最具代表性、面积最大的类型。利用 1270 个 20 m×50 m 样地, 3353 个 1 m×1 m 样方的数据资料, 并结合样地气候数据和以往的研究资料, 对针茅草原的类型、分布、生态和数量特征、群系下分类进行了初步的分析。主要结果如下: (1) 中国针茅草原共记录到 32 个针茅群系。其中, 9 个群系为新纪录, 包括天山针茅 (*Stipa*

tianschanica) 群系、狭穗针茅 (*S. regeliana*) 群系、荒漠镰芒针茅 (*S. caucasica* subsp. *desertorum*) 群系、长舌针茅 (*S. macroglossa*) 群系、羽状针茅 (*S. pennata*) 群系、瑞氏针茅 (*S. richteriana*) 群系、近亲针茅 (*S. consaguinea*) 群系、细叶针茅 (*S. lessengiana*) 群系和阿尔巴斯针茅 (*S. albaisensis*) 群系。(2) 针茅草原中植物种类丰富, 共记录到种子植物 1228 种, 属于 63 科, 371 属。(3) 针茅草原在 1 m 到 5224 m 的海拔之间有连续的分布。群落的年降雨量一般在 70–500 mm。样地的平均年均温是一般在 -5.0–10.0℃ 之间。(4) 群落的平均高度、盖度、生物量及丰富度分别是 25 cm、27%、109 g/m²、11 种/m²。按照修订后的中国植被分类系统, 中国针茅草原划分了 134 个群丛组, 553 个群丛。(5) 用 1:100 万植被图和 2018 年的 LUCC 数据分析发现, 24% 的针茅草原生境已丧失, 人为开垦、人工造林和退化是主要原因。

关键词: 针茅属, 分布, 物种组成, 分类, 生境丧失

基于无人机高光谱成像技术评估土壤对草地物种多样性监测的影响

许聪^{1,2}, 曾源^{1,2}, 赵旦^{1,2}, 刘文俊³, 马宗瀚¹, 郑朝菊¹

(1 中国科学院空天信息创新研究院遥感科学国家重点实验室, 北京 100101; 2 中国科学院大学, 北京 100049; 3 云南大学生态与环境学院, 昆明 650091)

草地物种多样性监测有利于草地资源保护与合理利用。“光谱变异假说”是一种像元尺度的草地物种多样性遥感监测方法, 但是在天然草地中, 像元光谱容易受到土壤等背景因素的影响。无人机高光谱成像技术凭借高时空分辨率以及高光谱分辨率为土壤信息的去除提供了可能。本研究在三江源两个典型草地研究区获取了 0.2 米空间分辨率的高光谱数据, 基于“光谱变异假说”建立了光谱多样性(基于多波段的变异系数 CV_{multi}、基于 NDVI 的变异系数 CV_{ndvi}、最小凸包体积 CHV 和最小凸包面积 CHA)与物种多样性(物种丰富度和香农维纳指数)的关系, 并应用两种去除土壤的方法(基于 NDVI 阈值和基于线性光谱解混)以

探讨土壤对物种多样性估算的影响。结果表明：（1）草地的香农维纳指数比物种丰富度能够更好地响应光谱多样性；（2）CVmulti 与香农维纳指数的相关性更高；（3）土壤去除后显著提升了光谱多样性对物种多样性的估算能力，与去除所有小于阈值像元的方法相比，线性光谱解混法不会造成植被信息的损失，可以更准确的获取草地光谱信息以监测物种多样性。

关键词：高寒草地；物种多样性；光谱多样性；土壤去除；高光谱

专题四 土壤动物多样性监测

湖南八大公山土壤动物多样性初探

左娟

（中国科学院武汉植物园，武汉 430074）

湖南八大公山地处武陵山系北缘，具有丰富的生物多样性资源。为了解八大公山土壤动物多样性，对其进行了初步调查。分别对山地常绿落叶阔叶混交林 1ha 森林动态样地和不同植被林型进行采样。采样点分为凋落物层和土壤层，以期了解不同生境对土壤动物群落的影响。在 1ha 样地初步采集大中型土壤动物标本 12530 份，隶属于 10 纲 27 目，优势类群包括弹尾目和蜚蠊目等。对不同植被林型进行的采样，目前分析了亮叶水青冈（*Fagus lucida*）、粉椴（*Tilia oliveri*）、瘿椒树（*Tapiscia sinensis*）、白辛树（*Pterostyrax psilophyllus*）四类林型，初步采集土壤动物标本数量分别为 187、152、203、486 份，隶属 9 纲 25 目。植被林型影响大中型土壤动物群落的结构和组成，凋落物层和土壤层的土壤动物种类和多样性呈现差异。以上描述为初步结果，目前调查及数据分析等工作正在进一步开展。本研究为探究八大公山土壤动物多样性及分布格局、土壤动物多样性与植被类型的关系提供支撑。

Earthworms contribute to concurrent nitrogen mineralization and stabilization in straw-amended soil under lettuce

Liping Na¹, Zhor Abail², Bo Liang¹, Joann K. Whalen², Chenxiao Hu¹, Yupeng Wu¹, *
(¹ College of Resources and Environment, Huazhong Agricultural University, Wuhan, 430070, China; ² Department of Natural Resource Science, Macdonald Campus, McGill University, Ste Anne de Bellevue, QC H9X 3V9, Canada)

Earthworms stimulate organic nitrogen (N) mineralization, and thereby increase plant N uptake and N loss from soil, but they may concurrently transfer N-rich residues into physically-protected soil fractions. This study evaluated soil N transformations and plant N uptake in soil microcosms amended with ¹⁵N-labeled rice straw and planted with lettuce, with and without earthworms (*Metaphire guillelmi*), during a 45 d period. We measured the amount of straw N absorbed by lettuce, lost as N₂O or in leachates, and remaining in bulk soil and aggregate fractions. Lettuce biomass increased significantly ($P < 0.05$) by 37% with earthworms, and a greater proportion of the N uptake by lettuce was from the soil native N pool rather than from straw N (soil-derived N in lettuce increased from 101 to 170 mg pot⁻¹ with earthworms). With earthworms, there was more total cumulative N₂O emission ($P < 0.05$) from the soil N pool. A greater proportion of straw N was recovered in large macroaggregates (> 2 mm) and in earthworm tissues in the microcosms with earthworms. Consequently, there was 5% more straw N remaining in soil with earthworms, suggesting that earthworms moved straw into a physically protected soil pool that temporarily increased the residence time of straw N during the 45 d study. In the short-term, we propose that *M. guillelmi* stimulates the mineralization of soil native N and its uptake by lettuce while temporarily stabilizing straw N in soil.

Keywords: Earthworm; Straw-derived N; Distribution; ¹⁵N-labeling

Soil fauna diversity and soil greenhouse gas emissions

Xinyu Zhu¹, Liang Chang^{2,*}, Wei Wang³, Jie Liu⁴, Yunchuan Hu¹, Donghui Wu^{2,3,*}

(1 Henan Engineering Technology Research Center of Ecological protection and management of the Old Course of Yellow River, Shangqiu Normal University, Shangqiu, 476000, China; 2 Key Laboratory of Wetland Ecology and Environment, Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences, Changchun, 130102, China; 3 Jilin Provincial Key Laboratory of Animal Resource Conservation and Utilization, Northeast Normal University, Changchun 130117, China; 4 Luoyang Normal University, Luoyang, 471000, China)

Biodiversity of the soil biome is a large contributor to the soil function-climate feedback. Soil fauna have a major impact on biogeochemical cycling of nutrients, greenhouse gas emissions and plant productivity. Soil fauna therefore likely plays a crucial role in the need to control soil-derived greenhouse gas emissions without reducing crop yield or soil quality. The main part of this presentation is therefore about a proof-of-principle incubation study with a focus on causal relationships between soil fauna diversity and soil greenhouse gas emissions. The results showed that the presence of earthworms and predator mites (EP) significantly increased the soil CO₂ and N₂O emissions in both no-till (NT) and conventional tillage (CT) soil. The interaction between soil fauna functional groups on the availability of C and N can decrease or increase soil CO₂ and N₂O emissions. Compared with CT soils, CO₂ and N₂O emissions from NT soils were lower, which demonstrates that long-term conservation tillage can reduce CO₂ and N₂O emissions from soil. The findings indicate that a more stable soil environment and food web with more intact functional groups are built in NT and may be more conducive to carbon and nitrogen sequestration for reducing soil CO₂ and N₂O emissions in the black soil region of Northeast China. The results showed that the presence of the two species of earthworms increased cumulative CO₂ and N₂O emissions compared with the treatments without

earthworms in both NT and CT soil. Less GHG emissions (expressed in terms of the global warming potential, GWP) were induced by earthworms in NT soil than in CT soil. The presence of earthworms did not increase the SOC content compared with that before the experiment. However, the loss of SOC in NT soil was less under the action of earthworms than that in CT soil. Yet, earthworms were still the key drivers of both CO₂ and N₂O emissions. Mechanistic explanations of this earthworm-effect are still inconclusive. On the one hand, earthworms are known to alter the microbial community structure of their gut contents, casts and burrow walls. On the other hand, earthworms can modify soil structural properties and thereby the transport of liquids and gases in soil. Moreover, in the presence of earthworms, the amounts of rhizodeposit carbon in the >2000 mm and 250–2000 mm soil aggregates in the NT soils were significantly higher than in those in the CT soil, and higher ¹³C signatures in the same size aggregates were observed in the NT soils than in the CT soil. These findings indicated that compared with the CT soils, with the involvement of earthworm activity, the NT soils promoted more rhizodeposit carbon transformation to the soil macroaggregates. To better understand the effects of soil fauna on soil GHGs, further studies will need to understand the effect of key soil fauna on the microorganism community and the determinants of their activities in different soil types, especially in the presence of plants.

东北典型温带森林土壤动物与碳循环关系探讨

张利敏

(哈尔滨师范大学地理科学学院, 哈尔滨 150080)

森林生态系统作为陆地生物圈的主体, 不仅本身维持着大量的碳库, 同时也维持着巨大的土壤碳库。本研究以生态系统碳循环为切入点, 采

用长期定位跟踪实测和室内培养实验相结合的方法，在东北林业大学帽儿山森林生态定位站，选择水热条件不同的温带森林生态系统，对土壤动物与碳循环的关系进行研究。研究表明：土壤动物数量及生物量的增加抑制了土壤呼吸速率，土壤动物可通过抑制微生物生命活动和降低根系呼吸从而对土壤总呼吸及异养呼吸产生负反馈作用；此外，土壤的碳源输入（地上凋落物输入与地下根系碳输入）数量及质量的改变会影响土壤生物活动，碳源输入的改变显著影响土壤线虫组成和多样性，土壤细菌群落的多样性及稳定性也受碳源输入方式影响较大，同时碳源输入方式的改变也引起了食细菌线虫的取食行为的变化。由此可知，通过对土壤动物与碳循环关系的研究，能够从生物学的角度分析土壤碳循环过程，探讨土壤动物在生态系统碳收支中的贡献，拓展对土壤动物与微生物群落相互作用的认识，进一步为温带森林碳循环及土壤微食物网的深入研究提供新的思路和支持数据。

横断山脉地区蚯蚓分类及分化与扩散研究

袁柱^{1,2}, 赵琦¹, 蒋际宝¹, 邱江平¹

(1 上海交通大学农业与生物学院, 上海 200240; 2 上海健康医学院, 上海 201318)

横断山脉位于我国云南四川两省西部和西藏东南部的交接地带，其复杂的南北纵向高山峡谷地貌、丰富的地理环境和多变的气候条件，促使该地区物种分化强烈，孕育着独特的生物区系，是全球生物多样性研究的热点地区之一。但到目前为止，对横断山脉地区土壤动物，尤其是蚯蚓的研究却很少。蚯蚓作为最重要最古老的土壤无脊椎动物类群之一，在生态系统中具有十分重要的功能，且其地理分布格局受古地理事件影响明显，已成为系统发生物地理学研究的理想模型。本研究系统调查采集了该地区 157 个采样点的蚯蚓样本，发现并命名了 64 个蚯蚓新物种。研究也发现横断山脉东北部高纬度地区蚯蚓物种丰富度最高，其次是南部低纬度地区。在垂直分布格局上，中高海拔地区物种丰富度最高。分

化时间估算分析结果显示，链胃蚓科与正蚓科、正蚓科与巨蚓科于三叠纪晚期分化开。印度板块与欧亚大陆板块的首次碰撞驱使巨蚓科蚯蚓在始新世晚期从横断山脉南部邻接西双版纳和缅甸的地方向北、向西扩散分化。通过生物地理学分析发现，该地区巨蚓科在新生代分化后可能经历了不同的演化历史，古地理事件（欧亚大陆碰撞等）在蚯蚓扩散分化过程中扮演着重要角色。而在种群水平，河流可能是影响该地区蚯蚓种群基因交流的主要地理隔离屏障。本研究对该地区生物资源评估和保护具有重要科学意义，也对今后进一步研究我国蚯蚓的起源演化和遗传多样性提供一定的理论数据和科学参考。

关键词：横断山脉；蚯蚓；系统发育；古地理事件；群体进化

河西走廊中部戈壁土壤动物多样性及其对气候变化的响应

刘继亮¹，巴义彬²

(1. 中国科学院西北生态环境资源研究院，临泽内陆河流域研究站 甘肃 兰州 730000; 2. 河北大学博物馆 河北 保定 071002)

戈壁是我国西北地区典型的荒漠类型，其面积占我国国土总面积的6.9%。甘肃河西走廊是我国戈壁的主要分布区之一，该区属于温性干旱极干旱戈壁，总面积约占河西走廊总面积的50%。蜘蛛、甲虫和蚂蚁是戈壁主要的大型土壤动物，螨类、跳虫、线虫及原生动物是主要的中小型土壤动物。红砂、泡泡刺和蚁丘是戈壁重要的微生境，它们对土壤动物也有明显的聚集作用，但这种作用受微气候变化调控并随着灌木种类不同而异，春夏季泡泡刺沙堆和红砂灌丛对拟步甲科等大型土壤动物有明显的聚集作用，秋季白刺收获蚁丘对跳虫有明显的聚集作用。蜘蛛、甲虫和蚂蚁等大型土壤动物活动存在明显的年季波动，蜘蛛月动态变化与温度有关，甲虫的月动态变化与降雨有关，蚁科昆虫的变化则与红砂和泡泡刺种子的数量变化有关。人工模拟降水变化对土壤动物的影响研究发现，降水增加50%和减少50%对大型土壤动物群落的影响较小，但

存在明显的年季变异。降水增多的 2019 年，降雨减少 50% 对红砂处理小区甲虫有负的影响，降雨增加 50% 则对泡泡刺处理小区甲虫有负的影响。此外，研究还发现，降雨增加 50% 提高红砂灌丛下和泡泡刺灌丛边缘的凋落物损失率。人工模拟捕食强度变化对土壤动物的影响研究发现，鸟类排除降低捕食强度对泡泡刺处理小区大型节肢动物有正的影响，这在降水增多的 2019 年表现尤为明显，说明降水驱动的资源上行效应提高了大型土壤动物的数量（拟步甲、象甲和波笨粪金龟），而捕食者的下行效应也随之增强，这也有利于维持荒漠生态系统的生物多样性。

Community assembly of Collembola in a wetland landscape matrix as inferred by phylogenetic and trait-based approaches

Ting-Wen Chen¹, Donghui Wu^{2,*}

1 Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, Institute of Soil Biology, České Budějovice; 2 Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences, Changchun

Human activities have largely transferred vegetations from natural habitats to crop systems in the past decades, resulting in decrease in biodiversity. The Honghe study site in Sanjiang Plain, northeastern China, represents a landscape matrix where natural wetlands have been transferred to arable fields and forest plantations. However, some natural forest islands remain scattering in the mosaic landscape and are likely to function as refugia for species to escape from anthropogenic disturbances. In this study we investigated diversity and communities of Collembola living in the four habitats: natural wetlands, arable fields, forest plantations and forest islands, thereby to trace how soil animals react to land-use change. We used phylogenetic and trait-based approaches to infer community assembly processes. We found that species richness and biodiversity were higher in wetlands but lower in arable fields. Community compositions of Collembola

differed among the four habitats. Trait-based analyses revealed specific patterns of communities and help to infer assembly processes. Communities exhibited phylogenetic overdispersion in arable fields and forest plantations, while those in wetlands and forest islands assembled randomly. Frequent dispersal, together with environmental selection against certain traits and phylogenetic lineages, are probably important processes that drive and maintain belowground biodiversity threatened by land-use changes in Anthropocene.

Local-scale soil nematode diversity in a subtropical forest depends on the phylogenetic and functional diversity of neighbor trees

Yingbin Li¹, Xiaofang Du¹, Xiaolin Su¹, Xu Han¹, Wenju Liang¹, Zhengwen Wang¹,
Helge Bruelheide^{2,3}, T. Martijn Bezemer^{4,5}, Qi Li^{1,*}

(1 CAS Key Laboratory of Forest Ecology Management, Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China; 2 Institute of Biology/Geobotany and Botanical Garden, Martin Luther University Halle- Wittenberg, Am Kirchtor 1, 06108 Halle (Saale), Germany; 3 German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv) Halle-Jena-Leipzig, Puschstr. 4, 04103, Leipzig, Germany; 4 Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW), Department of Terrestrial Ecology, P.O. Box 50, Wageningen 6700 AB, The Netherlands; 5 Institute of Biology, Above-Belowground Interactions group, Leiden University, P.O. Box 9505, 2300 RA Leiden, The Netherlands)

Diversity of plants usually increases the diversity of associated soil organisms, but the impact of neighbor tree diversity on soil taxonomic, phylogenetic and functional diversity at the individual tree scale (i.e. the soil community under one tree) has rarely been studied. It also remains unclear which facets of neighbor tree diversity have decisive impact on soil biodiversity. We collected and identified soil nematodes underneath 256 individual trees of 16 species at four species-richness levels in a large tree diversity experiment in southeast China. We analyzed how the taxonomic, phylogenetic and functional diversity of the nematode community were

influenced by neighbor tree diversity at the alpha and beta diversity level. Our analyses showed that nematode alpha diversity decreased with neighbor tree richness while beta diversity increased at both taxonomic, phylogenetic and functional levels, indicating that nematode diversity can change at the tree scale due to the diversity of the tree neighborhood. Secondly, we found that neighbor tree diversity promoted the dispersal of nematodes, resulting in the reduction of nematode community redundancy. Finally, our data revealed that the functional diversity of the neighbor tree community was the best predictor for the diversity of the local nematode community. This study demonstrates that the functional traits and phylogenetic relationships of neighbor trees play an important role in the community assembly of soil nematode communities at the individual tree scale. Moreover, our study emphasizes that there is a significant influence from neighboring trees, even though they are spaced at distances multitudes greater than the distance over which soil nematodes can move. Hence it is important to consider these broader spatial aspects when examining the drivers of soil community composition and functioning.

Keywords: alpha and beta diversity; BEF-China; functional traits; soil biodiversity, species richness, subtropical forest

亚热带森林植物多样性与土壤甲螨多样性研究*

陈燕南, 陈军

(中国科学院动物研究所, 北京 100101)

随着全球环境变化的不断加剧, 生物多样性丧失日益严重。了解生物多样性形成和维持机制, 有助于更好地研究生态系统功能。已有的关于动植物多样性关系研究多集中于地上动物, 特别是大型动物与植物多样性之间的关系, 而围绕个体数量多、物种丰富度高且分布广的土壤动物的研究则相对较少。近年来, 土壤生物群落在陆地生态系统中的作用

越来越引起人们的重视。甲螨作为土壤动物中分布最广、种类和数量最为丰富的类群之一，在土壤动物多样性组成中占据着重要地位。本项工作利用“中国亚热带森林生物多样性与生态系统功能实验基地 (BEF-China)”开展植物多样性与土壤甲螨多样性的研究，自 2019 年起，每年 4 月、6 月、9 月、12 月定期进行野外取样调查，初步结果显示：在亚热带森林中，土壤甲螨具有表聚性，0-10 cm 土层中甲螨个体数量约占总数量的 85%，并且包含样地中所有甲螨分类单元；在多样性动态变化中，12 月份甲螨的个体数量和物种数最多，但不同月份间甲螨的物种组成变化不大；在 1、2、4、8、16、24 种树的植物多样性梯度下，甲螨个体数量与树种多样性呈显著正相关，而甲螨物种丰富度与树种多样性相关性不显著。

关键词：亚热带森林；多样性；土壤甲螨；植物

增温氮沉降对川西亚高山森林土壤线虫的影响

周泓杨，潘开文，孙晓铭，Belayneh Azene，伍小刚，张萌，唐天文
(中国科学院成都生物研究所山地生态恢复与生物资源利用重点实验室、生态恢复与生物多样性保育四川省重点实验室，中国科学院大学)

全球变暖和氮沉降加剧对生态系统造成了深刻的影响，如何调控食物网关系，改变地下生态过程，保持生态系统健康稳定成为当前亟待解决的热点和难点问题。在川西亚高山森林生态系统中，关于土壤线虫及其对全球变化的响应目前还尚不十分清楚。本文在川西亚高山云杉人工林和天然林内开展增温氮沉降模拟实验，以探索全球变化对森林生态系统土壤线虫群落结构和功能的影响。结果表明：1) 增温处理显著增加天然林总线虫类群数、Shannon、Margalef 多样性指数而降低 Simpson 指数；与不施氮相比，低氮处理显著降低天然林总线虫个体密度、生物量和呼吸碳和代谢足迹，而生产量碳在高氮和低氮处理中均显著降低；在人工林中土壤总线虫个体密度、生物量和代谢足迹受氮沉降和增温的交互作

用的影响；2) 增温处理显著增加天然林中食细菌性、食真菌性的类群数及杂食性的个体密度和人工林中植食性类群数而降低人工林中食真菌性个体密度，天然林中杂食性类群数和食细菌性个体密度、人工林中食细菌性、植食性和捕食性个体密度受增温和氮沉降交互作用的影响；3) 增温处理显著增加天然林食细菌性、食真菌性和人工林植食性的 Shannon、Margalef 多样性指数而降低 Simpson 指数，天然林中食细菌性线虫 Pielou 多样性指数和杂食性多样性指数受增温和氮沉降交互作用的影响；4) 增温处理显著增加天然林中杂食性生物量和代谢足迹，人工林捕食性及两种森林中食细菌性和植食性线虫的生物量和代谢足迹受增温和氮沉降交互作用的影响。研究结果表明川西亚高山人工林和天然林土壤线虫群落对增温和氮沉降的响应不同，人工林不受氮沉降主效应的影响。

长白山区跳虫垂直分布格局及其驱动因子

谢致敬^{1,2}, 孙新^{3,*}, Lux Johannes², Chen Ting-Wen⁴, Potapov Mikhail⁵, 吴东辉^{1,*}, Scheu Stefan²

(1 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 长春 130102; 2 哥廷根大学, 哥廷根; 3 中国科学院城市环境研究所, 厦门 361021; 4 捷克科学院生物中心土壤生物所, 捷克布杰约维采; 5 莫斯科国立师范大学, 莫斯科)

山脉是生物多样性研究的热点地区，以往关于山脉的研究多集中于地上植物和脊椎动物，无脊椎动物相关的研究明显滞后。跳虫 (Collembola) 是土壤无脊椎动物的主要类群之一，在分解有机质、疏松和活化土壤过程中发挥着重要的作用。本研究以跳虫为研究对象，在长白山北坡自海拔 800 m 至 2,150 m 每隔 150 m 进行凋落物层和土壤层样品的采集，分析了土壤跳虫沿海拔梯度的分布格局，阐明了驱动跳虫群落组成和结构的环境因子和气候因子。本研究共获得跳虫 7,834 头，隶属于 12 科 84 种。跳虫物种丰富度沿海拔梯度的变化呈单峰型分布，但其密度沿海拔梯度的变化并不显著。与栖息地相关的环境因子（土壤层和凋落物层的碳/氮比、凋落物层碳含量）和气候因子（年平均降水量、季

节降水差异和平均昼夜温差)是驱动跳虫群落变化的主要因子。值得注意的是,气候因子比环境因子对跳虫群落组成的影响更大。结果表明山脉是研究地上和地下无脊椎动物生物多样性垂直分布格局及其物种共存机制的理想场所。同时该研究为长白山生物多样性的保护提供了重要的理论依据和数据支撑。

农田节肢动物不同取样方法的综合比较

段美春¹,覃如霞¹,张宏斌²,陈宝雄^{2*},金彬³,张松泊³,任少鹏⁴,金树权⁴,朱升海⁵,华家宁⁵,刘云慧⁶,宇振荣⁶

1. 西南大学农学与生物科技学院, 重庆 400715; 2. 农业农村部农业生态与资源保护总站, 北京 100125; 3. 宁波市农产品质量安全总站, 浙江宁波 315012; 4. 宁波市农业科学研究院, 浙江宁波 315040; 5. 宁波天胜农牧发展有限公司, 浙江宁波 315012; 6. 中国农业大学资源与环境学院, 北京 100193

农田节肢动物多样性具有病虫害控制、传粉等价值,选择一种或多种适宜、准确且高效的取样方法和指示类群来衡量农田节肢动物多样性是一项基础性工作。本文通过地表陷阱法、挂盆陷阱法、扫网法、目测计数法和吸虫器法在有机管理和常规管理农田区的不同农业生境类型中取样,比较不同方法对不同生物类群的捕获效率、经济成本、响应敏感性等。研究发现在捕获效率方面,地陷法和挂盆法最高,其次是扫网法,而吸虫器法和目测计数法较差。挂盆法对步甲、蜘蛛、蜂类和瓢虫类群的捕获效率较佳。陷阱法主要适用于蜘蛛和步甲的取样,扫网法也可用于蜘蛛和瓢虫的取样。在经济成本方面,地陷法的成本最低,扫网法的总成本最高。每种取样方法下仅有个别类群个体数量具有较好的响应敏感性,如地陷法的蜘蛛目个体数和步甲科个体数、挂盆法的总个体数、蜂类个体数和瓢虫科个体数、扫网法的直翅目个体数和半翅目个体数等。在此基础上,综合类群经济价值,操作难易,类群鉴定难度,被动取样程度,是否受取样人影响等比较发现:地陷法对步甲和蜘蛛的取样的综合效果最佳,而不同取样方法下多种类群的组合能更好地监测和评价农田节肢动物多

样性的整体情况。地陷法捕获步甲或/和蜘蛛以及挂盆法调查蜂类的组合是基于本研究得出的调查农田节肢动物多样性的最佳组合。

关键词: 节肢动物; 取样方法; 农田生物多样性; 农田生态系统; 农业昆虫

有机农场的农田生物多样性调查与评价

段美春¹, 覃如霞¹, 张宏斌², 陈宝雄^{2*}, 金彬³, 张松泊³, 任少鹏⁴, 金树权⁴, 朱升海⁵, 华家宁⁵, 刘云慧⁶, 宇振荣⁶

(1 西南大学农学与生物科技学院, 重庆 400715; 2 农业农村部农业生态与资源保护总站, 北京 100125; 3 宁波市农产品质量安全总站, 宁波 315012; 4 宁波市农业科学研究院, 宁波 315040; 5 宁波天胜农牧发展有限公司, 宁波 315012; 6 中国农业大学资源与环境学院, 北京 100193)

农田生物多样性是全球生物多样性的重要组成部分,也是农业可持续发展的基础,提供传粉、害虫控制等重要生态系统服务。有机农业作为一种可持续且对农田生物多样性友好的模式受到研究者的关注,但是在国内相对多类群、多生境的研究较少。本研究通过植物样方法、手拣法、夜间捕捉法、地表陷阱法、挂盆陷阱法、扫网法、目测法和吸虫器法在有机管理和常规管理农田区的不同农业生境类型中取样,比较不同管理措施在大棚菜地、果园、稻田田埂、露天田块及其周边的农田边界等五种不同生境类型下的土壤微生物、草本植物、蚯蚓、步甲、瓢虫、金龟子、蚜虫、蜘蛛、蜂类、蛙类等生物类群的多样性差异。研究发现,有机农业有助于提升生物多样性的假设在不同类群、不同多样性指数和不同生境间均存在差异。蜂类、蜘蛛和步甲比起其他类群、个体数比起物种数、果园、菜地比起大棚等生境对于有机管理的响应更为明显。综合5种生境的多样性均值来看,19个指数中12个显著证实有机农业有助于生物多样性,7个差异不显著,2个不支持。因此,虽然在不同类群、不同多样性指数、不同生境间存在差异,但总的来看有机农业有助于提升农田的生物多样性。

专题五 微生物多样性监测

基于 CForBio 大样地的森林土壤微生物多样性研究

郑勇

(福建师范大学, 福州 350117)

基于中国森林生物多样性监测网络平台(CForBio), 从分布在我国热带、亚热带及温带地区的 12 处森林大样地中, 采集了 240 份表层土壤样品。采用分子条码技术检测了土壤中细菌、总真菌、丛枝菌根(AM)真菌及外生菌根(EM)真菌的多样性与群落组成; 使用零模型和多元统计分析的方法分析了土壤细菌和三类真菌的群落构建模式及其影响因子。研究发现: 首先, 细菌的 α -多样性由低纬度到高纬度呈现先降低后增加、再降低的格局, 北纬 44 度的温带森林中 α -多样性最高; 细菌群落构建由确定性过程主导, 呈发散(趋异)格局; 细菌群落的 β -多样性主要受到土壤 pH、年平均降水(MAP)和年平均温度(MAT)影响。其次, 真菌的多样性主要受到当代环境(土壤和植物因子)影响; 其群落组成则同时受到古气候变化和当代环境的共同影响, 且古气候的影响在温带森林尤为显著。第三, 总真菌、AM 和 EM 真菌群落一致地呈现出显著性趋异模式, 且 EM 真菌群落趋异度更小; 局域尺度下, 真菌群落和植物群落的趋异程度无明显的关系。在大尺度纬度梯度下, 三种真菌群落在热带、亚热带和温带气候区呈现明显的差异性; 土壤真菌的 β -多样性与环境异质性显著正相关。本研究强调: (1) 在区域大尺度, 气候变化对土壤微生物多样性具有重要的影响; (2) 局域尺度下, 由于微生物群落构建具有强的趋异性, 将限制森林土壤微生物群落构建结果的可预测性。

森林叶际表生与内生真菌的群落及共生网络结构研究

姚慧

(中国科学院微生物研究所, 北京 100101)

植物-微生物相互作用在生物多样性的维持、群落构建以及生态系统

功能等方面具有重要的作用。作为微生物群落的重要组成部分，叶际真菌包括生活在叶片表面的表生真菌和生活在叶片组织内部的内生真菌。叶际表生和内生真菌具有丰富的生物多样性和重要的生态功能。然而，目前对表生和内生真菌在群落及共生网络结构等方面的差异还知之甚少。本研究采用 DNA 高通量测序技术研究了六种红树林植物的叶际表生和内生真菌在多样性、群落组成及共生网络结构等方面的差异。主要结果如下：

植物物种显著影响内生真菌的 OTU 丰度，但对表生真菌没有显著影响。表生和内生真菌的群落组成显著不同。植物物种显著影响表生和内生真菌的群落组成，并且对内生真菌群落组成的影响大于对表生真菌的影响。网络分析表明，表生和内生真菌的网络结构都表现出显著的高专一和高模块、低连接和反嵌套的特性。此外，与表生真菌网络相比，内生真菌网络具有更高的专一性和模块性，更低的连接性和更强的反嵌套性。

本研究揭示了宿主植物在叶际表生和内生真菌群落构建中的作用，在一定程度上为揭示叶际表生和内生真菌的多样性维持、群落稳定及生态系统功能提供了新的见解。

丛枝菌根真菌对灌溉和氮磷添加的响应

吕朋朋

(中国科学院微生物研究所, 北京 100101)

土壤的水肥条件是决定农作物产量的重要因素。丛枝菌根(arbuscular mycorrhiza, AM)真菌作为一类重要的功能性微生物,在植物的水分和营养吸收中起关键作用。本研究在中国科学院阜康荒漠生态站,通过水肥控制实验,开展玉米不同生长阶段 AM 真菌的侵染结构及群落组成对灌溉及氮、磷添加的响应研究。结果表明:

1)干旱显著降低了抽穗期 AM 真菌根外菌丝长度和成熟期 AM 真

菌根系感染率。成熟期干旱条件下，施氮和施氮磷显著降低了 AM 真菌的孢子密度，施磷显著提高了 AM 真菌根系感染率。

2) 高通量测序得到 66 个 AM 真菌可操作分类单元 (OTUs)。这些 OTU 经鉴定分属于球囊菌亚门的 8 个科，其中球囊霉科 (Glomeraceae) 为优势类群。干旱显著降低了拔节期土壤 AM 真菌多样性和成熟期根系 AM 真菌多样性。施氮和施磷对土壤和根系 AM 真菌多样性均无显著影响。

3) 根系和土壤 AM 真菌群落组成具有显著差异。玉米生长阶段对根系和土壤 AM 真菌群落组成影响显著，拔节期 AM 真菌群落组成与抽穗期和成熟期具有显著差异。土壤 AM 真菌群落组成主要受施肥影响，而根系 AM 真菌群落组成主要受干旱影响，且这种响应随着玉米生长发育阶段而变化。

松材线虫入侵背景下马尾松林土壤微生物多样性的监测与研究

郭静

(浙江大学生命科学院, 杭州 310058)

森林生态系统中土壤微生物与植物之间具有复杂的相互作用，且二者在生态系统调控上均发挥重要的功能。然而，森林群落特征对土壤微生物作用的具体过程仍不清楚。由于人为干扰严重，马尾松林是我国亚热带地区森林砍伐后次生演替的先锋群落，也是我国分布面积最大的松林类型。随着松材线虫病疫区的不断扩张，人工清理病死树对森林群落和土壤微生物的影响也亟需探明。以浙江省淳安县、遂昌县、泰顺县马尾松林为研究对象，共建立 49 个 900m^2 的不同马尾松优势度森林监测样地以及 37 个 900m^2 的松材线虫病感染后不同人工清理方式松林样地，通过调查地形、植物群落、土壤性质等，分析土壤微生物多样性，探究 (1) 不同马尾松优势度松林土壤细菌、真菌的主要生物、非生物影响因子，以及植物-土壤-微生物的具体作用过程；(2) 不同人工清理病死树的方

式对土壤微生物的影响。研究发现，除了木本植物群落组成差异对土壤微生物多样性有直接影响外，马尾松优势度、土壤总氮和 pH 值对细菌群落组成和多样性有显著影响；土壤真菌主要与植物群落组成相关，与地形、土壤性质等非生物因子相关性较弱。此外，对染病松林的初步分析发现，人工清理病死树后土壤真菌群落的变化大于细菌。研究结果将为森林经营和生态恢复实践提供科学依据。

关键词：马尾松优势度；土壤性质；细菌；真菌；松材线虫病；采伐

整合多类型变异的遗传多样性及在酿酒酵母中的应用

代艺

（中国科学院微生物研究所，北京 100101）

作为生物多样性的重要组成部分，遗传多样性是指一个物种内不同种群之间或一个种群内不同个体之间的可遗传的变异，包括了从染色体水平到分子水平的多种不同类型变异。本研究提出一种不需要序列比对也不需要参考基因组的新方法，用于识别多类型遗传变异并进行基于组学数据的遗传多样性分析和评估。该方法将基因组序列中的定长寡核苷酸片段（k-mer）作为遗传标记，通过比较不同菌株序列中 k-mer 的差异来鉴定各类遗传变异并表征遗传多样性。本研究利用一个包含 267 株酿酒酵母菌株基因组数据的已发布的数据集检验了这一方法。新方法得到的 NJ 树、种群结构的结果与基于 SNP 的分析结果基本一致。而主成分分析优于 SNP 的结果，表现为新方法在驯养菌株中将固体发酵类群与液体发酵类群明显分开。为更好地识别鉴定变异类型，我们通过组装序列片段计算群体内的遗传多样性，结果发现与基于 SNP 获得的遗传多样性强相关。同时，基于不同参考基因组计算遗传多样性存在波动，也强调了无参考方法的重要性。使用本方法很容易检测到酿酒酵母基因组中的插入/缺失，进一步分析发现了与酵母驯化存在密切关系的若干结构变异。

这一研究探讨了将不同种类变异的遗传多样性整合表征并分析的可能性，为没有参考基因组的物种的遗传多样性分析提供了思路。

Fungi are more specialized than bacteria in response to changes in plant communities in a temperate forest

Jingjing Xi¹, Yongzhong Ye¹, Zhiliang Yuan¹, Yun Chen^{1,2,3*}

(¹College of Life Sciences, Henan Agricultural University, No.63 Agricultural Road, Zhengzhou, 450002, China; ²Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China; ³Field Scientific Observation and Research Station of Forest Ecosystem in the North-South Transition Zone of Funiu Mountain, Zhengzhou, China)

Soil microbial communities play a crucial role in forest ecosystem functioning, but the distribution mechanism of microbes in response to changes in plant community types remains unknown. This represents an important knowledge gap because interaction of biomes between aboveground and belowground could have implications for their functioning and vulnerability to future disturbances. We characterized soil bacterial and fungal communities to determine their distribution patterns in 18 communities belonging to six community types in a temperate forest in China. Our results showed that (1) the distribution pattern of most soil microbes in different types of plant communities is not random but specialized in temperate forests; (2) different microbial species show different community preferences in different types of communities; (3) fungal species show higher specialization than bacterial species in different types of plant communities; (4) influencing factors considerably differ between bacterial and fungal communities in different types of plant communities, with light as the major driver for fungal community and soil physicochemical factor as the major driver for bacterial community. Our results provide new insight in the mechanism through which complex soil microbial communities respond to changes in plant communities

and predict the ability of aboveground and belowground communities to withstand future disturbances.

Key words: distribution mechanism, soil microbes, forest ecosystem, plant community, specialization

专题六 生物多样性监测新技术

(红外相机、录音机、无人机、Lidar 等)

使用树栖红外相机方法监测食果互动

斯幸峰

(华东师范大学生态与环境科学学院, 上海 200241)

红外相机技术近年来得到迅猛发展, 已被广泛应用于地面野生动物调查, 但是鲜有应用于树栖动物种间关系的研究。种间关系与生态系统服务功能密切相关, 如种子传播。迄今为止, 利用树栖红外相机(arboreal camera trapping)大规模同步监测食果互动关系的研究较少, 特别是在高度片段化的景观中。我们于 2019 年在千岛湖 22 个岛屿上累计置放了 318 台次树栖红外相机, 共收集到 200 多万份影像文件, 记录到 49 种食果鸟类和部分小型啮齿动物, 并首次记录到了白鹇白天在林层觅食的行为。我们的研究表明树栖红外相机方法作为一种非侵入式和高效的技术, 在未来的动植物互动研究中仍然有着较大的应用潜力。该方法有助于大范围、多物种、长时间地同步监测森林地表以上至林冠层的垂直生境, 从而有望实现种间关系的自动化监测。详见: <https://doi.org/10.1002/fee.2321> 和 <https://doi.org/10.1002/rse2.232>

红外相机在上海市野生狗獾种群监测中的应用

李必成 谢汉宾 张伟 王军馥 杨刚 张云飞

(上海自然博物馆(上海科技馆分馆), 上海 200041)

狗獾 *Meles meles* 是当前上海地区最大的陆生野生脊椎动物(土著物种), 曾经广泛分布。近二十年来随着上海城市化进程的不断加速, 适

合狗獾栖息的竹林、堤岸和山地等生境大范围减少，生存空间愈加狭窄，野生狗獾种群数量急剧下降。为深入了解当前上海地区野生狗獾种群生存现状，研究人员在狗獾分布集中的区域应用红外相机开展了为期一年的野外监测，同时针对性开展巢穴选择的栖息地特征分析，共记录到记录有效照片数量 12000 余张，有效视频 400 余段。结果表明（1）现有种群数量仅 12 只左右，为 2 个家族；（2）一般巢址多偏好在排水性能好易于挖掘的土堆上建巢，分布地的植被覆盖类型主要为纯竹林或少量乔木、灌木和草本的混交竹林，且植物郁闭度较高。在对周边环境进一步调查并分析后发现，周边环境成孤岛状，对野生狗獾种群的生存维系存在较大的压力。

适宜栖息地大范围减少和破碎化是导致狗獾种群数量减少的主要原因。因此，更大面积适宜栖息地的保护和构建将是上海地区野生狗獾种群得以维持稳定和壮大的重中之重。建议在现有狗獾分布的栖息地周边新建一块区域，拓展面积，同时经过植被、土丘、水流等改造后用于创造适用于狗獾生存的栖息地，以便于狗獾种群的自然繁衍壮大。

关键词：狗獾 *Meles meles*；红外相机监测；种群；巢穴选择；栖息地片段化

Image Filtering and Labelling Assistant (IFLA): Expediting the analysis of data obtained from camera traps

Jiangning Wang^{1,3}, Tianyu Xi^{1,2,3}, Huijie Qiao¹, Congtian Lin^{1,2,3}, Liqiang Ji^{*1,3}

(1 Zoological Institute, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, P.R. China; 2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, P.R. China; 3 National Basic Science Data Center, Beijing 100190, P.R. China)

Field monitoring projects consistently generate a large volume of captured images. Biology/ecology researchers must sift out the useful images (i.e., those that contain animals) and use their expertise to label them prior to analysis, which is a laborious task when performed manually. In this study,

we developed an Image Filtering and Labelling Assistant (IFLA) system to expedite the most time-consuming portion of this process. This system supplies object-marked images to help researchers identify and label those that are useful. Initial evaluations showed that IFLA is more exact than manual methods. We also implemented an automated method for image selection and labelling, though its stability needs improvement. Tests show that IFLA can help volunteers save 30% of their time and is 30% accurate in labelling images.

Keywords: Camera traps; CForBio; biodiversity monitoring; image processing; empty image

大熊猫国家公园野生动物红外相机监测现状

田佳¹, 朱淑怡¹, 张晓峰², 何礼文³, 古晓东⁴, 官天培⁵, 李晟¹

(1 北京大学生命科学学院&生态研究中心, 北京 100871; 2 陕西省林业局, 陕西西安 710082; 3 甘肃白水江国家级自然保护区, 甘肃陇南 746400; 4 四川省林业与草原局, 四川成都 610081; 5 西南民族大学青藏高原研究院, 四川成都 610225)

大熊猫国家公园是我国首批 10 个国家公园体制试点之一。为了解大熊猫国家公园试点范围内的红外相机监测现状以及兽类与鸟类多样性本底, 本研究系统检索了该区域内 2005–2020 年基于红外相机调查技术的野生动物研究论文、项目报告以及新闻报道, 并对区内原有保护地的红外相机监测历史与结果进行了问卷调查。结果表明, 2005–2020 年期间, 红外相机调查与监测覆盖到了大熊猫国家公园试点范围内的 84 个原有保护地中的 51 个, 共记录到分属 6 目 22 科 55 属的 71 种野生兽类与分属 13 目 45 科 134 属的 240 种野生鸟类物种。在国家公园所覆盖的秦岭、岷山、邛崃山、相岭 4 大山系中, 邛崃山和岷山记录到的地栖大中型鸟兽物种多样性最高, 相岭最低。单个保护地中记录到的物种数量与保护地面积、红外相机有效工作日及相机位点的海拔跨度均呈正相关, 国家级保护地中记录到的物种数显著高于省级保护地。共记录到猫科与犬科的 4 种大型

食肉动物(豹、雪豹、狼、豺),主要来自秦岭和邛崃山系。本研究结果显示,大熊猫国家公园范围内前期已经建立起的自然保护地网络与红外相机监测体系,已积累大量区内野生兽类与鸟类的基础数据,为国家公园的试点与建设提供了生物多样性编目与监测方面的可靠本底。在这些前期工作的基础上,大熊猫国家公园应进一步规划、建设完整和标准化的野生动物监测体系,为今后国家公园的管理决策、成效评估提供坚实的科学支撑。

关键词: 自然保护地体系; 生物多样性编目; 野生动物监测; 红外相机网络; 大型食肉动物; 保护地管理

环境 DNA 技术在水生生物多样性研究及生态评估中的应用

姚蒙 1,2* 张姗 1,2

(1 北京大学生态研究中心, 北京, 100871; 2 北京大学生命科学学院, 北京, 100871;

全球生物多样性的快速丧失极大地影响着生态系统的稳定与功能, 危及人类社会的可持续发展, 亟需采取迅速科学有效的措施减缓这一趋势。水生生物多样性的下降尤为严重, 但由于传统观测手段的局限, 人们对其水生物种构成、群落结构、种群动态等了解十分有限。环境 DNA (eDNA) 技术是近年来在生物多样性检测领域快速发展的新兴方法, 它通过检测环境样品中的 DNA 获得生物多样性信息, 是一种非损伤性、灵敏、高效的水生生物调查方法, 尤其适用于调查稀有或难以观测及捕获的物种。由于该技术发展时间尚短, 仍存在诸多需要深入探究及有待持续优化的技术问题。本研究以淡水鱼类为研究对象, 从通用引物、采样方法、分析流程等多方面进行了系统研究, 为准确全面地检测鱼类物种多样性提供可靠技术路线。基于以上研究基础, 我们开展了对覆盖北京地区多种水体类型和城市化梯度的广泛采样分析。对 109 个采样点的鱼类 eDNA 数据分析显示, 该地区整体物种多样性较高 (75 种), 但外来

引入物种占比较高（31%）；动水和静水类型的鱼类多样性存在差异；鱼类多样性受到环境因素尤其是水质和距城市中心距离的影响，而本地和外来物种对环境因素的响应模式存在差异。本研究结果显示了 eDNA 方法在城市水生生物调查中的巨大潜力，并为管理不同类型的城市水体和保护本地鱼类多样性提供了重要科学信息。

基于鸟类遥测和环境遥感监测的信息挖掘

伊坤朋

（中国科学院生态环境研究中心城市与区域生态国家重点实验室）

科学技术的快速创新，极大地推动着科学研究的发展。鸟类遥测技术的显著进步和普及，为人类更好的了解动物运动行为提供了良机。以鸟类为例，传统的鸟类学研究依赖于定点调查、环志标记、无线电遥测、雷达监测、光敏定位等手段。这些鸟类观测手段局限于区域尺度和定位精度等方面限制，如定点调查缺少空间信息，不能解释迁徙问题；环志标记的方法无法刻画鸟的迁徙轨迹；雷达监测不受天气影响，但无法识别鸟种，只能监测 50 公里范围内的局地性大体型鸟类；光敏定位手段进步很多，可以近似解释鸟类的迁徙轨迹，但定位的误差往往在几百公里左右，其精度无法描述鸟类的局地活动或日活动特征。当前的 GPS 鸟类遥测设备的空间定位误差精度进入到亚米级，时间频率最高可实现 30 秒定位一次，太阳充电技术大幅提升，定位产品设计低功耗能力大幅提升，这些技术进步使得鸟类遥测设备的向高精度化和轻量化发展。当前鸟类 GPS 追踪设备重量能够控制在 5g 至 30g 范围内，能够追踪 0.5kg 以上的大体型鸟类。高性能 GPS 追踪设备在鸟类学研究中的广泛应用，使得鸟类学研究从环志标记的离散定点观测模式进入到了连续轨迹追踪的大数据时代。通过对鸟类遥测鸟类 GPS 时空序列位置数据的获取分析，反演提取鸟类活动规律与行为特征，包括鸟类的年活动规律（如迁徙行为）、日活动规律（如归巢行为、繁殖行为等），实现对鸟类的静止状

态、飞行状态、觅食状态等运动行为特征的判断。鸟类的运动行为在时间和空间上，与自然环境条件具有高度相关性。不同尺度（空间分辨率）的遥感数据是获取鸟类迁徙廊道和栖息地选择偏好特征的有效手段。通过多源遥感数据和鸟类的时空位置数据的综合比对分析，从数据中能够挖掘出新的信息，更好地解释鸟类的行为与生境条件和气候气象环境信息之间的关联规则，获得不同鸟类的栖息地偏好类型、家域范围，在计算保护比例的基础上，识别鸟类保护空缺，鉴别具有重要保护价值的生物多样性富集区和关键水禽栖息地，对区域鸟类栖息地保护网络体系做出战略性、合理的规划和调整，进而丰富鸟类栖息地保护和营建理论，探究人与鸟和谐共存机制，助力生物多样性保护，实现区域可持续发展。

关键词：轨迹数据；时空数据分析；觅食；栖息地；迁徙

基于公众参与的城乡草本植物监测实践探索——以上海市乡土草本植物多样性监测研究为例¹

杨博^{1,3,6}，郭陶然^{2,3,6}，郑思俊^{1,6}，吴奕晨^{5,6}，常铭阳^{5,6}，徐洲锋*⁴

（1.上海市园林科学规划研究院；2.上海城市荒野工作室；3.自然资源部大都市区国土空间生态修复工程技术创新中心；4.中科院昆明植物研究所；5.华东师范大学；6.都市绿色生境研究志愿者）

草本植物是城乡生态系统的底层基础，是开展城乡生态修复无法回避的重要环节。草本植物监测难、成本高，传统监测技术在草本监测方面存在技术短板。草本植物个体较小、易受乔灌木遮挡，传统遥感技术难以分辨其种类；草本植物分布极广，开展样方调查的人力成本高、耗时长；草本植物生长周期较短，形成动态可持续监测数据的成本极高，亟待开发快速、高效、低成本、可持续性强的监测技术。本研究在草本监测领域创新应用公众参与与科学研究方法，基于手机智能植物识别 APP 生命观察（Biotracks），依托上海公民科学志愿者组织（都市绿色生境

¹ 本课题由自然资源部大都市区国土空间生态修复工程技术创新中心开放课题“上海典型人居环境植被生境大数据信息共享平台构建关键技术研究”支撑（项目编号：CXZX202002）

研究志愿者），开展了上海全市范围的草本植物监测工作。通过监测实践，总结了该监测方法的优势与不足，对草本植物监测操作规范性要求、准确性瓶颈等进行了深入剖析。通过数理统计分析，论证了本文所获得监测数据的统计学可靠性，结合草本监测研究文献对比分析，剖析了本文监测方法与样方监测方法在应用场景、空间抽样、监测效率等方面的异同。通过将本文草本监测数据与上海市地理空间数据相结合，分析得出上海市乡土草本植物的城乡梯度特征，从植株高度方面揭示了城市化进程中乡土草本植物群落演替的总体趋势，体现出本文监测方法在城乡生态修复领域的巨大应用潜力。总结提出开展乡土草本生态修复的总体策略与技术要点、未来提升草本植物监测方法的优化建议，本研究对开展城乡生态修复研究与实践具有积极的促进作用。

关键词：公众参与科研；草本植物监测；乡土草本植物；生物多样性；上海

几种重要海洋鱼类资源的环境 DNA 监测研究

张浩博¹，王晓艳¹，吕国庆²，高天翔³

(1 国家海洋设施养殖工程技术研究中心，浙江海洋大学，浙江舟山，316004；2 生物系，内布拉斯加大学奥马哈分校，美国 奥马哈，68182；3 水产学院，浙江海洋大学，浙江 舟山，316004)

物种分布监测和生物量评估对于渔业管理和资源养护至关重要。近年来，环境 DNA (environmental DNA, eDNA) 技术已被广泛应用于水生生物监测。我国拥有丰富的海洋渔业资源，但是由于过度捕捞和生境恶化，一些重要海洋鱼类资源严重枯竭。本研究采用环境 DNA 方法，对东海区大黄鱼 (*Larimichthys crocea*)、小黄鱼 (*L. polyactis*) 和黑鲷 (*Acanthopagrus schlegelii*) 的空间分布和相对生物量进行了监测。结果表明不同鱼类对栖息环境的偏好性不同。大黄鱼在水平分布上有显著性差异 ($p < 0.05$)，显示出大黄鱼有很强的生境选择性；在垂直分布上，大黄鱼的环境 DNA 主要集中在 40m 左右水深和底部。小黄鱼环境 DNA 浓

度在各站位之间和不同水层之间均有显著差异 ($p < 0.05$), 表明小黄鱼有较强的区域分布和水层偏好。黑鲷环境 DNA 主要集中大沙渔场、长江口渔场和舟山渔场附近, 其垂直分布主要集中于 30 至 40m 水深处。此外, 分析了各个鱼种环境 DNA 浓度与环境变量之间的相关性, 建立了基于环境变量的环境 DNA 多元线性回归模型, 其结果可为渔业资源提供指导。本研究证实了环境 DNA 方法在重要海水鱼类资源大规模监测方面的优越性, 同时也提示垂直采样对于不同生态习性物种监测的必要性。本研究将有助于今后海洋渔业资源的长期监测和评估。

环境 DNA metabarcoding 技术在鱼类多样性监测中的应用问题

高天翔¹, 陈治², 张浩博¹, 陈建威³, 刘珊珊³

(1 国家海洋设施养殖工程技术研究中心, 浙江海洋大学, 浙江舟山, 316004; 2 海南热带海洋学院水产与生命学院, 海南 三亚, 572022; 3 青岛华大基因研究院, 山东 青岛, 266555)

水生生物是全球生物多样性的重要组成部分, 准确掌握水生生物在水体环境中的生物量及其时空分布是开展水生生物物种多样性保护的基本前提和重要基础。历经近二十年的发展, 环境 DNA (eDNA) 分析技术已成为生物资源调查研究的重要手段, 但国内针对海洋鱼类多样性的调查研究尚刚刚起步。浙江近海 eDNA 和拖网调查结果显示, eDNA 共检测出 152 种鱼类, 但拖网渔获物仅有 75 种, 前者检出物种数是后者的 2.03 倍; eDNA 检出到一些新记录种, 以及热带、亚热带、冷水性及深海种类; 但有 14 种鱼类仅为拖网渔获, eDNA 并没有检出。这两种调查方式在定量分析结果上也存在较大差异。综合以上分析结果, 我们认为 12S rRNA metabarcoding 在海洋鱼类鉴定准确性方面有待进一步提高, 建议避免夸大 eDNA 分析在渔业监测中的应用, 特别需要解决污染造成的假阳性这个关键问题。

一款高效物种多样性调查软件介绍

胡理乐

(国家林业和草原局调查规划设计院, 北京)

准确获取物种多样性类群、分布、数量及其变化等基础数据是生物多样性有效保护的关键。然而, 传统的物种多样性调查是一项艰巨的任务, 耗时费力, 极其依赖专业人员, 因此, 物种多样性调查需要高效的调查工具。本报告介绍一款物种多样性调查与分析系统, 可有效提高调查效率、降低调查工作对专业知识的依赖、可以快速获得数据并对数据进行统计分析, 计算生物多样性指数等, 此外, 还可以对调查工作进行监管, 以保证数据的质量。

专题七 生物多样性监测数据管理、存储与共享

孙军

(中国地质大学(武汉), 武汉 430074)

本研究依托国家基金委在印度洋、西太平洋和中国边缘海的开放共享航次, 结合调查海区特有的特征海洋学过程进行与“碳中和”相关的海洋浮游/底栖生物多样性、食物网结构、基础生产和碳汇途径等生物地球化学研究, 加深对上层水体生物生产和向下输出的生物泵过程理解, 为更好地解决中国 CO₂ 排放与中国海生物碳汇效率等基础问题提供科学依据。本课题组拥有超过 60 人的团队研究规模, 采用专门的科研管理人员储存保留海上生物多样性采样阶段和生物测定阶段的电子及纸质原始资料和汇编资料, 海洋生物多样性数据保存在 MySQL 数据库中, 通过建立统一的数据结构, 保证数据独立和完整, 减少数据冗余情况发生, 且数据库对数据统一控制, 满足安全性的同时便于对数据进行补充和修改, 实现长期存放的需求。此外, 我们建立了超过 30 种的近海及大洋生物藻种库, 并结合多种显微技术和分子生物学技术, 应用内部研发的应用程序, 创建了海洋所获样品的生物多样性图谱。

海洋生物多样性数据处理与管理

黄海燕

(国家海洋信息中心, 北京 100830)

海洋生态预警监测是自然资源部的一项业务化工作, 海洋生物多样性监测是其中一项重要的内容, 通过布设业务化监测站位, 每年定期监测生物多样性状况, 获得大量的生物种类、地理分布数据。本课题组一直从事海洋生物多样性数据的处理与管理, 研发了一套资料处理和管理技术方法和配套软件。本报告将简要介绍海洋生物多样性业务化监测获取的数据内容, 处理与质控的技术方法、统计与分析产品制作, 数据库和平台建设等方面的内容。

亚洲生物多样性监测与数据共享

许哲平

(中科院文献情报中心, 北京 100190)

通过网络资源分析和文献计量分析的方法, 介绍当前亚洲地区的生物多样性监测和数据共享情况, 并进一步对其监测的技术方法、重点专题、重点类群等进行分析, 总结其特点, 为我国的相关工作提供参考。

CERN 生物多样性长期监测数据管理、存储与共享

郭学兵¹, 何洪林¹, 宋创业²

(1 中国科学院地理科学与资源研究所, 北京 100101; 2. 中国科学院植物研究所, 北京 100093)

本报告介绍了中国生态系统研究网络(CERN)及其有关中国典型生态系统生物多样性的长期联网监测的概况, 以及监测数据全生命周期管理与共享的方法和技术。具体包括: (1) 多种类型生态系统(包括森林、草地、荒漠、沼泽、湖泊、海湾等)监测指标数据的内容, 有关 CERN 野外站和 CERN 数据中心的数据存储、质量控制、数据汇交等方面的方法和技术, 以及从“统一监测”、“统一数据管理”到“统一产品管理”的不断深入发展的数据管理方式, (2) 以元数据标准为核心的相关数据标准规范建设情况, (3) 基于产品化思想和数据产品标准规范的、面向数据出版的数据共享服务方式, (4) 支撑数据全生命周期管理与共享的信

息系统的建设，特别介绍了“国家生态科学数据中心数据在线共享服务系统”的主要内容及其使用方法。(5)最后介绍了 CERN 生物多样性长期监测数据的一些数据产品及其相关分析案例。本报告可为数据管理者存储管理生物多样性数据、数据使用者访问、使用、分析 CERN 生物多样性长期监测数据提供有益借鉴和参考。

大监测的概念与应用

李迪强¹, 王秀磊¹, 吴劲松²

(1 中国林业科学研究院森林生态环境与保护研究所, 北京 100091; 2 中国林产工业有限公司, 北京 100029)

生物资源监测包括不可分割的两部分, 一是结构化监测, 二是非结构化监测, 两者互相补充、互相促进。非结构化监测(亦称大数据监测)指: 在大尺度时空确定 5000 个监测网格(2261 处国家级保护地和 2843 个县级行政区), 组织全国生物分类学人才参与常规监测, 拍摄动物、植物或菌物, 制作数字标本, 上传到监测平台, 建设全国数字标本资源库。

生物标本包括不可分割的两部分, 一是实物标本, 二是数字标本。实物标本是死亡生物的原形保存, 而数字标本是活体生物的数字记录。实物标本提取生物的历史信息, 而数字标本提取生物的现实信息。数字标本是实物标本的必要补充, 与实物标本一道, 构成完整的生物标本。

通过采集数字标本进行大数据监测, 生态文明意义是: 建设生态守护工作平台, 帮助保护地和区县, 在没有预算的情形下履行生物资源监测职责, 实施三个行动, 一是认识动植物行动, 二是家底清楚行动, 三是物种互联行动。

通过采集数字标本进行大数据监测, 科学研究意义是: 保护地和区县动植物信息, 存储于国家林草局数据库, 展示于局办公大楼 113 房间生态感知大屏, 参与建设数字标本馆, 与动物标本馆、植物标本馆鼎足而立, 成为生物研究的基石(特别是动植物分类研究), 即三个生物资源数据库, 国家动物标本资源库、国家植物标本资源库和国家数字标本资源库。

关键词: 监测; 大数据; 数字标本; 生态守护; 动植物分类研究

生物多样性监测数据全生命周期管理系统

曹乃勋

(中国科学院地理科学与资源研究所, 国家生态科学数据中心)

本报告题目主要针对尖峰岭生物多样性研究现状和进展的信息化需求产生对应的解决方案。共包括五个部分, 如下:

1. 介绍尖峰岭站生物多样性研究现状和进展。尖峰岭站是中国仅有的两个热带雨林国家级生态站之一, 具有良好的区委代表性和科学意义。其主要研究对象为热带雨林生态系统, 具有生物多样性监测研究平台和地下生态学研究平台。尖峰岭站有丰富的动物、植物物种。生物多样性研究在理论方法、植被恢复效果、优先保护区域、解释物种共存机制、技术成果应用以及新物种的发现方面取得很多突破。
2. 针对尖峰岭生物多样性研究需求的产品定位。产品定位于为生物多样性研究监测数据提供全生命周期管理。将数据管理由烟囱式管理转为平台式管理。为数据的质量控制提供更有效率的手段, 为数据的存储提供更安全的存储方案, 让数据分享更高效、分享成本更低。
3. 信息化需求分析。针对尖峰岭站生物多样性研究的现状进行分析, 获取不同角色的需求, 以及能通过信息化手段去解决的问题。
4. 信息化系统框架介绍。针对分析得出的需求, 以满足需求为标准, 设计除对应的产品框架及产品体系。从而实现数据获取多样化、流程可控化、数据可视化、系统智能化以及业务模块化。
5. 系统展品展示。针对需求, 研发出了对应的产品, 包括数据采集系统, 数据存储、展示、检索、下载系统, 数据质控系统, 数据可视化系统等。以及对相关产品落地使用后的相关对比。

鼎湖山站生物多样性监测数据管理、存储与共享*

李跃林, 张倩媚, 刘世忠

(中国科学院华南植物园鼎湖山森林生态系统定位研究站, 广州, 510650)

森林生态系统生物多样性监测体系构建对研究森林生态系统结构、功能有重要意义。鼎湖山站自 1978 年建站以来, 以我国第一个国家级自然保护区为研究对象, 开展了长期的生物多样性监测工作。近 40 年来以月、年、5 年及 10 年不同时间尺度, 鼎湖山站开展了生物多样性监测, 生物监测指标含有: 永久样地每木调查; 乔木树种更新; 乔、灌、草各层叶面积指数; 优势乔、灌、草物候监测; 森林植物群落层间藤本和附寄生植物; 凋落物回收量与现存量; 优势植物和凋落物的矿质元素含量与能值; 土壤微生物碳、氮; 大型野生动物、大型土壤动物、鸟类种类与数量等。采用中国生态系统研究网络 (CERN) 规范的监测方法, 记录或分析生物多样性相关数据, 通过数据采集人-专业质控-数据管理员的三级质控数据上交到 CERN 生物分中心, 再汇总到综合中心。台站内部进行每年数据的存储整合、监测数据分表上网共享, 另外还通过撰写数据论文、出版数据集、数据产品研发并发布等方式, 服务于各类科学研究。2018 年鼎湖山站率先研发了数据自动采集与存储-综合管理系统, 取得了良好的应用效果, 将继续加强数据服务与共享功能。总之, 鼎湖山站作为 CERN 和国家生态系统观测研究网络 (CNERN) 的优秀台站在生物多样性监测数据管理、存储与共享积累了一定经验, 但仍然存在不足, 加强生物多样性监测网络各台站的信息共享, 将促进我们今后的工作。

关键词: 鼎湖山; 生物多样性监测; 数据管理与服务

专题八 南岭生物多样性研究

从群落学视角研究野生鸟类疾病

邹发生

广东省科学院动物研究所, 广州 510260

疾病是影响人口增长的重要因素, 尤其是突发性疾病还影响着社会稳定与经济的发展, 至 2021 年 9 月 17 日止, 新冠病毒造成全球 2 亿多人感染、400 多万人死亡。同理, 疾病也是野生动物研究与管理必须重视

的一个问题。对于一个封闭的系统来讲，种群数量受迁入、迁出、出生和死亡四个参数的影响。显然在 4 个因素中，死亡的数据是非常缺乏的，死亡对种群的影响研究不多。

在野生动物中，疾病造成物种数量减少、甚至使物种灭绝。如鸟疟疾使夏威夷绿雀 (*Chlorodrepanis virens*) 的种群数量下降了 7~14%，壶菌 (*Batrachochytrium dendrobatidis*) 使全球大约 100 种两栖类灭绝。显然在野外鸟类是否得病受许多因素影响，既有自身生长发育状况，也受种间关系影响，但疾病显然是一个重要因素。目前在野生动物疾病中的一个普遍受关注的理论是疾病的稀释效应 (*Dilution Effect*)，但该效应也受到不同研究的挑战。自然界中往往是多个宿主和多种疾病共存，有研究认为寄生虫的数量和感染率依赖宿主群落的组成，群落结构影响寄生传播与病变。所以，宿主与寄生或感染间的关系非常复杂。在此，汇报我们团队近年来对鸟类感染血液寄生虫和病毒的研究结果。

从血液寄生虫的感染看：从湖南、广东、海南和云南等 7 个地点采集鸟类血液样本，对 124 种、728 只鸟类感染血液疟原虫、血变虫的感染进行分析，发现疟原虫的感染率为 7.8%、血变虫的感染率为 22.0%。疟原虫的感染率存在种间差异，黑头奇鹇具有较高的感染率；血变虫在鸟种科间具有显著性差异，在花蜜鸟科，鹎科和鹡科鸟类中感染率较高。两种血液寄生虫在不同的采样地感染率不同，但与宿主鸟类的丰度和多度没有显著相关。从病毒的感染看：样本取自南岭山脉 5 个国家级自然保护区的 110 种 794 只鸟类，提取核酸，用 PCR 检测常见鸟类 RNA 病毒。结果发现在野生鸟类中感染新城疫病毒 (NDV) 最高，其次是传染性法氏囊病病毒 (IBDV) 和新冠病毒 (COV)，而传染性支气管炎病毒 (IBV)、禽白血病 J 亚群病毒 (ALV-J)、轮状病毒 (Rotavirus) 和传染性喉气管炎病毒 (ILT) 感染率较低，感染禽流感 (AIV) 病毒最低。我们的研究暗示着，疾病是鸟类多样性组成与结构的驱动力，影响着鸟类的组成与结构。

Diversity of Diaporphes: species-rich or genetically diverse

Ishara S. Manawasinghe

(Innovative Institute for Plant Health, Zhongkai University of Agriculture and

Engineering, Guangzhou 510225, P.R. China)

Fungi are ubiquitous. They live as endophytes, pathogens as saprobes on a wide range of hosts. Micro fungi as plant pathogens are one of the highly studied areas in mycology with over 1000 publications per year. Among them, most of the diseases are associated with opportunistic fungal pathogens. It is supposed that these groups of fungi can cause disease when plants undergo certain environmental stress conditions. *Diaporthe* is one of the well-known phytopathogenic genera known as opportunistic fungal pathogens. *Diaporthe* species are well-known pathogens on economically important crops and woody hosts. These diseases were previously known as “Phomopsis diseases” and are widely associated with blights, cankers, diebacks, melanose, and stem-end rots. Up until now, there are 1152 species epithets are available for *Diaporthe* is Index Fungorum. However, over 300 species are accepted with molecular data. Only in 2021, there are 27 new species introduced to this genus. Species delineation in this genus is based on multi loci molecular phylogeny as most of the morphological characters are overlapping. Thus, *Diaporthe* are known as cryptic species. What are exactly curies in here is whether this genus is highly diverse? Are these introduced species are exactly new species? Are we introducing genotypes to new species? It has been noted that several studies have ignored the fact that *Diaporthe* eres is polyphyletic and thus it led to introduce *Diaporthe* eres strains to new species. Moreover, these taxonomic misleading are mostly due to poor taxon sampling. However, *Diaporthe* species are genetically diverse, and they might even have population subdivision based on the climatic conditions and host. These facts are remained to be studied.

南岭植物多样性与标本整理

李世晋

(中科院华南植物园, 广州 510650)

回顾南岭植物多样性部分相关文献, 如对报春苣苔属的物种形成研究等, 展示南岭植物科学研究价值。通过对南岭地区标本馆馆藏标本的统计、整理, 最后对南岭地区的标本采集提出建议。具体结合黄檀属滇黔黄檀标本鉴定问题, 以及云实属个别物种鉴定问题, 探讨馆藏标本准

确鉴定，对将来标本馆标本采集工作提出建议。

南岭森林群落 β 多样性格局及其驱动因素

徐卫

(广东省科学院广州地理研究所, 广州 510070)

南岭山地作为国际意义上的陆地生物多样性关键地区之一, 研究南岭山地群落物种组成和树木多样性随海拔梯度的分布格局, 对南岭生物多样性保护工作提供依据。以南岭国家级自然保护区植物群落为研究对象, 分析海拔跨度 400–1700 m 内植被物种多样性分布格局及影响因素。根据调查样地的地理坐标和环境因子数据, 利用广义相异性模型(GDM)探讨了不同生活型植物(乔木、灌木和草本) β 多样性格局与环境因子(空间距离、海拔及不同深度土壤元素)的关系, 并利用 Mantel 检验确定 β 多样性不同成分(周转和嵌套)与环境因子的关系。GDM 分析结果表明: 0-20cm 土壤环境中, 乔木 β 多样性的主要限制因素是土壤营养元素及土壤铅含量, 而灌木和草本 β 多样性的主要影响因子是土壤微量元素和重金属含量。20-60cm 土壤深度中, 乔木 β 多样性的主要限制因素是土壤有效磷和微量元素, 而灌木 β 多样性的主要影响因子是地理距离、土壤速效氮, 草本 β 多样性的主要受土壤微量元素和重金属含量的影响。南岭森林群落乔木、灌木和草本植物的 β 多样性均以周转成分为主。Mantel 检验结果表明: 环境因子对乔木、灌木和草本 β 多样性周转组分影响极显著, 对草本植物的嵌套组分影响显著, 对乔木和灌木的周转影响不显著。生境过滤和扩散限制共同影响着南岭森林群落的植物多样性格局。

关键词: 南岭; β 多样性; 广义相异性模型; 环境因子

黑石顶自然保护区不同演替阶段土壤种子库动态变化研究摘要

林嘉颖

(华南农业大学, 广州)

土壤种子库是指存在于土壤上层凋落物和土壤内的所有具有萌发活性的种子总和, 种子作为个体发育的初始阶段, 在植物生活史里起着重要作用, 在个体繁殖、种群扩展、种群遇到人为或天灾损坏后的恢复和抵

御逆境有着重要意义。为探究土壤种子库在群落演替过程中的差异与变化，本研究以空间代替时间的方法，将不同演替阶段的土壤种子库构成演替发展过程，同时研究种子库的季节动态。为了研究林上植被和幼苗库与种子库的关系，对不同演替阶段的样地进行立木调查与幼苗调查。通过样地调查与土壤种子库研究得出以下结论：

1.森林不同演替阶段土壤种子库的种子密度存在动态变化，种子密度受取样时间影响。草本植物在种子库的物种组成占比最大。演替前期、中期群落种子库受时间影响大，演替后期群落种子库受时间影响不大。土壤种子库多样性特征存在动态变化。

2.不同演替阶段土壤种子库垂直分布格局存在差异和动态变化。

3.不同演替时期土壤种子库之间相似性较大，土壤种子库对植物演替起一定推动作用，在不同演替阶段种子库中存在着演替至下一个阶段群落的优势种种子。

4.不同演替阶段土壤种子库与幼苗库相似度较低。幼苗库之间存在差异，组成上更相似的林型幼苗库间相似性更高，演替早期群落间相似性最高。

5.不同演替阶段种子库的物种组成趋向于下一演替阶段的主要物种，皆伐恢复针阔混交林主要以早期物种和下一阶段的物种为主，针阔叶混交林种子库以阳生性物种为主，而阳生性常绿阔叶林种子库以少量阳生性物种和较多中生性物种为主。

专题九 中国生物圈保护区生物多样性监测实践

广东车八岭保护区生物多样性智能监测

束祖飞^{1,2}

(1 广东车八岭国家级自然保护区管理局，广东；2 中国生物圈保护区网络青年创新小组，北京)

2016年以来，广东车八岭国家级自然保护区针对生物多样性本底不清，监测与评估规范不完善、监测技术落后等难题，开展车八岭保护区生物多样性智能监测关键技术集成创新与应用研究，以“陆生大中型动物红外相机全境监测与评估”、“陆生大中型动物实时组网传输与智能识别”、“鸟类、蜂类、蝶类全境网格化监测”、“森林动态样地监测”、

“栖息地动态遥感监测”为主要建设内容，构建“天-空-地一体化”生物多样性综合智能监测网络体系，以全面感知、实时传送和智能在线处理为运行方式，开展多源数据实时采集、网络化、智能化生物多样性综合监测研究。

研发了具有自主知识产权的车八岭科研监测云服务平台，解决了当前本底不清和监测数据实时收集汇交的技术难题，实现对野外信息自动收集、传输、分析和管理的，从源头到终端的多功能应用，提升了精准监测和高效管理能力。该成果为自然保护区生物多样性监测集成技术与科学保护管理提供了全链条系统性解决方案。

雷公山、高黎贡山和星斗山自然保护区秃杉群落对比研究

余德会

(贵州雷公山国家级自然保护区管理局)

于 2017 年 5~8 月对雷公山、高黎贡山和星斗山 3 个不同纬度自然保护区的秃杉 (*Taiwania flousiana*) 群落分别设 20m×50m 样地 1 个进行对比研究，探讨其动态规律。结果表明，3 个保护区的秃杉群落中维管植物共有 77 科 148 属 243 种，其中雷公山的秃杉种群 (重要值为 0.3635) 占主要优势，其次是高黎贡山，星斗山的秃杉种群处于劣势；多样性优势度 (d) 指数和丰富度指数 (dMa) 在乔木层为雷公山大于高黎贡山和星斗山，物种多样性指数 (Dr, He'和 H2') 在乔、灌、草的排序均为：雷公山>高黎贡山>星斗山，3 个保护区的秃杉群落均匀度指数 (Je) 相差不大，都在 0.70~0.95 之间。根据吴征镒的中国种子植物属的分布区类型进行植物区系分析，3 个保护区的秃杉群落的植物区系复杂，划分为 24 个类型，分布特点以热带分布属为主，温带分布属为辅，世界分布属最少；中国特有 2 属。

关键词：秃杉；群落；物种多样性；自然保护区

汗马生物圈保护区生物多样性监测实践

翟鹏辉

(国家林业和草原局猫科动物研究中心，哈尔滨 150040；汗马国家级自然保护区管理局，内蒙古根河市金河镇 022362)

针对生物多样性监测常用的红外自动相机监测，汗马保护区根据监测目标的不同，设计了三种不同大小的网格，尝试了运用 4G 网络传输的自动相机构建监测平台；汗马保护区在最寒冷的季节开展了大样方监测；对于鸟类监测主要是在春秋季节进行环志。针对日新月异的技术发展，汗马保护区紧跟时代潮流，采用无人机结合热红外成像技术和激光雷达技术开展了监测。此外，汗马保护区还应用卫星项圈对部分动物进行了跟踪监测，运用分子生物学技术对部分动物的遗传信息进行了分析。通过监测发现，汗马保护区是国内驼鹿密度最高的区域，且保护区内的驼鹿种群不断向四周扩散。汗马保护区内分布有寒温带森林生态系统中从大中型捕食者、大型有蹄类到小型捕食者、小型食草动物这一完整的食物网。

关键词：保护区；自动相机；无人机；卫星项圈；遗传分析

半自然水域长江江豚母幼互动行为的初步研究

陈 燃

（铜陵淡水豚国家级自然保护区管理局，中国生物圈保护区网络青年创新小组）

2014 年 5 月至 2015 年 6 月，采用目标动物取样法（focal animal sampling）对安徽铜陵淡水豚国家级自然保护区半自然水域的两队长江江豚母幼互动行为进行研究，结果表明母幼联系的主动性随幼豚月龄发生变化。在幼豚 6 月龄前，母豚明显更主动接近幼豚（Wilcoxon test $Z = -3.059$, $p < 0.01$ ），此期间母幼联系主要由母豚维持；6 月龄后，幼豚开始逐渐显著接近母豚（Wilcoxon test $Z = -3.061$, $p < 0.01$ ），母幼联系的维持从母豚逐渐转移到幼豚。维持母幼联系主动性转折点出现在幼豚 6 月龄左右，幼豚此时逐渐开始独立生活。在母婴互动中幼豚与母豚有明显的左右行为偏向。母幼互动中幼豚出水体位显著性地偏向母豚身体右侧（Mann-whitney U test, $P < 0.05$ ），这种偏侧性在不受个体、出水类型（同步出水、滞后出水）和群内其他个体影响，表明长江江豚母幼互动中有左右偏侧性。

关键词：半自然水域；长江江豚；母幼互动；母幼偏侧

山东黄河三角洲国家级自然保护区生物多样性保护与监测实践

赵亚杰¹, 王安东², 王伟华³, 于海玲⁴

(1 山东黄河三角洲国家级自然保护区科研中心, 山东东营, 257091; 2 东营市黄河口生态监测与修复重点实验室, 山东东营; 3 东营市黄河口野生鸟类监测与保护重点实验室, 山东东营)

黄河三角洲地区受自然退化、外来物种入侵等因素影响, 湿地生态保护面临诸多问题。自然保护区以恢复黄河淡水补给为抓手, 奠定三角洲整体生态格局, 加强生物多样性保护与修复。一是恢复现行黄河流路两侧湿地与黄河水的连通, 湿地内部实现资源配置小循环, 恢复湿地生态, 实现河流、沼泽、海滩的连通格局。二是构建微地形, 构建多样的湿地生态格局。建设生态岛、构建生态廊道、建设水生生物栖息地, 湿地水位有梯度, 植物、水面相间分布, 增加了淡水沼泽湿地的生态位宽度。三是营造适宜生境, 解决珍稀鸟类繁殖、栖息困扰。建设东方白鹳人工招引巢、营造黑嘴鸥栖息地、打造白鹤理想栖息地, 以东方白鹳为旗舰种类的生物得到有效保护和恢复。四是打造科研平台, 借力汇智破解湿地保护难题。开展巡护监测, 加强鸟类、植被等生物观测, 积累基础数据; 借力汇智, 加强与科研院所合作, 开展自然保护区环境与生物监测, 推进应用研究破解保护难题。

关键词: 湿地恢复; 生物多样性保护; 东方白鹳; 黑嘴鸥; 鹤类



中国科学院
生物多样性委员会
北京海淀区香山南辛村20号
电话：010-62836603