中国科学院生物多样性委员会
Biodiversity Committee,Chinese Academy of Sciences

中山大学生态学院
SCHOOL OF ECOLOGY SUN YAT-SEN UNIVERSITY

第十六届
全国生物多样性科学与保护研讨会

中国·深圳

2026年9月21-24日

摘要集

主办单位： 中国科学院生物多样性委员会
生态环境部自然生态保护司

承办单位： 中山大学生态学院、粤港澳高校生物多样性联盟
广东车八岭岭南山地森林生物多样性与生物互作野外科学观测研究站

协办单位： 北京生物多样性科学研究会、中国科学院生物多样性监测与研究网络-森林网



目 录

大会报告摘要 10
遥感大数据与人工智能在自然资源监测的研究展望 10
上天•入地•深时•远洋——跨圈层多介质环境 DNA 生物多样性研究 10
草原生物多样性与生态系统功能的调控机制 11
全球变化对草原植物多样性的影响及机制 12
探究植物多样性调控生态系统功能的驱动因素 13
食物网多样性与能量传递 13
土壤微生物生态对策和土壤功能 14
生态群落复杂性与高阶相互作用 14
基于植物大数据与生命之树的生物多样性研究 15
外来入侵物种对生物多样性的危害和风险预警 15
专题报告摘要 17
专题 1. 生物多样性与生态系统功能及服务 17
夏季气候调控温带森林水力多样性及其生产力格局 17
热带森林叶龄演变及对生态系统功能的影响 17
跨尺度环境变化重构植物–分解者过程耦合 18
Island biogeography and life-history traits stabilize island bird communities 18
微生物功能多样性与土壤有机质分子复杂性的生态关联 19
热带珊瑚岛土壤生物多样性与生态恢复 20
土地利用来源与功能性状差异共同塑造农林复合系统的生态系统多功能性 21
低氮添加下优势种多度与物种丰富度对刈割草地生产力的权衡效应 23
阔叶单叶木本植物叶柄和叶片性状的多维框架 23
树种多样性对叶际微生物多样性的调控机制 24
基于 DNA 宏条形码分析西藏昌都地区同域分布的雪豹与金钱豹食性 25
天然油松林叶片、吸收根和运输根之间氮磷的异速生长关系 25
树木菌根优势通过地上与与地下真菌联系塑造生物多样性-生产力关系 26
选择性间伐对蒙山温带森林土壤理化性质、酶活性和微生物群落的影响 27
专题 2. 生物多样性起源和演化 27
亚热带蚜虫跨大陆的多样性格局差异与演化背景 27
Multivariate Coevolution Shapes Life-History Strategies Across Amniotes 28
陆地植物演化和水平基因转移 29

Karst tiankengs preserve but constrain evolutionary potential in the endangered tree Magnolia aromatica 29
中国樟科植物多样化历史与气候生态位演变 30
附生被子植物的演化历史和物种多样性 31
专题 3. 生物多样性编目与数据库 31
中国菌物多样性信息平台与菌物名录 31
告别 APG 系统：一个被子植物新分类系统方案 32
AI 时代的生物编目：更多数据，更高质量 33
AI 辅助生物物种名录建设 33
国家生物信息中心组学数据资源与物种分类数据库 34
贵州省高等植物物种多样性编目 34
专题 4. 生物多样性监测 35
气候变化和生物多样性综合监测研究 35
气候在全球流域尺度上主导生物多样性格局 36
不完全探测对鸟类多样性估计的影响 36
野生鸟类自动监测及其数据智能处理方法 37
南海绿海龟种群监测与栖息地评价研究 37
从监测到行动：多手段华北豹监测数据的保护转化路径与实践 39
Media-based monitoring reveals nationwide patterns of human-large carnivore conflict in China 40
多鸟种无脊椎食性引物扩增性能与生态位评估 40
环境 DNA 在生态环境中的应用研究 41
专题 5. 人工智能、新技术与复杂生态系统 42
草地多样性多尺度遥感监测及其生态应用 42
植物功能性状高光谱遥感监测与应用 42
RTK 定位限制是否会影响森林样地调查的样本代表性？ 43
多源数据与人工智能驱动的国家公园生态系统服务响应诊断与保护分区 44
基于多源数据与 Transformer-CatBoost 模型的中国森林凋落物时空预测与碳储量评估 . 44
事件尺度分析揭示生物多样性对干旱下森林光合作用稳定性的贡献被低估 45
专题 6. 全球变化与生物多样性 45
遗传多样性的历史决定论：120 种鸟类比较基因组学证据 45
尺度效应揭示统一的物种-能量关系 46

森林植物菌根共生关系与群落多样性和功能 46
全球变化背景下森林生态系统动态与生物多样性维持机制 47
全球树木叶型与习性的宏观生态学格局及其对气候变化的响应 48
红树林土壤活性微生物多样性及其对碳激发效应的调控机制 48
雌雄异株植物开花物候对气候变暖响应的性别差异 49
Towards rigorous validation of ecological niches in species distribution modeling 50
基于扩散限制的山地生物多样性维持机制及全球变化响应 51
有机稻田杂草多样性与管理权衡 51
Adaptation of Animals to Climate Change 52
珠江流域森林返青变化、驱动及生产力响应 53
全球干旱生态系统地表微生物多样性的环境驱动与功能重组 54
全球变化下土壤微生物生物量的驱动因素与趋势 55
冰川退缩迹地活性微生物对土壤碳激发效应的调控机制 55
喀斯特岩性对各生长型植物群落多样性的影响 56
普定天龙山岩土生境与植物功能性状的关联 56
中国维管植物生长型与生活型格局及环境驱动 57
喀斯特岩-土壤微生境控制植物分布与生长 58
气候变化下攀枝花苏铁潜在适生区预测及其保护建议 58
专题 7. 昆蒙框架 59
陆地生态系统风险评估等级体系及安全预警系统构建 59
“社会-生态系统”视角下的青藏高原草地生态修复 60
专题 8. 国家公园与就地保护 61
丹霞地貌特有植物的保护生物学研究 61
人类形成的恐惧景观对同域大型猫科动物时空互作的影响 61
南岭国家公园社区本土生态知识动态变化机制分析 62
国家公园与国家植物园协同保护生物多样性的机制与路径 63
国家公园特许经营制度构建的空间治理逻辑与调控路径 63
专题 9. 国家植物园与迁地保护 64
华中维管植物园迁地保护（9-国家植物园与迁地保护） 64
中国苏铁属植物的遗传多样性及迁地保护成效 64
江西省珍稀濒危植物迁地保护五年实践成效与思考（2021—2025） 65
国家植物园体系下迁地保护研究实践与思考 66

基因组时代的植物迁地保护 66
专题 10. 红色名录与濒危物种保护 67
贵州省野生兰科植物监测进展探讨 67
建立基于科学的定罪标准以遏制野生动物犯罪 67
人类世两栖爬行类濒危格局：特征、机制及生态风险 68
近海和大洋软骨鱼类面临不同的灭绝风险模式 68
喀斯特天坑濒危植物香木莲的保护生物学研究 69
红色名录尺度差异与中国淡水鱼类濒危风险 69
宽瓣亚属兜兰孤岛化分布与保护成效 71
拯救极危巨鳖：瓯江鼋（*Pelochelys cantorii*）保护工作进展 71
盐生肉苁蓉寄主植物种类鉴定及分布区域分析 72
专题 11. 生物入侵 73
同而不同：外来植物入侵性的来源及其形成机制 73
从自力更生到借力队友：入侵植物个体扩张的微生物互作连续策略谱系 73
Effect of alien ant invasion on the ecosystem functioning: carrion decomposition 74
不同养分条件下丛枝菌根真菌对入侵植物竞争的影响与调控路径 75
放生禁令及水獭捕食背景下的玉树市外来鱼类动态 76
在多空间尺度，植物入侵危害群落稳定性 77
专题 12. 公民科学与生物多样性 77
公民科学与中华白海豚众包保护 77
中国大陆路杀动物风险评估 78
从公民科学到城市物种保护规划：“全国燕和雨燕调查与保护”项目的实践与启示 ... 79
广东省大学生宠物淡水龟消费与饲养行为特征研究 80
城市景观与公民认知对亚热带超大城市深圳蝴蝶记录的影响 80
小白鹭公民科学两年实践与成效 81
保护信息传播中威胁诉求的效果优化研究 81
Dynamic conservation under shared pressures: apparent stability masks species-specific redistribution in staging shorebirds 82
专题 13. 城市生物多样性 83
多尺度下景观营建对城市植物多样性的双向效应 83
城市公园的生物多样性感知特征及其空间影响要素研究 84
社会资本参与城市生物多样性保护的模式探索 84

声学性状揭示城市鸟类的潜在适应压力 85
中国特大城市（深圳）居民对水獭的认知与保护意愿 86
城市绿地景观结构影响鸟类群落的尺度效应及作用路径 86
城市残存林地中不同动物类群种-面积关系及 SLOSS 模式 87
从观察到预测：植物－传粉者互作网络重建 87
不同植被类型下土壤食物网结构和功能对城市化的响应 88
城市化对动物的影响: 从群落到个体 89
Different types of urban forests as enabling place for human health: How do landscape visual characteristics influence public perception expression? 90
专题 14. 湿地（红树林）生态与候鸟迁徙通道 91
外源碳调控红树林不同潮位微生物碳代谢分化 91
富营养化致碳氮解耦：削弱红树林气候减缓潜力 92
潮位对红树林土壤微生物及碳代谢功能的影响 92
鸟类运动生态学与生物多样性保护 93
海鸟迁飞通道中的双重威胁：渔业活动与夜间灯光污染的影响 94
气候变化背景下白鹤迁飞网络连通性评估 94
越冬东方白鹳的集群运动：处理食物时间越长的个体更易发起 95
基于追踪数据识别候鸟的关键迁徙停歇地：以东亚-澳大利西亚迁飞区中杓鹬为例 96
基于泉州勺嘴鹬保护站的多方协同保护探索 96
基于生物性泛在网络的深圳候鸟保护实践 97
专题 15. 中国 MAB 生物多样性监测与保护实践 98
广东南澎列岛海洋生态国家级自然保护区造礁石珊瑚多样性及分布特征 98
MAB 框架下"天空地"一体化监测与旗舰物种驱动的社区共建实践 ——以广东潮安凤凰山省级自然保护区为例 98
大鲵种群与遗传资源的野外监测探索 99
专题 16. 藻类多样性与环境变化 100
形态分类的重要性 100
厄尔尼诺影响山区河流的浮游植物群落构建和网络稳定性 100
基于长读长 eDNA 宏条形码的中国沿海有害藻类多样性与生物地理格局高分辨率解析 101
寒温带典型城市湿地着生藻类物种多样性格局及群落构建机制 102
中国沿海斜纹藻科硅藻的系统分类学研究 103
多组学揭示近盐骨条藻水体盐化应答及调控机制 104

基于形态特征及系统发育研究揭示了假金杯藻属（金藻纲，棕鞭藻目）的 5 个新种以及叶绿体基因组特征 104
海洋硅藻拟旋链角毛藻休眠孢子硅质壁的建成 105
中国硅藻新记录属环缝藻属（Periraphis）及其分布研究 106
纤细裸藻高效固碳突变株对高 CO_2 环境的动态代谢响应 107
微藻介导的聚苯乙烯微塑料捕获机制及其在复合废水处理中的强化应用 108
自然保护新秀奖 109
第 1 组 109
高寒生态系统火烧后灌木叶片养分策略受土壤资源一微生物过程共同塑造 109
海南热带雨林国家公园道路干扰与景观连通性 109
保护区对气候变化背景下森林韧性的维持作用 110
Dark diversity framework reconciles Darwin’s naturalization conundrum for freshwater fish invasions 111
红树林植物耐盐策略对共生微生物群落多样性及构建机制的影响 112
Species-specific responses of leaf herbivory and defenses along a latitudinal gradient 112
《昆蒙框架》保护与恢复目标的协同实施路径 ——以大中型兽类为例 113
城市化梯度下鸟类功能空间及性状—环境关联（提交 2 次） 114
全球变化研究的变迁：25 年间的四个概念转变 114
濒危中国蛩育有场破碎化的微生态效应 115
全球沿海水产养殖社会-生态系统的可持续转型 115
时空生态位策略介导了蝴蝶对人类活动影响敏感性的差异 116
交通可达性与开放空间对公民科学观测的影响 117
入侵捕食者重塑岛屿种间互作网络结构及其生物地理格局 117
麦地卡湿地蝴蝶多样性研究 118
依托滇金丝猴粪便基因组学提出保护新策略 119
基于社交媒体数据的海南热带雨林生态系统文化服务空间格局及其环境驱动因素 119
喜马拉雅东麓土壤动物垂直分布格局 120
鬼针草与飞机草共入侵植物—土壤反馈研究 121
不同入侵程度大狼杷草对根际土壤真菌的影响 121
云南保护区外西黑冠长臂猿社区保护潜力评估 122
起于气候，止于演化：全球植物细根物候的不对称调控 123
海南长臂猿生境三维空间的利用模式研究 123

橡胶树微生物组碳循环基因的月际变化及作用机制 124
合成菌群对患炭疽病橡胶树叶际微生物的重塑 124
第 2 组 125
多维植物功能群塑造热带森林长臂猿行为（提交 2 次） 125
城市绿地空间塑造土壤跳虫的季节动态 126
Coastal plant diversity restoration enhances multiple ecosystem functions but benefits are undermined by exotic species 127
人类足迹遥感制图与生物多样性保护评估 128
鳞翅目昆虫种内遗传多样性的全球格局与丧失风险：土地利用和气候变化的影响 128
生态网络气候连通性格局演变与规划应对策略 129
Asymmetric herbivore pressure confers different competitive performance between invasive and native Sonneratia mangrove species 130
时空梯度主导丛枝菌根真菌群落构建 131
三江源国家公园兽类空间伞护潜力与公众旗舰潜力的协同与权衡 131
树种多样性促进森林碳汇长期稳定的生态机制 132
人工繁育重塑绿海龟耐药组及早期来源 133
植物凋落物多样性与可入侵性关系 133
中国岛屿特有珍稀植物油叶柯的保护实践 134
海口市残存森林边缘草本多样性的入侵贡献 134
木材密度与生长和存活的种内正关联 135
雅鲁藏布江中下游鸟类物种多样性研究 136
分类分辨率对浮游动物群落生态阈值识别的影响 136
红松死亡介导外生菌根共生关系解体促进矿物结合态有机碳积累 137
传粉网络调查对比：公民科学与研究者 138
The Right Gardens in the Right Places：中国国家植物园体系优化 138
全球海洋生物多样性数据补全新方法（提交 2 次） 139
第 3 组 140
海平面上升与人类活动共同作用下红树林生境可持续性、适应性与韧性评估 140
土壤氮磷形态共同影响森林生态系统稳定性 141
多生活史阶段高温耐受响应重塑草蜥气候风险 141
从荒漠猫的“衣食住行”到保护实践 142
Sea-level driven coastal landscape reorganization and wetland function shifts 142

红树林恢复与鸻鹬类保护的潜在冲突 143
Climate-Driven Habitat Shifts of Terrestrial Taxa Expose Conservation Gaps on the Qinghai-Tibetan Plateau 144
自由活动动物对陆生脊椎动物的捕食影响 145
忽视氮沉降慢性动态高估了氮沉降对草原植物多样性的影响 145
从 OECM 到校园：生物友好型大学校园评估框架（BFUCAF）的构建 146
邻居多样性对树木生长的影响随时间变化 147
公民科学遇上自然实验：中国鸟类贸易执法效应评估 147
Comparative transcriptome analysis unravelling the role of lncRNA-mediated gene expression network in regulating water deficit tolerance of Scaevola taccada 148
西藏高山-亚高山森林生态系统凋落物际原生生物群落对中大型土壤动物的响应 149
农业措施驱动微生物重组与碳汇权衡 149
气候变化下中国特有植物分布格局及保护对策 150
Taxon-dependent multisite species turnover in fragmented habitats: comparing zeta diversity across birds, butterflies, and cursorial hunting spiders 151
菌根真菌和根际细菌驱动相反的多样性-入侵性关系 152
海南热带雨林微生物群落的月际变化及其驱动因子 152

大会报告摘要

感大数据与人工智能在自然资源监测的研究展望

郭庆华
（北京大学 北京 100871）
guo.qinghua@pku.edu.cn

面向自然资源由二维调查向三维动态感知转变的需求，本报告结合团队在激光雷达和多源遥感领域的研究，介绍如何利用遥感大数据与 AI 刻画森林结构，揭示其与生态功能及环境变化的联系。进一步讨论物理 AI 如何融合观测数据、生态机理与硬件设备，推动数字生态从现状识别走向未来推演，为自然资源保护和科学管理提供新的技术路径。

上天•入地•深时•远洋——跨圈层多介质环境 DNA 生物多样性研究

姚蒙
（北京大学生命科学学院 北京 100871）
yaom@pku.edu.cn

全球生物多样性的快速丧失严重影响生态系统的稳定与服务功能，亟需采取有效措施减缓这一趋势。然而，传统生物调查方法效率低、损伤性大、依赖形态学知识且准确性有限，无法满足大规模调查和及时监测生物变化的需求。环境 DNA（eDNA）技术是近年来在生物多样性研究领域快速发展的新兴方法，它通过检测环境样品中的 DNA 获得生物分布和群落组成信息，是一种非损伤性、灵敏、高效、精准的生物调查方法，尤其适用于监测稀有或难以捕获的物种，并极大地推动了大规模和精细时空尺度的生物多样性研究。此外，还可用于解析物种之间的相互作用和共存关系，以及群落构建机制等重要生态学课题。报告将简要介绍 eDNA 技术的原理和应用，并通过本课题组在多种生态系统和生物群落中的实际研究案例，展示包括空气（上天）、土壤（入地）、古沉积物（深时）、海洋（远洋）等多介质多圈层的 eDNA 研究，介绍该方法在检测生物多样性、解析物种互作和探究过去及未来环境变化影响的广阔应用场景。通过这些研究案例，以期启发 eDNA 应用的新途径和新思路，推动生物多样性监测的标准化、规模化、智能化，为我国及全球未来生态保护和可持续发展提供有力技术支撑。

关键词：生物多样性监测，eDNA，分子生态学，群落生态学

草原生物多样性与生态系统功能的调控机制

白永飞
（中国科学院植物研究所植被与环境变化重点实验室 北京 100093）
yfbai@ibcas.ac.cn

草原生态系统是维持区域生态安全、支撑畜牧业生产和调节陆地碳氮循环的关键生态屏障。全球变化和人类利用强度增加正在改变草原生态系统的资源限制格局、物种互作网络和生物地球化学过程，导致生物多样性丧失、群落重组和功能退化。阐明生物多样性如何维持生态系统生产力、稳定性和碳汇功能，并识别其可调控机制，是草原生态学和适应性管理面临的核心科学问题。

本研究依托内蒙古锡林郭勒草原长期监测样地和控制实验平台，结合区域与国家尺度调查数据，围绕氮沉降、放牧干扰、水分变化、植物功能群丧失和土壤生物过程，系统揭示了草原生物多样性维持生态系统功能的多尺度机制。研究表明，氮输入对草原结构与功能具有显著阈值效应，其生态效应受水分有效性的强烈调节。适量氮输入可缓解养分限制并促进退化群落生产力恢复；而长期高强度氮添加则通过增强光竞争、加速土壤酸化并重塑微生物氮循环途径，导致多年生优势种衰退、短生活史物种扩张和群落多样性下降。因此，草原对氮沉降的响应是由水氮耦合、竞争转化和地下养分循环共同决定的。

植物功能群组成对生物多样性与生态系统功能具有关键调控作用。功能群丧失会降低群落生产力并削弱生态系统稳定性，但剩余物种可通过资源释放、光竞争缓解和密度补偿形成一定的功能缓冲。实验结果表明，草原稳定性不仅取决于物种丰富度，更依赖功能性状差异、资源利用策略和物种间补偿能力。同时，功能群变化可沿地上—地下界面传导，重塑土壤微生物、线虫和菌根真菌群落，进而调控氮矿化、硝化、温室气体释放和生态系统碳交换。根系凋落物多样性及其化学性状进一步调节土壤碳氮转化，揭示了地下生物过程在维持草原碳氮循环耦合中的作用机制。

放牧干扰通过改变群落组成、物种资源获取方式和生物互作网络，调控草原多样性—功能关系，其效应具有显著的放牧强度和空间尺度依赖性。长期过度放牧导致稀有种丧失，削弱植物群落对深层土壤水分利用和水分生态位互补性，从而放大干旱对生产力和稳定性的负面影响。植物—丛枝菌根真菌共生关系在放牧强度和土壤磷水平变化下发生由互利共生向寄生的功能转化，表明地下共生网络是调节土壤养分循环的重要机制。与连续放牧相比，放牧—割草轮换利用能够缓解物种替代和功能退化，为草原生产力维持与多样性保护协同提供了可操作路径。

在区域和国家尺度上，植物多样性、土壤生物多样性和菌根共生对草原生产力、稳定性和土壤碳储量具有一致的正效应。气候因子通过直接塑造水热格局，并间接

调节植物多样性、地下生物量和生产力，共同决定草地碳汇功能。菌根共生通过维持植物多样性和促进生物量向地下分配，增强土壤有机碳固存能力，揭示了生物互作驱动草原碳汇提升的重要途径。

本研究构建了“植物多样性—功能群组成—地下生物互作—生态系统过程—管理调控”的理论框架，揭示了草原生物多样性维持生态系统功能的多路径机制：植物多样性通过资源互补和功能补偿提高生产力与稳定性；地下生物通过调控养分循环、碳转化和植物资源获取，连接群落变化与生态系统过程；氮沉降、放牧和水分变化通过改变种间竞争关系、资源限制和互作网络，驱动生态系统结构与功能的变化。研究结果深化了草原生物多样性—生态系统功能关系的理论认识，并为全球变化背景下草地保护、放牧制度优化、退化草地恢复和土壤碳汇提升提供了科学依据。

全球变化对草原植物多样性的影响及机制

庾强
（北京林业大学草业与草原学院 北京 100083）
yuq@bjfu.edu.cn

本报告包括两部分内容。第一部分是干旱对草原植物多样性的影响及其后果。极端干旱威胁草原植物多样性，可能进而削弱自然对人类的贡献，但不同草原对多年极端干旱的响应差异及其时间变化与后果仍不清楚。中美极端干旱联网实验发现，随干旱年限增加，欧亚草原植物物种丰富度由正响应转为负响应，而北美草原则由负转正。这主要驱动了欧亚草原植物生产力对多年极端干旱的积累响应和北美草原的适应响应。基于 Drought Network 全球 74 个站点数据的分析进一步表明，多年极端干旱造成的物种遗失显著高于中等干旱。这解释了极端干旱下更严重的生产力损失。第二部分是氮沉降对草原植物多样性的影响及机制。氮沉降同样威胁草原植物多样性。过去氮沉降模拟实验多采用一年一次或多次添加速效氮，难以模拟自然氮沉降的时间动态。速效氮与缓释氮对比实验发现，传统速效氮添加可能高估氮沉降对植物多样性的负面影响。结合长期氮添加和机制验证实验发现，氮沉降导致多样性下降的主导机制具有明显阶段性：前期主要由养分竞争驱动，中期由土壤酸化引起的锰离子毒害驱动，后期则主要由凋落物积累驱动。这些研究从大陆和全球尺度效应评估、实验方法及长期作用机制三个方面深化了对全球变化影响草原植物多样性规律的认识，为更准确预测未来全球变化下植物多样性的响应提供了科学依据。

关键词：全球变化生态学，干旱，氮沉降，联网实验

探究植物多样性调控生态系统功能的驱动因素

陈晨
（中国科学院植物研究所 北京 100093）
chen_chen@ibcas.ac.cn

全球生物多样性持续丧失及其生态后果已成为全球变化生态学的重要议题。植物多样性如何影响生态系统功能，以及这一关系受哪些生物与环境因素调控，是理解生物多样性—生态系统功能（BEF）关系的核心科学问题。本报告围绕植物多样性调控生态系统功能的驱动因素，从全球综合分析、长期野外实验和地上—地下生态过程等多个尺度，系统探讨植物多样性对生产力及相关生态功能的影响。研究重点关注互补效应与选择效应的相对贡献、森林不同植被层次的多样性作用，以及植物多样性与土壤微生物过程之间的联系。本次报告旨在探究植物多样性影响生态系统功能的多层次驱动机制，为理解生物多样性丧失的生态后果及生物多样性保护与生态系统管理提供参考。

食物网多样性与能量传递

王少鹏
（北京大学 北京 100871）
shaopeng.wang@pku.edu.cn

生态系统中植物、动物和微生物通过营养级互作形成复杂的食物网结构，共同调控着生态系统中的能量流动和养分循环。营养传递效率量化了能量在跨营养级传递中被保留下来的比例，它决定了有限的资源能支撑多少生命。然而，我们关于营养传递效率的变化规律及其调控机制仍缺乏系统认识。本研究结合控制实验与数据整合分析，解析能量传递效率的分布格局及其调控因素；在此基础上发展耦合能量流动与物质循环的食物网模型，预测能量传递效率以及食物网多样性对环境变化的响应。

土壤微生物生态对策和土壤功能

周正虎
（东北林业大学 哈尔滨 150040）
zzhou@nefu.edu.cn

所有生物均需权衡在生存、生长、繁殖和捕食上的资源投入，这种生活史对策决定了物种的分布及其提供的生态功能。土壤微生物几乎参与了所有的生态过程，然而，其生态对策及其对生态系统功能的调控机制研究远远滞后与植物群落研究。首先，依托在我国森林和草地开展的大尺度采样，揭示了微生物高产-资源获取-胁迫耐受（Y-A-S）对策对多重环境压力的响应规律。其次，揭示了 Y-A-S 生态对策对土壤碳分解和多功能性的影响，发现 Y-对策微生物降低土壤有机碳分解，提高生态系统多功能；而 A-和 S-对策加速土壤有机碳分解，降低生态系统多功能。最后，探讨了 Y-A-S 策略的潜在量化和优化方法。总之，该研究揭示了微生物生态对策对生态功能的调控机制。

生态群落复杂性与高阶相互作用

储诚进
（中山大学 广东深圳 518000）
chuchjin@mail.sysu.edu.cn

全球生物多样性正以前所未有的速度丧失，理解物种共存的维持机制是生态学的核心问题之一。然而，经典的现代共存理论主要局限于两物种系统，难以反映自然群落的真实复杂性，比如生物之间的高阶相互作用。将从三个层面介绍我们近年来的工作。第一，提出了一个新的同营养级内树木间高阶相互作用的量化方法，并发现高阶相互作用在森林群落中普遍存在，且能够缓解邻体对目标树的竞争效应。第二，基于全球 32 个大型森林动态样地的数据，揭示了高阶相互作用的强度沿纬度梯度呈系统性变化，为理解纬度多样性梯度提供了新的视角。第三，进一步关注跨营养级的高阶相互作用，通过土壤微生物接种实验，发现土壤微生物能够通过改变物种间的相互作用网络来调节多物种群落的持久性。这些工作表明，考虑高阶相互作用，有助于我们更全面地理解复杂生态群落的构建与维持机制。

基于植物大数据与生命之树的生物多样性研究

鲁丽敏，冯亚磊，赵莉娜，胡海花，陈之端
（中国科学院植物研究所，北京 100093）
liminlu@ibcas.ac.cn

基于生命之树对生物多样性及重要类群开展深入研究，有助于科学评估多样性格局、制定保护策略，并对生物资源保护与利用具有重要价值。围绕生命之树重建及其应用，本研究重建了涵盖42%本土物种的被子植物生命之树，综合丰富度、特有性、脆弱性及进化历史等指标，提出两个综合多样性指数，识别出 42 个优先保护地。在此基础上，整合生命之树与分布数据，评估进化、气候、植被、地形及人类影响等因子，阐明灭绝风险格局及其致危因素的空间异质性。进一步构建覆盖53%本土物种的中国维管植物生命之树，划分古、新特有中心，识别并界定全球生物多样性热点——华中热点。上述研究为完善我国自然保护地体系与热点保护布局提供了依据。针对东亚与北美多样性差异这一前沿问题，重建了中-美被子植物属水平生命之树，结合 300 余万条分布数据，对比两地多样性格局及时空分异，研究结果进一步凸显了我国植物区系的独特性。继而聚焦马达加斯加，重建了涵盖该岛1621 属（93%）、3950 种（33%）的维管植物生命之树，评估了其特有中心的空间异质性，识别出 6 个长期被忽视的保护空缺，为更新其保护方案提供了新证据。

关键词：生命之树；生物多样性热点；系统发生多样性；特有性；灭绝风险

外来入侵物种对生物多样性的危害和风险预警

涂炜山[1]，顾世民[1]，杜元宝[1]，李文杰[1]，闫卓[1]，王智凝[1]，张晴[1]，李炎夏[1]，
于佳洁[1]，刘宣[1,2]*
（1 中国科学院动物研究所，动物多样性保护与有害动物防控全国重点实验室，北京 100101；
2 北京师范大学国家安全与应急管理学院，北京 100875）
lx@bnu.edu.cn

外来物种入侵已成为全球变化背景下严重威胁生物多样性的重要因素。刘宣团队以美洲牛蛙和温室蟾等入侵两栖类为主要研究对象，在长期野外工作基础上，整合跨尺度数据库、样地调查、生态模型分析和 DNA 宏条形码技术，围绕外来物种入侵过程、生态危害和风险预警开展了较为系统的研究工作。从生态位保守性、极端环境耐受性和城市化等多方面探索了驱动外来物种入侵成功的主控因子；在全球和舟山群岛不同空间尺度发现了入侵两栖类已导致岛屿本地两栖类群落构建过程的同质化和食物网稳定性下降；评估了我国及全球陆地自然保护地、野生动物放生地、跨境地带等入侵易感区域在当今及未来气候变化下的早期风险，并应用小岛屿效应

理论拓展了入侵预警的栖息地面积阈值方法。这些工作促进了动物入侵生态学基础理论的发展，也为防治外来物种侵害的国家需求提供了相关科学依据。

关键词：外来物种入侵；生物多样性保护；生物地理；全球变化；生态安全

专题报告摘要

专题 1. 生物多样性与生态系统功能及服务

夏季气候调控温带森林水力多样性及其生产力格局

刘代军[1*]，王绪高[1]
（中国科学院沈阳应用生态研究所 沈阳 110016）
liudaijun@iae.ac.cn

森林对水分胁迫的响应很大程度取决于树种采取的水力策略，但气候如何调控森林水力多样性仍缺乏系统认识。本研究综合考虑 8 个水力性状涉及到水力效率-安全权衡、气孔调控等主要抗旱策略，基于 49,767 个美国森林调查样方，量化了美国森林的水力多样性及其地理空间格局。结果表明，水力多样性随物种丰富度增加而非线性升高，但当物种丰富度较高时，新增物种带来的提升作用逐渐减弱。水力多样性在空间上呈现明显差异，湿润的美国东部森林整体较高，而西部和北方森林较低。进一步分析发现，夏季温度决定了水力多样性的上限，夏季降水则影响这一潜力能否实现。结构方程模型表明，较高的水力多样性有助于提高森林生产力。相比之下，物种优势度较高的森林，尤其是针叶林，通常具有较低的水力多样性和生产力。本研究揭示了夏季气候对森林水力多样性的限制作用，并表明维持较高的水力多样性有助于支撑气候变化下森林生产力。

关键词：气候变化，干旱胁迫，水力多样性，森林生产力，地理格局

热带森林叶龄演变及对生态系统功能的影响

陈修治
（中山大学 广东深圳 518000）
chenxzh73@mail.sysu.edu.cn

首次利用卫星反演的叶龄依赖叶面积指数数据，结合地面测量，绘制了 2001-2023 年泛热带湿润森林年际叶片寿命的大陆尺度变化图。研究发现，在气候变化背景下，不同生物群系的叶片寿命呈现出依赖背景值且相互趋同的变化趋势。在叶片寿命较长（> ~1.8 年）的亚马逊和热带亚洲地区，由于气温升高和大气干旱加剧，叶片寿命呈缩短趋势；而在叶片寿命较短（< ~1.8 年）的刚果和亚热带亚洲地区，叶片寿命则呈现增长趋势。这种响应导致长短不一的叶片寿命向一个中等范围（约 1.8 年）收敛，该范围的植物功能性状、光合作用和物种均匀度均达到最大化，预计能更好地抵抗气候变异。本研究为理解泛热带湿润森林的大尺度结构和功能适应提供了新证据，有助于预测气候变化对生态系统稳定性的风险。

关键词：热带森林; 叶龄; 生态系统功能

跨尺度环境变化重构植物–分解者过程耦合

巫东豪*，于明坚*
（浙江大学生命科学学院 杭州 310058）
donghao_ecology@zju.edu.cn

生态系统功能及其对环境变化的响应，不仅取决于各生态过程自身的强弱或快慢，也取决于不同生物类群所介导的生态过程之间的耦合关系。植物提供分解底物，分解则通过养分再循环反馈植物生长，二者天然相互关联。我们整合千岛湖片段化森林实验与全球 262 个站点的碳循环数据，检验生物与非生物环境如何重构植物－分解者耦合关系。局地尺度上，真菌介导的木材分解与树木生长呈正耦合关系，白蚁介导的耦合较弱且受植物性状、枯木多样性等调节。更重要的是，森林边缘反转了树木生长/真菌介导木材分解比值的水分响应（森林内部正响应 vs.森林边缘负响应），提示未来干旱事件对生长－分解平衡的影响可能取决于片段化背景。全球尺度上，生态系统碳活性——异养呼吸与净初级生产力的比值——随降水增加而升高，并主要通过限制植物碳固定而非增加生态系统呼吸降低陆地碳汇效率。结果表明，环境变化不仅改变单一过程，还可重构生态过程间耦合及相对平衡，进而改变生态系统碳循环。

关键词：生物多样性与生态系统功能；植物－分解者耦合；生境片段化；木质残体分解；陆地碳汇

Island biogeography and life-history traits stabilize island bird communities

Yuhao Zhao[1,#], Di Zeng[2,#], Thomas J. Matthews[3,4], Dylan Craven[5,6], Morgan W. Tingley[7], Shaopeng Wang[8], Shao-peng Li[1], Ping Ding[9] and Xingfeng Si[1,*]
（College of Forestry and Biotechnology, Zhejiang A&F University, Hangzhou, Zhejiang 311300, China；School of Geography, Earth and Environmental Sciences (GEES) and Birmingham Institute of Forest Research, University of Birmingham, Birmingham, B15 2TT, UK；GEMA Center for Genomics, Ecology & Environment, Universidad Mayor, Camino La Pirámide 5750, Huechuraba, Santiago, Chile；Data Observatory Foundation, ANID Technology Center No. DO210001, Eliodoro Yáñez 2990, 7510277, Providencia, Santiago, Chile；Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of California, Los Angeles, CA, USA）
sixf@des.ecnu.edu.cn

Islands are model systems for testing and developing ecological theories. Despite extensive research on island biodiversity, the importance of the biogeographic context for biodiversity–stability relationships is poorly understood. We addressed this knowledge gap by integrating the Equilibrium Theory of Island Biogeography (ETIB) with a functional perspective to explore island biodiversity–stability relationships. We conducted annual breeding bird surveys across 36 land-bridge islands in eastern China over 13 years. Using this long-term dataset, we quantified avian temporal community stability (and its components of population stability and population asynchrony) and tested how island biogeographic factors (i.e., island area, isolation, colonization rates, and extinction rates) and biodiversity facets (i.e., species richness, average population size, and life-history traits) interact to influence stability. We found larger islands supported higher species richness due to colonization-extinction dynamics and habitat heterogeneity, which in turn promote both population stability and asynchrony. In addition, larger islands harbored larger and individually more stable populations over time. In contrast, island isolation had a weak net effect on stability, as its positive and negative influences through different pathways balanced each other out. Furthermore, species with 'fast' life-history traits, characterized by shorter generation times, contributed more to community stability. These findings clarify multiple pathways through which biogeographic factors shape avian community dynamics on islands. Our study thus illustrates how island biotas maintain community stability and provides insights for preserving biodiversity and ecosystem functioning in fragmented or island-like landscapes facing rapid biodiversity loss in an era of global change.

关键词：community stability, fast-slow traits, Functional Island Biogeography, habitat fragmentation, Thousand Island Lake

微生物功能多样性与土壤有机质分子复杂性的生态关联

张静[1]，王涛[2]，王俊[1]，刘占锋[1*]

（1 中国科学院华南植物园 广州 510650；2 中国科学院成都山地所 成都 610299）

liuzf@scbg.ac.cn

森林恢复能够促进土壤有机碳（soil organic carbon, SOC）的保存，而这一过程在很大程度上受土壤有机质（soil organic matter, SOM）的分子复杂性及其与土壤微生物群落相互作用的调控。然而，SOM 分子复杂性（SOM molecular complexity, SOMMC）如何响应森林恢复，以及 SOMMC 与微生物之间的生态关联及其潜在作用机制，目前仍缺乏充分研究。为弥补这一研究空白，本研究沿两条相互独立的热带森林恢复年序列采集了 O 层和 A 层土壤样品。采用热裂解与甲基化-气相色谱-质谱联用技术（thermally assisted hydrolysis and methylation coupled with gas

chromatography–mass spectrometry, THM-GC-MS）从分子水平表征 SOMMC，并利用高通量测序分析微生物群落组成。结果表明，在森林恢复早期阶段，O 层土壤 SOC 达到 32 ± 1 mg g^{-1}，分别为恢复中期和后期的 3.5 倍和 2.3 倍。相比之下，A 层土壤 SOC 在整个森林恢复过程中均呈显著增加趋势（$P < 0.01$）。两个土层中 SOM 的 α 多样性均随森林恢复进程持续增加。微生物功能多样性和微生物生物量共同解释了 SOMMC 和 SOC 含量超过 50%的变异（$P < 0.001$），而微生物物种多样性和群落稳定性的解释力相对有限。在O层中，森林恢复提高了微生物功能多样性，但降低了微生物生物量，这与 SOMMC 升高和 SOC 储量下降相对应。相比之下，在 A 层中，微生物生物量和功能多样性同步增加，并伴随着森林恢复过程中 SOC 浓度和 SOMMC 的显著升高。不同土层中 SOC 保存与微生物群落之间呈现出的差异性关系，主要与微生物所受到的养分限制差异有关。总体而言，本研究表明，森林恢复能够提高 SOM 的分子复杂性，并强调改善土壤养分有效性对于维持微生物功能多样性以及促进森林生态系统长期 SOC 固存的重要作用。

关键词：土壤有机碳分子复杂性；森林恢复；微生物多样性；亚热带森林；THM-GC-MS

热带珊瑚岛土壤生物多样性与生态恢复

吴文佳，刘占锋

（中国科学院华南植物园 广州 510650）

海岛具有特殊的土壤发育历史、地理位置和气候条件，其生态系统兼具海洋生态系统和陆地生态系统的双重属性特征，同时相对独立、封闭，受气候、物种较单一等因素影响其稳定性十分脆弱，生态系统极易发生退化，人工构建植被的近自然恢复往往难以维持。同时，全球变化带来的风险，如生物入侵，也对海岛生态系统的稳定造成了影响。土壤拥有构成主要生态系统功能基础的大部分生物多样性（约占所有物种的25%），土壤生物多样性对维持生态系统多功能性是必要的，土壤生物被视为退化生态系统土壤功能恢复的“规则改变者”，驱动了植物多样性和多功能性。

对热带退化海岛生态系统的土壤生物多样性与恢复进行研究，发现：（1）在热带珊瑚岛，真菌生物量、微生物多样性和土壤线虫丰度（除了杂食性/捕食性线虫外）在干季因蜗牛入侵而增加，但在湿季则减少。螨虫的丰度和多样性增加，而β-1,4-葡萄糖苷酶、β-D-纤维二糖酶、β-N-乙酰氨基葡糖苷酶和碱性磷酸酶的活性在干湿季都因蜗牛入侵而下降。蜗牛入侵削弱了土壤线虫的群落组成、真菌与细菌比值（F:B）以及革兰氏阳性与革兰氏阴性细菌比值（GP:GN）季节性差异。这些结果表明，蜗牛入侵对较低营养级的土壤生物并没有更大的影响，但对较高营养级

的生物却有显著影响。土壤湿度、土壤有机碳、有效磷和钾是解释土壤生物多样性在蜗牛入侵下变化的重要因素。（2）比较热带珊瑚岛自然植被和不同类型人工构建功能类型植被（草坪，防风固沙，防风林，公共绿地，行道树）的土壤理化性质和土壤微生物群落特征，发现人工植被的土壤养分（除总钾含量）、微生物生物量（除真菌）、微生物酶活性和多样性指数（除真菌）均比自然植被的低。此外，通过构建土壤微生物互作网络发现，自然植被土壤受细菌控制的能量通道控制，而人工构建植被土壤受真菌能量通道控制，真菌在人工植被恢复初期较其他微生物类群恢复较快，且在人工植被中土壤生物互作网络结构与功能的稳定起关键作用，说明引入关键真菌类群可能是促进人工植被恢复和稳定的重要技术手段，但引入关键细菌类群可能是调控人工植被后期恢复趋向自然的关键策略。围绕最新研究进展，认为土壤食物网对碳固存的调控具有明显的阶段依赖特征，是调控土壤碳汇形成的重要生物驱动因素，对土壤动物及食物网结构在碳循环中的调控作用关注不足，可能低估了地下多营养级生物互作对碳稳定形成路径的影响，提出应将土壤食物网结构纳入土壤碳循环理论体系，推动传统以微生物为核心的碳固存理论向多营养级协同调控框架拓展，为深化生态系统碳汇形成机制认知提供了新的理论视角。

关键词：土壤生物，退化生态系统，生物多样性，生态恢复

土地利用来源与功能性状差异共同塑造农林复合系统的生态系统多功能性

Zijun Ji[1], Han Y. H. Chen[2,3], and Zilong Ma[1*]
（Sun Yat-sen University Shenzhen 518107；Lakehead University Thunder Bay Ontario Canada；University of Michigan Ann Arbor Michigan USA）
mazlong@mail.sysu.edu.cn

农林复合系统被广泛视为一种能够协调粮食生产、减缓气候变化与加速生态系统恢复的基于自然的解决方案。然而，农林复合系统的多功能性是否受到土地利用来源的影响，目前仍缺乏系统认识。为此，我们开展了一项全球 Meta 分析，基于 263 篇研究中的 7,687 个观测数据，系统评估农林复合系统对 16 项生态系统功能和生态系统多功能性的影响，并区分由农田建立的农林复合系统（Crop-derived AFS）和由树木种植园建立的农林复合系统（Tree-derived AFS）。结果表明，Crop-derived AFS 显著提高了生产多功能性 22.4%，这一提升主要由木本植物生物量的增加所驱动；同时，其土壤多功能性提高了 15.5%，主要归因于土壤有效氮的增加。相比之下，Tree-derived AFS 使土壤多功能性提高了 8.4%，这一提升主要通过增加土壤有机碳实现；但其生产多功能性无显著变化，这是因为树木生物量和产量的下降抵消了作物添加所带来的收益。进一步分析发现，功能性状差异与 Crop-derived

AFS 的生产多功能性呈正相关，表明树木与作物之间的功能互补可能是促进多功能性的重要生态机制。此外，多功能性效应具有明显的环境依赖性：在 Crop-derived AFS 中，初始土壤碳含量较低和水分条件较为湿润的环境下，多功能性提升更为显著；而在 Tree-derived AFS 中，较长的试验持续时间有利于土壤多功能性的提升。气候区域分析进一步表明，Crop-derived AFS 主要在热带地区促进生产多功能性，并在干旱和温带地区提高土壤多功能性；Tree-derived AFS 则主要在温带和寒冷地区促进土壤多功能性。综上，农林复合系统的多功能性并非具有一致且普遍的生态效应，而是受到土地利用来源、物种间功能互补以及环境条件的共同调控。识别这些影响多功能性效应的关键生态背景，有助于从“因地制宜”的角度优化农林复合系统的设计与推广，并为农业生产与生态系统服务协同提供理论依据。

关键词：Agroforestry, Multifunctionality, Land-use origin, and Functional trait dissimilarity

多营养级互作网络对生态系统多功能性的影响

孙翌昕，房帅，王绪高*

（中国科学院沈阳应用生态研究所 沈阳 110016）

wangxg@iae.ac.cn

气候变化引发的生物多样性丧失正严重威胁生态系统的生产力、养分循环及多功能性。然而，传统生物多样性与生态系统功能（BEF）研究大多局限于单一营养级的物种丰富度，忽视了自然生态系统中捕食、寄生、植食及共生等跨营养级物种相互作用（Multitrophic interactions）的调控机制。本研究以长白山北坡垂直带为天然实验平台，沿 800 m - 2000 m 海拔梯度（设置 7 个梯度，共 35 个 30×30 m 样方）系统调查了地上植被以及土壤微生物、线虫和原生生物群落，构建了“植物-土壤微生物-土壤动物”多营养级互作网络，并结合土壤理化指标量化了生态系统多功能性（EMF）。结果表明：（1）多营养级互作网络的复杂性与稳定性分别受到营养级内/间相互作用强度及地上植被特性的显著调控；（2）地上与地下生物多样性通过级联效应（Cascading effects）重塑网络拓扑特征，进而间接驱动生态系统多功能性。本研究表明，生态系统多功能性不仅取决于生物多样性本身，更依赖于物种间复杂的网络互作结构；在生态保护与修复中，应高度关注关键物种及其跨营养级互作关系的维持，这对保障生态系统服务功能具有重要意义。

关键词：生物互作网络、多营养级、生态系统多功能性

低氮添加下优势种多度与物种丰富度对刈割草地生产力的权衡效应

张晓如*，吕晓涛，刘代军
（中国科学院沈阳应用生态研究所 辽宁 110016）
zhangxiaoru0119@163.com

氮素添加能提升草原生产力，但该结论主要基于未利用状态下草原和高量氮素添加，目前尚不清楚低量氮素添加能否提升高强度利用条件下草原的生产力。本研究依托呼伦贝尔草甸草原氮素化合物添加实验平台十年（2015-2024 年）的观测数据，系统研究了低量氮素添加（2g N m-2 yr-1）对围封草地和刈割利用草地生产力的影响。结果表明，低量氮添加使围封草地十年牧草总产量显著提高25%，而不会显著改变刈割草地中十年的牧草总产量，这主要源于不同利用状态下草原优势种对氮添加的响应存在差别。刈割草地中连续十年的牧草收获虽显著提高了物种丰富度，却显著降低优势种的个体数量与单株重量；物种丰富度提升对生产力的正贡献无法抵消优势种生产力的下降。该研究揭示了低量氮添加下刈割草地中优势种多度和物种丰富度对生产力的贡献存在权衡关系，强调优势种多度在调控生物多样性与生态系统功能关系中的重要作用。研究结果为草甸草原打草场的养分管理对策的制定提供了理论依据。

关键词：草地管理; 低量氮添加; 地上生物量; 物种多度; 优势种

阔叶单叶木本植物叶柄和叶片性状的多维框架

周广凯, 刘志理*
（东北林业大学生态学院 东北林业大学森林生态系统可持续经营教育部重点实验室 东北亚生物多样性研究中心 哈尔滨 150040）
liuzl2093@126.com

叶柄连接叶片与茎干，同时承担机械支撑、水分运输和叶片空间定位等功能，但传统功能性状研究较少关注叶柄在植物适应策略中的作用。本研究旨在阐明叶柄–叶片协同关系如何沿环境梯度变化及其对冠层光捕获的潜在影响，并进一步揭示阔叶木本植物叶柄是否形成独立于叶片的功能谱。研究基于中国跨纬度森林样地调查，并结合全球植物性状数据库，测定或整合叶柄和叶片的多个性状。除长度外，叶柄的表型特征与纬度之间存在系统性的共变。叶片大小与叶柄表型特征之间的标度关系随着纬度的升高而降低，并与冠层光合有效辐射吸收比例存在协同关系。叶柄的特征定义了一个由结构投入和水力效率的正交轴构成的二维空间，并且该空间超出了叶片经济型谱的范围。温度可能是决定叶柄结构设计和水分利用效率的主要

因素。叶柄功能谱具有一定独立性，并通过与叶片的异速协同关系影响植物在不同环境中的资源分配和光捕获效率。将叶柄纳入植物功能性状框架，有助于突破传统叶片中心范式，并提升我们对植物环境适应和生态系统功能响应的理解。

关键词：叶柄; 叶片; 功能空间; 纬度

树种多样性对叶际微生物多样性的调控机制

Anqi Lu[1,2], Kyle Meyer[3], Guiyao Zhou[4], Xinli Chen[5], Dong Zhu[6,7], Zaipeng Yu[2], Xiaohua Wan[2], Lixuan Feng[2], Zihao Deng[2], Haoran Ye[2], Tao Wang[2], Mengjuan Wang[2], Brajesh K. Singh[8], Manuel Delgado-Baquerizo[4], Shengen Liu[1*], Zhiqun Huang[2]

（College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, 350000, China；Key Laboratory of Humid Subtropical Eco-Geographical Process of Ministry of Education, Fuzhou, 350007；Department of Integrative Biology, University of California, Berkeley, Berkeley, CA 94720, USA；State Key Laboratory of Subtropical Silviculture, Zhejiang A&F University, Hangzhou, 311300, China；Hawkesbury Institute for the Environment, Western Sydney University, Locked Bag 1797, Penrith, 2751, Australia）

liu_iae@163.com

The microbiome inhabiting the surface of leaves is essential for supporting forest health and productivity. Yet, the relevance of host selection and neighbourhood conditions in supporting phyllosphere microbial diversity remains poorly understood. Here, we used a large-scale forest biodiversity experiment in subtropical China to elucidate the mechanisms driving phyllosphere microbial diversity. Our results showed that bacterial diversity depends more on plant traits associated with resource-acquisitive strategy, while fungal diversity was more closely related to the trade-off between plant productivity and defense. Additionally, bacterial diversity was highly structured by neighbourhood tree competition, while fungal diversity was mainly shaped by host plant functional traits. Furthermore, the relationship between microbial diversity and host traits was enhanced as tree species diversity increased. Together, our work provides novel evidence that tree competition plays crucial roles in promoting microbial diversity in the phyllosphere, and highlights the importance of plant-microbe interaction in supporting ecosystem sustainability.

Keywords: Biodiversity and ecosystem functions, phyllosphere microbiome, plant traits, tree diversity

基于 DNA 宏条形码分析西藏昌都地区同域分布的雪豹与金钱豹食性

欧阳添昊，夏仲冉，汤雨明，罗佳林，吴嘉，向左甫*
（中南林业科技大学 湖南长沙 410004）
zorph@126.com

同域分布的大型食肉动物共存机制是群落生态学核心问题。雪豹与金钱豹作为高山生态系统顶级捕食者，对维持食物网稳定至关重要。昌都位于横断山脉北端，是二者同域分布关键区，但食物资源维度的生态位分化尚不明确。本研究采集 37 份疑似豹类粪便样品，DNA 鉴定确认雪豹、金钱豹各 13 份，利用 DNA 宏条形码技术分析二者食性组成、营养生态位宽度和重叠度。食性分析结果显示，金钱豹食谱含 16 种猎物，涵盖有蹄类、啮齿类、兔形目、食肉目及鱼类，属广谱机会主义者，其中麝类相对出现频率最高（76.9%）；雪豹食谱含 13 种猎物，高度集中于岩羊（84.6%），呈现明显的岩羊特化捕食特征；在捕食家畜方面，雪豹主要捕食牦牛（38.5%），金钱豹则更多捕食家牛（23.1%）及牦牛（15.4%）。金钱豹标准化生态位宽度（BA=0.500）略高于雪豹（BA=0.396），然而二者猎物组成结构存在明显分化，生态位重叠度较低（Ojk=0.291），雪豹主要依赖高海拔开阔地带的典型有蹄类；金钱豹则呈现更宽泛的捕食策略，食谱中包含更多森林、林缘物种。研究结果表明，二者通过猎物偏好分化、海拔生态位分离及金钱豹跨营养级捕食实现同域共存。雪豹对岩羊的高度专一性使其种群易受猎物资源波动冲击，而金钱豹宽泛食谱赋予其更强生态韧性；捕食家畜种类差异也为区域人兽冲突的分区管理提供了科学依据。

关键词：DNA 宏条形码；雪豹；金钱豹；食性组成；同域共存

天然油松林叶片、吸收根和运输根之间氮磷的异速生长关系

于江珊[1]，余开亮[2]，许浩[3]，Josep Peñuelas[4,5]，Jordi Sardans[4,5]，侯继华[1*]
（1.北京林业大学生态与自然保护学院，北京 100083，中国；2.中国科学院地理科学与资源研究所生态系统网络观测与模拟重点实验室，北京 100101，中国；3.宁夏农林科学院林业与草地生态研究所，银川 756000，中国；4.西班牙国家研究委员会全球生态单元 CREAF-CSIC-UAB，贝拉特拉，西班牙；5.CREAF，塞尔达尼奥拉德尔瓦列斯，西班牙）
houjihua@bjfu.edu.cn

陆生植物通常将更多的氮（N）分配给细根，更多的磷（P）分配给叶片，这反映了养分吸收和代谢的基本限制。然而，不同功能器官间氮磷分配的机制仍不清楚，尤其是在叶片与吸收根、叶片与运输根以及吸收根与运输根之间。我们选取中

国九个天然油松林中的 54 种木本植物，在个体、物种、系统发育和功能群水平上量化了叶片、吸收根和运输根间氮磷的化学计量异速生长关系。结果表明，叶片中氮磷浓度显著高于吸收根，吸收根中氮磷浓度又高于运输根。年平均气温对不同器官间氮磷化学计量比的变异具有最强的解释力。年平均气温升高与所有器官中氮浓度降低和磷浓度升高相关，表明植物对温度梯度的生理和生物地球化学响应存在差异。各器官间养分浓度存在显著的异速生长关系，氮和磷相对更多地分配到吸收根。这些关系在很大程度上与系统发育无关，但在不同功能群之间存在差异。灌木将更多的氮分配到根，更多的磷分配到叶，而乔木则将更多的养分分配到吸收根。总体而言，天然油松林中的木本植物表现出器官间养分分配的异速生长。这种策略在系统发育上是保守的，但在不同功能群之间存在差异，突显了地上和地下养分利用的不同模式，并加深了我们对森林生态系统中植物养分分配机制的理解。

关键词：养分分配，木本植物，器官，比例关系，系统发育保守性

树木菌根优势通过地上与与地下真菌联系塑造生物多样性-生产力关系

李春环 [1#]，陈磊 [3#]，李宜浓 [2]，张思榕 [3]，马克平 [3,4]，刘晓娟 [3]，张乃莉 [1*]
（1. 北京林业大学 北京 100083；2. 徐州工程学院 徐州 221008；3. 中国科学院植物研究所 北京 100093；4. 东北林业大学林学院 哈尔滨 150040）
zhangnaili@bjfu.edu.cn

树木菌根类型和不同区室的真菌群落是森林生产力的关键驱动因素。然而，它们在天然森林中塑造生物多样性－生产力关系方面的综合功能作用仍不清楚。在本研究中，我们调查了真菌特征和菌根类型如何通过地上－地下途径相互作用，从而调控亚热带森林动态样地中的生物多样性－生产力关系。我们的研究揭示了凋落物、根系和非根际土壤区室中不同的真菌微生物组，并确定凋落物和根系中的外生菌根（ectomycorrhizal，EcM）真菌是养分循环和地上生产力的关键调控者。在 EcM 占优势的样地中，生产力与根系相关 EcM 真菌的多样性呈正相关；而在丛枝菌根（arbuscular mycorrhizal，AM）占优势的样地中，生产力则来源于地上树木多样性与真菌基因组特征之间的协同作用。通过揭示这些直接和间接作用途径，我们的研究表明，菌根类型和真菌区室分化共同调控森林生产力。我们的研究结果强调了基于菌根特征开展森林管理的重要性，以及将多层次地下相互作用纳入生物多样性－生态系统功能模型的迫切必要性。

选择性间伐对蒙山温带森林土壤理化性质、酶活性和微生物群落的影响

付桂军[1]，高远[2,3,*]，周晶[3,*]
（1.齐鲁师范学院地理与旅游学院 济南 250200；2.临沂市科学探索实验室 临沂 273165；3.曲阜师范大学生命科学学院 曲阜 276015）
13589652495@163.com

由低植物多样性和不良林分结构导致的森林退化，已成为中国东部温带森林一个紧迫的生态问题。选择性间伐作为一种广泛采用的营林措施，通过移除衰老和过密的个体，可能提供一种有效的恢复策略。然而，间伐对该区域地下土壤特性和微生物群落的短期影响仍知之甚少。在本研究中，我们调查了间伐一年后对中国山东省蒙山森林生态系统中三种代表性森林类型（栓皮栎林、赤松林和麻栎林）的土壤理化性质、胞外酶活性、可培养微生物种群以及细菌和真菌群落结构的影响。针对每种森林类型，分别设立了三个间伐样地（S）和三个未间伐对照样地（D）。我们的结果表明，间伐显著提高了土壤 pH 值和 β-葡萄糖苷酶活性，同时降低了土壤有机质、全氮、水解性氮、速效钾、全磷含量和脲酶活性。间伐样地中可培养细菌数量增加，而放线菌数量减少。基于 16S rRNA 和 ITS 基因的高通量测序显示，间伐并未显著改变细菌 α 多样性，但改变了细菌群落组成，FAPROTAX 功能预测显示木聚糖分解（$p = 0.044$）和植物病原菌（$p = 0.024$）功能群显著减少。真菌 α 多样性表现出依赖于森林类型的响应，在间伐的栓皮栎样地中物种丰富度显著更高。β 多样性分析表明，间伐组和对照组之间的细菌和真菌群落存在明显分离。这些发现表明，选择性间伐在一年内即可引发土壤养分状况、酶功能和微生物群落结构的可测量变化，为评估间伐作为中国东部退化温带森林恢复工具提供了科学依据。

关键词：选择性间伐；细菌群落；真菌群落；温带森林；蒙山

专题 2. 生物多样性起源和演化

亚热带蚜虫跨大陆的多样性格局差异与演化背景

黄梦伊，刘伟仁，黄晓磊*
（农林生物安全全国重点实验室，福建农林大学植物保护学院 福州 350002）
huangxl@fafu.edu.cn

生物多样性格局同时反映了当代环境条件和长期演化历史，但针对特定气候带，综合比较昆虫空间格局、系统发育特征与环境关联的跨大陆研究仍相对有限。基于此，本研究基于 67,878 条分布记录、682 种的时间校准系统发育树及环境和地质数

据，比较三个大陆间亚热带蚜虫的多样性格局、系统发育特征和环境关联。结果表明，前 5%多样性热点主要分布于亚洲的东部和伊朗北部，欧洲的亚速尔群岛、阿尔卑斯南缘和西巴尔干，以及北美的东部和西部沿岸。亚洲谱系年龄范围更宽且整体较老，保留了更多古老谱系，欧洲和北美则更多集中于 30 Ma 以内。亚洲丰富度与暖季降水相关，北美与冷季温度、气候季节性和植被相关，欧洲未检出显著环境关联，而寄主植物丰富度在三大陆均呈显著正相关。亚科组成随演化时间的变化在三大陆间亦不相同，并与区域地质构造事件和全球降温在时间上对应。这些发现揭示了亚热带蚜虫在空间、谱系组成和环境关联上的大陆差异，强调其格局需结合区域环境与长期地质构造和气候历史理解。

关键词：蚜虫；亚热带；多样性格局；环境关联；宏演化

Multivariate Coevolution Shapes Life-History Strategies Across Amniotes

张扬, 黄珊, 吕牧羊, 张云舒, 李勤, 何芳良, 郝春晖
（南京大学 南京 210093）
haochunhui1996@gmail.com

Life-history traits jointly determine survival, growth, and reproduction, yet their evolutionary interdependence remains poorly understood. Most comparative studies focus on pairwise trade-offs or composite axes, overlooking the complexity of multivariate coevolution. Here, we integrate phylogenetic path analysis and multivariate Ornstein–Uhlenbeck models to investigate the coevolution of five key life-history traits across amniotes. We show that life-history evolution proceeds through modular coevolutionary pathways with distinct tempos among traits and taxa. Despite loading similarly on the fast–slow axis of mammals and birdsbut in opposite directions for squamate reptiles, clutch size and frequency evolve independently at both instantaneous and long-term timescales, with clutch frequency adapting rapidly, whereas clutch size evolves slowly over macroevolutionary time. Lifespan, development time, and offspring size exhibit positive coevolution at instantaneous scales across clades, but follow distinct adaptive modes with varying directions over longer timescales. These patterns become evident only through the integrated multivariate comparative approaches.

Keywords：life-history; Amniotes; coevolution; phylogenetic comparative analysis; phylogenetic path analysis; multivariate Ornstein–Uhlenbeck model

陆地植物演化和水平基因转移

刘海[1,2]，王卫青[1,2]，李佳妮[1,2]，曹晟源[3]，胡增辉[4]，刘媛媛[2]，郝洁[2,3]，严岳鸿[1,3]，Leon Otten[5,*]，陈可[1,2,3,*]

（1.华东植物迁地保护与利用国家林业和草原局重点实验室，上海辰山植物园 上海 201602；2.上海市资源植物功能基因组学重点实验室，上海辰山植物园 上海 201602；3.中国科学院分子植物科学卓越创新中心 上海 200032；4.福建农林大学林学院, 福州 350002；5.法国国家科学研究中心植物分子生物学研究所 法国 67084）

kchen@cemps.ac.cn

水平基因转移（horizontal gene transfer，HGT）是生物间遗传信息交流的重要方式，农杆菌介导的 HGT 可形成天然转基因植物（natural genetically modified organism，nGMO）。为解析农杆菌介导 HGT 在陆地植物中的分布及演化，研究团队建立生物信息学分析流程，对 NCBI 数据库中的陆地植物全基因组数据和原始测序数据进行筛查，并结合 T-DNA 编码蛋白特征序列及多项排除标准鉴定农杆菌来源序列。结果显示，在 82 种苔藓植物、5 种石松、70 种蕨类植物、5 种裸子植物和 2452 种被子植物中检测到农杆菌来源 T-DNA，共涉及 2614 种植物。研究还发现并定义了仅含单个基因的“迷你 T-DNA”（mini T-DNA），其在苔藓和蕨类植物中较为常见，部分迷你 T-DNA 在植物谱系中长期保留且编码区完整，而种子植物中则多见包含多个基因的 T-DNA 结构。研究表明，农杆菌介导的自然遗传转化广泛存在于陆地植物中，其发生范围远超传统认识，并为认识 T-DNA 的起源与演化提供了新的证据。

关键词：水平基因转移；农杆菌；迷你 T-DNA；植物基因组学

Karst tiankengs preserve but constrain evolutionary potential in the endangered tree Magnolia aromatica

ZHU Xianliang[1,2,3,4], TANG Jianmin[2], FENG Chao[1,3], LI Yingying[5], FENG Shuo[2], HE Guohua[2], WANG Jing[1,3], WEI Xiao[2*], KANG Ming[1,3,4*]

（1. State Key Laboratory of Plant Diversity and Specialty Crops, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650.；2. Guangxi Institute of Botany, Guangxi Zhuang Autonomous Region and Chinese Academy of Sciences, Guilin 541006.；3. Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Plant Conservation and Utilization in Southern China, Guangzhou 510650.；4. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408.；5. Guangdong Academy of Forestry, Guangzhou 510510）

weixiao@gxib.cn

Karst tiankengs—giant enclosed sinkholes—harbor humid, shaded forests that may buffer climate stress yet isolate populations. Here we generated a near telomere-to-

telomere genome assembly for the endangered karst tree *Magnolia aromatica* and resequenced 26 populations across tiankeng interiors and surrounding habitats in southwest China. Population genomics resolved four lineages and indicated a history of divergence with gene flow constrained by strong dispersal barriers. At the lineage scale, tiankeng-associated populations exhibited intermediate genomic diversity and mutation load relative to non-tiankeng lineages. At fine spatial scales, however, tiankeng-interior populations showed reduced diversity and elevated deleterious burden compared with nearby exterior populations, consistent with demographic isolation and strong genetic drift. We detected lineage-specific selection signals in genes related to photosynthesis and carbon fixation, and shading experiments revealed that seedlings exhibited high mortality under strong light but survived and grew well under deep shade. Forecasts combining species distribution models, genomic offset, and mutation-load prediction identified future risk hotspots near barriers and suggested that genomic erosion may compound climate vulnerability in parts of the range. Together, these results indicate that karst tiankengs can function as nested microrefugia that promote persistence while constraining connectivity and long-term evolutionary potential, with important implications for conserving edaphic specialists under climate change.

关键词：Conservation genomics; Genomic offset; Local adaptation; Magnoliaceae; Mutation load

中国樟科植物多样化历史与气候生态位演变

虎灵, 沈泽昊, 孟宏虎
（云南大学 昆明 650091）
shzh@urban.pku.edu.cn

樟科是东亚常绿阔叶林中的重要优势类群，其多样化可能与新生代气候变化和东亚季风演化密切相关。然而，中国樟科植物的多样化过程及其气候生态位演化机制仍缺乏系统认识。本研究以中国分布的樟科物种为研究对象，通过系统发育重建、分化时间分析、多样化速率分析和气候生态位演化分析，系统探讨了中国樟科的演化历史和气候生态位演化模式，并解析了其与东亚常绿阔叶林形成的内在联系。研究结果显示，中国樟科的多样化历史呈现阶段性，其谱系的深层分化可追溯至始新世，多数樟科物种在渐新世–中新世交界后随着东亚季风建立开始出现，并在中新世期间持续积累，而后在约 4Mya 左右因全球降温和降水减少物种形成事件出现下降。气候生态位演化分析表明，樟科物种的气候生态位进化速率与物种年龄有显著负相关关系，较年轻的物种具有更快的气候生态位进化速率。最冷月最低温和最湿季降水是影响樟科演化与分布的重要气候因子，其现代分布的经度格局亦在很大程度上受控于季风介导的水分梯度差异。基于此，本研究认为中国樟科的多样化历史

支持东亚常绿阔叶林的形成过程具有阶段性。即始新世早期成分出现，新近纪地形和气候重组驱动现代群落主体开始形成和扩张，最终在第四纪环境波动中趋于稳定。本研究不仅为理解东亚常绿阔叶林的形成过程和驱动机制提供了依据，也为研究其他植被的演化历史提供了借鉴和参考。

关键词：常绿阔叶林；气候生态位；樟科；东亚夏季风；多样化

附生被子植物的演化历史和物种多样性

周鹏[1]，李小倩[2]，刘以珍[1]，罗艳[3]，戎俊[1]，王伟[2*]，向小果[1*]
(1. 南昌大学生命科学学院 南昌 江西 330031；2. 中国科学院植物研究所 北京 100093；3. 中国科学院西双版纳热带植物园 勐腊 云南 666303)
wangwei1127@ibcas.ac.cn

附生被子植物占据独特的生态位，具有重要的生态功能与保护价值，两个多世纪以来一直备受关注。然而，目前我们对全球尺度下附生被子植物物种多样性的时空演化过程仍知之甚少。本研究基于包含 10,360 个被子植物属的时间树，结合生态位重建，解析了附生被子植物的演化历史及其全球物种多样性格局的成因。研究结果表明：附生被子植物最早可能起源于渐新世，在被子植物属级生命之树上至少发生过 48 次独立演化事件；附生谱系的净多样化速率呈驼峰形变化，自起源以来整体高于非附生谱系；新热带地区具有最高的附生被子植物物种丰富度，这主要归因于更长的谱系积累时间、充沛的降水以及更大的海拔梯度。上述研究结果加深了我们对附生被子植物演化动态的理解，同时也为该类群的保护工作提供了重要参考。

关键词：附生被子植物、宏观演化动态、物种丰富度差异、生态因子

专题 3. 生物多样性编目与数据库

中国菌物多样性信息平台与菌物名录

赵明君
（中国科学院微生物研究所）

揭示植物物种多样性的维持机制，以及这些机制如何塑造森林群落结构与功能，是生态学研究的核心问题。近年来的研究表明，植物与地下微生物的共生关系可能在其中发挥重要作用。外生菌根（ectomycorrhizal，EcM）真菌和丛枝菌根真菌可能对生物相互作用及植物多样性维持产生不同影响，但菌根共生关系如何在全球尺

度上影响森林物种多样性和生物量，仍缺乏系统认识。基于全球森林清查和样地数据，我们分别探讨了 EcM 树木比例与群落物种丰富度和森林生物量之间的关系。结果表明，EcM 树种比例与物种丰富度的关系随环境梯度发生变化：在低纬度和湿润地区呈现更强的负相关，而在高纬度和干旱地区则表现为单峰型关系。与此同时，在全球约 81% 的森林中，EcM 树木对森林地上生物量的贡献高于其物种比例所预期的水平，且这种超额贡献在热带森林中最为明显，并随纬度升高而减弱。进一步分析表明，这一现象主要源于 EcM 树种较高的个体密度和较大的个体体型：高纬度地区主要表现为树木密度效应，而低纬度地区则更多受到个体大小效应的影响。未来气候变化情景下，EcM 树种比例与地上生物量比例可能呈现不同的变化趋势。上述结果从地下共生关系与地上群落结构相结合的角度，揭示了菌根类型在维持全球森林物种多样性、塑造森林生物量格局以及影响森林对气候变化的响应中所发挥的重要作用。

告别 APG 系统：一个被子植物新分类系统方案

刘夙*
（上海辰山国家植物园 上海 201602）
su.liu1982@foxmail.com

即将发表的 APG V 被子植物分类系统，是近年来国际上广泛采用的 APG 系统的最新版。该系统遭到了较多批评，主要批评有三：1. 该系统坚持比较极端的归拢派方法，继续合并旧科，压缩总科数，比如将通泉草科、泡桐科、透骨草科、美丽桐科归并到列当科，既不考虑新科是否有明显的共衍征，又不考虑与传统分类系统的兼容。2. 为了不增加科数，该系统刻意采用旧数据作为个别目（如檀香目）的分类依据，但新数据并不支持其处理。3. 该系统又有双重标准之嫌，没有把归拢派方法平等地应用到每个目。鉴此，有必要在 APG 之外提出替代性的被子植物分类系统，为学界提供另一种选择。本文提出的 ATG（Angiosperm Taxonomy Group，被子植物分类学研究组）系统草案仍以分子系统学数据为基础，但反对极端归拢派方案，而主张结合形态特征和历史因素，对 APG 系统中的一些科加以拆分，使各科具有更明显的共衍征，并能尽量兼容传统分类系统。此外，ATG 系统将是民主的系统，在广泛征求国内外学者的意见之后再最终定稿。

关键词：生物多样性编目 植物分类学 多识植物百科

AI 时代的生物编目：更多数据，更高质量

黄晓磊*
（农林生物安全全国重点实验室，福建农林大学植物保护学院 福州 350002）
huangxl@fafu.edu.cn

生物多样性编目，包括野外采集、物种鉴定、标本管理、数字化与共享等工作，对于生物多样性科学研究、资源管理、科学决策和社会经济发展都有重要意义。AI 技术的快速发展显著提升了数据整合和科学研究的速度，生物多样性科学的研究模式也愈发复杂和综合，我们应该进一步思考生物多样性编目的内涵、需求和存在的问题。在本报告中，我将基于研究者“自下而上”的视角，提供一些具体的例子（包括物种调查、DNA 条形码、地理分布、AI 引入错误等），重点讨论生物多样性编目需要更多类型的数据，更高的质量，以及如何促进相关问题的解决。

关键词：生物多样性；生物编目；数据共享；数据库

AI 辅助生物物种名录建设

李文杰，林聪田*
（中国科学院动物研究所 北京 100101）
linct@ioz.ac.cn

生物物种名录是生物多样性研究与保护的基础性数据资源。传统名录建设依赖人工编目，存在效率低且更新滞后的问题。近年来，人工智能技术的快速发展为名录建设提供了智能化解决方案，显著提升了数据处理效率与质量控制水平。本工作借助 AI 全面赋能名录建设全流程。数据获取阶段，名录数据来源多样，其中分类专著和期刊文献是重要来源之一。本研究对已出版的动物志、地方志进行扫描后，利用 PaddleOCR 等 AI 识别工具精准识别并生成 Word 文档；再以大模型解析文档，提取物种名录信息，包括接受名、中文名、异名、分布等。质量校验环节，则引入 AI 校验规则，涵盖完整性检查、多音字识别及分布地逻辑验证，随后由分类学专家对 AI 处理结果进行审核确认，重点校对疑难物种的分类处理、异名关系和分布范围，确保数据准确可靠；同时按数据来源和审核流程对每个物种进行分级评估。定稿后经 CSTR 平台注册唯一标识符，最终入库统计并在线发布（sp2000.org.cn）。《中国生物物种名录 2026 版》于 2026 年 5 月 22 日发布，共收录 168,871 个物种及种下单元（物种 155,266 个），首次新增轮虫动物门和弹尾纲。名录通过网站分类检索和开放 API 接口提供服务，支持 AI 智能体无缝调用，实现灵活查询与数据集成。AI 技术显著提升了名录建设的效率和可靠性。下一步将重点填补昆虫纲等空

缺类群，持续优化 AI 模型，强化全球数据共享与融合，进一步提升名录的完整性和时效性。

关键词：中国生物物种名录，AI，数据处理，质量控制

国家生物信息中心组学数据资源与物种分类数据库

马英克，郑博，袁智翔，郝丽丽，邹东，章张*，赵文明*
（中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心） 北京 100101）
zhaowm@big.ac.cn

高通量测序技术快速发展，为传统形态学、生态学和生物地理学证据提供了大规模分子数据补充，也带来了新的科学和方法论上的问题。如何将分散的组学数据组织到统一、可追溯且能够持续修订的物种分类框架中，已成为生物多样性数据整合与利用的重要挑战。

国家生物信息中心国家基因组科学数据中心（CNCB-NGDC）已建立覆盖组学原始数据、基因组、变异组、转录组、表观组和单细胞组学等的数据资源体系。为实现不同资源之间以物种为中心的关联，CNCB-NGDC 建设了物种分类数据库。该数据库以公共分类数据为基础，整合物种名称、分类阶元、完整谱系、历史变更、遗传密码和外部数据库关联信息，并提供分类树浏览、物种多组学数据聚合、标记序列检索、最低共同祖先计算、序列比对、系统发育树构建及相关可视化服务。

未来期待与分类学、系统发育、生物多样性监测和保护领域的研究者共同探讨如何利用组学证据辅助物种鉴定和系统发育放置等科学问题，推动形成横跨组学证据、分类知识与生物多样性保护实践的开放数据资源。

关键词：多组学数据；物种分类；系统发育；物种分类数据库；生物多样性信息学

贵州省高等植物物种多样性编目

安明态 [1,2], 吴旭 [3], 余江洪 [3], 胡国雄 [3], 王琨 [4], 刘锋 [3], 吴天柔 [5], 徐钦 [1,6], 张豪 [1,2], 徐建 [7], 杨焱冰 [8], 曹威 [3], 严令斌 [3], 李鹤 [8], 李志 [1,2], 余德会 [9], 黄郎 [8], 陈志萍 [8], 李晓芳 [7], 邹华凯 [1,2], 龙敏 [1,2], 顾伟豪 [1,2], 马宇航 [1,2], 邱剪 [1,2]
（1.贵州大学林学院 贵阳 550025；2.贵州大学生物多样性与自然保护研究中心 贵阳 550025；3.贵州大学生命科学学院农业生物工程研究院山地植物资源保护与种质创新教育部重点实验室 贵阳 550025；4.贵州省国有龙里林场 贵州龙里 551200；5.独山县林业局 贵州独山 558200；6.

南京林业大学生态与环境学院 南京 210037；7.贵州省植物园 贵阳 550025；8.贵州省林业科学研究院 贵阳 550025；9.贵州雷公山国家级自然保护区管理局 贵州雷山 557100）
gdanmingtai@126.com

贵州省位于中国西南腹地、云贵高原东部, 生态区位独特, 生物多样性丰富, 高等植物物种多样性居全国第四。本文基于《贵州植物志》、相关文献及专项调查, 系统整理了贵州高等植物多样性数据, 涵盖物种名称、分布、濒危与保护等级等信息, 并按行政辖区和全省四大山脉八大水系等自然地理区进行了现状统计。截至 2025 年 4 月 30 日, 全省共记录高等植物 11,686 种(含种下单元, 下同) (包括 9,921 种和 1,765 种下单元), 隶属 386 科 2,396 属。其中, 野生高等植物 373 科 2,185 属 10,967 种, 省级特有高等植物 548 种, 喀斯特专性植物 781 种, 常见引种栽培植物 115 科 402 属 719 种, 外来入侵高等植物 202 种。本数据集还记录了贵州省国家重点保护野生高等植物 256 种和省级保护野生高等植物 55 种。空间分布上, 黔南布依族苗族自治州(6,790 种)和荔波县(3,981 种)物种数分别居各市州、县级单元首位; 苗岭山脉(6,340 种)和乌江水系(8,732 种)分别为山脉和水系物种多样性最高的区域。上述结果为揭示贵州省高等植物物种多样性特征、开展保护利用提供了重要资料, 同时也为《贵州植物志》(再版)、《贵州树木志》等专著的编撰提供了最新的数据支撑。

关键词：喀斯特专性植物; 重点保护植物; 生活型; 县市级分布; 四大山脉; 八大水系

专题 4. 生物多样性监测

气候变化和生物多样性综合监测研究

刘亚岚[1]，梅林露[1]，鉴海防[2]，武建勇[3]，李仁强[4]，邓劲松[5]，牛香[6]，邵长亮[7]，王大成[1]，姚晓婧[1]
（中国科学院空天信息创新研究院 北京 100094；中国科学院半导体研究所 北京 100101；生态环境部南京环境科学研究所 南京 210042；中国科学院地理科学与资源研究所 北京 100101；浙江大学 杭州 310058；中国林业科学研究院森林生态环境与自然保护研究所 北京 102300；中国农业科学院农业资源与农业区划研究所 北京 100081）
liuyl2008@126.com

气候变化与生物多样性丧失是全球最严峻的两大环境危机，二者相互强化，构成耦合挑战。联合国三大公约，以及 IPCC、IPBES 等国际机制共同提出了目标协同、一体应对的宏观治理愿景。提出了协同应对的宏观愿景，其落地亟需系统化的监测框架，以支撑跨境治理的数据与决策需求。然而，当前政策进展追踪仍面临显

著短板：地面监测标准不一，长期大尺度观测体系匮乏；对地观测数据利用不充分，更新能力与可及性均显不足。

本文首先开展协同监测标准、AI 智能监测、多星组网观测与陆-气耦合模型、多源数据融合等研究；在此基础上，构建了空天地一体化的监测网络与示范平台，并开展观测示范。通过上述工作，为深入探讨气候变化与生物多样性的协同机制与协同增效路径、科学评估相关政策实施效果提供先进技术和方法，助力全球、国家、区域层面的气候变化与生物多样性协同治理。

关键词：生物多样性、气候变化、综合监测、对地观测

气候在全球流域尺度上主导生物多样性格局

田思惠
（中山大学 广东深圳 518000）
tiansh25@mail.sysu.edu.cn

生物多样性正日益受到环境变化的威胁。要实现有效的保护，理解驱动生物多样性空间格局的因素至关重要。许多全球尺度研究聚焦于特定类群，并采用栅格作为分析单元，而非更能反映生态与水文意义边界的流域单元。这些局限削弱了我们理解环境驱动因子如何塑造全球生物多样性格局的能力。在此，我们分析了全球 66 万个流域，探讨气候、地形与地质对生物多样性的影响。结果表明，无论在全球尺度，还是在山地与平原地区，气候都是动物和植物物种丰富度的主导预测因子。物种丰富度随降水增加而持续升高，但对温度呈现非线性响应：随着变暖，物种丰富度上升；当年均温超过 25°C 后则开始下降。我们的结果强调，在气候变暖背景下保护物种多样性具有紧迫性，尤其应关注迁移能力低、对高温敏感的平原两栖类群。

关键词：生物多样性; 气候; 构造地貌

不完全探测对鸟类多样性估计的影响

王月 [1,2]，斯幸峰 [1,2*]
（1.浙江大学 杭州 310058；2.华东师范大学 上海 200241）
six@zju.edu.cn

不完全探测，即物种实际占据样点但在调查时未被记录到的现象，普遍存在于生物多样性监测中。然而，目前仍缺乏对其如何在多尺度（α、β 和 γ）和多维度

（物种、功能和谱系）上影响生物多样性评估的总体认识。本研究基于浙江千岛湖36个岛屿10年鸟类连续监测数据，采用群落占域模型校正探测偏差，并结合岛屿面积与隔离度，评估不完全探测对鸟类多尺度、多维度多样性估计及环境关系推断的影响。结果表明，不完全探测导致鸟类多样性估计产生偏差，其中α和γ多样性被低估，而β多样性被高估，且功能和谱系多样性对探测偏差的敏感性存在差异。同时，不完全探测影响鸟类多样性与岛屿梯度之间关系的推断，削弱了α和γ多样性与岛屿面积和隔离度的关系强度，并可能掩盖甚至改变β多样性沿岛屿梯度变化的真实模式。研究表明，不完全探测不仅导致多样性估计偏差，还可能进一步影响生态关系推断，强调了在生物多样性监测与评估中考虑物种探测过程的必要性。

关键词：不完全探测；岛屿生物地理学；鸟类；群落占域模型；生物多样性

野生鸟类自动监测及其数据智能处理方法

谢将剑
（北京林业大学 北京 100083）
shyneforce@bjfu.edu.cn

鸟类是生物多样性的重要组成部分。了解鸟类的分布、数量和种类，通过鸟类的调查与监测，有助于我们保护和维护自然生态系统的完整性和生物多样性。目前，鸟类调查和监测方法广泛采用红外相机、视频监测以及被动声学录音等设备。这些监测方法在长时间运行后会积累大量的图像和音频数据，但人工处理需要耗费大量的人力物力。基于人工智能识别鸟类图像和声纹识别方法，不仅可以提高数据处理的效率，还可以提高识别的准确率，进而提升鸟类调查与监测的效率和准确性。本报告旨在介绍鸟类常见的自动监测方法以及基于深度学习的鸟类声像数据智能处理的相关研究及展望。

南海绿海龟种群监测与栖息地评价研究

张婷[1,2]，何书前[1,2]，李育培[2,3]，于洋飞[2,3]，史海涛[1,2]，林柳[1,2*]
（1 热带岛屿生态学教育部重点实验室，海南省热带动植物生态学重点实验室，海南师范大学生命科学学院，海口 571158；三沙海龟生态学海南省野外科学观测研究站，三沙 573100；三沙市海洋保护区管理局，三沙 573100）
kylelinliu@163.com

海龟是国家一级重点保护野生动物，面临栖息地丧失、非法贸易、气候变化、海洋污染等诸多生存威胁，所有海龟物种均被列入 CITES 附录 I。南海地区是中国海龟资源最丰富的地区，也是海龟在中国最后的产卵场和避难所。

绿海龟是唯一稳定在中国海域繁殖的海龟物种，最大的产卵场在西沙群岛。近期研究表明，西沙绿海龟是一个新的地理种群和保护管理单元，具有独特保护地位和科研价值，但是种群遗传多样性水平低，且面临严重的捕猎压力，亟需加强保护。2020-2025 年期间，西沙群岛年均记录海龟巢穴 280 窝（220-359 窝），仍处于较低的种群水平。绿海龟对产卵场高度忠诚，更倾向于选择岛屿面积大，海滩宽度大，植被覆盖率高，坡度平缓，且人类活动少的区域产卵。产卵场质量好坏决定海龟繁殖成败。近年来，台风等极端天气使海龟孵化失败率高达 35%，使沙滩持续受侵蚀，产卵场面积逐年下降，海龟的筑巢行为和巢址选择发生改变，更多海龟进入植被区产卵，导致弃巢率增加；南海地区绿海龟雌雄比已接近 4:1，受全球变暖影响，孵化温度逐年升高，进一步加剧了海龟性别失衡。

绿海龟是长距离洄游迁徙物种，也是高度近岸生活的海龟物种。为更好地监测绿海龟迁徙路径和行为特征，我们研发了基于北斗卫星+5G 的海龟智能追踪器，并成功应用于人工繁育和野生海龟的生态监测。追踪设备出水定位时间快（10 秒内），具有高定位成功率（80%）和数据传输率（85%），定位精度达米级，同时首次实现海龟卫星追踪器影像实时记录和传回功能，融合北斗定位、温度、压力、运动状态和视觉影像，可判断位置、行为、环境与活动异常，识别迁徙途中风险。基于智能追踪器的精准定位和快速响应机制，已成功救助多只受困海龟。该设备和技术可用于海龟等濒危物种保护、近岸海洋生态系统健康评估，辅助海洋国家公园、自然保护区等重点区域的生态监管，支撑智慧海洋建设。

关键词：海龟；产卵场；气候变化；北斗卫星追踪；

地形将树木死亡扰动解耦，推动相反的土壤碳命运

张东旭，郑毅，尹进，冯瑜著，张博澳，叶万辉，练琚愉*
（中国科学院华南植物园 广州 510650）
lianjy@scbg.ac.cn

在全球气候变化加剧背景下，森林树木死亡率持续上升，可能改变土壤有机碳（SOC）的储量与稳定性，进而影响森林碳汇功能。冠层开放与碎屑遗留是树木死亡后的两类普遍生态后果，但二者通常同步发生，且相对强度和持续时间随死亡情景变化，使其对 SOC 动态的独立作用及相互关系难以区分，导致树木死亡影响

SOC 积累与损失的机制仍不清楚。为此，我们依托广东鼎湖山 20 公顷森林动态监测样地，以 6 种冠层树种为对象，在山脊和山谷选取死亡 2–7 年的大型乔木，并以邻近同种、同径级活树为对照进行配对采样。结果表明，地形可调节冠层开放效应与碎屑遗留效应的相对主导程度，使相同树木死亡事件在两种地形中形成相反的生态选择压力，并通过筛选出不同的微生物碳源和能量获取策略，将 SOC 推向截然相反的命运。本研究为理解不同树木死亡情景下 SOC 的差异化响应提供了可推广的机制视角。

关键词：树木死亡，地形解耦，土壤有机碳命运

从监测到行动：多手段华北豹监测数据的保护转化路径与实践

赵莹[1]，黄巧雯[1]，宋大昭[1]，王刚[1]，郝耀华[1]，李卫东[1]，李晟[2]，栗夏林[3]
（重庆江北飞地猫盟生态科普保护中心 北京 101149；北京大学生命科学学院 北京 100871；清华大学建筑学院 北京 100084）
flying_0925@126.com

华北豹是中国特有豹亚种，山西和顺县是其重要分布区与种源地。本报告以和顺县华北豹保护为案例，展示多手段监测数据如何驱动保护决策落地。本报告整合三类监测数据：（1）基于红外相机长期调查，识别华北豹适宜及核心栖息地分布，据此划定和顺县华北豹重要栖息地并提交政府开展政策倡导，推动重要栖息地内禁止开发建设；（2）结合路杀调查、华北豹家域分布与周边栖息地评估，识别 337 县道动物高频穿越路段，优先确定动物通道选址，并依据环境条件提出栖息地修复与围栏设置方案，以降低路杀风险、促进种群连通；（3）在重点盗猎区域布设无人机机场开展常态化巡护，通过可疑进山车辆识别与及时蹲守提升反盗猎执法效率，同时无人机巡护的可见性本身对盗猎行为形成有效威慑。本报告表明，监测不仅是数据获取工具，更是直接参与保护管理的行动手段，构建了 "监测—决策—保护" 的闭环实践路径，为本土猫科动物保护提供可复制的范式。

关键词：华北豹；红外相机监测；动物通道；路杀监测；无人机巡护；保护决策

Media-based monitoring reveals nationwide patterns of human-large carnivore conflict in China

Jiahui Yuan, Roland Kays, Alex Jensen, Ke Liu, Yanlin Liu, Sheng Li
(Tsinghua University)
rwkays@ncsu.edu

Human-large carnivore conflict is a major challenge to biodiversity conservation worldwide, yet large-scale analyses across whole carnivore communities remain scarce. Home to 13 large carnivore species that increasingly share space with one of the world's densest human populations, China provides an ideal system to investigate patterns and potential drivers of human-large carnivore conflicts. Using news media as monitoring source, we compiled 520 conflict events published between 2005 and 2024. We characterized conflict patterns, identified their environmental and socioeconomic predictors using generalized linear mixed models, and predicted conflict hotspots through spatial modeling. Conflict types differed markedly among species. Asiatic black bears (*Ursus thibetanus*) were primarily associated with attacks on humans and property damage, whereas large canids and felids mainly caused livestock depredation. Surplus killing was concentrated in grey wolves (*Canis lupus*), leopards (*Panthera pardus*), and snow leopards (P. uncia), substantially amplifying livestock losses. Conflict occurrence was positively associated with human modification, proximity to protected areas, large carnivore species richness, and poaching pressure (which remains widespread and often affects carnivores as by-catch). Predicted hotspots where conflict risk and carnivore richness overlapped are concentrated in the Changbai Mountains, the eastern Qinghai–Tibet Plateau, and the southwestern border region. Our findings show that human-large carnivore conflict is shaped by both carnivore diversity and anthropogenic pressure, providing a scientific basis for prioritizing region-specific conflict mitigation and large carnivore conservation.

Keywords: Human-wildlife conflict, large carnivore conservation, surplus killing, spatial modeling, HWC management, protected areas

多鸟种无脊椎食性引物扩增性能与生态位评估

郑淑文 [1]，赵欣如 [2,3]，姚蒙 [1*]
（1. 北京大学生命科学学院 北京 100871；2. 中国观鸟会 北京 100029；3. 北京师范大学 北京 100875）
yaom@pku.edu.cn

鸟类是生物圈的重要组分，高精度食性信息对理解其资源利用、生态位分化及物种共存具有重要意义。DNA 宏条形码因其非损伤性与准确灵敏等优势，是食性研究的有力方法，但结果高度依赖通用引物的性能。为此，本研究选取 4 对常用于

鸟类无脊椎食性分析的线粒体COI引物，依据扩增长度可划分为长、短片段两组。基于北京翠湖湿地公园环志站采集的 16 种鸟类 93 份粪便，比较引物的综合性能，分析引物选择对食性组成与生态位差异的影响。结果表明，各引物在不同指标上各具优势。短片段引物虽分类覆盖度更广，但非特异性扩增较多；长片段引物的特异性与样品检出率则更高，并可额外检出部分无脊椎动物目。引物选择虽显著影响了食性组成结果，却并未掩盖物种间的食性差异（$p < 0.001$）。各引物检测得到的种间食性相似度显著不同（$p < 0.001$），种内相似度则保持一致（$p > 0.05$），即引物选择对种间生态位分析产生了显著影响。本研究将引物评估从性能指标延伸至生态位定量评估，有助于提升多物种粪便 DNA 宏条形码研究的稳健性与可比性。

关键词：鸟类食性，DNA 宏条形码，引物评估，分子生态学

环境 DNA 在生态环境中的应用研究

金桃*
（壹健生物科技(苏州)有限公司 江苏 昆山 215399）
jintao@magigene.com

最近几年内，环境 DNA 宏条码技术（environmental DNA，eDNA）得到了快速的发展和广泛的应用，尤其是在生物多样性的研究和调查中。但是不同的生物类群，eDNA 技术的成熟度差别很大，取决于该类群的多样性和过往的研究基础。目前，在水生环境中，eDNA 技术的应用最为成熟，特别是鱼类的检测。但是在陆生环境中，eDNA 的应用相对要少很多，主要集中在哺乳动物、鸟类、昆虫等类群，但仍然存在着一些不足，如覆盖度不足或物种鉴别的分辨率不足等。我们团队专注于 eDNA 技术的开发和应用研究，建立了针对不同生境，不同生物类群的 eDNA 调查方法，包括从采样到引物选择到数据分析的全流程，并实现了云平台在线分析。同时，我们致力于 eDNA 数据库的建设，通过搜集多个公共数据库中的条形码，进行数据的清洗，校正，辅以自测了国内多个物种的线粒体基因组或单基因片段进行补充，形成了相对完善的数据库并开放在线查询服务。

关键词：环境 DNA，生物多样性，数据库，云平台

专题 5. 人工智能、新技术与复杂生态系统

草地多样性多尺度遥感监测及其生态应用

赵玉金, 吴智胜，陈文贺，白永飞
（中国科学院植物研究所 北京 100093）
zhaoyj@ibcas.ac.cn

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。本报告首先以内蒙古草原站单一栽培平台和放牧样地以及样地调查，基于无人机高光谱数据，探讨遥感光谱多样性、功能性状多样性和草地物种多样性的关联性，并比较不同光谱多样性指数在不同空间分辨率下的尺度依赖性和波谱贡献，探讨种内和种间光谱变异对对多样性预测的影响，然后利用在整个蒙古高原取样的 1609 块 25ha 样地和机器学习算法，建立了草原物种丰富度模型，并绘制了 500 米分辨率的蒙古高原物种丰富度分布图。结果显示，与单独使用宏观环境变量(65%)和遥感变量（64%）相比，遥感和环境变量的组合在预测草原物种丰富度方面没有产生实质性的提高（69%）。然而，遥感变量和环境变量对预测草原物种丰富度的相对重要性是与尺度有关的，也就是说，卫星遥感可以进行更精细的预测，而环境变量在超过 1000 公里的大尺度上发挥更大作用。这些发现提高了我们对预测草原物种多样性的关键驱动因素的相互作用的理解。

关键词：遥感; 光谱多样性; 草地

植物功能性状高光谱遥感监测与应用

王智慧 [1*], 孙中宇 [1], 耿守保 [1], 温美丽 [1], 杨龙 [1], 张辉 [2,3], Jean-Baptiste Féret [4], Anna K. Schweiger [5], Adam Chlus [6], Eric L. Kruger [6], Philip A. Townsend [6]
（1. 广东省科学院广州地理研究所，广东省粤港澳大湾区城市群生态系统野外科学观测研究站，广东，广州，510070；2. 海南大学林学院，海南五指山森林生态系统定位观测研究站，海南，海口，570228；3. 海南大学林学院，热带特色林木花卉遗传与种质创新教育部重点实验室，海南，海口，570228；5. Department of Land Resources and Environmental Sciences, Montana State University, MT, 59717, USA；6. Department of Forest and Wildlife Ecology, University of Wisconsin-Madison, Madison, WI, 53706, USA）
wangzhihui@gdas.ac.cn

植物功能性状是反映植物对环境变化响应和适应的关键属性，已成为解决重要生态学问题的有效手段。以往研究主要采用野外单点采样和室内分析，针对大区域尺度多种植物叶片性状的同步观测非常稀缺，且大多忽略了物种内部存在的较大变异。本研究利用新一代高光谱遥感技术，同步获取跨生态气候梯度的多种关键叶片性状，探讨性状的协同权衡关系、性状-环境因子相关关系在种内和种间水平的表现和差异，揭示植物在环境变化条件下的最优生长和适应策略。研究表明，在物种水平，叶片经济型谱与防御和压力承受性状关系很弱，但在物种内部关系明显变强；环境因子对跨物种叶片性状变异的解释很低，但对某些物种个体表现出显著强相关。结果表明叶片性状呈独特性变化，不同物种采取多样化性状组合以达到适合度。高光谱遥感能够提供刻画多种关键植物叶片功能性状的全新高效手段，可在大尺度量化种内种间性状变异以及与环境因子的关系，有助于推动生态学相关领域的发展。

关键词：植物功能性状; 高光谱遥感; 定量反演; 性状变异

RTK 定位限制是否会影响森林样地调查的样本代表性？

孙博谋, 黄继红
（中国林业科学研究院森林生态环境与自然保护研究所 北京 100091）
northalluvion@caf.ac.cn

气候变化背景下，科学解析森林生态学过程的作用机制，是理解森林演替规律、预测森林动态变化的重要前提，而精准数据的获取则是实现这一解析与预测的基础和关键。近年来，随着 RTK 定位技术不断发展并日益普及，野外群落精准定位技术取得显著进步，其在森林样地调查中的应用逐渐广泛，呈现出逐步替代传统森林罗盘仪、部分替代全站仪作业的趋势。然而，在实际野外数据调查中，RTK 定位受到森林冠层和复杂地形的影响，部分预设样地位置难以获得稳定固定解，往往需要放弃原位置或向周边重新选点。这种由定位可实施性引起的位置调整若并非随机发生，可能进一步影响最终样本对森林总体的代表性，进而干扰对森林演替规律的科学探讨。为验证林冠特征和地形特征是否对 RTK 定位存在显著影响，本研究以海南霸王岭热带森林为对象，基于 ALOS-2 L 波段双极化散射信息与地形天空遮挡构建相对定位困难度代理，并结合 GEDI 激光雷达和 Sentinel-2 多光谱数据，比较不同定位困难条件下森林垂直结构与冠层状态的差异。结果表明，定位困难度差异明显的样点在 GEDI 表征的森林高度及垂直结构上总体较为接近，但在 Sentinel-2 植被指数所反映的冠层状态上存在显著差异，说明潜在定位约束与森林属性之间的关系并不能简单归结为“林分越高越难定位”。研究结果提示，森林调查中的定位技术可能不仅影响作业效率，还可能形成一种潜在的技术性样本筛选机制：若外业过程中系统性避开难以获得固定解的位置，最终样本的森林组成及其对总体的代表

性可能随之发生改变。因此，在森林群落野外精准数据获取中，应高度重视 RTK 定位可实施性对样本代表性的潜在影响，未来需将定位困难度纳入调查设计，结合多源遥感数据评估其空间分布，优化样点布设与外业方案，以提升森林演替规律研究的可靠性和数据获取的精准性。

关键词：森林样地调查; 样本代表性; RTK 定位技术

多源数据与人工智能驱动的国家公园生态系统服务响应诊断与保护分区

雷可欣
（中国林业科学研究院资源信息研究所 北京 100091）

国家公园是生态安全屏障核心载体，科学、客观地诊断保护地生态系统服务的响应模式，并厘清其背后的驱动机制，对制定差异化调控策略至关重要。传统评估偏重单服务静态制图、驱动机制非线性解析不足、分区依赖先验知识，因此，本研究以中国首批国家公园为对象，整合 2000—2025 年遥感、气候、社会经济、地形土壤等多源数据，构建 1 km 标准化时空数据集；采用 InVEST 与 CASA 模型评估水源涵养、碳储量、土壤保持和生境质量，构建可解释空间 AI 框架，以 UMAP-HDBSCAN 无监督识别功能响应模态，以 XGBoost-SHAP 解析驱动层级与非线性阈值，并以留一公园交叉验证检验迁移性；最后基于典型性-敏感性框架识别优先修复区。结果表明：五大国家公园生态系统服务总体呈“三升两降”格局，识别出 18 类空间结构化响应模态，存在跨区域功能收敛，人类活动为全局主导驱动因子（SHAP 贡献 37.2%），提取土地利用强度 0.50、冠层覆盖 53.2%等关键非线性阈值，识别优先保护修复区 8273 km²，占总面积的 3.59%。

基于多源数据与 Transformer-CatBoost 模型的中国森林凋落物时空预测与碳储量评估

郭梦蕾
（中国林业科学研究院资源信息研究所 北京 100091）

森林凋落物是森林生态系统碳循环的重要组成部分，但全国尺度月际动态及空间分布仍缺乏系统认识。本研究基于中国 88 个森林站点 4,223 条月尺度凋落物观测数据，融合气候、植被、遥感和地形等多源数据，构建 Transformer-CatBoost 模型，实现中国森林凋落物全国尺度月际预测，模型 R^2 达到 0.74。进一步重建 2002、

2009 和 2018 年森林凋落物时空格局，揭示其空间分异和季节变化特征，并估算三期森林凋落物碳含量分别为 290.4、311.9 和 354.1 Tg，呈持续增加趋势。研究为全国森林碳循环模拟、生态恢复成效评估和森林碳汇监测提供了数据与方法支撑。

事件尺度分析揭示生物多样性对干旱下森林光合作用稳定性的贡献被低估

刘祥平
（首都师范大学 北京 100048）

森林在吸收大气中的碳方面发挥着至关重要的作用，但气候变化导致干旱频率和强度的增加正在威胁其维持这一功能的能力。我们利用三维时空聚类方法（3D DBSCAN）识别了主要的干旱事件，并以太阳诱导叶绿素荧光（SIF）表征森林光合作用活动，量化物种丰富度（SR）和结构多样性（SD）对干旱事件及其演变过程中森林光合作用稳定性的贡献。结果表明，生物多样性的影响与干旱强度密切相关。SR 在土壤湿度处于第 8 至 16 百分位之间时贡献最大，而 SD 在更严重的水分胁迫下发挥着越来越重要的作用。值得注意的是，当以整个干旱事件期间的累积光合损失来量化时，生物多样性对森林光合作用稳定性的影响远强于以短期响应来量化的影响，这表明短期评估可能低估了生物多样性对干旱条件下森林稳定性的贡献。这种依赖性也表现出明显的地理差异：SR 在北方温带森林中的影响更为突出，而 SD 在低纬度亚热带湿润森林中的影响更为显著。

专题 6. 全球变化与生物多样性

遗传多样性的历史决定论：120 种鸟类比较基因组学证据

董锋
（中国科学院昆明动物研究所 昆明 650032）
dongfeng@mail.kiz.ac.cn

解析遗传多样性的决定因素一直是种群遗传学和进化生物学的核心议题之一。本研究中，我们构建了藏东南-云南西部 120 个雀形目鸟类的种群基因组数据，以期解析其种间遗传多样性变异和潜在驱动因素。结果表明，这些物种间的遗传多样性差异达 6.5-16.4 倍；历史种群动态（尤其是晚更新世期间）是唯一显著性关联因子，而种群数量、生活史和生态特征等现代因素均无显著相关性。这些结果表明当前物种的遗传多样性正从历史干扰中逐步恢复，迫切需要有效保护政策以维持物种进化潜力。

关键词：鸟类，基因组多样性，进化潜力

尺度效应揭示统一的物种-能量关系

蒋子涵[1,2]，刘鸿雁[3]，唐志尧[3]，CHASE Jonathan M.[4,5]，ANTONELLI Alexandre[6,7,8,9]，KESSLER Michael[10]，PANDIT Maharaj K.[11]，MANISH Kumar[12]，徐炜[13]，朱剑霄[14]，王庆刚[15]，孙航[1]，周晓璐[16]，彭长辉*[16,2]

（1.中国科学院昆明植物研究所 昆明 650201；2.魁北克大学蒙特利尔分校 蒙特利尔 H3C3P8；3.北京大学 北京 100871；4.德国综合生物多样性研究中心 莱比锡 04103；5.马丁路德·哈勒-维腾贝格大学 哈雷 06120；6.英国皇家植物园 里士满 TW93AB；7.哥德堡大学 哥德堡 SE41319；8.中国科学院武汉植物园 武汉 430074；9.牛津大学 牛津 OX13RB；10.苏黎世大学 苏黎世 8008；11.新加坡国立大学 新加坡 138614；12.金达尔全球大学 索尼帕特 131001；13.广东省科学院广州地理研究所 广州 510075；14.兰州大学 兰州 730000；15.中国农业大学 北京 100193；16.湖南师范大学 长沙 410081）

peng.changhui@uqam.ca

能量可用性常被认为是驱动大尺度环境梯度（如海拔）上生物多样性变化的主要因素，但能量限制假说并未得到普遍支持。本研究假设，物种-能量关系的变化可能源于生物对能量的响应尺度（response scale）与实际观测尺度（observation scale）间的不匹配。为此，本研究首先基于能量需求量化各类群的响应尺度，随后开发了一个通用的标度模型（scaling model），以明确两者的尺度匹配度如何影响能量在预测海拔物种丰富度格局中的解释力。全球山地数据分析强烈支持该模型的预测，即尺度匹配度决定了能量-丰富度关系的可探测性。在中国东灵山的案例中，能量可用性在预测的对应响应尺度上最好地解释了乔木、草本和凋落物动物的丰富度格局。本研究证实了尺度匹配在物种-能量关系中的关键作用，推进了对山地生物多样性分布的理解。该尺度匹配原则为预测跨尺度生物多样性变化提供了机制基础，并可广泛应用于能量随尺度变化的其他分类群及生态系统。

森林植物菌根共生关系与群落多样性和功能

姜峰，王志恒

（南京大学 南京 210023；北京大学 北京 100871）

zhiheng.wang@pku.edu.cn

揭示植物物种多样性的维持机制，以及这些机制如何塑造森林群落结构与功能，是生态学研究的核心问题。近年来的研究表明，植物与地下微生物的共生关系可能在其中发挥重要作用。外生菌根（ectomycorrhizal，EcM）真菌和丛枝菌根真菌可

能对生物相互作用及植物多样性维持产生不同影响，但菌根共生关系如何在全球尺度上影响森林物种多样性和生物量，仍缺乏系统认识。基于全球森林清查和样地数据，我们分别探讨了 EcM 树木比例与群落物种丰富度和森林生物量之间的关系。结果表明，EcM 树种比例与物种丰富度的关系随环境梯度发生变化：在低纬度和湿润地区呈现更强的负相关，而在高纬度和干旱地区则表现为单峰型关系。与此同时，在全球约 81% 的森林中，EcM 树木对森林地上生物量的贡献高于其物种比例所预期的水平，且这种超额贡献在热带森林中最为明显，并随纬度升高而减弱。进一步分析表明，这一现象主要源于 EcM 树种较高的个体密度和较大的个体体型：高纬度地区主要表现为树木密度效应，而低纬度地区则更多受到个体大小效应的影响。未来气候变化情景下，EcM 树种比例与地上生物量比例可能呈现不同的变化趋势。上述结果从地下共生关系与地上群落结构相结合的角度，揭示了菌根类型在维持全球森林物种多样性、塑造森林生物量格局以及影响森林对气候变化的响应中所发挥的重要作用。

全球变化背景下森林生态系统动态与生物多样性维持机制

王杰杰
（中山大学 广东深圳 518000）
jiejie.wang@unb.ca

全球气候变化及极端扰动正在深刻影响森林生态系统的结构、功能与生物多样性。气候变暖、干旱和野火等全球变化因素可通过改变树木生长、死亡与更新过程，重塑森林群落组成和结构，并进一步影响物种共存及生态系统功能。本研究围绕全球变化背景下森林动态与生物多样性维持机制，结合长期森林调查和树木个体动态数据，探讨不同树种及生命阶段对环境变化和扰动的差异化响应，以及这些变化对森林群落结构和生物多样性的影响。进一步分析种间竞争、环境异质性和自然扰动等过程在维持物种共存和群落稳定性中的作用。研究旨在从树木个体、群落到生态系统尺度揭示全球变化影响森林生物多样性的生态过程，为理解森林生物多样性维持机制及制定兼顾生物多样性保护与生态系统功能的森林管理策略提供科学依据。

关键词：气候变化; 森林生态系统; 生物多样性

全球树木叶型与习性的宏观生态学格局及其对气候变化的响应

马浩之[1*]，Thomas Crowther[2]，莫李东[3]，Constantin Zohner[4]
（生命科学学院 南京大学 南京 江苏 210046 中国；环境科学与工程系 阿卜杜拉国王科技大学 图瓦尔 麦加 23715 沙特阿拉伯；生命科学学院 南开大学 天津 天津 300192 中国；未来倡议研究所 东京大学 东京 东京都 113-0033 日本）
haozhi.ma@nju.edu.cn

森林生态系统储存全球陆地植物 80–90%生物量，维系巨大生物多样性，其结构与功能受叶片性状调控。理解全球树木叶型（阔叶/针叶）和叶习性（常绿/落叶）的空间变异及环境驱动机制，对预测全球变化下森林生物多样性维持与碳循环至关重要。然而，以往缺乏基于地面调查的全球尺度叶型量化评估。本研究整合全球森林生物多样性倡议（GFBi）的标准化森林样地的个体树木记录与 TRY 植物性状数据，结合气候、土壤、地形和植被等环境变量，利用随机森林模型解析全球森林叶型分布格局及其驱动因子，并评估未来气候变化对叶型分布的影响。结果表明：全球叶习性主要受等温性和土壤特征共同驱动，叶型则主要由温度决定。全球树木中约 38%为针叶常绿、29%阔叶常绿、27%阔叶落叶、5%针叶落叶；对应地上生物量贡献分别为 21%（126.4 Gt）、54%（335.7 Gt）、22%（136.2 Gt）和 3%（18.7 Gt）。未来气候情景显示，到本世纪末 17–34%的森林面积将面临与当前优势叶型不匹配的气候条件，针叶常绿林向落叶/混交林转换的风险尤为突出。本研究为全球森林生物多样性保护、生态系统碳循环预测及气候变化应对提供了关键基线数据与空间明确的风险评估。

关键词：叶片性状；气候变化；生物群系；森林碳循环；生物多样性

红树林土壤活性微生物多样性及其对碳激发效应的调控机制

陈怀海[1]，李佳欣[1,2]
（1. 生态学院，中山大学，深圳，广东，中国；2. 中国科学院植物研究所，北京，中国）
chenhh68@mail.sysu.edu.cn

红树林是兼具高生物多样性与强碳汇功能的滨海蓝碳生态系统，其土壤有机碳周转过程决定碳汇稳定性，外源碳输入引发的碳激发效应是核心调控机制。目前潮位梯度下土壤微生物多样性分异及其对碳激发效应的驱动机制尚不明确，制约了红树林生物多样性保护与生态系统功能维持的科学认知。本研究以深圳湾福田红树林潮间带土壤为对象，结合 13C-DNA 稳定同位素探针、宏基因组测序与外源底物添加实验，解析不同潮位下活性微生物多样性与碳代谢功能特征，揭示碳激发效应的

微生物调控机制。结果表明，潮位梯度塑造了红树林土壤理化性质、碳库特征与微生物群落的显著分异，进而形成差异化的碳激发效应格局：高潮位对葡萄糖与纤维素均呈负激发效应；中潮位呈底物依赖性响应，葡萄糖处理为负激发，纤维素处理则诱导强正激发。活性微生物类群受潮位与底物共同筛选，不同底物选择性富集特定类群，但整体碳代谢功能存在冗余性。本研究证实潮位梯度是驱动红树林土壤微生物多样性分异与碳激发效应差异的关键因子，可为滨海蓝碳生态系统的生物多样性保护与碳汇功能稳定提升提供科学依据。

关键词：红树林; 土壤微生物多样性; 碳激发效应; 微生物功能冗余性

雌雄异株植物开花物候对气候变暖响应的性别差异

吴浩 [1,2]，江明喜 [1,2]，魏新增 [1,2,*]
（1. 中国科学院武汉植物园 武汉 430074；2. 中国科学院大学 北京 100049）
xzwei@wbgcas.cn

春季物候（开花、展叶）与植物的生长和繁殖密切相关，并且对环境变化十分敏感。对于雌雄异株的物种来说，雌花和雄花开花时间的匹配性对于其成功授粉至关重要。然而，雌株和雄株开花物候对气候变化的响应是否一致？其对二者花期匹配性有何影响？目前尚不清楚。以珍稀濒危植物连香树（*Cercidiphyllum japonicum*）为研究对象，通过枝条控制实验探究了雌雄个体开花和展叶物候如何响应温度和光周期的变化，并分析其物候敏感性的性别差异。结果显示：在大多数情况下，雄性个体比雌性个体更早开花和展叶，反映出春季物候的性别二态性。升温使雌雄个体的开花和展叶时间均显著提前，而缩短光周期对其无显著影响。有趣的是，雌性个体开花时间对温度的敏感性高于雄性个体，表明春季变暖可能缩短二者开花时间间隔，进而促进该物种的繁殖适合度。因此，本研究强调在预测气候变化背景下雌雄异株植物种群动态时，需考虑其雌雄个体的性别响应差异。研究结果有助于评估全球变化对雌雄异株珍稀植物繁殖潜力的影响，进而为其管理与保护提供新的理论依据。

关键词：气候变化，雌雄异株，开花物候，温度敏感性，性别差异

Towards rigorous validation of ecological niches in species distribution modeling

Muyang Lu[1,2,3,4*], Kevin Winner[3,4], Cory Merow[5,6,7]

（Key Laboratory of Bio-resources and Eco-environment of Ministry of Education, College of Life Sciences, Sichuan University, Chengdu, Sichuan 610065, China；Sichuan Key Laboratory of Conservation Biology on Endangered Wildlife, College of Life Sciences, Sichuan University, Chengdu, Sichuan 610065, China；Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, New Haven, CT, USA；Center for Biodiversity and Global Change, Yale University, New Haven, CT, USA；Eversource Energy Center, University of Connecticut, Storrs, CT 06066；Center of Biological Risk, University of Connecticut, Storrs, CT 06066；Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Connecticut, Storrs, CT 06066）

lvmuyang@scu.edu.cn

To mitigate the biodiversity crisis, species distribution modeling (SDM) or ecological niche modeling (ENM) has become a pivotal tool for predicting species occurrence in novel regions and time periods. This predictive ability in novel environments, also known as model transferability, hinges on accurate estimation of a species' ecological niche. However, it remains unclear how spatial processes such as dispersal limitations and biotic interactions affect niche estimation, and how to empirically validate niches estimated from SDMs. These issues are rooted in a conceptual gap between Hutchinson's niche definitions and niches estimated by SDMs: while the former are defined by absolute fitness across environmental space, the latter at best provide a proxy for relative fitness. Consequently, Hutchinson's niche concepts provide limited guidance for addressing the statistical challenges of niche estimation and validation in SDMs. To fill this gap, we propose a probabilistic framework for operationalizing niche concepts that aligns with the modeling structure of SDMs. Using this framework, we first reveal an inherent trade-off between predicting a species' realized distribution and estimating its fundamental niche in correlative models. As a result, improved fundamental niche estimation does not necessarily enhance predictive ability in novel environments when spatial processes are not explicitly modeled. Second, we demonstrate why discriminative metrics (such as AUC) are poorly suited for niche validation and transferability assessment, and outline how they can be modified for this purpose. Finally, we introduce a null model-based Kolmogorov-Smirnov test to evaluate model transferability and niche conservatism. While passing the test provides strong evidence for fundamental niche conservatism, failing the test points to more complicated causes that require further investigation. Our synthesis provides a rigorous foundation for niche estimation and validation in SDMs, which is essential for reliable biodiversity forecasts in a rapidly changing world.

Keywords: model transferability; functional accuracy; maximum entropy; hypervolume; null model

基于扩散限制的山地生物多样性维持机制及全球变化响应

张亚洲
（中国科学院昆明植物研究所 昆明 650000）
zhangyazhou@mail.kib.ac.cn

扩散限制是群落构建的核心过程，但其在山地生态系统中的普遍性及对全球变化的启示尚不清楚。本研究基于中国西南山地和全球海拔梯度样地，整合土壤细菌、真菌等多类群数据，系统检验扩散限制相关的简森山口假说和天空岛效应的普适性。研究发现：热带山地气候屏障效应最强，微生物扩散限制程度显著高于温带和亚高山，驱动了更高的β多样性、特有性和距离衰减速率，且细菌比真菌更严格遵循简森假说预测；进一步发现低海拔河谷因环境异质性和扩散限制驱动微生物分化，高海拔因强环境过滤导致群落同质化，提出了“逆天空岛效应”新假说。在退化高山生态系统中，扩散限制较强的微生物类群对退化过程和全球变化因子的响应更为敏感，并且对生态系统功能的贡献在逐渐减弱。上述结果表明，扩散限制既是维持山地生物多样性的关键机制，也可能因阻碍物种迁移逃逸而加剧其对全球变化的脆弱性。本研究为预测全球变化下山地生物多样性的响应提供了新视角。

关键词：山地生物多样性，扩散限制，生物地理，全球变化，土壤微生物。

有机稻田杂草多样性与管理权衡

李耀琪[1]，丁祎璇[2]，张琬雪[2]，韩文轩[2]
（[1].西交利物浦大学生命与自然科学学院 215123；中国农业大学资源与环境学院 北京 100193）
hanwenxuan@cau.edu.cn

杂草既与作物竞争资源，也是维持农田生物多样性的重要组分。科学认识杂草发生规律及其管理效应，是协调有机稻作生产与农田生态功能的基础。本研究在江苏省昆山市开展两项互补实验：通过地上群落调查和土壤种子库萌发试验，分析杂草群落动态、种子库垂直分布及其环境响应；设置 2 或 3 次除草以及 50%、75%和 100%除草比例，评估不同除草模式对水稻生长、产量和土壤养分的影响。群落调查记录地上杂草 16 种、种子库杂草 14 种；地上杂草多样性和均匀度随水稻生育进程总体升高，种子库与收割前群落相似性较高，种子萌发量与地上杂草密度显著正相关。提高除草比例总体促进水稻生长和产量，但 2 次除草下 75%与 100%除草处理的部分生长和产量指标差异不显著。提高除草比例降低部分土层全碳含量和土壤质量指数。综合杂草发生规律、生产收益、劳动投入和土壤养分保持，减少除草次数并实施适度除草可作为有机稻田低干扰杂草管理的可行策略。

关键词：农业生物多样性；有机稻田；杂草群落；土壤种子库；除草管理

生境片段化介导气候驱动的鸟类群落暖化机制

刘娟 [1], Morgan W. Tingley[2], 吴强 [1],任鹏 [1], 金挺浩 [1], 丁平 [1*], 斯幸峰 [1,3*]
（1 浙江大学生命科学学院 浙江杭州 310058；2 加州大学洛杉矶分校生态与进化生物系，美国加州洛杉矶；3 华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241）

气候变暖可通过不同热偏好物种的定殖与灭绝动态改变群落组成；同时，生境片段化也可能调节物种对变暖的响应。由于这种潜在的交互效应在缺乏实证上的检验，我们收集了在亚热带陆桥岛屿系统中持续 10 年气候变暖期间的鸟类群落数据，研究了生境片段化如何调节气候驱动的群落组成定向变化机制。结果表明，群落呈现出以暖适应种增加、冷适应种减少为特征的暖化趋势，且体现在定殖率、灭绝率、占有率和种群数量的变化上。关键的是，10 年来，暖适应种定殖率在面积较小或隔离程度较低的岛屿上增长更快；而冷适应种则主要在隔离度较低的岛屿上灭绝得更快。这支持了扩散限制和微气候缓冲作用作为生境片段化调节物种分布范围变化的主要机制。本研究加深了我们对生物多样性如何响应多种全球变化驱动因素相互作用的理解。

关键词：气候变暖；生境片段化；鸟类群落；群落温度指数；物种温度指数

Adaptation of Animals to Climate Change

Oleksandra OSKYRKO1 and Weiguo DU1*
（School of Life Sciences, Fudan University, Shanghai, 200438, China）
duweiguo@fudan.edu.cn

Climate change poses significant threats to global biodiversity, driving shifts in species distributions, phenology, and morphology. Here, we synthesize evidence across multiple spatial and temporal scales to examine morphological responses of vertebrates to climate change, addressing three key questions: (1) the causal effect of latitude on morphology (Bergmann's rule), (2) the ecological predictors driving morphological change, and (3) how morphological data elucidate species' responses over time.

To test Bergmann's rule, we examined species- and population-level data for five vertebrate taxa. Our findings show that Bergmann's rule operates across multiple vertebrate groups but is context-dependent. At the interspecific level, the rule holds strongly for endotherms (birds and mammals) but not for ectotherms (amphibians and reptiles).

Contrary to expectation, Bergmann's rule was not stronger at the population level (21% of species) than at the species level (24% of families or orders) for terrestrial vertebrates. Ray-finned fishes exhibited robust support, with 45.4% of species showing significant Bergmannian clines.

To identify ecological drivers, we integrated climate and life-history data. Body size evolution is shaped by multiple ecological factors rather than a single predictor. Temperature emerged as the primary driver: body size correlated negatively with temperature in endotherms and fish, but not consistently in terrestrial ectotherms. Non-tropical species, terrestrial habitats, and deep-sea environments showed stronger support, indicating that habitat and geographic context are important moderators.

To detect climate-driven morphological changes over time, we used Chinese museum specimens as a historical baseline, compiling data from more than 12,000 individuals across 300+ reptile and amphibian species. We applied rigorous quality control, retaining species with ≥10 specimens and ≥5 years of sampling. Linear models revealed a significant decrease in body size over time ($p < 0.05$) and a negative relationship with mean annual temperature. Generalized additive models identified nonlinear temperature–size relationships in more than 80% of species: body size decreased in warmer years and increased in cooler years.

As global temperatures continue to rise, our findings predict continued body size reductions in many animal lineages, with potential cascading effects on ecosystem functioning. This study emphasizes the need for taxon-specific approaches in predicting biodiversity responses to ongoing climate change.

Keywords：Bergmann's rule, climate change, body size, vertebrates, morphological adaptation

珠江流域森林返青变化、驱动及生产力响应

杨世杰[1,2]，郑朝菊[1]，赵雪茗[1,2]，张志鹏[2,3]，崔晓晖[4]，曾源[1,2*]

(1. 中国科学院空天信息创新研究院 遥感与数字地球全国重点实验室 北京 100101；2. 中国科学院大学 北京 100049；3. 中国科学院地理科学与资源研究所 资源与环境信息系统国家重点实验室 北京 100101；4. 北京林业大学 信息学院 北京 100083)

zengyuan@aircas.ac.cn

森林返青日期（GUD）是表征植被对气候变化响应及影响生态系统生产力的重要物候指标。本研究以珠江流域森林为对象，利用 2000-2020 年 MODIS NDVI 数据，通过 Logistic 曲线与最大曲率法提取 GUD，并结合 Theil-Sen 趋势分析、随机

森林、SHAP 和结构方程模型，解析其时空变化、驱动因素及与净初级生产力（NPP）的关系。结果表明，21 年间森林 GUD 总体提前约 5 天，81.8%的森林像元呈提前趋势，18.2%呈推迟趋势。随机森林解释了 58.2%的 GUD 变异，DEM、降水、土壤钾和土壤磷为主要驱动因子，其中海拔超过 1200 米时 GUD 明显推迟。GUD 与 NPP 在空间和时间上均呈显著正相关，即返青较晚或推迟幅度较大的区域往往具有更高或增加更快的 NPP。研究表明，热带-亚热带森林中较早返青并不必然提高年生产力，物候变化与生产力之间存在区域性权衡关系。

关键词：植被物候；返青日期；随机森林；净初级生产力；珠江流域

全球干旱生态系统地表微生物多样性的环境驱动与功能重组

蒋玉莹，陈怀海*
（中山大学生态学院 深圳 518000）
chenhh68@mail.sysu.edu.cn

生物土壤结皮是干旱区微生物主导形成的地表群落，对维持土壤生物多样性、稳定性和元素循环具有重要作用。然而，结皮形成和人为扰动如何影响微生物多样性及其生态功能，仍缺乏全球尺度的认识。本研究整合七大洲 4086 份裸土和结皮样品，重分析扩增子和宏基因组数据。结果表明，与裸土相比，结皮中细菌和真菌的样品内多样性均下降，真菌降幅更大，群落组成显著改变。不同结皮类型的微生物群落各具特征，蓝细菌和地衣型真菌等类群在结皮中富集。结皮固碳潜力增强，固氮潜力未稳定变化。高丰度微生物具有较强的固碳、磷转运和抗逆潜力。在结皮中，人为扰动对样品内多样性影响有限，但会改变样品间的群落差异。宏基因组显示固碳潜力下降，picrust2 功能预测显示固氮潜力下降。研究表明，结皮形成并非微生物多样性的简单累积，而是微生物类群更替和功能变化的过程。在气候变化和人为扰动加剧的背景下，这一认识为评估结皮维持干旱区土壤稳定和碳氮循环的作用提供依据。

关键词：干旱生态系统；碳循环；微生物功能多样性

全球变化下土壤微生物生物量的驱动因素与趋势

贾世冰，陈怀海*
（中山大学生态学院 深圳 518000）
chenhh68@mail.sysu.edu.cn

全球变化正在重塑生物多样性格局与功能，但作为地下生物多样性的核心组分，土壤微生物的长期响应仍缺乏全球尺度证据。微生物生物量反映群落规模与功能潜力，是连接地下生物多样性变化与生态系统功能的重要维度。然而，土壤微生物量对全球变化的长期响应及区域分异却仍缺乏系统认识。我们整合全球表土（0−30 cm）PLFA 观测数据、随机森林模型和环境图层，重建了 1992−2015 年全球土壤微生物 PLFA 的时空变化。气候、植被和土壤因子共同解释了 71.0%的全球 PLFA 空间变异，其中年均降水量是最重要的预测因子。全球表土 PLFA 平均含量为 100.85 nmol g-1，湿润区（164.39 nmol g-1）约为干旱区（58.23 nmol g-1）的 2.8 倍。在 1992–2015 年间，干旱区 PLFA 总体下降了 1.83%，而湿润区增加了 1.55%，其中气候与土壤的水热条件而非土地覆盖变化是导致 PLFA 变化的主要因素。结果表明，全球变暖背景下，水分受限区微生物量下降可能成为未来地下生物多样性及生态系统稳定性降低的关键脆弱区，凸显了将地下微生物变化纳入全球生物多样性评估与保护的必要性。

关键词：土壤微生物；磷脂脂肪酸；随机森林模型；全球变化；时空动态

冰川退缩迹地活性微生物对土壤碳激发效应的调控机制

王雪莹，陈怀海*
（中山大学生态学院 深圳 518000）
chenhh68@mail.sysu.edu.cn

气候变暖加速了冰川退缩，裸露的冰川退缩迹地为探索原生生态系统生物多样性的组装与演替提供了天然实验室。土壤微生物作为成土先锋，通过多样化的代谢功能深刻调控着生态系统的碳库动态。然而，大陆型与海洋型冰川中，驱动碳循环的活性微生物多样性及功能分化机制仍缺乏系统比较。本研究以天山一号与海螺沟冰川退缩迹地为对象，结合外源碳添加、DNA-SIP 与宏基因组测序技术，解析参与外源碳代谢的活性微生物群落结构与功能特征，揭示其对土壤碳激发效应的调控机制。结果表明，环境筛选驱动了活性微生物群落多样性与生态策略的显著分化：贡嘎山群落以资源获取策略为主，碳降解与物质代谢功能旺盛，引发了强正激发效应；而天山群落以高生长产率策略为主，侧重细胞结构维持与环境胁迫响应，整体表现为负激发效应。本研究证实冰川类型是驱动活性微生物演替与土壤碳库稳定性

差异的核心因素，为评估全球变化下冰川生态系统的生物多样性保护与碳响应提供了科学依据。

关键词：冰川退缩迹地；碳激发效应；活性微生物；微生物功能多样性

喀斯特岩性对各生长型植物群落多样性的影响

韩炫妃，倪健*
（浙江师范大学生命科学学院 金华 321004）
nijian@zjnu.edu.cn

为揭示喀斯特地区岩性对植物群落构建的影响，本研究以贵州省普定县石灰岩与白云岩区域乔木、灌木和草本层为对象，在控制海拔影响后，分别开展群落组成调查，并采用 α 多样性比较、PERMANOVA、partial dbRDA 与 SIMPER 分析，综合评估两类岩性间群落差异。结果表明：在控制海拔后，岩性对灌木层与草本层群落组成具有显著影响（$p<0.05$），而对乔木层影响不显著。岩性对 α 多样性的作用存在生长型差异：灌木层物种丰富度在石灰岩样地显著高于白云岩样地；乔木层 Shannon-Wiener 指数与 Simpson 指数，以及草本层 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数和 Pielou 均匀度指数在两类岩性间均存在显著差异。进一步地，不同岩性形成差异化的优势种组合，乔木层与草本层优势种重要值变化幅度较大，灌木层响应相对中等。SIMPER 结果显示，岩性间群落组成差异主要由少数关键物种驱动，其中乔木层前 15 个物种累计贡献率为 74.77%，高于灌木层和草本层。总体而言，岩性通过环境过滤作用改变植物群落组成及优势格局，而非单纯影响物种丰富度。

关键词：喀斯特; 岩性; 群落组成; 环境过滤；多样性指数

普定天龙山岩土生境与植物功能性状的关联

华子豪，倪健*
（浙江师范大学生命科学学院，浙江金华 321004）
nijian@zjnu.edu.cn

岩石裸露率是喀斯特坡面土壤空间连续性和资源异质性的重要表征。本研究以贵州普定天龙山石灰岩坡面 136 个 5 m×5 m 连续样方为对象，按岩石裸露率划分低、中、高 3 组，测定土壤深度、pH、有机碳、全氮、全磷、全钾、Ca、Mg 及 17 个根、枝、叶功能性状，并采用差异检验、Pearson 相关分析、标准化主轴回归（SMA）和冗余分析（RDA），分析土壤环境分化及植物多器官性状响应。结果

表明，随岩石裸露率升高，土层变浅，pH 及 Ca、Mg 含量降低；叶片结构与养分投入、枝条支撑结构及根系组织构建相关性状发生差异。根、枝、叶性状关系既具有稳定性，也发生重组，高岩石裸露率下多器官性状同步性减弱。RDA 结果显示，中等岩石裸露率下土壤 Ca 和 Mg 与多器官性状组合变化的关联较明显。综上，岩石裸露率能够表征喀斯特坡面土壤空间与化学环境分化，并与植物多器官功能性状组合及协同关系调整密切相关。

关键词：喀斯特；岩石裸露率；植物功能性状；群落功能策略

中国维管植物生长型与生活型格局及环境驱动

林梦婷[1], 郑博瀚[1], 陈鑫瑶[1], 刘纪元[1], 毛岭峰[2], 倪健[1,3*]

（1. 浙江师范大学生命科学学院，浙江金华 321004；2. 南京林业大学生态与环境学院，南京 210037；3. 浙江金华山亚热带森林生态系统野外科学观测研究站，浙江金华 321004）

nijian@zjnu.edu.cn

植物形态性状的空间分布格局及其与环境的关系，对理解植被地理格局的形成与生物多样性维持机制具有重要意义。本研究基于中国 28,662 种维管植物的分布及其生长型和生活型数据集，采用相关分析和冗余分析（RDA），探讨其地理格局及环境驱动机制。结果表明：（1）生长型与生活型物种丰富度呈南高北低格局，西南地区（云南及横断山脉）为热点；木本植物在南方占优，草本植物比例随纬度升高而增加，与植被地带性分异一致。（2）生长型与气候因子的相关性高于地形和土壤因子，多数性状对水热条件正响应、对季节性波动负响应；常绿与落叶植物沿水热梯度呈对立分化，草本生活型响应复杂。（3）气候因子主导空间分异，最冷季度均温、最湿季度降水量和最干季度降水量构成主要环境梯度；木本植物常绿-落叶植物沿环境梯度呈清晰的分化，而草本类群响应复杂且环境解释力较弱。研究表明，水热条件及其季节性是我国维管植物生长型与生活型地理格局的主要驱动因素。

关键词：植物功能性状；生长型；生活型；空间格局；环境驱动

喀斯特岩-土壤微生境控制植物分布与生长

穆燕子，倪健*
（浙江师范大学生命科学学院，浙江金华 321004）
nijian@zjnu.edu.cn

岩石裸露及其形成的岩-土微生境是喀斯特森林生态系统的典型特征，但不同生活型植物在小生境的占据格局和生长性状差异仍不明确。通过植物调查、岩石数字化及土壤测定，结合 Kruskal-Wallis 检验、卡方检验、Spearman 相关和线性混合模型分析。普定天龙山喀斯特次生林中，研究将微生境划分为石面（R）、石-土交界面（R-S）和土面（S），调查 15287 株植物，隶属 57 科 105 属 145 种。植物个体主要分布于 R-S（47.9%）和 S（43.7%），79.5%的个体距岩石 0.5 m 以内，表明分布与岩石结构空间邻近。微生境在岩石覆盖率、土壤深度和养分上差异显著，构成小尺度生境异质性。乔木和灌木主要占据 R-S 和 S，藤本和草本在 R 中占比相对较高。生长性状响应有差异：乔木与局部岩石覆盖率和土壤 Mg 显著正相关，草本冠幅与土壤深度背景值正相关。综上，岩-土壤微生境共同影响植物分布与生长，不同生活型呈现差异化微生境利用方式，有助于从个体尺度理解喀斯特森林植物与岩-土微生境异质性关系，为微生境管理和植被恢复提供参考。

关键词：喀斯特森林；小生境；生活型；植物分布；生长性状

气候变化下攀枝花苏铁潜在适生区预测及其保护建议

冯源 [1]，代光辉 [1]*,覃阳平 [2]
（1 云南省林业和草原科学院 昆明 650201；2 国家林业和草原局西南调查规划院 昆明 650031）
daiguanghui916@126.com

探究气候变化下攀枝花苏铁（*Cycas panzhihuaensis*）潜在适生区的时空格局变化，将有助于开展种群保护工作。基于攀枝花苏铁现有分布点，运用最大熵（MaxEnt）模型，预测其当代及未来不同时段、不同气候变化情景下潜在适生区变化特征。结果表明：（1）MaxEnt模型对于攀枝花苏铁的预测表现较好（AUC值0.980），可用于进一步预测；（2）影响攀枝花苏铁分布的主导环境因子有温度季节性变化标准差、最干季降水量、最热月最高温度和土壤有机碳储量；（3）当代攀枝花苏铁潜在分布的总适生区面积为 316.58×104 hm2，其中高适生区面积为33.87×104 hm2，主要沿金沙江大弯曲及支流的干热河谷地带呈较为连续的枝状分布；（4）未来气候情景下攀枝花苏铁总适生区面积将扩大，SSP245、SSP585 情景下最大值分别达 481.98×104 和 589.16×104 hm2，较当代扩张 52.25%和 71.89%，

分布质心分别向北迁移 124.53 和 111.80 km；高适生区面积持续萎缩，SSP245、SSP585 情景较当代分别减少 45.88%和 88.34%。研究结果可为攀枝花苏铁就地保护，及迁地保护位点、引种种植地点的选择提供科学依据。

关键词：气候变化；攀枝花苏铁；物种分布模型；地理分布；空间格局

专题 7. 昆蒙框架

陆地生态系统风险评估等级体系及安全预警系统构建

姚晓婧，焦越，刘亚岚*，王大成
（中国科学院空天信息创新研究院 北京 100094）
liuyl@aircas.ac.cn

面向陆地生态系统风险评估与安全预警需求，由中国科学院空天信息创新研究院牵头，构建了兼容国际标准、符合中国国情的指标体系，集成专家系统与地理人工智能的预警模型库，搭建跨国家尺度的业务化预警系统。模型层面，提出“气候—生态—灾害”级联智能建模范式，突破单一灾种局限。基于预训练气候模型与轻量化解码器实现全球 0.25° 野火风险预测，并构建动态知识图谱提取归因规则；利用系统动力学与 H-S-E-C 四维框架建立干旱级联推演模型，模拟不同排放情景生态响应；融合松墨天牛积温先验知识，构建松材线虫病孕灾环境适宜性模型，实现灾前定量评估。平台层面，构建“数据—知识—服务”级联贯通的时空底座。基于 GeoBON 标准统一数据模型，实现多源数据标准化汇聚；采用异构存储与流批协同计算引擎，支撑 PB 级数据秒级查询与实时处理；构建时空知识图谱，将数据升华为结构化知识，并通过服务引擎实现从数据到决策的级联赋能。应用层面，建立“灾前—灾中—灾后”级联响应的业务化闭环，基于数字孪生与多维可视化，覆盖火灾、干旱、病虫害及物种入侵多场景预警系统，打通从风险识别、韧性管理到应急调度的全周期业务闭环，为生态保护决策提供科学支撑。

关键词：陆地生态系统，风险评估，安全预警

“社会-生态系统”视角下的青藏高原草地生态修复

戴胡萱 [1,2,3]，Mark Riley[2]，吕植 [4]，李黎 [1*]
（1 健康与环境科学系，理学院，西交利物浦大学；2 地理与规划系，利物浦大学；3 生态学院，中山大学；4 生命科学学院，北京大学）
li.li01@xjtlu.edu.cn

青藏高原是全球高寒草地生态系统最集中的地区之一，也是我国生态保护与修复工程实施最广泛的区域之一。当前草地生态修复研究主要聚焦于植被恢复、生态功能改善及技术优化等生态过程，而对当地社区如何理解草地退化、如何形成修复意愿以及如何参与修复行动等社会过程关注相对不足。社会－生态系统（Social－Ecological Systems, SES）理论认为，生态系统状态、人类认知与管理行为之间存在持续的反馈关系。理解当地社区的感知、价值观和行动逻辑，是提升生态修复中的社区参与及长期成功的重要基础。

本研究以青藏高原东部三个牧业社区为研究对象，综合运用问卷调查、Q 方法和深度访谈等方法，探讨牧民对草地退化与生态修复的认知、价值观差异及其在草地修复实践中的适应性管理过程。研究共收集 465 份问卷、57 份 Q 排序样本以及 42 位关键信息人的访谈资料。

研究发现，1）牧民对于草地退化和修复必要性的感知受到生态系统特征的显著影响。当景观异质性较高时，牧民更容易关注退化问题并认为修复具有紧迫性；而当生态系统年际波动较大时，牧民则倾向于将生态变化视为自然波动，从而降低修复意愿。总体而言，不同社区均表现出推迟修复行动的倾向，说明生态修复不仅受到生态条件制约，也受到认知过程的影响；2）进一步的 Q 方法识别出八类对生态修复持不同态度的牧民群体。其中，“积极推动者” (Active Agents) 能够影响和动员其他社区成员参与行动。这种影响力并非主要来源于技术知识，而更多来自其将修复实践与当地价值观相结合的能力。通过将生态修复与责任感、社区认同以及宗教文化观念相联系，他们构建了具有价值包容性的叙事，从而提高了牧民对修复行动的接受度和参与度；3）在后续对修复行动的适应性管理过程中，社区形成了与当地景观条件相适应的地方知识，并通过持续试验逐步改进修复策略，包括修复地点选择、草种配置及工具改良等内容。社会网络在经验传播和学习过程中发挥了重要作用，但外来经验并不能被简单复制，而需要结合本地生态和社会条件进行调整和再创造。

以上结果表明，生态修复不仅是生态过程，也是认知、价值观和社会学习共同作用的社会过程。提升草地修复成效，需要关注利益相关者对生态变化的感知差异，理解地方价值观在集体行动中的作用，并将社区参与纳入适应性管理框架。社会－

生态系统视角有助于深化对生态修复与可持续治理关系的理解，为青藏高原及其他草地地区的生态修复实践提供参考。

关键词：生态修复; 社会-生态系统; 社区参与; 青藏高原

专题 8. 国家公园与就地保护

丹霞地貌特有植物的保护生物学研究

李安迪[1]，郭剑强[2]，韩伟[3]，彭凌锋[2]，廖文波[1]，凡强[1*]
（1. 中山大学生命科学学院 广州 510275；2. 广东丹霞山国家级自然保护区管理局 韶关 512399；3. 韶关学院生物与农业学院 韶关 512005）
fanqiang@mail.sysu.edu.cn

丹霞地貌特殊的沟谷、崖壁等生境孕育了大量特有植物，截至目前，累计发表丹霞地貌特有植物 61 种，隶属 31 科，以崖壁生境为主，其中丹霞山 30 种。但丹霞特有植物的多样性本底调查与保护技术研究缺乏。本研究以丹霞山国家公园候选区为对象，通过野外调查、标本采集及分类学与分子系统学研究，系统摸清丹霞地貌特有植物的群落组成及生存现状，采用组织培养和扦插、分株等方法开展特有种扩繁实验，并经科学选址与定植监测实施野外回归。目前，已建立以丹霞小花苣苔、丹霞堇菜、黄进报春苣苔 3 种特有种的组培快繁体系，丹霞小花苣苔的外植体接种存活率 84.95%，增殖系数最高 7.54，生根率与移栽成活率均达 100%；已有 6 种特有种完成扩繁并回归适宜生境，建立了 17 个丹霞小花苣苔回归监测点位。丹霞地貌是特有植物分化与保护的重要区域，组培快繁与野外回归相结合为丹霞特有种的迁地与就地保护提供了有效技术路径。

关键词：丹霞地貌；特有植物；保护生物学；组织培养；野外回归

人类形成的恐惧景观对同域大型猫科动物时空互作的影响

冯佳伟[1,2,3], 王大伟[1,2,3], 葛剑平[1,2,3], 王天明[1,2,3*]
（1 (北京师范大学生命科学学院, 北京 100875)；2 (东北虎豹生物多样性国家野外科学观测研究站, 北京 100875)；3(东北虎豹国家公园保护生态学国家林草局重点实验室, 北京 100875)）
wangtianming@bnu.edu.cn

物种间的相互竞争通常决定着大型食肉动物的种群动态。人类作为全球范围内的“超级捕食者”能调节同域食肉动物之间的相互作用，但关于人类活动诱导的恐惧景观对种间互作的影响机制仍理解不足。本研究基于东北虎豹国家公园 300 多个

红外相机监测点两年的数据（2018 - 2019 年），利用多物种占域模型揭示了动态的季节性人类活动如何调控顶级捕食者东北虎（*Panthera tigris*）和东北豹（P. pardus）的时空间互作，并探讨了这种变化对温带森林中捕食者和猎物关系的影响。研究发现东北虎出现区域东北豹的探测率、占域率和定殖率均低于东北虎未出现区域。东北虎对东北豹时空间动态的影响随着人类直接干扰强度的变化而改变：在人类活动较为频繁的地区，东北豹和东北虎同时占域的概率低于随机的预期值；东北虎在面对以白天活动为主的人类时，明显将其活动节律向夜行性偏移，而东北豹未发生改变，这导致了在干扰更加严重的区域两种顶级捕食者之间以及捕食者和猎物之间的时间重叠程度下降，其中东北虎与猎物之间的重叠情况最显著；在相遇风险增大的区域，东北豹能够通过调整时间或空间上的利用方式来避开东北虎，尤其是在精细的尺度上，东北豹会采取改变其核心活动范围的策略来应对栖息地内占主导地位的东北虎以及人类的活动。本研究表明，人类活动所形成的恐惧景观可能会改变同域范围内顶级猫科动物之间的相互作用强度，并影响食物网的结构。此外，本研究强调了保护工作中考虑人类动态活动所带来的新风险的重要性，这能够使我们更好地理解竞争状态下顶级捕食者为减轻威胁而采用的适应性策略。

关键词：东北虎 东北豹 竞争 种间互作 时间节律

南岭国家公园社区本土生态知识动态变化机制分析

方启年，Tien Ming Lee*
（中山大学生态学院，深圳，518107）
leetm@mail.sysu.edu.cn

国家公园的建设不仅是生物多样性就地保护的重要方式，也深刻重塑着保护地周边社区的人地关系。随着体制管控趋严与乡村劳动力外流加剧，依赖代际传承的本土生态知识（LEK）面临断裂风险。LEK是保护地建设实现适应性共管的关键文化要素，其动态是社区应对环境变化的直接表征。为揭示这一过程中的知识演变规律，本研究以南岭国家公园周边 54 个自然村为对象，采用混合研究方法系统分析了 184 位居民在知识、实践与文化三个维度的 LEK 保留状况及其影响机制。结合定性与定量分析，研究发现：知识系统呈现药用优于食用、认知优于实践的变化模式，其延续并非由外部现代化冲击单向决定，而是居民在本土社会-生态系统的嵌入与脱嵌过程动态博弈的结果，其中社区内生力量对市场冲击具有一定的缓冲作用。本研究提出，国家公园保护应当从激活社区的嵌入性机制切入，促进文化生态系统服务与生物文化多样性的协同保护。

关键词：本土生态知识，国家公园，生物文化多样性，社会生态系统

国家公园与国家植物园协同保护生物多样性的机制与路径

祝晓雨，刘欣，张玉钧*
（1.北京林业大学园林学院 北京 100083；2.北京林业大学国家公园研究中心 北京 100083）
yjzhang622@foxmail.com

全球生物多样性加速丧失，《昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架》对系统性保护提出更高要求。中国已形成以国家公园为主体的就地保护体系和以国家植物园为核心的迁地保护体系，但二者长期“空间分离、功能并行”，制约整体保护效能。本研究基于协同理论，构建“种群—生境—治理—外部特征”多维理论框架，提出“采集—存储—回归—反馈”动态闭环机制，贯通遗传资源保护、生态系统修复与适应性治理全过程；比较分析“机构一体化管理”“物种拯救协同”“网络化协同保育”“景观—社区共建”四种国际模式。在此基础上，本研究提出四条中国路径：构建激励相容的制度政策体系、实施旗舰物种专项拯救计划、搭建国家级智慧数据平台、探索景观共建的社区参与模式，以构建“国家公园—国家植物园协同保护网络”。研究表明，推动二者深度协同是实现生物多样性治理从单点保育向系统治理范式转变的关键，对构建国家生态安全格局、实现《昆蒙框架》目标具有重要理论与实践意义。

关键词：生物多样性；国家公园；国家植物园；协同机制；就地保护

国家公园特许经营制度构建的空间治理逻辑与调控路径

赵智聪[1,2*]，林丰泽[2]
（国家林业和草原局清华大学国家公园研究院 北京 100084；2. 清华大学建筑学院景观学系中国科学院动物研究所 北京 100084）
zhaozc@mail.tsinghua.edu.cn

《国家公园法》虽对经营性服务及其竞争性作出原则规定，但相关制度要求如何在空间层面得到有效落实，仍缺乏系统阐释。实践表明，现有空间管控在经营范围界定、空间规则与差异化管理方面仍显不足，难以保障特许经营制度的构建与运行。特许经营本质是需空间制度保障的治理工具：通过经营范围设定空间进入权的制度前置，以范围清单明确适用边界，并借服务分类实现进入权在强度、范围与稳定性上的差异化配置；同时依托设施配置与期限管理建立防范使用权固化的动态矫正机制。不同类型服务因设施依赖、空间占用与持续时间差异，需匹配差异化的空间管控规则。应将空间调控体系整体纳入国家公园特许经营制度构建，在制度设计和空间配置阶段阶段明确可经营空间类型，预设竞争单元，

并制定与服务类型适配的空间管控规则，为国家公园经营性服务治理提供稳定、可操作的空间基础。

关键词：国家公园；特许经营；经营性服务；空间治理

专题 9. 国家植物园与迁地保护

华中维管植物园迁地保护（9-国家植物园与迁地保护）

卢志军

（中国科学院武汉植物园 武汉 430074）

华中植物区系是东亚区系的摇篮和古老植物的避难所，是我国乃至全球植物多样性最关键的区域之一。中国科学院武汉植物园的主要使命是实施华中区系重要植物类群的迁地保护。经过七十年尤其近三十年的迁地保护工作，武汉植物园目前收集保育维管植物 329 科，2293 属，13981 种（含品种），其中原生种 8974 种（64%），优势科为菊科、兰科、蔷薇科、山茶科、莲科、毛茛科、秋海棠科等，优势属为菊薯、莲属、秋海棠属、山茶属、芍药属、杜鹃花属、蔷薇属等；其中，华中植物区系 5128 种（覆盖率 52%），湖北 3632 种（覆盖率 63%）。兰科、唇形科、豆科、樟科、莎草科等和荚蒾属、润楠属、石豆兰属、溲疏属、紫珠属等保育率较高。武汉植物园未来将聚焦区域特有植物，强化华中珍稀特有植物迁地保护；打造特色优势植物类群，夯实申建国家级种质资源平台基础；完善植物资源数字化，打好数智化园区基础。

关键词：川东-鄂西生物多样性热点，长江中下游，植物资源保护

中国苏铁属植物的遗传多样性及迁地保护成效

朱成豪

（中国科学院广西植物研究所 广西桂林 541006）

medicalzch@163.com

迁地保护和就地保护是生物多样性保护的两个基本途径，植物园迁地栽培不等于迁地保护。迁地保护终极目标是扩大种群并使其能够回归野外生存，这要求它们在植物园中，不仅能正常生长和生殖，还要尽可能维持其遗传多样性。当前我国迁地保护过程中仍存在遗传背景不清、物种来源不明、就地保护和迁地保护缺少协同机制等问题。苏铁植物是植物园迁地保护的重要类群，急需评估保护成效；我们以中国苏铁属植物为研究对象；采用群体基因组学评估野生种群和迁地保护种群的遗传多样性、遗传分化和基因流动程度，阐明当前迁地保护的苏铁科植物的种质资源

是否保存了其自然种群足够多的遗传多样性。同时，检测迁地保护中潜在的基因污染、近交水平和杂交渗透情况，进行个体及群体水平的遗传负荷评估。通过重测序构建迁地栽培个体（或群体）与野生种群的谱系关系，回溯迁地保护个体的地理来源，评价迁地保护的成效及空缺，为更好地开展苏铁的保育与引种回归工作提供技术支撑。

关键词：迁地保护，苏铁属，遗传多样性

江西省珍稀濒危植物迁地保护五年实践成效与思考（2021—2025）

谢宜飞
（赣南师范大学 江西赣州 341000）
xiey-f@foxmail.com

2021 年新版《国家重点保护野生植物名录》实施后，江西分布的国家重点保护野生植物由 55 种增至 135 种（林业部门管理 80 种），迁地保护任务量在五年内翻番。本报告结合《江西省国家重点保护野生植物资源补充调查报告》（2022 年 7 月—2025 年 3 月，260 余专业人员参加，完成调查轨迹 3921 条、分布点 1568 个）与全省迁地保护实践，梳理 2021—2025 年成效并作出反思。结果表明：（1）体系层面，全省开展迁地保护机构 28 家，庐山植物园迁地保育植物由 9793 种（2023 年底）增至 12134 种，珍稀濒危植物由 587 种增至 704 种，并于 2026 年 1 月通过国家植物园符合性认定。（2）本底层面，补充调查 31 个物种（含 2 个江西新记录），分布面积 383.42 公顷，就地保护比例 53.71%；但野外未发现、极稀有与稀有物种合计 19 种、占 52.8%，大别山五针松、光叶红豆、巴戟天 3 个物种种群全在保护地外，13 个物种主要种群在保护地外且迁地保护开展较少。（3）扩繁与回归层面，2024—2025 两年人工扩繁 5 万余株、回归 3 万余株；小溪洞杜鹃回归井冈山成活率 95%，濒危等级由 EX 逆转为 CR；大黄花虾脊兰累计回归 2 万余株、19 个回归点，连续三年稳定开花结果，完成"从种子到种子"的自我更新。报告据此提出四条思考：迁地保护的检验还需深入到山里；从保住个体到保住遗传多样性迈进；广度已具而密度不足、迁地保护应优先补位就地保护比例低的物种；优化解决联动协调缺乏系统性部署，实现组织化与单项技术共同推进。

关键词：迁地保护; 补充调查; 就地保护比例; 极小种群; 野外回归; 国家植物园; 江西

国家植物园体系下迁地保护研究实践与思考

周丽靖，李乃伟*
（江苏省中国科学院植物研究所 南京 210014）
305683262@qq.com

在国家植物园体系建设背景下，迁地保护是维护植物多样性和保存珍稀濒危植物种质资源的重要途径。本文以南京中山植物园迁地保护研究为例，概述其植物保育基础、设施建设及迁地保护实践。目前，植物园保育植物 8780 种，并形成涵盖野外引种、人工扩繁、种质保存、种群监测和信息化管理的综合保育体系，代表物种有南方红豆杉、宝华玉兰夏蜡梅、扇苞蒟蒻薯等。未来希望围绕“从种子到种子”的全生命周期保护理念，优化最小引种与种质采集策略，加强迁地种群遗传多样性和繁殖更新的长期监测，利用人工智能等前沿技术建立植物生长、生境适应及回归成效的动态评价体系，并进一步加强植物园与自然保护地之间的资源共享和协同回归，推动形成跨区域、可监测、可评价的植物迁地保护与野外回归网络，为国家植物园体系建设和生物多样性保护提供科学支撑。

植物迁地保护；南京中山植物园；珍稀濒危植物；种质资源

基因组时代的植物迁地保护

孙维悦
上海辰山植物园

随着人类社会和经济的快速发展，气候变化等因素促使全球生物多样性急剧丧失。植物是生物多样性的核心组成部分，通过迁地保护来拯救濒危植物已经成为植物园的核心工作。总结了基因组测序技术对植物保护的发展和迁地保护的成效与现状，基因组技术为准确识别濒危植物的分类地位、探索濒危植物的种群演化动态和濒危原因、解析全基因组水平的遗传多样性及其对未来气候的适应能力提供了可能。提出基因组学在挖掘功能性和适应性变异基因、鉴定评估物种遗传风险和调控生长发 育及次生代等方面有助于濒危植物的保护研究，并针对基因组时代如何推动未来的迁地保育，提出应对建议和未来发展趋势。

关键词：生物多样性；昆明–蒙特利尔全球生物多样性框架；国家植物园；珍稀濒危植物；全球气候 变化

专题 10. 红色名录与濒危物种保护

贵州省野生兰科植物监测进展探讨

安明态
（贵州大学林学院 贵阳 550025）
gdanmingtai@126.com

兰科植物是生物多样性保护中的旗舰类群，在 2021 年发布的《国家重点保护野生植物名录》中，兰科植物约占近三分之一的物种，在《濒危野生动植物种国际贸易公约》中，全部兰科植物列入附录保护范围。截至 2026 年 8 月，贵州省约有野生兰科植物 430 余种，约有 85 种国家重点保护野生兰科植物，其中国家一级保护 8 种，国家二级保护 77 种。本次交流汇报主要介绍贵州省 2019-2020 年作为全国首批野生兰科植物调查五个试点省之一的一些调查评估方法和主要成果、经验，以及 2024-2026 年开展全省省域野生兰科植物复位监测的主要方法、成果和相关经验，以供同行交流参考。

关键词：兰科植物；调查监测；贵州

建立基于科学的定罪标准以遏制野生动物犯罪

胡若成[1]，刘双祺[2]，肖凌云[3]，朱子云[4]，窦月含[3]，张梦[5]，任晓彤[6]，华方圆[2*]，吕植[4*]
（1.西北工业大学生命科学与技术学院 西安 710129；2.北京大学城市与环境学院 北京 100871；3.西交利物浦大学环境与健康系 苏州 215123；4.北京大学生命科学学院自然保护与社会发展研究中心 北京 100871；5.昆山杜克大学自然与应用科学系 苏州 215316；6.普林斯顿大学生态与演化生物学系 普林斯顿 08544）
fhua@pku.edu.cn

2022 年新出台的打击涉野生动物犯罪的司法解释引入了基于涉案野生动物货币价值的定罪量刑体系。本研究结合标准定量化分析、案例分析和社会访谈多学科方法，对比了新旧定罪量刑标准对 522 种国家重点保护鸟类和哺乳类的影响。结果发现，危害珍贵、濒危野生动物罪的定罪量刑标准整体放松。对 334 种在新旧名录中均列为国家保护的物种，“构成犯罪”的认定标准平均提高 2.8 倍，“情节严重”标准平均提高 5.9 倍，“情节特别严重”标准平均提高 39.3 倍。对蓝冠噪鹛（*Garrulax courtoisi*）等 16 个物种而言，“情节特别严重”的认定数量超过中国的估计种群数量。司法案例显示，新规实施以来，至少 42 起相关案件被免予起诉，涉及猞猁（*Lynx lynx*）等 19 种国保动物。对执法人员的访谈中，受访者普遍认为由于标准放松，向检察机关提交的案件更难达到构成犯罪的标准。本研究认为有必

要基于科学证据，综合考量物种濒危程度、保护需求和生态价值，尽快评估和修订相关定罪量刑标准，为野生动物保护事业提供法律保障。

关键词：野生动物保护法；生物多样性；国家重点保护动物；司法解释

人类世两栖爬行类濒危格局：特征、机制及生态风险

陈传武
（南京师范大学 南京 210023）
chencw@nnu.edu.cn

生物多样性是保障生态系统功能稳定性的核心屏障。然而，在人类世全球环境剧烈变化背景下，脊椎动物正面临着严峻的灭绝风险。如何有效降低物种灭绝风险并提高保护效益，已成为推进生态文明战略的核心议题。本研究基于 IUCN 红色名录，以两栖爬行类为对象，系统整合了生活史、形态与生态特征及外部威胁等多源数据集。研究表明，两栖爬行类的濒危并非随机过程，而是选择性灭绝长期作用的结果。此外，物种内在特征与外在环境威胁协同驱动了不同类群的高灭绝风险。在此基础上，本研究构建的特征-风险关联模型，实现了对数据匮乏物种灭绝风险的量化评估。研究从“特征保护”视角出发，为精准识别高风险物种、优化保护资源配置和恢复生物多样性提供了关键科学依据，并为筑牢生态安全屏障提供了理论支撑。

关键词：IUCN，濒危格局，两栖类，爬行类，致危因素

近海和大洋软骨鱼类面临不同的灭绝风险模式

李若曦，张雄*
（中山大学生态学院 深圳 518107）
zhangx758@mail.sysu.edu.cn

软骨鱼类正经历前所未有的全球性灭绝危机：超过三分之一的物种目前面临灭绝威胁，且自 1970 年以来其种群数量已减半。然而，对于占据不同栖息地的生态类群而言，其灭绝驱动因素在多大程度上存在差异，仍知之甚少。本研究基于一个新的分层建模框架，将物种性状与人为压力数据相结合，采用基于系统发育关系的回归模型，对数据较为详实的 223 种中上层鲨鱼和鳐鱼进行了灭绝风险建模。研究表明：（1）海岸带物种主要受小型渔业和栖息地退化驱动，大洋性物种主要受中上层高兼捕渔业驱动，而海岸-大洋物种则面临最复杂的威胁组合——渔业、气候

变化和栖息地变化共同作用；（2）基于“物种脆弱性+人类胁迫强度”的模型表现最优，凸显了人类干扰数据在灭绝风险预测中不可或缺。对于数据匮乏物种，我们识别出海岸带生态类群包含比例最高的潜在受威胁物种，亟需更多的保护关注。本研究提出的灭绝风险多层级预测模型框架，为海洋动物灭绝风险分析提供了一种新的参考方法。

关键词：灭绝风险评估，海洋软骨鱼类，生态类群，人类活动干扰

喀斯特天坑濒危植物香木莲的保护生物学研究

唐健民
（中国科学院广西植物研究所 广西桂林 541006）
tjm@gxib.cn

香木莲是国家二级重点保护野生植物，是我国西南喀斯特地区特有的珍稀濒危树种，主要分布于广西、贵州和云南等地破碎化的石灰岩生境中。部分种群生长在天坑内部，那里阴暗、潮湿且气候相对稳定，与天坑外部干旱、裸露、环境波动更强的喀斯特地表形成鲜明对比。这种“避难所中的避难所”对物种长期演化究竟意味着什么？它是为濒危物种提供了关键庇护，还是也会因长期隔离而带来遗传衰退风险？ 喀斯特天坑能够为濒危树种香木莲（*Magnolia aromatica*）提供微环境庇护，但同时也会限制种群间的基因流，导致遗传多样性降低和有害突变累积，从而削弱其应对未来环境变化的能力。研究结果对香木莲的保育生物学具有重要的指导意义。

关键词：喀斯特，香木莲，保护生物学

红色名录尺度差异与中国淡水鱼类濒危风险

戴秉国 [1,2 *]，Md. Khorshed Alam [2,3]，刘山木 [2,4]，陆义涛 [1]，李世杰 [1]，李伟冉 [5]
（1. 合肥师范学院生物与食品工程学院 合肥 230601；2. 北海道大学大学院环境科学院 札幌 060-0810；3. 日本水产研究与教育机构水产技术研究所 广岛 739-0452；4. 山东省环科院环境工程有限公司水生态修复部 济南 250100；5. 加拿大不列颠哥伦比亚大学 温哥华 V6T1Z4）
bingguodai@hfnu.edu.cn

为揭示全球与国家红色名录的评估差异及区域濒危风险与局域特有性的关系，本研究基于全国 15 个生态区域 914 种淡水鱼类，比较世界自然保护联盟红色名录与中国脊椎动物红色名录，结合回归分析和随机灭绝模拟，检验特有种比例与区域威胁及生态独特性变化的关系。本研究中特有种指仅分布于单一生态区的物种，生

态独特性指区域物种组成的独特程度。结果表明，中国名录有效评估覆盖率为91.36%，高于全球名录的 55.04%，平均威胁得分分别为 2.34 和 1.23。中国名录下，区域威胁得分与特有种比例显著正相关（r = 0.685，p = 0.005），与物种丰富度无显著相关性。保留或剔除未评估和数据缺乏物种会改变生态独特性预测；剔除后，两套名录下的独特性变化均与特有种比例显著正相关。研究表明，全球红色名录可能低估淡水鱼的区域风险，保护规划应重视国家评估和特有种集中分布区，并加强数据不足物种的调查与风险评估。

关键词：保护生物学；淡水鱼类；红色名录；局域特有性；生态独特性

荒漠猫在人类主导景观中的跨尺度共存策略

孔玥峤，李晟*
北京大学生命科学学院 北京 100871
shengli@pku.edu.cn

人类活动导致的栖息地丧失与破碎化已成为威胁全球生物多样性的主要因素。然而，部分野生动物能利用并适应人类主导生境，阐明其与人类的共存策略对保护和管理具有重要意义。本研究以中国特有野生猫科动物荒漠猫（Felis bieti）为研究对象，在青藏高原东北部沿人类活动影响梯度，于 2021−2025 年布设 113 个红外相机监测位点（有效相机日 43,057 天），利用卫星追踪颈圈对 14 只个体（7 雌 7 雄）进行追踪（有效定位点 314,610 个），系统评估了该物种景观尺度的位点利用、家域尺度的空间利用和精细尺度的栖息地选择。结果显示，在景观尺度上，荒漠猫能够持续利用基础设施暴露度水平较高的区域；随基础设施暴露度增强，荒漠猫的家域面积缩小，日移动距离减少；在精细尺度上，随基础设施暴露度增加，荒漠猫对灌丛的利用和选择均进一步增强。本研究揭示了荒漠猫与人类共存的跨尺度策略，同时表明，在人类主导景观中保留具有庇护功能的植被斑块，对维持野生动物种群的续存具有重要意义。

关键词：荒漠猫，栖息地利用，红外相机，卫星追踪，人类主导景观

宽瓣亚属兜兰孤岛化分布与保护成效

张豪,安明态*
（林学院,贵州大学,贵阳,贵州,中国）
gdanmingtai@126.com

兜兰属（*Paphiopedilum*）具有高观赏价值和生态敏感性，是生物多样性保护的旗舰类群之一，其下宽瓣亚属（Subgen. *Brachypetalum*）在野外常呈现“巴掌大”的孤岛化分布格局。为探讨其分布及保护成效，本研究结合野外调查、生态位模型、土壤微生物开展研究。结果表明：其当前潜在适生区主要集中于中越边境及周边 3 个关键区域，未来总体呈向北迁移至滇黔桂三省交界之处的趋势，最干季度平均温度和最干月降水量是关键气候影响因子。国内 50 个县 194 个分布点中，91.75%位于裸露型岩溶地区，148 个分布点实际聚集面积不超过 100 m^2，呈“大分散、小聚集”格局。其微生境多具较高海拔、透水、透气、喜阴、喜钙等特征，木霉属、青霉属、四枝孢属等真菌，以及慢生根瘤菌属、生丝微菌科等细菌对其分布起积极作用。贵州 51 个复测居群中，稳定型占 64.7%，增长型占 25.5%，衰退型占 9.8%。建议结合潜在适生区和微生境条件实施分区保护，加强居群长期监测，并进一步验证菌根共生等地下生物因子对种群维持与扩散的作用。

关键词：保护生物学；兜兰属宽瓣亚属；孤岛化分布；根际真菌；保护成效

拯救极危巨鳖：瓯江鼋（*Pelochelys cantorii*）保护工作进展

潘嘉成[1,3]，葛陆原[2,3]，李森[3]，Oleksandra Oskyrko[2,3]，叶林妹[4]，叶承义[5]，李树然[6]，田宇彬[6]，张永普[6*]，杜卫国[3*]
（1.浙江师范大学生命科学学院 浙江金华 321004；2. 中国科学院动物研究所 北京 100101；3. 复旦大学生命科学学院 上海 200438；4. 浙江青田县林业技术推广站 浙江青田 323900；5. 浙能北海水力发电有限公司 浙江青田 323900；6. 温州大学生命与环境科学学院 浙江温州 325035）

1944683231@qq.com

鼋（*Pelochelys cantorii*）是我国国家一级重点保护野生动物，其野生种群长期受到栖息地丧失、捕捞及繁殖场所减少等因素威胁。为支撑瓯江鼋种群保护与未来再引入工作，本研究以浙江鼋保护区及其人工繁育种群为对象，开展人工繁育、行为监测、追踪技术和野外种群调查。通过连续视频监测结合瞬时扫描法和焦点动物法，量化 1—3 龄幼鼋的日活动节律及行为时间分配，并同步记录水温和溶解氧；同时开展行为监测、GPS 设备信号传输测试、孵化温度模式优化及环境 DNA

（eDNA）调查。结果表明，幼鼋具有明显的夜行性活动节律；不同年龄阶段行为时间分配存在差异，水温和溶解氧显著影响部分行为时间占比。GPS 设备在短暂出水条件下能够成功传输位置和温度信息，变温孵化幼体表现出较好的行为和生长表现，eDNA 调查获得了潜在野生个体的初步线索。上述工作从行为生态、人工繁育和监测技术等方面为鼋种群恢复、人工繁育管理及未来再引入提供基础数据和技术支持。

关键词：鼋；濒危物种保护；行为监测；人工繁育

盐生肉苁蓉寄主植物种类鉴定及分布区域分析

沈亮[1]，张飘[2]，徐荣[2*]，宋梅芳[1]，朱军[3]，李晓瑾[3]
（1. 国家自然博物馆 北京 100050；2. 中国医学科学院药用植物研究所 北京 100193；3. 新疆维吾尔自治区药物研究院 乌鲁木齐 830011）
rxu@implad.ac.cn

盐生肉苁蓉(*Cistanche salsa* (C. A. Mey.) G. Beck)为列当科肉苁蓉属寄生性草本植物，为目前已知寄主植物种类最多的肉苁蓉属物种，也是我国西北地区传统常用中药材。为探明我国盐生肉苁蓉寄主植物种类及分布区域，本研究结合 DNA 条形码鉴定和形态鉴别技术，对采集到的 66 份带有寄主根的盐生肉苁蓉样品进行分布区域分析和寄主植物种类鉴定。结果表明盐生肉苁蓉在新疆及宁夏等地区分布广泛。新疆塔城地区裕民县盐生肉苁蓉寄主植物为菊科绢蒿属聚头绢蒿(*Seriphidium compactum* (Fisch. ex DC.) Poljakov)和苋科滨藜属疣苞滨藜(*Atriplex verrucifera* Marsch. von Bieb.)，塔城市盐生肉苁蓉寄主植物为苋科盐爪爪属里海盐爪爪(*Kalidium cuspidatum* Ung.-Sternb.)、疣苞滨藜和驼绒藜属驼绒藜(*Krascheninnikovia ceratoides* (L.) Gueldenst.)，该地区优势寄主植物为疣苞滨藜。新疆阿勒泰地区哈巴河县寄主植物为聚头绢蒿、苋科驼绒藜属心叶驼绒藜(*Krascheninnikovia ewersmanniana* (Stschegl. ex Losinsk.) Grubov)和驼绒藜，吉木乃县寄主植物为驼绒藜和聚头绢蒿。新疆哈密地区伊吾县寄主植物为苋科戈壁藜属戈壁藜(*Iljinia regelii* (Bunge) Korovin)，巴里坤县寄主植物为里海盐爪爪。新疆昌吉州吉木萨尔县寄主植物为苋科碱蓬属囊果碱蓬(*Suaeda physophora* Pall.)。宁夏吴忠市盐池县寄主植物为苋科盐爪爪属细枝盐爪爪(*Kalidium gracile* Fenzl)和合头草属合头草(*Sympegma regelii* Bunge)，合头草为该地区优势寄主植物。其中聚头绢蒿为盐生肉苁蓉在我国新记录寄主植物。本文为盐生肉苁蓉及其寄主植物保护及品种选育提供科学依据。

关键词：盐生肉苁蓉；寄主植物；寄生；ITS

专题 11. 生物入侵

同而不同：外来植物入侵性的来源及其形成机制

郭文永
（华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241）
wyguo@des.ecnu.edu.cn

外来植物的入侵优势可能源于物种原有的预适应特征，也可能是在进入新环境后通过表型可塑性或快速进化形成。然而，传统的“入侵种—本土种”比较难以区分这些优势究竟来自物种固有特征，还是入侵过程中的环境筛选与适应性变化。以芦苇（*Phragmites australis*）为对象，本研究通过构建“原产地种群—入侵地种群—入侵地本土种群”的三方比较框架，在共同环境条件下比较不同地理来源种群的功能性状、生态策略和资源利用特征，拟回答三个问题：外来植物的入侵优势是否具有预适应基础？入侵后种群是否进一步形成了有利于资源获取、生长和竞争的生态策略？这些变化主要源于环境筛选、表型可塑性，还是遗传适应？通过区分物种固有特征与入侵后的变化，本研究将从“预适应—引入—入侵后变化”的连续过程探讨外来植物入侵性的形成机制。

关键词：入侵植物，入侵性，芦苇，快速进化，基因组大小

从自力更生到借力队友：入侵植物个体扩张的微生物互作连续策略谱系

廖慧璇
（中山大学生态学院 深圳 518000）
liaohuix5@mail.sysu.edu.cn

入侵植物种群的快速扩张不仅依赖于自身的竞争能力与适应性，更涉及其与入侵生境中微生物群落的复杂互作。本报告从个体扩张视角，整合实验研究与全球植被数据，探讨入侵植物-土壤微生物正反馈的形成机制及其在单一与共同入侵系统中的调控意义。

在单一入侵情境下，入侵者往往需独立驱动土壤微生物改造以获取竞争优势。例如，毛竹（*Phyllostachys edulis*）通过重塑土壤氮转化功能基因（narG、nirK/nosZ），显著增强反硝化并提升土壤 NH_4^+/NO_3^- 比，建立植物-土壤正反馈，抑制本地树种生长。在多物种系统中，种间功能分化使个体得以转嫁微生物改造成本。Li 等（2026）发现，强竞争者羽芒菊（*Tridax procumbens*）能在被飞机草（*Chromolaena odorata*）改造的土壤微生物环境中实现超越单一入侵的生物量积累；

该不对称促进的本质是个体借用了队友的改造能力，将资源集中于竞争而非微生物群落驯化。基于全球植被样地（sPlotOpen）的宏观分析进一步揭示，功能趋同的入侵群体内部存在类似的土壤微生物驯化共享机制，少数微生物塑造者为群体成员提供了可共享的微生物环境。上述种间与群体层面的策略分化提示，“借力”与“自力更生”的权衡不仅存在于物种之间，更可在种内种群尺度上发生。薇甘菊（*Mikania micrantha*）的跨代表观遗传研究揭示，分布中心种群通过母体高甲基化预设大种子、高根冠比及高丛枝菌根真菌（AMF）定殖率，表现出对土壤微生物的高度依赖，倾向于“借力”菌根协作以垄断资源；而边缘种群则呈现低甲基化、小种子及低 AMF 依赖的特征，采取减少微生物依赖、快速定植的“自力更生”策略，Zebularine 去甲基化处理可逆转这些关系。然而，灭菌土壤实验表明，即便完全排除土壤生物因素，入侵者对本地种的竞争抑制力仍为反向的 5 倍。这一基线检验说明，微生物介导的借力虽具有可观的生态效应量，却仅是降低扩张成本的充分条件；内在竞争能力才是入侵成功的必要条件。缺乏竞争能力的物种在协同系统中反受抑制，印证了“微生物为杠杆、竞争为基底”的层级关系。综上所述，从种间群体到种内种群，入侵植物个体扩张存在从“自力更生”到“借力”的连续策略谱系。但无论位于谱系哪一端，自身竞争能力始终是不可让渡的核心属性。

关键词：入侵植物; 种群扩张; 土壤微生物

Effect of alien ant invasion on the ecosystem functioning: carrion decomposition

Mingrong Liang[1], Tengqi Gao[2], Yijuan Xu[2*], Benoit Guénard[1*]
（School of Biological Sciences, The University of Hong Kong, Hong Kong SAR, China；College of Plant Protection, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China）
xuyijuan@scau.edu.cn

Carrion constitutes an ephemeral and spatially unpredictable nutrient hotspot that supports a diverse decomposer community. Ants, as dominant terrestrial ecosystem engineers, can either promote or delay carrion decomposition through direct consumption, predation on necrophilous fauna, or carcass burial. Despite their ubiquity, the precise contribution of ants—particularly invasive species—to this vital ecosystem function remains rarely quantified. Here, we investigate how ants influence biomass removal from carrion and compare the decomposition impacts of five globally invasive ant species (*Solenopsis invicta*, *Pheidole megacephala*, *Anoplolepis gracilipes*, *Wasmannia auropunctata*, and *Paratrechina longicornis*) with those of native dominant ants. Using experimental carcass deployments, we measured decomposition rates, maggot biomass, and ant behavioral strategies. Our results show that S. invicta and P. megacephala promote

decomposition, with S. invicta exerting stronger disruptive effects on decomposer communities through fly deterrence and maggot predation. A. gracilipes reduces maggot accumulation without showing a clear feeding preference for carrion, whereas W. auropunctata exhibits no clear preference for maggots, and P. longicornis demonstrates limited access to carrion. Native ant species that mobilize large worker cohorts (e.g., *Carebara diversa*, *Carebara affinis*) significantly accelerate decomposition by fragmenting, transporting, and burying carrion. Overall, invasive S. invicta and P. megacephala, along with species possessing large worker forces, directly reduce carrion biomass and inhibit maggot development, thereby reshaping decomposer community composition and nutrient allocation. Understanding these species-specific functional roles is essential for revealing how ecosystem functioning in carrion decomposition responds to ant invasions.

Keywords: Ecosystem functioning; Carrion decomposition; Invasive ants; Decomposition rate; Maggot biomass

不同养分条件下丛枝菌根真菌对入侵植物竞争的影响与调控路径

阚过，苏哲洋，刘傲，陈宝明*
（中山大学生命科学学院，广东省热带亚热带植物资源重点实验室，广州 510275）
chenbaom@mail.sysu.edu.cn

丛枝菌根真菌（AMF）在外来植物入侵过程中发挥重要作用，研究表明 AMF 更偏好吸收和向宿主植物转运 NH_4^+。然而，我们不清楚在不同氮形态占优的土壤环境中，AMF 是否会以不同方式影响入侵植物与本地植物之间的竞争。另外，NO_3^-还发挥着信号调节的作用，它能够与磷信号通路发生交互，构成影响整个植株与 AMF 共生的氮-磷协调调控网络。那么，不同磷水平条件下添加 NO_3^-对 AMF 影响入侵植物生长与竞争方面又有何影响？为此，选取了华南地区常见的入侵植物和本地植物，设置了氮形态、AMF 和磷水平处理开展同质园种植实验。结果表明，入侵植物接种 AMF 后在两种氮形态下均表现出竞争优势，AMF 的促进作用在 NO_3^-下比 NH_4^+下更强，这种促进作用的增强与入侵者在根冠比和养分吸收方面的高可塑性有关。与本地植物相比，入侵植物从 AMF 中获得的更大利益反映了增强互惠假说(the enhanced mutualism hypothesis) 和互惠破坏假说(mutualism disruption hypothesis)的综合效应。NO_3^-和磷共同调控了入侵植物和本地植物的竞争力，以及植物竞争力对 AMF 的响应，入侵植物与本地植物对 AMF 的响应具有显著差异；PLS-PM 路径分析表明，植物自身可塑性与 AMF 介导的菌根收益之间的关系，共同调控了植物竞争力的变化。

关键词：外来植物，丛枝菌根真菌，生物入侵，氮形态，竞争

放生禁令及水獭捕食背景下的玉树市外来鱼类动态

郑凯丹[1]，敖悦[2]，方婷[2]，范朋飞[1]，张璐[2*]
（中山大学生命科学学院，广州 510275；中山大学生态学院，深圳 518107）
zhanglu38@mail.sysu.edu.cn

宗教放生是外来鱼类进入淡水生态系统的重要途径。尽管已有法律法规对外来物种放生作出限制，但其实施效果仍缺乏评估。青海省玉树藏族自治州玉树市位于长江源，当地居民大部分信仰佛教，有宗教放生的传统。在过去十多年来当地的鱼类放生活动十分普遍。为了保护当地的河流生态系统和本土鱼类，2019 年玉树市开始实施禁止放生外来鱼类的政策。为评估该禁令的实施效果，我们于 2023—2024 年，分别利用环境 DNA（eDNA）和水獭粪便 DNA 宏条形码技术，对玉树市河流鱼类群落现状和欧亚水獭食性组成进行了调查，并通过访问调查了解了当地居民的放生行为和对禁令的认知情况。同时，我们将本次调查结果与 2019 年的调查数据进行了对比分析。研究发现，外来鱼类在河流 eDNA 样本中的相对序列丰度（relative read abundance, RRA）为 12.55%，在水獭食性中为 37.11%。与 2019 年相比，水獭食性中本土鱼类的 RRA 下降了 22 个百分点，而外来鱼类上升了 11.86 个百分点。水獭对外来鱼类鲫属（*Carassius*）表现出强烈的正向选择，且其在食性中的占比（35.27%）远高于其在环境中的相对序列丰度（0.62%)。访问调查结果显示，与 2019 年相比，有过放生行为的居民比例显著下降（从 36.67%降至 22.89%），但居民对禁令的知晓率仍然较低（29.85%），且较 2019 年无显著提升。研究结果表明，尽管放生活动有所减少，该禁令在生态和社会层面的效果均较为有限；水獭对外来鱼类的选择性捕食可能有助于减缓外来鱼类的扩散，但持续的放生行为和未见下降的外来鱼类比例表明，玉树河流仍然面临外来鱼类入侵的风险。建议进一步加强针对性的公众宣传教育与市场监管，并开展外来鱼类的持续监测。

关键词：宗教放生，外来鱼类，欧亚水獭，DNA 宏条形码

在多空间尺度，植物入侵危害群落稳定性

单荣旭，马子龙*
（中山大学生态学院 深圳 51000）
mazlong@mail.sysu.edu.cn

植物入侵正威胁生态系统功能的长期可持续性，但其如何影响不同空间尺度上的群落时间稳定性仍缺乏系统认识。基于美国国家生态观测网络（NEON）数据，我们探讨了植物入侵如何通过改变功能多样性及植物生长和传播策略，影响群落多尺度时间稳定性。结果表明，植物入侵导致功能 α 多样性下降并推动群落向获取型生长策略转变，分别降低物种异步性和物种稳定性，进而削弱局域尺度 α 稳定性。在集合群落尺度，入侵驱动种子传播策略向获取型转变，降低功能 β 多样性，并进一步削弱局域群落间的空间异步性。α 稳定性与空间异步性的同步下降最终降低集合群落尺度稳定性。研究表明，植物入侵可通过改变功能多样性及生长、传播策略，在多个空间尺度产生失稳效应，强调入侵管理应同时关注局域功能多样性及群落间功能分化与异步动态。

关键词：空间异步性；功能策略；物种多样性；多样性-稳定性关系

专题 12. 公民科学与生物多样性

公民科学与中华白海豚众包保护

郑锐强
（南智渔可持续科技发展研究中心, 海南省海口市美兰区海甸四东路 1 号寰岛大厦 A3 区写字楼 7A 单元, 570208）
zheng.ruiqiang@chinablue.org.cn

爱海豚公益计划（iDOLPHIN）项目旨在针对中华白海豚背鳍照片进行个体识别，通过田野调查、数据合作、公民科学 3 个主要线下活动相结合，提高物种数据的连续性；同时，利用 1 个开源数据网站和小程序，提高数据的透明度、开源水平和用户体验，推动物种的数字化管理；另外，利用包括公众号在内的保护传播矩阵，针对保护现状进行信息整合和转译，通过保护行动网络，推动保护证据的建立和配套行动的转化，从而推动中华白海豚的众包保护。

iDOLPHIN 项目从 2024 年开始通过“豚口普查”进行公民科学活动；2025 年优化了相关的激励机制，并为志愿者量身定做了豚口普查员、海豚传播官、保护行动者、海豚摄影师 4 个不同的公民科学岗位，通过数据管理、公众传播、信息整理、野外调查 4 种不同的贡献方式参与到中华白海豚保护工作中；2026 年发起了第一届

中华白海豚公民科学训练营，针对陆地监测、船基调查和和无人机拍摄 3 种公民科学技能进行培训。

iDOLPHIN 项目从至今累计招募 83 人。2025~2026 年共 9 人参与文献整理活动，梳理保护证据 694 篇；共 31 人参与数据管理活动，处理背鳍照片 181916 张；共 3 人参与公共传播活动，发布公众号推文 3 篇；共 10 人参与野外调查活动，收集照片识别数据 14799 张。2026 年第 1 届南澳中华白海豚公民科学训练营共收到 76 份报名、24 人参与了为期 2 天的训练课程，，完成了 3 天、3 群次、17 头次中华白海豚的有效调查。2025~2026 年 iDOLPHIN 项目累计在南澳获取了 22 天、22 群次、132 头次的照片个体识别数据，实现了公民科学家的 100%参与，公民科学数据的贡献度连续两年超过研究团队。

关键词：中华白海豚；众包保护；公民科学

中国大陆路杀动物风险评估

赵梓羲 [1#]，陈鑫淼 [1#]，Sarah Raymond[2]，古林友 [3]，王剴 [4]，徐峰 [5]，杨乐 [6]，刘阳 [7]，李雨航 [1*]，李忠秋 [1*]

（1 南京大学生命科学学院动物行为与保护实验室，江苏省南京市 210023；2 英国牛津郡牛津市牛津大学生物学系，邮政编码 OX1 3RB；3 南京林业大学林业与草原学院、水土保持学院，江苏省南京市 210037；4 中国科学院昆明动物研究所，云南省昆明市 650223；5 中国科学院新疆生态与地理研究所，荒漠与绿洲生态国家重点实验室、干旱区生态安全与可持续发展重点实验室，新疆维吾尔自治区乌鲁木齐市 830011；6 西藏高原生物研究所动物学系，西藏自治区拉萨市 850000；7 中山大学生态学院、生物防控国家重点实验室，广东省深圳市 518000）

道路建设和土地利用变化会改变野生动物的栖息环境与移动过程，但不同类群对景观变化的响应阈值仍缺乏全国尺度的认识。本研究基于中国大陆全国尺度公民科学野生动物路杀数据库，选取 5,760 条经验证的路杀记录和 64 个具有足够记录量的陆生脊椎动物物种，涵盖两栖类、爬行类、鸟类和兽类。我们采用阈值指示类群分析（Threshold Indicator Taxa Analysis, TITAN），在 500 m 和 1,000 m 空间尺度下，分析报告路杀数量沿不透水面、森林、农田和草地覆盖梯度的非线性响应，并进一步构建景观阈值的累积评分。结果表明，500 m 是相对稳定且具有较强解释力的分析尺度。不同物种对景观梯度表现出明显的正向或负向响应，并在不同覆盖比例下出现候选环境变化点。例如，部分爬行动物在不透水面覆盖比例较低时报告路杀数量开始下降，而部分两栖类和兽类在较高覆盖比例下呈现增加趋势。基于多个景观梯度构建的累积评分显示，高分路段包含更多报告路杀记录，低分区域则包含较少记录。总体而言，本研究识别了景观组成与报告路杀数量之间的候选阈值关系，并揭示了其在全国道路空间中的累积差异。

关键词：动物路杀；景观阈值；阈值指示类群分析

从公民科学到城市物种保护规划：“全国燕和雨燕调查与保护”项目的实践与启示

陈思好 [1,2,3],刘宇 [4,5], 李培嵩 [6], Samantha C. Patric[2], Eben Goodale[4], Rebecca J. Safran[7], 赵欣如 [5,8], 卓小利 [9], 付建平 [8], Christiane M. Herr[3], Emilio Pagani-Núñez[10]

（1. 西南大学园艺园林学院 重庆 400715；2. 南方科技大学，深圳，518055；3. 西安交通利物浦大学，苏州，215123；4. 中国环境科学研究院，北京，100012；5. 北京师范大学，北京，100875；6. 西安电子科技大学，杭州，311200；7. 科罗拉多大学，博尔德，美国，80302；8. 中国观鸟会，北京，100097；9. 北京市第四中学，北京，100034；10. 爱丁堡纳皮尔大学，爱丁堡，英国，EH11 4BN）

liuyu.qmul@gmail.com

城市化进程持续改变野生动物的栖息环境，如何将公众参与形成的长期生物多样性数据转化为城市物种保护和规划依据，是公民科学服务生物多样性保护的重要议题。“全国燕和雨燕调查与保护”项目自 2017 年开展以来，组织各地观鸟组织和志愿者持续开展同步调查、燕巢调查、物候调查和巢址观察，并通过方法培训、数据汇总和长期协作，不断积累燕和雨燕的种群分布、数量变化、巢址和物候等基础数据，为相关科学研究和保护实践提供支持。在本研究中，我们使用项目积累的 2017—2023 年广东省家燕 Hirundo rustica 巢址数据，分析识别局部和景观尺度上影响燕巢存在的关键因素。通过分析中国南方城市化地区燕巢选择与土地利用（包括建筑用地比例、农田和水体）以及热岛效应（地表温度）、噪音污染（道路密度和复杂程度）、人工夜光（ALAN）及筑巢建筑属性（建造年份、高度和周围环境）等环境因素之间的关系。研究结果显示，燕巢丰度与多个人为因素呈正相关，包括局部尺度上的地表温度，以及景观尺度上的 ALAN 和道路复杂程度；建筑年份对燕巢也有着负面影响。项目实践表明，具有明确调查目标、相对统一技术规范和持续组织协作机制的公民科学项目，不仅能够扩大生物多样性调查的时空覆盖范围，还可以为城市野生动物生态研究和保护规划提供基础数据。未来在城区改造过程中，应更加关注野生动物繁殖所依赖的建筑结构和微环境，并结合景观尺度的环境特征，将长期公民科学监测结果进一步转化为生物多样性友好型城市规划和精细化物种保护措施。

关键词：城市规划；土地利用分区；道路；人工夜光；建筑；家燕

广东省大学生宠物淡水龟消费与饲养行为特征研究

麦文希，杨一泓，王易孚*，王宁馨*
（香港中文大学（深圳） 人文社科学院 深圳 518100）
wangyifu@cuhk.edu.cn

广东作为中国淡水龟养殖与消费的核心区，其市场规模和贸易网络对亚洲野生淡水龟种群的生物多样性保育构成直接压力。与此同时，大学生群体已成为新兴的重要宠物龟消费主体，但其养龟动机、行为模式与信息生态在现有研究中仍缺乏系统性记录。本研究从 2025 年 12 月起，通过对广东大学生淡水龟类饲养者的深度访谈、线下市场实地调研及线上社群民族志观察，系统呈现其入坑路径、消费深化轨迹与信息生态。本研究确立了四种基本的宠物龟饲养类型：高阶专业型、情感陪伴型、过渡学习型、收缩转化型。研究发现该群体的信息获取始终嵌入一个多层级的数字信息生态之中，不同平台在饲养经验的不同阶段则承担着差异化的功能。大学生宠物龟饲养行为并非单纯的个体消费，而是公民科学意识萌发的潜在场域，也是生物多样性保护干预的可操作节点。本研究旨在明确不同类型饲养者的行为驱动因素和信息可信渠道，并为面向青年群体的生物多样性传播与公民科学项目设计提供经验依据。

关键词：淡水龟；城市养宠；青年研究；民族志

城市景观与公民认知对亚热带超大城市深圳蝴蝶记录的影响

李家安[1]，罗键彪[1]，刘淇[1]，Timothy C. Bonebrake[2]，鄢春华[1]，邢爽[1]
（[1] 中山大学生态学院，广东深圳， 518107；[2] 香港大学生物科学学院，中国香港）
yanchh@mail.sysu.edu.cn

城市化通过改变景观结构与土地覆盖，持续重塑城市生物多样性及物种组成。公民科学在扩大物种分布记录范围、促进公众参与城市生物多样性监测与保护方面具有重要作用，但公众对不同物种的感知与偏好也可能影响物种记录格局。本研究以中国亚热带超大城市深圳为研究区域，整合土地覆盖信息、蝴蝶出现记录与公众感知数据，分析不同景观特征对城市蝴蝶群落组成和空间分布的影响，并检验公众感知是否改变不同城市景观类型中的蝴蝶记录模式。结果表明，不同城市景观类型支持不同的蝴蝶群落组成；具有较高审美价值、颜色和斑纹更鲜明的蝴蝶通常被更多观察者记录；对于城市中的常见物种，其记录频率主要随森林覆盖度增加而升高，且这一关系基本不受公众偏好的影响。研究表明，利用公民科学数据评估城市生物多样性时，需要同时考虑生态过程与公众观察偏差。将土地覆盖与物种分布等生态

信息和公众感知等社会信息相结合，可为生物多样性友好型城市规划、公众参与和昆虫保护提供更具实践意义的科学依据。

关键词：城市生物多样性；亚热带蝴蝶；土地覆盖；公众感知；公民科学；昆虫保护

小白鹭公民科学两年实践与成效

周轩帆[1]，胡思帆[2]，梁智健[3]，贾亦飞*
（1. 深圳市红树林湿地保护基金会 深圳 518000；2. 中国科学院西双版纳热带植物园 勐腊 666303；3. 中山大学 深圳 518000；4. 北京林业大学 北京 100083）
jiayifei@bjfu.edu.cn

小白鹭公民科学项目自 2024 年启动，旨在探索公众持续参与湿地鸟类观察在生物多样性记录、环境教育与保护行动中的作用。项目以队伍为单位开展跨区域鸟类观察，通过小程序提交记录，并结合问卷和访谈评估参与成效。第一期共有 94 支队伍参与，记录鸟类 656 种，其中鹭类 22 种；对 99 名参与者的问卷和 15 支队伍访谈显示，参与者的科学素养、自我效能感和生态保护意识均有提升，27.3%的参与者进一步参与更专业的公民科学项目。第二期共有 154 支队伍参与，形成 16411 条有效鸟类观测记录，记录鸟类 440 种。2026 年第三期继续开展，6 月已有 33 支活跃队伍在 12 个省级地区、120 个地点提交记录。实践表明，持续性的公民科学可拓展鸟类多样性记录的空间覆盖，并促进公众由一次性体验转向重复观察和持续参与。

关键词：公民科学；鸟类多样性；公众参与；湿地教育；生物多样性保护；

保护信息传播中威胁诉求的效果优化研究

何霞， 李添明 *
（生态学院，中山大学，深圳，518107）
leetm@mail.sysu.edu.cn

人类行为是生物多样性丧失的主要驱动因素之一，有效的保护信息传播对促进公众参与至关重要。同时，威胁诉求在保护信息传播中运用广泛，但其优化路径尚不清晰。

本研究以真实公益广告为干预材料，在广州线下开展两项随机对照实验。研究一仅操控了威胁目标（人类指向 vs. 野生动物指向）（N = 236），研究发现：（1）

强调人类为威胁指向更能帮助受众理解野生动物保护的重要性以及其与人类自身的相关性；（2）威胁诉求能影响保护态度与行为意愿，但不同威胁目标的说服效果无显著差异，表明仅唤起恐惧效果有限，还需提供可行应对措施。延续上述结论，研究二（N = 1434）同时操控了威胁目标（人类指向 vs. 野生动物指向）与应对措施（无 vs. 标语提示 vs. 具体措施），研究发现：（1）提供行为指引至关重要；（2）为鼓励公众参与保护，强调野生动物导向框架并提出可操作建议；（3）针对不同受众定制威胁框架，可进一步提升传播效果与效率。

关键词：保护信息传播，威胁诉求，公益广告

Dynamic conservation under shared pressures: apparent stability masks species-specific redistribution in staging shorebirds

Yi-Min Zhang1, Jing Li1, Ziyou Yang1, Lin Zhang1, Yudi Wang1, Theunis Piersma2,3,4, He-Bo Peng2,5*

3 Department of Coastal Systems, NIOZ Royal Netherlands Institute for Sea Research, PO Box 59, 1790 AB Den Burg, Texel, The Netherlands；ACKNOWLEDGEMENTS；AUTHOR CONTRIBUTIONS；DATA AVAILABILITY STATEMENT；CONFLICT OF INTEREST STATEMENT

hebo.peng@outlook.com

保护规划通常依赖群落层面的指标，例如总数量、分布中心和迁徙时间。然而，在多物种系统中，这些总体指标可能掩盖不同物种在共同压力下发生的再分布，从而让系统看起来保持稳定，并使真正需要重点管理的区域和物种变得不清楚。

本研究基于 2016—2024 年春季（3—5 月）在南黄海 6 个主要迁徙停歇地开展的标准化鸻鹬类调查数据，分析了停歇总量、数量加权分布中心和停歇时间的年际变化。我们进一步检验，与生物地理特征和形态特征相比，物种再分布是否与其种群数量变化趋势关系更密切。

尽管江苏北部河口的潮间带面积较小，但它们是区域内最核心的迁徙停歇区。北部河口的贝类密度比南部高出一个数量级以上；按潮间带面积标准化后，鸻鹬类峰值利用密度是南部站点的 17 倍。在群落层面，该系统总体数量上表现为稳定：年均停歇总量为 546 万只鸟，且鸟类总数、区域分布中心和停歇日期在整个研究期内均未发生显著变化。

然而，这种表面稳定掩盖了明显的物种层面重组。在所有物种中，24 种数量下降，22 种数量上升。物种的空间变化和迁徙时间变化，不能由繁殖地或越冬地位置、迁徙距离、形态特征或停歇种群大小解释。相反，种群数量变化趋势是最主要的相关因素：数量下降的物种向北集中，并且通过研究区域的时间提前；数量上升的物种则向南扩展，并且停歇时间推迟。

这些方向相反的再分布格局，与异质性停歇网络中的密度依赖性缓冲机制相一致。也就是说，随着种群数量变化，不同物种对高质量停歇地的利用机会也会发生改变。因此，稳定的群落总量可能掩盖下降物种正在形成的停歇瓶颈。尤其是在食物资源丰富的北部河口，当下降物种越来越依赖网络中的少数关键区域时，它们对人为干扰或栖息地可利用性下降的脆弱性也可能增加。

综合与应用。 在异质性迁徙停歇网络中，群落层面的总数稳定不应被视为保护安全的证据。保护管理需要超越静态总量指标，转向基于种群变化趋势的优先保护策略：一方面，应维持南部停歇地的承载容量，为数量增加并向南扩展的物种提供空间；另一方面，应重点保障北部关键河口的食物资源和栖息地可利用性，因为数量下降的物种正逐渐集中到这些区域。更广泛地说，长期调查数据不仅可以帮助我们判断“保护什么”，也可以帮助我们明确“在哪里保护”和“何时保护”。

关键词：buffer effect; density dependence; migration phenology; shorebird; staging network; waders; Yellow Sea

专题 13. 城市生物多样性

多尺度下景观营建对城市植物多样性的双向效应

陈春谛*
（西南交通大学建筑学院城乡规划系，成都，611756）
chundichen@swjtu.edu.cn

城市植被与生物多样性是城市生态系统的核心载体，决定公共空间生态品质与人居宜居水平，是提升城市生态韧性、推进精细化治理的关键要素。本报告依托课题组以上海、成都、重庆为案例的十余年研究，选取河岸带廊道、墙体绿化、社区绿地、城市公园及城市复合生境开展系统调研。融合传统野外采样、公众科学数据与人工智能技术，探索城市植物多样性变化及其与人类建设活动（尤其是规划、设计、管理策略）的内在关联与互动响应。我们发现，城市建设活动直接或间接改变植被物种结构与生物多样性分布格局，其中，规划设计、工程建设、生态修复及长效运维等多尺度治理实践持续塑造城市植物多样性韧性。以超大城市上海市城市公

园绿地类型为例，结果表明全园尺度上，公园面积显著正向提升自生植物多样性，自然化的景观设计模式提升野生植物群落多样性；样地尺度上，群落垂直分层、低洼水文条件与冠层覆盖等景观营造要素，成为调控自生植物分布与多样性的关键因子。尤为关键的是，人工栽培植被对自生植物群落存在显著尺度分异与双向效应，在全园尺度表现为正向促进自生植物多样性，而在局部样地尺度则表现为显著的竞争抑制效应。本系列研究有助于揭示重塑城市新型生态系统结构与功能特征的驱动因子，为优化城市生物多样性保护目标的景观设计与场地营建提供科学依据。

关键词：人工栽培植被、自生植被、空间尺度、植物组成、城市生物多样性

城市公园的生物多样性感知特征及其空间影响要素研究

干靓[1,2]，鲁雪茗[1,2]，尹杰[1,3]
（同济大学建筑与城市规划学院 上海 200092；自然资源部国土空间智能规划技术重点实验室 上海 200092；高密度人居环境生态与节能教育部重点实验室 上海 200092）
jinggan@tongji.edu.cn

通过公众体验感知强化价值认同是城市生物多样性保护的重要行动领域，公园是城市生物多样性感知的核心场所。本研究整合社会心理学、环境心理学与生态知觉理论，构建“觉察-情感-认知-行为”四层次公众生物多样性感知内涵体系，以上海市 55 处自然体验型公园为研究对象，基于网络评论文本综合运用自然语言处理（NLP）、相关性分析、空间差异统计分析模型与 Lasso 回归机器学习模型的量化分析方法，系统揭示多层次生物多样性感知的内容特征、跨层次关联及主要空间影响要素。研究发现：公众的生物多样性感知在四个层次呈现出明显的差异，认知层次的感知水平存在突出短板；公园规划功能、区位分类差异及内外部空间要素对各层次生物多样性感知程度和跨层次感知正向关联水平的影响存在显著分化。研究成果为生物多样性感知体验提升导向的城市公园规划设计提供了实践指引，为推动生物多样性友好城市建设提供参考。

社会资本参与城市生物多样性保护的模式探索

高睿，蒋泽银
（1.北京市企业家环保基金会 北京 100020；2.北京市企业家环保基金会 北京 100020）
plumeria0903@126.com

城市公园作为生物多样性保护的重要空间载体，长期面临生境单一、管护措施与生态目标冲突、社会资本参与机制匮乏等结构性困境。本文以“青山公益城市森

林”北京温榆河公园项目为案例，系统总结城市生物多样性综合保护的技术路径与治理模式。项目在技术层面，通过湿地生境改造、本土植物群落重构与复合生境模块建设，并配套动态的物种监测体系与生物多样性友好的管理体系，形成科学的修复与管护模式，实现物种多样性的有效提升。改造后，项目区鸟类的 Shannon 指数、Pielou 指数、Simpson 指数、Margalef 指数均升高，传粉网络稳定性有所增强，样地内传粉昆虫与蜜源植物互作次数从 592 次增至 1606 次。在治理层面，项目构建了“政府引导、企业支持、基金会执行、园区协同”的四方联动机制，依托互联网平台“小额、海量、稳定”的公益捐赠模式破解了城市生态保护的资金可持续难题，同时搭建自然教育共创平台与志愿者导赏体系，将多元社会力量持续导入生态理念倡导、科普教育与公园维护等环节，使生物多样性保护在公众参与中可感知、可持续，项目自建成以来，已组织活动 20 余场，参与超 500 人次。该项目模式为超大城市公园的生物多样性友好型治理提供了可复制、可推广的实践范式。

关键词：城市生物多样性；公园生境修复；社会资本参与；协同治理

声学性状揭示城市鸟类的潜在适应压力

郝泽周[1]，张承云[2]，刘阳[3*]
（中国林业科学研究院热带林业研究所，广州，510520；广州大学电子与通信工程学院，广州，510006；中山大学生态学院，深圳，518107）
liuy353@mail.sysu.edu.cn

城市噪声改变鸟类交流声环境，但不同物种的风险暴露可能受鸣声性状制约。本研究的核心问题是：鸟类自身的声学性状，尤其是固有鸣声频率，是否决定了其在城市噪声背景下的声学风险暴露和潜在适应压力。以广州海珠湿地城市鸟类群落为对象，基于 40 台被动声学监测设备组成的监测网络数据，从约 210 万段 1 分钟录音中提取 223,176 条高置信度鸟类鸣声事件，并根据物种鸣声频率划分声学功能群，定量评估不同频率类群在城市声环境中的事件级掩蔽风险及其空间响应。结果显示，城市噪声通过频率匹配产生性状筛选效应。低频鸣声鸟类与人为低频噪声重叠最高，掩蔽风险最大，繁殖季仍在资源丰富但声环境退化较强的区域保持较高鸣声活动；中、高频类群则表现出不同的避让或缓冲响应。不透水面比例超过约 5%时，低频类群风险升高；郁闭植被覆盖度超过约40%时，中频类群风险降低。研究表明，鸣声频率是影响城市鸟类声学处境和潜在适应压力的关键功能性状，城市生境质量评估和绿地规划应纳入可用交流声学空间。

关键词：声学性状；被动声学监测；城市生态学；鸟类群落

中国特大城市（深圳）居民对水獭的认知与保护意愿

刘畅宁
（中山大学生态学院 广东深圳 511436；中山大学生命科学学院 广东广州 510275；广东省深圳生态环境监测中心站 广东深圳 518049）
zhanglu38@mail.sysu.edu.cn

在全球快速城市化的背景下，城市野生动物的生存面临严峻挑战，而城市居民对野生动物的态度在其生存中发挥着关键作用。水獭作为淡水生态系统中的顶级捕食者，对环境变化极为敏感，曾在中国超大城市深圳灭绝，但于 2020 年再次出现。我们在深圳的河流系统开展了首次水獭种群野外调查，采用样线调查和居民访谈相结合的方法，评估水獭种群状况以及居民对水獭的了解程度和保护意愿。调查期间未获得可靠的水獭活动记录。访谈结果显示，60%的受访者听说过水獭，但仅有 34%的受访者能正确辨认水獭图像。此外，男性和对野生动物了解更多的人群对水獭的了解程度更高。有趣的是，对水獭了解程度较低和较高的人群均表现出更强的保护意愿，而了解程度中等的人群保护意愿较弱。本研究为深圳未来的水獭保护工作（如科普宣传和公民科学项目）提供了重要的基础数据，以促进水獭种群的恢复。

关键词：保护意识 欧亚水獭 访谈调查 保护意愿 城市野生动物保护

城市绿地景观结构影响鸟类群落的尺度效应及作用路径

刘巷序，干靓*
（同济大学建筑与城市规划学院 上海 200092）
jinggan@tongji.edu.cn

城市绿地景观结构是影响鸟类多样性的重要因素，但景观结构的影响作用是否具有尺度依赖，以及其如何影响群落结构尚不清楚。本研究聚焦北京、上海、武汉、成都和广州，在行政区（街镇）和公里网格（1 km、2.5 km 及 5 km）尺度上，构建面积（ARBI）、连接度（CBI）、聚集程度（ABI）和破碎化（FBI）四个景观结构维度，结合线性混合模型等，探讨绿地景观结构对鸟类群落系统发育结构（SES.MPD）和功能结构（SES.MFD）的影响。结果表明：（1）物种多样性（SR）对 ARBI、CBI 和 ABI 有正向响应，其中 CBI 在街镇尺度、ABI 在 1~5 km 尺度上是主要影响维度，FBI 的作用较弱；（2）SES.MPD 主要受 ARBI、CBI 和 ABI 的正向影响，ARBI 在不同尺度下均有重要的影响作用，SES.MFD 不受任何景观维度的影响；（3）在行政区和 1 km 尺度下，ARBI、CBI 直接影响 SES.MPD，而在 2.5 km 和 5 km 尺度下 ARBI、CBI 和 ABI 通过影响 SR 进而影响 SES.MPD。综上，景观结构对鸟类群落结构的影响具有明显的尺度依赖，较大尺度下景观结构

会通过影响物种丰富度塑造群落系统发育结构，而对功能结构未表现出显著影响作用。研究可为城市生物多样性保护与空间规划提供参考。

关键词：绿地景观结构，城市鸟类多样性保护，群落结构，尺度依赖

城市残存林地中不同动物类群种-面积关系及 SLOSS 模式

姜琪羽[1], 杜启文[1], 代迎晨[1], 余诗瑞[1], 陈锡文[2], 周玉峰[1], 汪艳[1], 谢杰[1], 张剑霜[1], 张凯[1], 喻浩[1*], 徐雨[1,3*]

（1.贵州师范大学生命科学学院 贵阳 550025；2.塔里木大学园艺与林学学院 阿拉尔 843300；3.南京林业大学生态与环境学院 南京 210037）

insect1986@126.com

岛屿种-面积关系（ISAR）与 SLOSS 争论（即总面积相等条件下，多个小斑块(SS)还是单一或少数大斑块(SL)维持更多物种）是理解生境破碎化效应的核心理论框架。然而，现有研究多聚焦于单一生物类群，缺乏在同一破碎化景观中对不同类群的对比研究。本研究以贵阳市花溪大学城残存林地斑块（包括自然与半自然斑块各 15 个）为研究地，于 2017-2026 年繁殖季对鸟类、蝴蝶和游猎型蜘蛛开展系统调查，共计记录到 83 种鸟类、126 种蝴蝶和 79 种蜘蛛。分析表明，三个类群的 ISAR 均正相关，且自然与半自然斑块之间无显著差异，但鸟类、蝴蝶的效应显著强于蜘蛛。三个类群的物种丰富度均表现为 SS>SL，但该效应在鸟类中显著弱于蝴蝶与蜘蛛；同时，在鸟类和蝴蝶中，该效应在自然斑块中显著弱于半自然斑块。ISAR 及 SLOSS 模式的类群间差异可能与不同类群的扩散能力、生境需求及对人类干扰的响应不同有关。因此，建议景观规划与生物多样性保护应综合考虑不同类群的生态差异，权衡斑块面积与空间配置的相对重要性。

关键词：城市化，生境破碎化，斑块面积，空间配置，物种丰富度

从观察到预测：植物–传粉者互作网络重建

闫晗

（[1] School of Biological Sciences, University of Bristol, Bristol BS8 1TQ, UK；[2] School of Biosciences, Cardiff University, Cardiff CF10 3AX, UK；[3] 清华大学地球系统科学系 北京 100084）

yan_han@mail.tsinghua.edu.cn

生态互作网络预测是群落生态学的重要研究方向。随着互作数据库不断积累，基于已有互作记录预测植物–传粉者网络成为一种具有应用前景的数据驱动方法，

但其预测能力仍缺乏系统评估。本研究以英国西南部草地、农田和林地三个典型生境的植物－传粉者网络为研究对象，利用植物－传粉互作数据库（Database of Pollinator Interactions，DOPI）和自动化网络构建工具 WebBuilder 预测局地互作网络，并与野外观测网络进行比较，评估其预测能力。结果表明，预测网络能够较好覆盖大部分植物物种及蜜蜂、熊蜂等研究较充分的传粉类群，但对双翅目、膜翅目等部分昆虫类群的预测效果较弱；同时，预测网络能够反映部分定性网络特征，但难以准确重建局地植物－传粉网络中实际发生的互作关系及定量互作模式。本研究验证了基于互作数据库的数据驱动方法具有预测植物－传粉者互作网络的潜力，并揭示了其预测精度仍受互作记录完整性和分类群研究程度的限制，同时进一步明确了当前数据驱动生态互作网络预测的优势与局限，为完善互作数据库及发展更高精度的生态互作网络预测方法提供了参考。

关键词：生态网络预测；植物－传粉者互作；群落生态学；生物多样性

不同植被类型下土壤食物网结构和功能对城市化的响应

姚海凤[1]，李志鹏[1]，张赛超[1]，胡莎莎[1]，上官华媛[1]，孙新[1*]，Anton Potapov[2]
（1.中国科学院城市环境研究所 厦门 中国 361021；2.格尔利茨森肯伯格自然历史博物馆 格尔利茨 德国 02826）
xsun@iue.ac.cn

城市化是地球表面最主要的人为活动之一，对生物多样性及其功能产生了深远的影响。土壤动物是生物多样性的重要组成部分，它们的营养相互作用在陆地生态系统功能中发挥着不可或缺的作用。然而，城市化如何重塑土壤食物网在很大程度上仍不为人知。本研究利用稳定同位素分析和能量通量方法，对中国亚热带城市的城市草地和林地土壤食物网的结构和功能进行了评估，并以城市周边具有相同植被类型的自然生态系统作为参考。研究发现，城市林地的总生物量是自然森林的 6 倍，能量通量是自然森林的 2 倍，导致能量周转率（能量通量与生物量的比值）降低了 50%，并支持了更长的食物链。相比之下，城市草地的总生物量、总能量通量和能量周转率与野生草地相似，但细菌与真菌能量通道的比值以及土壤消耗量与粪便产生量的比值均有所增加，表明土壤碳循环加速。此外，本研究发现城市化增加了食物网中营养相互作用的空间变异性，尤其是在林地中，这归因于城市绿地中强烈的特定捕食者-猎物相互作用以及更高的环境异质性。总体而言，城市化增强了土壤食物网的总能量通量，但改变了不同能量通道之间的平衡，并增加了营养相互作用的空间变异性。此外，林地和草地对城市化的响应差异强调了针对特定植被类型进行管理以改善土壤生态系统功能（例如城市地区的碳固存）的重要性。

关键词：土壤生物多样性；土壤食物网；城市化；能量通量

城市化对动物的影响: 从群落到个体

牛红玉, 陈璐, 赵恒月, 古丽扎尔·阿不都克力木, 张洪茂*
（华中师范大学生命科学学院, 武汉 430079）
zhanghm@ccnu.edu.cn

城市化是全球变化的重要事件之一。城市化导致环境快速变化, 加速了城市生物的进化过程, 重塑了群落结构和生态相互作用。本文从群落、种群、个体 3 个尺度综述了城市化对动物的影响, 总结了研究的热点和不足, 并对相关研究领域提出展望。目前相关研究主要以不透水面积比例或者城郊梯度来反映城市化水平, 以空间代替时间, 对比研究城市化下动物群落的物种组成和多样性, 动物种群的数量和遗传结构, 动物的性状、物候和行为等方面的变化。研究多集中在描述性对比分析, 深入的机制研究以及实用性的应用研究还相对缺乏。因此, 今后研究应该结合现象观察, 利用控制实验寻找城市化中影响不同动物的关键因子, 并利用分子手段探讨城市动物进化的分子遗传基础; 特别关注城市中灰色栖息地的适应物种, 它们往往与人类、宠物和食物等相关, 对其进行研究有助于预测城市化对动物甚至人类健康的未来影响; 由于复杂的种间互作网络在一定程度上可缓冲动物数量变化和行为改变对传粉、种子扩散、害虫防治等生态服务功能的影响, 应该加强研究城市化对群落中多营养级网络的影响; 最终将动物多样性研究以及遗传结构等基础研究推广到城市生态规划与修复等应用方面。

关键词：城市化; 适应; 物种多样性; 种间关系; 性状

城市化背景下自生草本群落的多维重组

胡四维 [1]，杨永川 [2*]
（1.四川大学生命科学学院，四川省成都市一环路南一段 24 号，610065；2.重庆大学三峡库区生态环境教育部重点实验室，重庆市沙坪坝区沙北街 83 号，400045）
ycyang@cqu.edu.cn

城市化持续重塑植物群落的组成及其生态和进化结构，但群落变化并不等同于局地物种丧失。现有研究多沿城乡梯度或城市内部连续梯度评估城市化效应，较少同时比较森林、乡村和城市等不同景观状态。本研究调查重庆 170 个样地和 621 种自生草本植物，整合物种组成、生活史、地理起源、系统发育及环境信息，比较三

类景观状态间的群落重组，并检验城市内部不透水面增加下的连续响应。结果表明，景观状态间局地多样性变化有限，但群落组成发生强烈重组，分类β多样性中94.5%–96.6%由物种周转贡献，系统发育β多样性中 85.3%–86.2%由谱系周转贡献。生活史选择性在三类景观间明显不同，而地理起源选择性主要体现于森林与乡村、城市之间。土地覆盖和地形与群落组成显著相关。城市内部随不透水面增加，物种丰富度和 Shannon 多样性下降，物种和谱系组成继续周转，而系统发育结构及生活史和地理起源选择性无清晰变化。研究表明，城市化背景下植物群落重组更多体现为物种和谱系替换，以及不同生态和进化维度之间不同步的响应，而非简单的物种丧失。

关键词：城市化；自生草本植物；群落重组；物种周转；系统发育多样性；生活史

Different types of urban forests as enabling place for human health: How do landscape visual characteristics influence public perception expression?

MA Bingqian [1], ZHANG Yifei [1], ZHENG Jiaqi [1], LI Jiheng [1], HU Zuoyou [1], BI Yingdong [1], XU Chengyang [1*], HAUER Richard [2]

（1.Beijing Forestry University Beijing 100083；2.University of Wisconsin-Stevens Point Wisconsin 54481）

mbqbjfu@bjfu.edu.cn

The assessment of public perception (PP) in urban forest landscapes is crucial for informing the design and management of high-quality urban green spaces. Recent studies have focused on identifying the key determinants of PP and elucidating the underlying mechanisms that influence these perceptions. This study aimed to evaluate the variability in PP across urban forests with differing background types, planting configurations, and levels of canopy loss. Additionally, we explored the relationship between PP and various landscape characteristics, including landscape structure complexity (LSC), visual complexity (VC), the proportion of artificial structures (PAS), color diversity (CD), and green view rate (GVR). The results indicated that respondent characteristics did not significantly affect public perceptions. Although planting type and canopy loss did not show a marked influence on PP, the background type of the landscape was found to be a significant factor ($p = 0.017$). Specifically, landscapes dominated by vegetation backgrounds exhibited higher PP compared to those with sky or built environments. Both high-quality and low-quality landscapes showed significantly greater LSC, VC, and GVR than medium-quality landscapes, with the pattern reflecting a "high-low-high" trend.

Redundancy analysis revealed that landscape features explained 11.2% of the variance in PP, with vegetation structure complexity and visual complexity emerging as the primary contributors. These factors had a positive effect on PP in vegetation-dominated landscapes and a negative effect in those with architectural elements. Collectively, urban forest landscapes influence PP by modifying the visual structure, with vegetation-rich landscapes being preferred. The findings underscore the critical roles of landscape structure complexity and visual complexity, offering valuable insights for the integration of PP considerations into urban forest design.

Keywords: Urban forestry; Landscape visual character; Public perception

专题 14. 湿地（红树林）生态与候鸟迁徙通道

外源碳调控红树林不同潮位微生物碳代谢分化

杨祎航，陈怀海*

（1. 中山大学生态学院 深圳 518000）

chenhh68@mail.sysu.edu.cn

生物多样性是维持红树林生态系统功能及碳汇稳定性的重要基础，微生物群落及其功能分化直接影响沉积物有机碳的转化与归趋。本研究以红树林沉积物为对象，在高、中、低潮位设置葡萄糖单次与重复添加处理，结合扩增子测序、宏基因组和 DNA 稳定同位素探针（DNA-SIP）技术，解析潮位梯度与碳输入方式对微生物群落、代谢功能及碳转化的协同调控。结果表明，潮位是驱动微生物群落分化的主导因素，对细菌和真菌 β 多样性的解释量分别为 74.0%和 45.4%，碳输入方式的影响主要体现在活性类群及局部功能模块。DNA-SIP 显示，活性碳利用类群沿潮位梯度呈 r-向 K-对策转变，且输入方式在中潮位效应最明显。重复添加促进 GH13、CBM48 和 GH31 等 α-葡聚糖合成、结合与降解相关酶系协同富集，表明持续碳输入增强微生物储存代谢。激发效应呈明显潮位依赖性：高潮位单次添加负激发更强，中潮位重复添加负激发更强，而低潮位重复添加后期转为正激发。研究表明，潮位环境过滤塑造微生物多样性与功能基础框架，碳输入频率进一步调节活性类群的碳利用策略，揭示了微生物多样性维持与功能分化共同调控红树林蓝碳稳定性的重要机制。

关键词：红树林碳汇；潮位梯度；碳输入频率；碳水化合物代谢；激发效应

富营养化致碳氮解耦：削弱红树林气候减缓潜力

蔡雯琦[1]，王凡[2*]，覃章才[3]，黎育科[1]
（1 香港中文大学地理与资源管理学系 香港 999077；2 中山大学生态学院 深圳 518000；3 中山大学大气科学学院 广东珠海 519082）
wangfan25@mail.sysu.edu.cn

红树林是地球上最高效的蓝碳生态系统之一，但其突出的碳固存能力高度依赖氮素有效性，易受海岸带富营养化影响。本研究构建基于 δ15N 的阈值框架以刻画富营养化梯度，并整合全球 526 个红树林站点逾 1800 条记录，评估富营养化对红树林碳氮动态的影响。结果表明，植物与土壤响应发生关键解耦：尽管氮输入增加，富营养化土壤氮含量与氮磷比下降，这与红树林养分循环高度开放、氮损失增强一致；红树植物则通过增加水源氮吸收和强化叶片氮重吸收效率，维持或提高叶片氮含量。碳动态也呈现类似解耦，植物生物量维持或增加，但土壤有机碳储量下降，生态系统总碳储量未发生显著变化。上述发现表明，稳定甚至增加的植物生物量可能掩盖长寿命土壤碳氮库的流失，构成红树林韧性与气候减缓潜力中被隐藏的脆弱性。研究强调亟需将富营养化控制纳入红树林保护与蓝碳政策。

关键词：红树林；富营养化；碳氮解耦；δ15N；蓝碳

潮位对红树林土壤微生物及碳代谢功能的影响

李子芊，陈怀海*
（中山大学生态学院 深圳 518000）
chenhh68@mail.sysu.edu.cn

红树林湿地作为单位面积碳储量最高的滨海蓝碳生态系统，其土壤微生物群落在碳循环中扮演关键角色。在全球海平面上升与气候变化背景下，红树林潮位格局及淹水频率可能发生显著改变，因此从潮位尺度解析土壤微生物多样性及碳循环功能，对预测蓝碳碳汇响应具有重要意义。本研究以深圳福田红树林自然保护区为对象，设置高潮位、中潮位和低潮位三个梯度，通过外源碳添加培养实验，结合宏基因组测序与代谢组学联合分析，探究潮位梯度对土壤微生物群落结构、功能基因及碳循环特征的影响，揭示其对土壤碳排放及碳激发效应的调控机制。结果表明：不同潮位土壤理化性质差异显著，高潮位有机碳、全氮等养分含量显著高于低潮位；不同潮位土壤微生物碳周转策略存在显著差异，低潮位为正激发效应而中高潮位为负激发效应；细菌与真菌群落结构在不同潮位显著分异；微生物功能基因随潮位呈现显著差异，高潮位富集碳降解相关基因，低潮位则以碳固定相关基因为主；代谢组学揭示高潮位饱和脂肪酸、糖类及抗逆代谢物丰度较高，且代谢物稳定性显著高

于中低潮位。研究阐明潮位梯度通过调控土壤理化环境驱动微生物群落结构与功能分化进而影响红树林土壤碳排放，为未来海平面上升与气候变化加剧背景下，理解红树林碳汇机制、支撑红树林生物多样性保护及蓝碳气候适应管理提供了科学依据。

关键词：红树林；微生物；潮位；碳激发

鸟类运动生态学与生物多样性保护

伊坤朋
（中国科学院生态环境研究中心，区域与城市生态安全全国重点实验室 北京 100085）
kpyi@rcees.ac.cn

2005 年，《Science》将“迁徙动物如何发现迁徙路线？”列为人类 125 个重大未解科学问题之一。作为地球上迁徙距离最长、最典型的迁徙类群，全球 11,016 余种鸟类总数超 500 多亿只（约为全球人口的 7 倍），其运动机制成为破解该谜题的关键。当前，微型卫星跟踪器（3g~40g）可高频监测鸟类个体全生命周期轨迹（如每 10 秒获取 GPS 位点），逐步揭开其运动奥秘；世界最大野生动物运动数据库 Movebank 已汇聚超 5200 名科学家与数据所有者共享的近 2000 个物种数据，涵盖 113 亿个动物位置点及 94 亿条传感器测量数据。技术与需求的双重驱动催生了新兴学科“运动生态学”——聚焦鸟类、兽类及海洋动物，探究多尺度运动行为与栖息环境、气候变化的互作机制。基于海量数据，本研究通过解析鸟类 GPS 时空序列，反演其年活动规律与日活动规律，精准识别静止、飞行、觅食等行为状态。研究表明，鸟类运动在时空上与自然环境高度关联，而多尺度遥感数据是揭示迁徙廊道及栖息地偏好的有效手段。通过融合遥感与鸟类时空数据，可深度挖掘行为与生境、气候的关联规则，进而：确定物种栖息地偏好及家域范围；量化保护比例并识别保护空缺；鉴别生物多样性富集区与关键水禽栖息地；优化区域栖息地保护网络规划。最终推动鸟类栖息地营建理论发展，探索人鸟共生机制，强化生物多样性保护，支撑区域可持续发展。

关键词：流域，轨迹数据，时空数据分析，生物多样性保护，栖息地，迁徙

海鸟迁飞通道中的双重威胁：渔业活动与夜间灯光污染的影响

刘阳[1*]，程雅畅[1,2]，赵媛媛[1]，葛蕴丰[1,3]
（1. 中山大学生态学院 深圳 518107；2. 自然资源部第三海洋研究所 厦门 361005）
liuy353@mail.sysu.edu.cn

海鸟是海洋生态系统中的重要指示生物，其迁飞通道贯穿人类活动频繁的海洋景观，面临多重人为威胁。本研究以我国海域代表性海鸟——白额鹱（*Calonectris leucomelas*）为主要研究对象，结合 GPS 追踪、加速度计行为分类、粪便 DNA 宏条形码及遥感灯光数据，系统评估了渔业活动和夜间人造光源对其迁飞行为与生态适应性的影响。研究发现，白额鹱在繁殖期与渔业活动空间重叠显著增强，个体表现出明显的“跟船觅食”行为，可能从渔业附带食物资源中获益；但同时也面临兼捕死亡风险及体内全氟和多氟化合物（PFAS）等持久性污染物的富集问题。此外，夜间人造光源（ALAN）显著影响其夜间的行为分配，尤其在月光较弱时，灯光强度增加与觅食行为概率上升相关，而在钻井平台附近则表现为停歇行为增多，提示不同光源类型和设施结构对其行为产生异质性影响。本研究强调，海鸟迁飞通道的威胁认知需从多源压力叠加的角度出发，兼顾直接致死风险与间接行为扰动。未来应加强跨区域、多物种的长期监测，并推动渔业管理与光污染防控的协同治理，以提升海鸟迁飞通道的整体生态安全性。

关键词：西太平洋迁飞通道；海鸟；人类世；兼捕；光污染

气候变化背景下白鹤迁飞网络连通性评估

王春晓[1]，黄俊龙[2]，陈丽霞[1]，孙戈[1]，江红星[1*]
（1.中国林业科学研究院，森林生态环境与自然保护研究所湿地环境保护与生态修复全国重点实验室，北京 100091；2.Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Toronto, Toronto, ON Canada M5S 3B2）
hxjiang@caf.ac.cn

迁徙水鸟依赖由空间上分离的栖息地组成的网络完成全年生活史周期，其网络连通性可能随气候环境变化而改变。然而，现有研究多将迁飞网络视为静态系统，对其连通性的动态变化仍缺乏充分认识。本研究基于 15 只极危物种白鹤（*Leucogeranus leucogeranus*）的 184,834 个卫星追踪定位点，识别迁飞停留事件、划定迁飞节点，并依据越冬地正常、湿润和干旱水文情景，分别构建时空动态迁飞网络。结果表明，与正常水文情景相比，湿润和干旱情景下的网络连通性均有所降低，连通性指数由正常情景下的 0.487 分别降至 0.438 和 0.407，节点间平均成对距

离亦有所增加。94 个停留节点中，79 个为情景特有节点；网络连通性贡献最高的节点亦为情景特有节点，而非跨情景共享节点。研究表明，基于静态网络的保护优先区识别可能低估情景特有节点对维持迁飞网络连通性的重要性。因此，维持迁飞通道连通性需统筹跨情景共享节点的持续保护与情景特有关键节点的适应性管理，以应对气候变化变化引起的节点功能转换。

关键词：迁飞网络；连通性；水文变异；卫星追踪；白鹤

越冬东方白鹳的集群运动：处理食物时间越长的个体更易发起

程磊 [1, 2, 3, 4], 钟云东 [2, 3, 4], 王明来 [1], 赵金明 [5], 周立志 [2, 3, 4, *]

（1 淮南师范学院，生物工程学院，淮南 232038；2 安徽省湿地生态保护与修复重点实验室（安徽大学），合肥 230601；3 安徽大学，资源与环境工程学院，合肥 230601；4 安徽升金湖湿地生态学国家长期科研基地，东至 247230；5 淮北师范大学，生命科学学院，淮北 235000）

zhoulz@ahu.edu.cn

集群运动广泛存在于营群居动物中，对个体适合度和种群动态维持具有重要意义。通过利用个体之间提供的社会信息，群居动物可在集群运动过程中提高个体觅食效率、降低被捕食风险，并促进群体决策。尽管动物集群运动日益受到关注，但对于活动范围广、扩散能力强的水鸟类群来说，很难进行野外个体识别和社会关系量化，相关研究仍较为有限。本研究以升金湖越冬东方白鹳（*Ciconia boyciana*）作为研究对象，在控制越冬阶段和生境类型等变量的基础上，探究个体行为、群体特征及个体空间位置对集群运动发起和维持的影响。结果表明，食物处理时间和群体规模均与集群运动发起成功呈显著正相关，个体觅食活动水平、移动速率及在群体中的位置均无显著影响。同时，在成功发起事件中，集群运动持续时间随发起者处理食物时间的增加而延长，随群体规模的增加而缩短；个体觅食活动水平、移动速率及在群体中的位置均与持续时间无显著相关性。研究发现，升金湖越冬东方白鹳个体处理食物时间越长，食物资源的暴露时长也同步增加，进而在集群运动发起时更易成为非意图性领导者。未来将利用 GPS 追踪技术对个体进行标记，进一步识别影响区域尺度下集群运动响应的关键个体特征，阐明群体间社会网络互动如何影响东方白鹳集群运动的发起和维持。

关键词：集群运动; 运动发起; 觅食行为; 群体规模; 东方白鹳

基于追踪数据识别候鸟的关键迁徙停歇地：以东亚-澳大利西亚迁飞区中杓鹬为例

李中艺[1]，安思葳[2]，白清泉[3]，COLEMAN Jonathan T.[4]，冯雪松[2]，高子靖[2]，HASSELL Chris J.[5]，何珂[6]，邝粉良[7]，LEUNG Kar-Sin K.[8]，刘宝权[9], MAGLIO Grace[10]，吴巍[2]，and 马志军[1,*]

（1.复旦大学生命科学学院，崇明生态研究院，生物多样性与生态工程教育部重点实验室，湿地环境保护与生态修复全国重点实验室，长江河口湿地生态系统野外科学观测研究站，上海市重大传染病和生物安全研究院；上海 200433；2.上海崇明东滩自然保护区管理事务中心，上海 202183；3.丹东市林业和草原局，辽宁丹东 118399；6.浙江农林大学动物科技学院·动物医学院，浙江省畜禽绿色生态健康养殖应用技术研究重点实验室，浙江杭州 311300；7.云南民族大学化学与环境学院，云南昆明 650504；8.香港水鸟环志组，香港 999077；9.浙江省森林资源监测中心，浙江杭州 310020）

zhijunm@fudan.edu.cn

全面识别野生动物关键分布区是开展针对性保护行动的前提。识别关键分布区的传统方法依赖野外调查，这受到资源投入及区域可达性的限制。卫星追踪为识别关键分布区提供新手段，但对识别结果的代表性缺乏了解。本研究以东亚-澳大利西亚迁飞区中杓鹬（*Numenius phaeopus*）为对象，根据 2017-2024 年 7 个捕捉地 70 只个体的追踪记录，从停歇比例、停歇时间及年际间重复利用某地的个体数三个方面评估中国沿海地区迁徙停歇地重要性，并与基于野外调查确定的迁徙停歇地重要性进行比较。结果表明：个体追踪和野外调查识别的迁徙停歇地数量分别占两者总识别数量的 64%和 81%（北迁期）、65%和 79%（南迁期）。两类数据识别的迁徙停歇地重要性呈正相关，但追踪个体来源和样本量均影响识别效果。综上，追踪数据可作为野外调查的重要补充，扩大追踪个体的来源范围和样本量有助于提升其代表性。

关键词：东亚-澳大利西亚迁飞区，中杓鹬，卫星追踪，野外调查，迁徙停歇地

基于泉州勺嘴鹬保护站的多方协同保护探索

陈宝怡[1]，黄建[1*]，吴轲朝[2]

（1. 深圳市红树林湿地保护基金会 深圳 518000；2. 泉州市观鸟学会 泉州 362000）

huangjian@mcf.org.cn

围头湾作为东亚-澳大利西亚迁飞通道（EAAF）的关键节点，是极危物种勺嘴鹬（*Calidris pygmaea*）的重要停歇及越冬地。针对该区域昔日面临的互花米草入侵、渔业人为干扰及栖息地退化等挑战，红树林基金会（MCF）与多方力量一起

设立泉州勺嘴鹬保护站，探索社会化参与的湿地保护新模式。本研究（实践）以常态化生物多样性监测数据为基础，开展觅食地与高潮位栖息地精准巡护及生境修复，创新构建了包含公益组织、观鸟学会、检察机关、林业部门、自然保护区、当地社区及学校的多方协同治理机制。通过设立“勺嘴鹬检察官”司法工作站、开展AIGC 勺嘴鹬主题竞赛及勺嘴鹬学校科普讲座等活动，全面推动生态护航与公众参与。经过一年多的保护站建设，围头湾国家一级保护鸟类由 2025 年的 5 种增加至2026 年的 7 种，戴旗标的勺嘴鹬连续稳定归来，社区护鸟意识显著提升。该实践为极危水鸟保护及其他有效的区域保护措施（Other Effective area-based Conservation Measures, OECM）落地提供了宝贵的“泉州范式”。

关键词：生物多样性保护；勺嘴鹬；EAAF；多方协同；生态成效；OECM

基于生物性泛在网络的深圳候鸟保护实践

李国政，敖佩如，陈杨*
（成都德鲁伊科技有限公司 成都 610000）
chenyang@druid.tech

深圳湾红树林湿地是东亚-澳大利西亚候鸟迁飞通道的关键越冬与停歇地，城市化背景下候鸟监测面临小型鸟类追踪重量、功耗、成本与数据回收的多重瓶颈。本文以深圳生物多样性城市建设实践为案例，探索生物性泛在网络在红树林湿地与候鸟迁徙保护中的应用。依托 0.3g 级微型追踪终端、天地一体混合组网、端侧 AI 行为识别，构建兼顾位置、环境、行为多维信息的野生动物数字克隆体系；结合公民科学，将公众智能手机转化为分布式监测基站，破解传统监测基建成本高、野外盲区大的短板。以黑脸琵鹭、黑鸢等物种开展示范，实现跨深港生态单元迁飞轨迹解析、城市鸟击风险预警、救助动物健康数字化评估。实践表明，轻量微型追踪和公民科学协同模式，可为滨海红树林湿地管护、候鸟迁飞通道科学保护提供数据支撑，为超大城市生物多样性友好城市建设提供可复制技术路径。

关键词：生物性泛在网络；动物追踪；公民科学；候鸟迁飞通道；生物多样性城市

专题 15. 中国 MAB 生物多样性监测与保护实践

广东南澎列岛海洋生态国家级自然保护区造礁石珊瑚多样性及分布特征

黄亿彬

（广东南澎列岛海洋生态国家级自然保护区管理局 广东汕头 515000）

923756456@qq.com

造礁石珊瑚是珊瑚礁生态系统的框架生物, 其群落结构对生物多样性具有重要影响。北回归线是我国大陆沿岸造礁石珊瑚分布的北缘, 但是针对高纬度区域造礁石珊瑚的调查相对较少, 关于其物种多样性及群落分布特征等信息尚不明确。广东南澎列岛海洋生态国家级自然保护区(以下简称南澎列岛保护区)是我国有造礁石珊瑚分布记录的最北部几个保护区之一。本研究于 2023 年 6 月和 2024 年 6 月通过潜水调查研究了该保护区造礁石珊瑚物种多样性及分布特征。结果表明, 南澎列岛保护区共分布造礁石珊瑚 34 种, 隶属于 9 科 19 属, 生长型大多为团块状和表覆状, 优势种为不等脊膝沙珊瑚(*Psammocora nierstraszi*)和深室沙珊瑚(*P. profundacella*)。保护区内造礁石珊瑚呈现为不成礁、低覆盖率的典型高纬度斑块群落分布特征, 其中顶澎岛珊瑚平均覆盖率最高, 南澎岛和中澎岛次之, 芹澎岛最低。本研究摸清了南澎列岛保护区的造礁石珊瑚物种多样性及其分布特征, 不仅有助于科学认识南澎列岛保护区造礁石珊瑚群落现状, 也为我国南海北缘珊瑚群落的保护与研究提供了基础数据。

关键词：造礁石珊瑚; 广东南澎列岛海洋生态国家级自然保护区; 物种多样性; 群落特征

MAB 框架下"天空地"一体化监测与旗舰物种驱动的社区共建实践 ——以广东潮安凤凰山省级自然保护区为例

黄伟潮，夏立漫，叶培昭，何谷， 黄维

（广东潮安凤凰山省级自然保护区管理处, 广东 潮州 521000）

837953985@qq.com

联合国教科文组织人与生物圈计划（MAB）倡导"生态保护、科学研究、可持续发展"三位一体，强调将社区纳入生物多样性治理体系。2026 年 6 月，广东潮安凤凰山省级自然保护区正式获批加入中国生物圈保护区网络（CBRN），成为潮州市首个入选该网络的保护单位。作为新成员，凤凰山以极危旗舰物种中华穿山甲保护为抓手，构建"天空地"一体化智能监测网络，布设红外相机 82 处，其中专项监

测点位 63 个，覆盖保护区全域 3654.16 公顷，开展长期生物多样性动态监测；同时探索"巡护员+自然导师"双轨人才培养、IP 联名产品收益反哺、政府主导与社区主体协同的社区共建机制。2020 年 1 月至 2026 年 8 月的长期监测网络（82 个位点）共获得独立有效照片 24132 张，记录兽类 12 种、鸟类 36 种；2024 年 5 月至 2026 年 4 月专项监测周期（63 个位点）获取独立有效照片 1652 张，记录野生动物 10 目 22 科 32 种。监测数据显示，中华穿山甲活动踪迹较 2018 年基线增长 65%，繁殖迹象显著增加；野生维管植物达 1587 种，陆生野生脊椎动物 242 种，50 余种濒危物种种群有效恢复；周边 12 个行政村年均经济增收 12%，186 名村民实现稳定就业（32 名专职巡护员+154 名兼职自然导师），2024 年自然教育直接经济收益达 1080 万元。凤凰山案例为 MAB 框架下南方山地型自然保护地的生物多样性监测与社区共建提供了可复制的实践样本。

关键词：人与生物圈计划；生物多样性监测；"天空地"一体化；中华穿山甲；旗舰物种；社区共建；红外相机

大鲵种群与遗传资源的野外监测探索

王丞
（湖南张家界大鲵国家级自然保护区事务中心 湖南张家界 415800）
1114859573@qq.com

大鲵复合群是我国特有的珍稀两栖类，国内已开展大规模增殖放流行动，但大鲵具有穴居、夜行的生物学特征，传统调查手段获取野外种群与遗传本底难度大，增殖放流引发的遗传混杂风险亟需评估。本研究以湖南张家界大鲵国家级自然保护区为研究对象，布设 53 处涵盖历史分布点、增殖放流点、出苗位点的野外样点，综合夜间野外调查、PIT 标记-重捕、环境 DNA（eDNA）定性定量检测技术，结合线粒体基因片段、微卫星分子标记及简化基因组，开展大鲵野外种群与遗传资源监测探索。结果显示：野生大鲵扩散能力弱，平均迁移距离 182.73±42.9 m，活动高峰集中在 21:00-23:00，偏好水深小于 60 cm、流速低于 0.14 m/s 的缓流或静水水域；金鞭溪河段证实，在适宜栖息地管护条件下，放流个体可建立具备自然繁殖能力的野外种群；eDNA 技术识别出保护区内 10 处野生成体大鲵核心分布水域，标记重捕与 eDNA 浓度结合推测保护区野外种群数量约 13800 尾。线粒体分析表明，保护区野外检出中国大鲵、华南大鲵、江西大鲵等多遗传支系，野外种群遗传组成混杂。简化基因组提示澧水（中国大鲵）、沅水流域（华南大鲵）归为 2 个遗传谱系，野外保有纯系群体，其中中国大鲵存在本地隐存支系。本研究证实 PIT 标记-重捕联合环境 DNA 适用于大鲵野外资源调查，跨谱系增殖放流带来遗传污染风险，建议后续保护基于遗传谱系开展分物种精准保护。

关键词：大鲵; 环境 DNA; 遗传分类; 行为生态学

专题 16. 藻类多样性与环境变化

形态分类的重要性

李艳玲
（云南大学 昆明 650091）
yanlingli@ynu.edu.cn

硅藻是水生食物网关键初级生产者，分类学研究是解析其生物多样性、生态功能及环境响应的重要基础。为厘清硅藻分类领域发展态势，本文采用文献计量与 LDA 主题模型，分析 Web of Science 核心合集 1975-2025 年相关文献。结果显示，研究热点由基础分类逐步走向与生态学交叉融合，新种形态研究、河流生物监测、分子系统发育是当前主要前沿；但分类修订等保障分类体系稳定的基础工作关注度不足。形态分类是物种界定的根本，分子条形码数据库的可靠运用离不开形态鉴定、凭证标本与显微图像的支撑，同时形态分类可衔接历史标本、古生态及长期监测资料。分类分辨率直接影响群落分析与水环境评价，近缘种误鉴定会造成生态评估偏差。未来硅藻分类学应兼顾应用潜力，强化现有知识体系的系统整合，夯实形态分类这一学科根基，为生物多样性保护和全球变化研究提供可靠支撑。

关键词：硅藻; 分类学; 形态学

厄尔尼诺影响山区河流的浮游植物群落构建和网络稳定性

谭香
（中国科学院武汉植物园 武汉 430074）
xtan@wbgcas.cn

气候变化被认为是影响河流生态系统的重要因素，然而大尺度气候振荡如何调控山区河流浮游植物群落结构及网络稳定性仍缺乏充分理解。本研究基于 2009—2024 年枯水期和丰水期在上游汉江 26 个河流样点采集的 458 个样本，研究了淡水生态系统中浮游植物群落组成、多样性格局及共现网络结构对全球气候因子中厄尔尼诺现象的长期响应。本研究将非生物（环境）变量分为四类：空间变量、局地环境变量、气候变量和土地利用变量等非生物解释变量。结果显示气候变量（气温和降水）和局地环境变量（水温、总磷、总氮和高锰酸盐指数）表现出显著的季节性变化，丰水期数值较高。本研究鉴定出浮游植物 88 种或变种，平均密度为 2.07×

10^6 ind./L，变化范围为 0.47×10^6 – 5.61×10^6 ind./L。浮游植物密度呈现明显的长期波动，且在厄尔尼诺期间（如 2015 年和 2023 年）枯水期与丰水期之间的差异尤为显著。整个研究期间，Niño 3.4 指数在 – 1.39 至 1.93 之间波动，Shannon-Wiener 多样性指数变化范围为 0.40 – 4.41。硅藻在群落中始终占据主导地位，其中桥弯藻属（*Cymbella*）和异极藻属（*Gomphonema*）为两个最优势属。随机森林和相关性分析表明，气候变量（降水和气温）和局地环境变量（水温、高锰酸盐指数和总磷）是驱动浮游植物群落结构的关键因子。此外，基于共现网络分析，优势类群（如桥弯藻属和异极藻属）在枯水期占据网络中心拓扑位置，并对网络稳定性贡献显著，表明优势类群在维持网络结构完整性方面具有关键作用。相反，在厄尔尼诺事件（如 2010 年和 2015 年）影响下，这些优势类群在丰水期的拓扑重要性下降，导致网络模块度增加，使生态系统更容易发生结构性崩溃。这些发现表明厄尔尼诺可通过改变气候变量（降水和气温）和局地环境变量（水温、营养盐和有机物）的途径，将大尺度气候信号传递至河流生态系统的生物群落中。本研究在长期时间尺度上提供了证据，证明全球气候振荡可通过气候介导的环境过滤作用，调控大型山区河流中浮游植物的多样性格局、群落构建过程及网络稳定性。

关键词：厄尔尼诺; 浮游植物群落; 环境过滤; 共现网络; 生物多样性; 网络稳定性

基于长读长 eDNA 宏条形码的中国沿海有害藻类多样性与生物地理格局高分辨率解析

罗肇河 [1], 韩润泽 [2], 郭欣兰 [3], Wei Sheir Yee[4], 肖娜 [5], 崔丽欣 [2]
（1 厦门理工学院环境科学与工程学院，厦门 361024；2 自然资源部第三海洋研究所，厦门 361005；3 厦门大学环境与生态学院，厦门 361102；4 浙江大学海洋学院，舟山 316000；5 福建农林大学海洋研究院，福建省海洋生物技术重点实验室，福州 350002）
luozhaohe@xmut.edu.cn

掌握有害藻类的多样性与分布对于有效监测和风险评估至关重要，但传统显微观察和短读长宏条形码技术往往缺乏区分近缘物种及遗传谱系所需的分辨率。本研究利用中国沿海采集的约 1,000 份海水 eDNA 样品，探究有害藻类多样性及其生物地理格局。采用 PacBio HiFi 测序技术，分析覆盖完整 ITS1 – 5.8S – ITS2 区域及部分 LSU D1 – D2 区域的约 1.4 kb rDNA 片段。ITS – LSU 联合标记能够在物种水平区分有害藻类，并在部分类群中达到遗传谱系水平的分辨率。调查揭示了主要有害藻华相关类群中丰富且此前认识不足的多样性，包括甲藻中的安菲多莫科（Amphidomataceae）、凯伦藻科（Kareniaceae）、鳍藻属（*Dinophysis*）和亚历山

大藻属（*Alexandrium*），针胞藻类中的 Chattonellales，以及硅藻中的拟菱形藻属（*Pseudo-nitzschia*）等。不同类群及遗传谱系的地理分布存在明显差异：部分有害藻类广泛分布于中国多个沿海区域，另一些则呈现局限性或区域特异性分布。近缘物种及种内谱系也常表现出不同的地理分布格局，揭示了传统监测方法难以识别的精细尺度生物地理结构。本研究从高分辨率视角揭示了中国沿海有害藻类的多样性，并凸显了物种及谱系水平分辨率对于理解有害藻华生物地理格局的重要性。所获数据为追踪有害藻类、识别可能被忽视的多样性，以及支持中国及东亚沿海有害藻华监测与风险评估提供了分子基线。

关键词：eDNA；长读长宏条形码；PacBio HiFi；有害藻类；生物地理学；中国沿海

寒温带典型城市湿地着生藻类物种多样性格局及群落构建机制

陆欣鑫，刘妍，范亚文
（单位：哈尔滨师范大学生命科学与技术学院，哈尔滨 150025）
yanliuhrb@hotmail.com

寒温带城市湿地存在漫长冻融周期，浮游植物和底栖硅藻是湿地水生态系统关键初级生产者，解析二者群落构建机制，可为高纬度湿地生物多样性保护提供理论支撑。本研究以哈尔滨市 8 处城市湿地集群为研究区，于 2023-2024 年开展系统野外调查，综合运用距离-衰减关系 (DDR)、变异分区分析 (VPA)、结构方程模型 (SEM)、β 多样性分解等统计方法，解析浮游植物以及石生、附生、泥生三类生境底栖硅藻的时空分布格局、β 多样性特征与群落构建驱动机制。结果表明：浮游植物群落具有显著的距离-衰减关系，空间因子主导浮游植物群落构建，随机扩散过程占优势；底栖硅藻群落未检测出显著距离-衰减格局，确定性环境过滤过程主导底栖硅藻群落组装。不同附着生境的底栖硅藻群落组成存在显著分化；分类学 β 多样性以物种周转为主要组分，功能 β 多样性则以嵌套组分贡献更大，反映该区域硅藻物种组成差异明显，但功能性状趋于趋同。营养盐是调控底栖硅藻分类与功能 β 多样性的核心环境因子，总溶解固体、重金属对泥生底栖硅藻具有特异性作用；干期、湿期、冻融不同水文时期，环境因子对藻类群落的调控效应存在显著差异。综上，扩散随机过程与环境过滤确定性过程共同塑造寒温带城市湿地藻类群落，浮游植物与底栖硅藻的构建机制存在明显分化，研究结果可为我国寒区城市湿地水生态保护与管理提供科学参考。

关键词：城市湿地；浮游植物；底栖硅藻；距离-衰减；β 多样性；群落构建；寒温带

中国沿海斜纹藻科硅藻的系统分类学研究

李宇航[1#]，堵飞超[1,2]，孙忠民[1]，徐奎栋[1*]
（中国科学院海洋研究所，海洋生物分类与系统演化实验室，山东青岛 266071；河南师范大学、水产学院，河南新乡 453007）
liyuhang@qdio.ac.cn

斜纹藻科是硅藻中物种多样性较高的类群，已描述 560 余种，广泛分布于淡水、半咸水、海洋等环境中，在泥滩、盐沼等生境中可形成极高的生物量，在底栖生境中具有十分重要的生态作用。自 1845 年建立以来，经历十多次分类系统修订。该科现代分类体系源于 Peragallo（1891）和 Cleve（1894）的工作，随后由 Hendy（1964），Round（1990）和 Reid（2012）等完善。目前认为，硅质壳外形，线纹方向，色素体形态，是否存在龙骨壳缝是重要的属级分类特征。本研究首次对该科进行了较为系统的多基因分子系统学研究，新获 31 个分类单元的 DNA 序列。研究发现，布纹藻属不是单系群，*Gyrosigma tenuissimum* v. *hyperborean* 及其形态相近种形成一个分支，其它布纹藻科物种聚成另一支。脊弯藻（*Carinasigma*）为单系群与布纹藻（*Gyrosigma*）系统关系较近。布纹藻，斜纹藻（*Pleurosigma*），脊弯藻，唐氏藻（*Donkinia*）和弯螺藻属（*Rhoicosigma*）组成的分支支持率不高，但此分支与斜脊藻属（*Plagiotropis*），斜膜藻（*Plagiolemma*）和缪氏藻（*Meuniera*），形成一个支持率较高分支。本研究进一步支持了外形，细纹方向和色素体形态在属级阶元的分类作用。然而，龙骨状的壳缝系统，线纹相交的角度可能不适合作为属级阶元的划分依据。分子钟显示斜纹藻科与舟形藻科在中新世坦尼特期（57.1 Mya）分开。在斜纹藻科内部斜脊藻属和缪氏藻形成于约 48.1Mya，斜纹藻属形成于约 43.5Mya。斜纹藻与布纹藻的物种多样化主要出现在 23-12Mya 中新世早、中期，可能与此时海水和海平面温度下降有关。

关键词：斜纹藻科；系统分类；物种多样化

多组学揭示近盐骨条藻水体盐化应答及调控机制

胡婧文[1]，邹静[1]，范亚文[1]，刘妍[1]，尤庆敏[2*]，王全喜[2*]
（1. 哈尔滨师范大学 哈尔滨 150025；2. 上海师范大学 上海 200234）
wangqx@shnu.edu.cn

气候变化与人类活动正加速全球淡水及咸水生态系统的盐化进程，严重威胁水生生物多样性、群落结构与生态系统功能。广盐藻是重要的初级生产者，在盐度升高环境下具竞争优势，进而改变浮游植物群落结构，影响水生生态系统初级生产力。近盐骨条藻（*Skeletonema subsalsum*）是典型的广盐性硅藻，其分布日趋广泛，是研究藻类盐适应机制的理想模型。本研究以近盐骨条藻为对象，设置环境相关盐度梯度（0–12），整合形态、生理及多组学分析，阐明近盐骨条藻盐度响应机制，筛选盐度响应指标与生理阈值。结果表明，盐度升高可显著改变细胞形态、生长速率、脯氨酸积累水平以及关键的呼吸酶与抗氧化酶活性。多组学分析表明，盐度升高驱动藻能量重分配，通过脯氨酸和牛磺酸调节渗透压；半胱氨酸维持氧化还原稳态、增强线粒体供能；形态可塑性协同缓解盐压力。此外，多层次生物学响应一致表明，盐度 6 可能是近盐骨条藻盐应答的关键转折点，细胞长宽比、脯氨酸含量和细胞色素 c 氧化酶（COX）活性等为盐化早期预警指标。研究揭示了硅藻盐度适应的分子机制，提出了可用于盐化早期预警与风险评估的候选生物指标及响应阈值，为深入理解盐化背景下物种适应特征及生态系统稳定性提供了理论依据。

关键词：广盐性硅藻；近盐骨条藻；耐盐机制；多组学；生理阈值

基于形态特征及系统发育研究揭示了假金杯藻属（金藻纲，棕鞭藻目）的 5 个新种以及叶绿体基因组特征

安雅璐，郝俊雪，南芳茹，刘琪，刘旭东，谢树莲，冯佳*
（山西大学生命科学学院 山西省太原市 030031）
fengj@sxu.edu.cn

假金杯藻属（*Pseudokephyrion*）物种多样性较高，但该属物种的分类鉴定长期依赖于形态特征，分子序列十分匮乏，极大地制约了对该属物种多样性、系统发育及演化历史的深入研究。本研究以采自我国山西省与上海市的 5 株假金杯藻属标本为实验材料，通过进行实验室培养，对其进行形态特征进行了观察，并首次获取该属的核基因（SSU rRNA、LSU rRNA、ITS）、叶绿体基因（rbcL）以及线粒体基因（COI）序列。结合形态特征和系统发育分析，将这 5 株标本鉴定为假金杯藻属的五个新种。同时借助分子钟分析估算该属的分化时间，明确了假金杯藻属在金藻纲中的系统发育位置、种间关系以及起源与分化时间。此外，本研究首次组装得到

该属两个物种的完整叶绿体基因组，并解析其叶绿体基因组特征。通过与金藻纲其他代表类群开展比较分析，揭示了金藻的演化保守模式。本研究填补了假金杯藻属分子数据与叶绿体基因组资源的空白，为后续该属的分子鉴定、系统发育与演化研究提供重要基础资料。

关键词：Pseudokephyrion；金藻纲；系统发育；分类学；叶绿体基因组

海洋硅藻拟旋链角毛藻休眠孢子硅质壁的建成

王梦琪，李萍，陈长平*
（厦门大学生命科学学院 厦门大学环境与生态学院 福建 厦门 361102）
chencp@xmu.edu.cn

硅藻是海洋浮游植物的重要类群，贡献了约40%的海洋初级生产力。面对频发的环境变化，有些中心纲硅藻可形成休眠孢子以应对不良条件，但其经过无胞质分裂的有丝分裂所形成的硅质壁的精细建成过程尚不清楚。本研究采用氮限制方法诱导海洋硅藻拟旋链角毛藻(*Chaetoceros pseudocurvisetus*)形成休眠孢子，综合运用显微成像观察与硅含量测定等手段，比较营养细胞与休眠孢子硅质壁的表面形貌及硅元素含量，从微观尺度解析硅质壁的建成过程，并为后续转录组分析奠定表型基础。初步结果显示，休眠孢子硅质壁的构建具有严格的时序性，即先形成初生孢子壳（在原营养细胞初生壳一端形成的孢子壳）、后形成次生孢子壳（在原营养细胞次生壳一端形成的孢子壳），且其表面形貌与营养细胞存在明显差异；硅元素在建成过程中持续积累，休眠孢子胞内硅含量显著高于营养细胞。本研究初步揭示了休眠孢子硅质壁的建成特征，为理解硅藻休眠适应机制提供科学依据，亦有助于预测硅藻群落及其多样性对未来环境变化的响应。

致谢：本研究得到国家重点研发计划项目（2026YFE0101900）的资助，特此致谢。

关键词：硅藻 休眠孢子 硅质壁

青藏高原河流梯级筑坝与微真核多样性重组

韩童[1,2]，熊雄[1]，刘国祥[1]，谢树莲[2]，丘明智[1,3*]，朱欢[1*]

（1.中国科学院水生生物研究所 武汉 430072；2.山西大学 太原 030006；3.中国科学院城市环境研究所 厦门 361021）

丘明智 mingchih.chiu@gmail.com；朱欢 huanzhu@ihb.ac.cn

梯级筑坝正在改变青藏高原河流的水文连续性，但藻类及其他微真核生物的多样性与共现组织如何响应仍不清楚。本研究调查黄河上游 59 个样点，包括 24 个自由流动河段样点和 35 个梯级调控河段样点，利用 18S rRNA 基因 V4 区扩增子测序，比较藻类、原生生物和真菌的多维多样性及共现组织。三类群在分类组成、局部多样性、群落周转和系统发育结构上呈现差异化重组，其中藻类和原生生物局部多样性降低，真菌丰富度未检出河段差异。群落变化伴随多营养级共现结构解耦，推断性资源通道由内源绿色通道向外源棕色通道倾斜。在梯级调控河段，群落整体更替与累计库容所表征的梯级结构背景相关，部分关键类群则对采样期蓄水状态表现出非线性响应。这些发现提示，青藏高原黄河上游的生物多样性监测可在常规水质评价基础上，结合多类群、多维度及共现网络信息识别群落组织变化。

关键词：青藏高原；梯级水库；藻类多样性；微真核生物；共现网络

中国硅藻新记录属环缝藻属（*Periraphis*）及其分布研究

李萍，王梦琪，陈长平*

（厦门大学生命科学学院，厦门大学环境与生态学院 福建 厦门 361102）

chencp@xmu.edu.cn

海生硅藻是海洋初级生产力的重要组成，其中附生类群常栖息于植物、动物或岩石、沙粒等基质表面，物种多样性高，但长期被低估。本研究结合扫描电子显微镜，利用 Fiji 软件对壳面形态及超微结构进行测量，发现了一个硅藻新记录属环缝藻属（*Periraphis*）和新记录种（*P. banzuensis*）。该属壳面不对称，具背腹结构，壳缝呈弧形，除端壳缝外，均位于壳套上。壳面末端有类似钩状的突起，这一特征与某些 *Eunotia* 属的物种相似；不过，该属没有唇形突结构，叶绿体的数量和分布方式也与其他物种不同。该种壳面长度为 16.1 μm，最大宽度为 3.0 μm，长宽比为 5.4，端部最大宽度为 1.2μm。Fiji 测量结果显示，壳面中部和端部条纹密度均为 10 条/10μm。该属主要分布于沙质海岸，目前仅在中国福建沿海和日本东京湾、九州

等地有报道，是典型的沙表生硅藻。本研究丰富了我国海洋硅藻的物种多样性，为相关类群的分类修订、系统发育研究及近岸硅藻资源调查提供了形态学依据。

致谢：本研究得到国家重点研发计划项目（2026YFE0101900）资助。

关键词：海洋硅藻；新记录；扫描电子显微镜；壳缝

纤细裸藻高效固碳突变株对高 CO_2 环境的动态代谢响应

王欢[1]，和小璐[1]，吕琪[1]，宋春华[1,2]，刘妍[1,2]，范亚文[1,2*]，隋丰阳[1,2*]

（1.哈尔滨师范大学生命科学与技术学院 哈尔滨 150025；2.哈尔滨师范大学水生生物多样性研究黑龙江省重点实验室 哈尔滨 150025）

fanyaw@163.com

高 CO_2 浓度可促进微藻固碳并改变细胞内代谢分配。前期研究中，课题组通过紫外诱变结合 CO_2 梯度驯化筛选获得了能够在 10% CO_2 条件下高效生长和固碳的纤细裸藻（*Euglena gracilis*）突变株 LE-ZW，但其高 CO_2 适应过程中代谢变化的阶段性特征尚不清楚。本研究结合生理、生化、代谢组学和基因表达分析，比较了 LE-ZW 在 10% CO_2 培养过程中不同生长阶段的代谢响应。结果表明，LE-ZW 在 10% CO_2 条件下持续生长并保持较高的固碳能力，但培养后期生物量积累与固碳速率的耦合程度下降；蛋白质积累主要发生于指数生长期，而副淀粉在培养后期明显增加。代谢组学分析显示，碳代谢、氨基酸代谢、氮代谢和脂质代谢均呈现明显的阶段性变化，rbcL、GAPDH、GS 和 FAS1 的表达也随培养阶段发生改变。上述结果表明，LE-ZW 在高 CO2 条件下的生长和固碳伴随着碳同化与碳分配模式的阶段性调整，培养后期固定碳更多向储藏物质积累转移。本研究揭示了 LE-ZW 高 CO_2 培养过程中碳代谢重塑的阶段性特征，为解析纤细裸藻高 CO_2 固碳及碳分配调控提供了基础。

关键词：纤细裸藻；高 CO_2；碳固定；碳分配；代谢组学

微藻介导的聚苯乙烯微塑料捕获机制及其在复合废水处理中的强化应用

梅晓雪*，王佳薇，徐慧欣，范亚文，刘妍*
哈尔滨师范大学生命科学与技术学院，黑龙江哈尔滨，150025
mxxsusan7@126.com

针对污水中聚苯乙烯微塑料（PS-MPs）与有机物、营养盐共存所带来的复合污染治理问题[1-2]，本研究以初始生物量优化和优势藻种筛选为基础，进一步构建微藻共培养—电絮凝强化分离工艺，实现污染物协同去除与微塑料高效捕集。首先，在 5 mg/L PS-MPs 暴露条件下，比较 4 种微藻在 500、1000 和 1500 mg/L 初始生物量梯度下的响应特征。结果表明，较高的初始生物量有利于提高培养末期细胞密度并促进胞外聚合物（EPS）分泌，但会降低比生长速率；其中小球藻和螺旋藻表现出更强耐受性，1000 mg/L 兼顾了生长稳定性与微塑料捕集能力[3]。基于此，进一步构建总生物量为 1000 mg/L 的小球藻—螺旋藻共培养体系，并耦合电絮凝进行强化分离。与单培养相比，共培养体系在含 PS-MPs 污水中表现出更好的生长稳定性，并促进 EPS 分泌和胞外基质形成[4-5]；曝气共培养体系 10 d 后 TN 和 TP 去除率分别达到 85.83%和 75.83%，非曝气共培养对 COD 去除率达到 58.95%。PS-MPs 捕集表现出明显粒径依赖性，1 μm 颗粒为优先吸附对象，而共培养扩大了对 0.5–5 μm 颗粒的覆盖范围。电絮凝进一步促进藻—EPS—微塑料复合絮体形成，提高絮凝效率并降低残余浊度[6]。该耦合工艺为高聚物类固废的生物捕集、减量化分离及后续资源化处理提供了可行思路，并可为城镇污水中微塑料复合污染治理工艺的进一步优化提供参考。

关键词：聚苯乙烯微塑料；初始生物量；微藻共培养；电絮凝；复合污染治理

自然保护新秀奖

第 1 组

高寒生态系统火烧后灌木叶片养分策略受土壤资源—微生物过程共同塑造

张宁、王金牛*
（中国科学院成都生物研究所 成都 610041）
wangjn@cib.ac.cn

山地生态系统的火烧事件可改变坡面资源再分配和土壤环境，从而影响植物养分利用策略，但高山灌木植物—土壤—微生物系统的协同响应仍不清楚。本研究以西藏红拉山火烧迹地及未火烧地为对象，以上中下不同坡位采集典型高山灌木叶片及微生境土壤样品，测定叶片形态、C、N、P 化学计量等功能性状、土壤理化性质和微生物群落特征。结果表明，大叶杜鹃叶 N、C:N 和 N:P 存在显著火烧×坡位交互作用，下坡位火烧后叶 N 和 N:P 升高、C:N 降低；三个灌木 C‐N‐P 性状存在显著物种分化，多数指标具有物种×坡位交互作用。PCA 前两轴解释率分别为 81.4%和 78.4%。土壤理化性质具有坡位和土层异质性，表层水分、pH 和养分响应方向不同，深层各坡位容重升高、pH 降低。火烧引起的土壤水分、pH 及养分变化重塑了土壤微生物群落结构与功能，并影响植物 N、P 养分的获取。坡位异质性与物种特性共同调节高山灌木养分配置和土壤因子，结合叶片性状与土壤微生物的响应进一步揭示火烧迹地植物—土壤反馈机制。

关键词：火烧；坡位；叶片功能性状；生态化学计量；土壤微生物

海南热带雨林国家公园道路干扰与景观连通性

熊国玲 [1,2]，杨帆 [2]，王同立 [3]，何荣晓 [2,*]，李岚曦 [4]
（1. 海南大学生态学院 海口 570228；2. 海南大学热带农林学院 海口 570228；3. 不列颠哥伦比亚大学林学院 温哥华 BC V6T 1Z4 加拿大；4. 山水自然保护中心 北京 100871）
rx.he@hainanu.edu.cn

道路基础设施是影响热带雨林生境完整性与物种扩散的重要人类干扰。本研究以海南热带雨林国家公园及周边区域为对象，构建 5 种道路情景，以 1、5、10 和 15 km 扩散距离表征不同扩散能力的虚拟物种，综合图论、电路理论与最小成本路径方法，从景观、斑块和廊道三个尺度评估道路干扰对生态连通性的影响。结果表明，道路效应具有明显尺度差异：高速公路对整体景观连通性的阻隔最强，对中、长距离扩散物种影响更明显；斑块尺度上，短距离扩散物种更敏感，1 km 情景下

高速公路使斑块重要性和中介中心性分别下降1.22%和48.18%；高连通性斑块主要集中于国家公园内，但保护地之间整体连通性仍不足。研究表明，应针对道路等级和物种扩散能力实施差异化管控，重点加强道路——廊道交汇区、野生动物通道及保护地间连接空间保护，为海南热带雨林国家公园及周边区域的生物多样性就地保护提供依据。

关键词：生物多样性保护；国家公园；景观连通性；道路干扰；扩散距离

保护区对气候变化背景下森林韧性的维持作用

冯赣鑫, 梁敏霞
（中山大学 广东深圳 518107）
liangmx3@mail.sysu.edu.cn

气候变化正在削弱森林生态系统的韧性，但保护区能否减缓这一趋势仍不明确。本研究评估了 2001 年以前建立的保护区，在 2000—2020 年间是否能够相较于环境条件相似的未保护区域缓冲森林韧性的下降。我们基于 MODIS 月尺度 kNDVI 时间序列，在 60 个月滚动时间窗内计算一阶时间自相关（lag-1 temporal autocorrelation, TAC），以量化森林韧性的变化，其中 TAC 升高表示生态系统受扰动后的恢复速度减慢。通过倾向得分匹配方法，我们将 1 km 分辨率的保护森林像元与未保护森林像元进行匹配，使二者在基准期气候、地形、森林状况和人类活动压力等方面具有相似特征，并限定在同一国家和生物群区内。我们假设，与未保护森林相比，保护森林的 TAC 增幅更小，即森林韧性下降程度更低，同时这种保护效应会随 IUCN 管理类别和气候环境背景而变化。通过控制保护区空间布局的非随机性，本研究从全球尺度提供了基于反事实框架的评估，以检验区域保护措施能否不仅维持森林覆盖，而且有效保障森林生态系统韧性。

关键词：保护区; 森林韧性; 气候变化

Dark diversity framework reconciles Darwin's naturalization conundrum for freshwater fish invasions

ZHANG Wen-gang [1], XU Meng [2], and LI Shao-peng [1, *]

（1. School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China；2. Key Laboratory of Lake and Watershed Science for Water Security, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China

200241）

spli@des.ecnu.edu.cn

The spread of invasive species poses a major threat to global biodiversity, yet predicting successful establishment of exotic species in novel environments remains challenging. Darwin's naturalization conundrum is a longstanding debate over whether exotic species closely or distantly related to native communities are more likely to succeed. Despite its long history, empirical studies continue to yield conflicting evidence. Here, we introduce the dark diversity concept, which refers to species that could theoretically inhabit a site but are currently absent. Combined with observed diversity, dark diversity integrates information on the potential diversity (site-specific species pool size) of the resident community and how completely that pool is locally present (community completeness). Analyzing a 340-y record of successful and failed fish introductions across 516 Swedish lakes, we showed that the effect of phylogenetic relatedness on invasion outcome depends on dark diversity context. Exotics closely related to resident species were more likely to establish in communities with smaller species pools and higher completeness, whereas phylogenetically distant exotic species were more successful in communities with larger species pools and lower completeness. Models with observed species richness obtained considerably less support. Thus, integrating the dark diversity framework clarifies the contrasting effects of phylogenetic relatedness on invasion outcomes, and helps reconcile this 160-y-old conundrum.

Keywords: biological invasions; community assembly; Darwin's naturalization hypothesis; phylogenetic relatedness; species pool

红树林植物耐盐策略对共生微生物群落多样性及构建机制的影响

董邓云琪, 陈怀海
（中山大学）
chenhh68@mail.sysu.edu.cn

共生微生物是红树林生物多样性的重要隐形组分，在维持海岸带生态系统功能及协助植物适应极端生境中发挥关键作用。红树林植物主要通过叶片泌盐和根系拒盐适应高盐环境，但其耐盐策略如何驱动共生微生物群落多样性尚不清楚。本研究采用宏基因组与功能组学技术，对比分析了泌盐植物（*Acanthus* spp.、*Avicennia marina*、*Aegiceras corniculatum*）与拒盐植物（*Rhizophora* spp.、*Bruguiera* spp.、*Lumnitzera* spp.）根际和叶际微生物的多样性、群落构建及功能特征。结果表明，耐盐策略对根际微生物群落组成无显著影响，但显著塑造了叶际附生微生物群落（优势细菌为变形菌门、蓝细菌和放线菌，优势真菌为座囊菌纲）。在生态策略上，拒盐植物叶际微生物富集于养分获取功能，群落构建以随机过程为主；泌盐植物微生物则富集于胁迫耐受、生物膜形成及稳定性维持功能，群落构建受确定性过程主导。综上，红树林植物耐盐策略差异化塑造了叶际（而非根际）微生物的多样性与生态功能，为揭示盐胁迫下植物-微生物互作机制及红树林生物多样性的维持提供了新视角。

关键词：红树林生态系统; 耐盐性; 微生物群落构建; 叶际微生物组

Species-specific responses of leaf herbivory and defenses along a latitudinal gradient

Feng Ruliang[1,2], Jia Shihong[1,2*], Hao Zhanqing[1,2], Xoaquín Moreira[3]
（1School of Life Science and Technology, Northwestern Polytechnical University, Xi'an, China 2Shaanxi Key Laboratory of Qinling Ecological Intelligent Monitoring and Protection, Northwestern Polytechnical University, Xi'an, China; 3Misión Biológica de Galicia (MBG-CSIC), Apartado de Correos 28, 36080 Pontevedra, Galicia, Spain.)
shihong.jia@nwpu.edu.cn

Latitudinal variation in biotic interactions has long been hypothesized to shape plant trait evolution, with stronger herbivory at lower latitudes predicted to drive increased plant defenses. Yet, recent studies reveal inconsistent patterns, suggesting that context dependence and methodological limitations constrain broad inference. Two key issues may underlie these discrepancies: most research examines single defensive traits in isolation rather than integrated defense syndromes, and studies often focus on single species within

restricted geographic ranges. To address these gaps, we tested for latitudinal variation in insect herbivory and multiple leaf traits across four tree species distributed along a 21.4° gradient in China, spanning tropical to temperate regions. We sampled 7-10 populations per species across nearly their entire climatic ranges. Our results show that latitudinal patterns in herbivory and defenses are highly species-specific. In *Prunus persica* and P. salicina, herbivory followed a unimodal gradient, peaking at mid-latitudes, while *Malus halliana* and M. × micromalus showed no significant latitudinal trends. Leaf physical traits varied with latitude: leaf area increased with latitude in P. salicina and M. halliana but decreased in M. × micromalus, and leaf thickness declined at higher latitudes only in M. × micromalus. Chemical traits, including C:N ratio, tannins, and flavonoids, generally declined toward higher latitudes, though patterns were species-dependent. Importantly, herbivory was mediated by interactions between latitude and traits such as flavonoid content and specific leaf area. Our findings highlight that latitudinal effects on herbivory emerge through species-specific trait variation, underscoring the need for multispecies, trait-based approaches to understand plant-herbivore dynamics at broad scales.

关键词：Defense syndromes; insect herbivory; latitudinal gradients; leaf defensive traits; plant-herbivore interactions

《昆蒙框架》保护与恢复目标的协同实施路径 ——以大中型兽类为例

刁澄怡[1]，张俊健[1]，李晟[2]，申小莉[1*]
（1. 中国科学院植物研究所 北京 100093；2. 北京大学生命科学学院 北京 100871）
xlshen@ibcas.ac.cn

《昆蒙框架》行动目标 1-3 均指向国土空间规划的有效利用。但现行实践普遍将保护和恢复割裂，协同增效理念尚未在顶层设计中得到体现。为此，本研究以中国森林生态系统为重点，基于 147 种大中型兽类分布数据，构建保护与恢复目标协同实施的规划框架，系统识别了占陆域面积 30%的保护优先方案和占退化森林总面积 30%的恢复优先区。结果表明，保护优先区主要位于西南山地、东喜马拉雅及东北森林带，恢复优先区集中于胡焕庸线以东的太行山区和南方丘陵山地带。仅实施保护规划，大中型兽类有效保护率即由 23%提升至 59%，大陆区域生态连通性由 5%提升至 19%，面积超过 800 km2 的大型栖息地斑块总面积由 66 万 km2 增至 237 万 km2；叠加恢复规划后，上述三项指标进一步提升至 60%、23%和 273 万 km2。研究表明，保护与恢复空间的协同规划能够显著提高物种保护成效、生态连通性与栖息地完整性，可为我国统筹实施《昆蒙框架》目标 1-3 提供方法支撑。

关键词：30×30 目标，森林生态系统，系统保护规划，生物多样性，生态连通性

城市化梯度下鸟类功能空间及性状—环境关联（提交 2 次）

徐凯美, 戎可*
（东北林业大学 野生动物与自然保护地学院 哈尔滨 150040）
rongke@nefu.edu.cn

城市化通过环境过滤改变鸟类群落结构，但功能性状组合如何随城市化变化及其与绿地环境的关系仍需厘清。本研究调查哈尔滨市 24 个城市绿地斑块的鸟类群落，整合土地覆盖、植被结构和人为干扰构建复合城市化梯度（CUG），采用广义加性模型、二维功能空间分析、RLQ 和第四角分析，评估鸟类分类与功能多样性、功能空间占据及性状-环境关联。结果表明，物种丰富度随 CUG 增加显著下降；功能丰富度总体呈下降趋势，但该结果对残差空间结构的建模方式较敏感。随城市化增强，二维功能空间占据范围缩小，较大体质量、较高手翼指数和水生相关性状的代表性降低；高 CUG 绿地核心区域更多表现为中高层取食、冠层取食和林地生境利用。水体覆盖与较大体质量、水域取食和湿地生境利用性状相关，植被覆盖和叶层高度多样性与森林生境利用性状相关。城市绿地规划应兼顾水体配置和垂直结构复杂的木本植被，以维持互补的鸟类功能群并降低功能同质化风险。

关键词：鸟类生态学；生物多样性保护；功能性状；环境过滤；城市化

全球变化研究的变迁：25 年间的四个概念转变

唐语然 [1*]，李添明 [1]，刘阳 [1]，Stavros D Veresoglou[1,2]
（1.中山大学生态学院 深圳 518107；2.Agricultural University of Athens 希腊雅典）
tangyr6@mail2.sysu.edu.cn

通过追踪语言使用上的变化，我们至少可以部分评估一个学科如何演变。在全球变化科学中，解决现实问题的迫切性可能加速了这一转型。我们分析了《Global Change Biology》1999—2025 年的 8,554 篇摘要，借助 LIWC-22 文本分析和词频提取，系统追踪了该领域研究内容与语言的演变。我们采用意义提取法（meaning extraction method, MEM）将摘要归类为七组词汇的使用频率，分别对应四个假设。假设一提出全球变化研究正从量化个体通量转向概括生态系统状态的参数，结果支持该假设。假设二提出研究正向系统级词汇和整体生态系统框架转型，结果部分支持：系统级术语增加，微观术语先降后微反弹。假设三提出研究从实验操控转向观

测框架和跨尺度综合，结果部分支持：传统实验术语下降，但跨尺度术语未如预期增加。假设四提出情景相关术语的使用正在增加，结果支持该假设。我们的分析表明，全球变化研究正朝着跨学科、跨尺度的方向转型，同时保持高度的实验严谨性，以应对未来复杂生态系统的挑战。

关键词：气候变化，文献计量学，全球变化生物学，科学学，范式转移

濒危中国鲎育有场破碎化的微生态效应

陈晓海[1,2]，石军[2]，邹记兴[2]，颉晓勇[1,*]
（1.中国水产科学院南海水产研究所 广州 510000；2.华南农业大学海洋学院 广州 510000）
xyxie@scsfri.ac.cn

栖息地破碎化不仅造成生境丧失，还可能经食物网与宿主微生态放大抗生素耐药风险，但其作用路径尚不明确。沿海开发下，潮间带育幼场退化与破碎化已成为中国鲎种群濒危的关键威胁，削弱幼体补充与种群更新。为揭示微生态后果，本研究比较遂溪鲎保护区相对自然生境与受扰生境，非侵入采集幼体粪便及沉积物，结合无人机景观分析、宏基因组测序和路径模型，解析食物—肠道菌群—可移动遗传元件—抗生素耐药基因的关联。结果表明，受扰区破碎化更强，两区沉积物理化特征和污染物组成无显著差异；受扰区食物多样性升高但食谱趋同，肠道菌群结构改变，耐药基因富集与多样性、可移动遗传元件丰富度及关联显著升高。路径模型解释 90.9%的耐药基因富集变异，支持食物改变经菌群重组和可移动遗传元件富集，间接关联耐药基因累积。研究揭示育幼场破碎化可能产生传统环境指标难以识别的微生态风险，提示保护评估应从生境和污染拓展至食物网—微生态—耐药级联，并纳入同一健康（One Health）框架。

关键词：保护生态学；中国鲎；栖息地破碎化；肠道微生物；抗生素耐药基因

全球沿海水产养殖社会-生态系统的可持续转型

任西婵[1]，Tien Ming LEE[2*]，刘阳[2*]
（1.中山大学生命科学学院 广州 510275；2.中山大学生态学院 深圳 518000）
leetm@mail.sysu.edu.cn

实现可持续水产养殖以保障全球粮食与营养安全，是联合国粮农组织（FAO）“蓝色转型”议程的核心目标。当前研究多聚焦技术与生态效率，限制了我们对“人-环境”互动如何塑造复杂水产养殖社会-生态系统的理解。基于涵盖 139 个已

发表的沿海及海洋水产养殖案例的全球数据集，我们识别出五种社会-生态系统原型，每种原型在系统结构、生态系统服务、面临挑战及适应性实践方面均具有独特的特征。基于 QCA（定性比较分析）的组态分析进一步表明，多维度的可持续转型是由多种社会-生态条件在不同情境下共同作用的结果。尽管配置各异，生态与空间整合措施始终是核心的促成条件，也是提升水产养殖系统在多个维度可持续性表现的关键杠杆点。然而在实践中，碎片化的治理、滞后的空间规划、技术能力不足以及资金缺口，往往阻碍相关干预措施的落实。我们的分析指出，探索可持续转型路径，需优先针对不同水产养殖系统特点制定因地制宜的适应性干预措施组合。

关键词：水产养殖; 可持续转型; 社会-生态系统; 原型分析; 组态分析

时空生态位策略介导了蝴蝶对人类活动影响敏感性的差异

方文强[1]，陈子豪[1]，廖慧璇[2]，陈宇昊[1]，傅伟聪[3]，彭少麟[1]，周婷[1,*]
（1.中山大学生命科学学院 广州 510275；2.中山大学生态学院 深圳 518107；3.福建农林大学风景园林与艺术学院 福州 350002）
zhout32@mail.sysu.edu.cn

在持续增强的人类干扰下，不同生态策略的物种为何表现出差异化响应，是理解生物多样性变化并制定针对性保护策略的关键问题。然而，现有蝴蝶研究大多基于预先选定的少数性状或特定生活史阶段，缺乏全生活史多维性状的综合分析，限制了不同生态策略物种的响应模式及其分化机制的解释。为此，本文构建了“功能群聚类—响应类型划分—关键性状解析”的序贯分析框架，实现对物种功能差异与干扰敏感性的量化区分，并通过数据驱动方式识别驱动响应分化的关键性状。研究发现，1）217 种亚洲蝴蝶基于多维功能性状被聚类为 9 个功能群，并进一步归纳为 3 类响应类群：随人类干扰增强而上升的干扰适应种（Disturbance adapters; 20 种）、在中等干扰水平达到峰值的干扰耐受种（Moderate tolerators; 92 种），以及随人类干扰增强而下降的干扰回避种（Disturbance avoiders; 105 种）；2）相较于耐受种和回避种，适应种的成虫表现出更强的双向体温调节灵活性，而非单纯的热适应，主要体现为中等翅色和更高的极端海拔耐受性；其幼虫也更倾向于多食性，而耐受种和回避种则以宽寡食性为主，而非窄寡食性或严格专食性；3）随着人类干扰增强，不同响应类群在不同生活史阶段的时空资源利用分化更加明显：适应种与耐受种主要表现为成虫早季活动差异，而适应种与回避种则主要表现为未成熟期对矮草本层利用的差异。研究表明，人类干扰不仅通过功能性状筛选形成不同响应类群，还会随着干扰增强放大不同生活史阶段的时空资源利用差异，从而加剧蝴蝶对人类干扰的响应分化。本研究为识别不同功能类群的干扰敏感性及制定针对性恢复策略提供

了量化框架、性状证据和机制解释，并为维持生态系统功能异质性与生态韧性提供理论依据。

关键词：生物多样性；蝴蝶；多维功能性状；人类改造；响应分化

交通可达性与开放空间对公民科学观测的影响

杨抒欣[1]，周国锋[2]，王易孚[1,*]
（1.香港中文大学（深圳）人文社科学院 深圳 518100；2.广东省林业科学研究院 穿山甲研究中心 广州 510520）
wangyifu@cuhk.edu.cn

公民科学是城市生物多样性监测的重要数据来源，但观测记录的空间分布既受物种实际分布影响，也可能受到交通可达性和城市空间环境的制约。本研究基于2025 年 9 月 1—14 日深圳“山海连城物种挑战赛”收集的 38,004 条鸟类、植物和昆虫记录，以 1 km×1 km 网格记录数衡量观测强度，采用负二项广义加性模型分析交通可达性、开放空间和人口密度的作用。结果表明，不同类群的响应存在差异：鸟类观测强度主要与距主干道距离相关；植物观测强度与道路密度、公交站点密度呈正相关，与距主干道和地铁站距离呈负相关；昆虫观测强度除受交通可达性影响外，还与公园绿地覆盖率和户外运动场地呈正相关。人口密度和地铁站点密度对三个类群均无显著影响。道路网络和地面交通可达性比人口集聚及轨道交通节点数量更能解释观测强度的空间差异。研究揭示了与城市空间结构相关的类群特异性观测偏差，因此在公民科学数据分析与应用中，应充分考虑交通可达性、开放空间配置及目标类群差异。

关键词：公民科学；交通可达性；城市开放空间；观测强度；城市生物多样性

入侵捕食者重塑岛屿种间互作网络结构及其生物地理格局

涂炜山[1,2]，李炎夏[1,3]，郭宝成[1,3]* and 刘宣[1,3]*
（1.中国科学院动物研究所动物多样性保护与有害动物防控全国重点实验室，北京 100101；2.中国科学技术大学生命科学与医学部，合肥 230026；3.中国科学院大学，北京 100049）
liuxuan@ioz.ac.cn

入侵捕食者正导致全球生物多样性快速下降，岛屿生态系统因缺乏与大陆捕食者的协同进化历史且食物网简单，更易遭受不可逆的生态系统结构与功能丧失。然而，入侵捕食者如何重塑岛屿食物网，其驱动因子及随岛屿隔离度与面积的变化规

律尚不清楚。为此，本研究基于舟山群岛多年的野外调查与采样，利用粪便 DNA 宏条形码技术，以全球性入侵捕食者美洲牛蛙（*Aquarana catesbeiana*）为对象，探究其对我国本土两栖类食物网及生物地理格局的影响。研究发现，牛蛙入侵后取代了本土两栖类在食物网的中心位置，并推动本土物种食性泛化，进而增加了本土两栖类食物网连接度并降低了模块化程度，导致网络稳定性的下降。进一步分析表明，随牛蛙入侵时间的增加与种群规模的扩大，本土网络的稳定性不断减弱；且入侵削弱了岛屿隔离度对网络结构的影响。该研究揭示了生物入侵背景下岛屿食物网结构及其生物地理格局的变化规律与驱动机制，从种间互作的角度深化了对入侵物种危害岛屿生物多样性过程的理解。

关键词：生物入侵；捕食互作网络；岛屿生物地理

麦地卡湿地蝴蝶多样性研究

张洪骅，普布*，朱文琎，廖紫星
1.西藏大学生态环境学院，西藏 拉萨 850000；2.西藏大学青藏高原生物多样性与生态环境保护教育部重点实验室，西藏 拉萨 850000
purbu@163.com

【目的】为探明麦地卡国际重要湿地蝴蝶群落组成、多样性特征及区系分布特点。【方法】于 2024 年和 2025 年的夏季在麦地卡湿地核心区与实验区各设置 6 个样点，对其蝴蝶群落进行调查。【结果】结果显示，共捕获蝴蝶 602 头，隶属 3 科 8 属 8 种。其中蛱蝶科的属、种数最多，6 属 6 种，凤蝶科和灰蝶科都仅为 1 属 1 种。镁斑豹蛱蝶(*Speyeria clara*)个数占总个体数的 33.39%，为麦地卡湿地蝴蝶群落的优势种。不同功能区之间蝴蝶群落各 α 多样性指数均无显著差异；不同功能区之间蝴蝶群落结构组成相似性较高；β 多样性分解表明麦地卡湿地各蝴蝶群落物种组成主要由物种周转驱动；麦地卡湿地蝴蝶区系组成全为古北种，反映出古北种对高寒湿地极端环境具有极强适应能力。【结论】超高海拔湿地蝴蝶多样性整体较低，古北种蝴蝶维持高寒湿地生态系统平衡与稳定起到不可替代的作用。

关键词：麦地卡湿地；蝴蝶群落；α 多样性；相似性；β 多样性分解；区系

依托滇金丝猴粪便基因组学提出保护新策略

李依恬†，徐志茹†， 姜颖莉†，陈明林 [1]， 李圆 [1]， 刘帆 [1]， 骆佳 [1]， 冯加超 [1]， 匡卫民 [1*]，
于黎 [1,2*]
（云南大学生命科学学院，云南生物资源保护与利用国家重点实验室，中国昆明 650500；西南联合研究生院，中国昆明 650500）
† 本研究中这些作者贡献相同（共同第一作者）
yuli@ynu.edu.cn

滇金丝猴是我国特有高海拔旗舰灵长类，目前野外种群数量恢复至 3500 只以上，但栖息地被公路、村寨等割裂为 20 个隔离猴群。传统遗传标记研究分辨率低、结论矛盾，无法精准研判种群遗传现状。本研究采用非损伤粪便取样基因组测序，依托 309 份高质量样品、海量 SNP 数据，覆盖全部已知猴群进行基因组学研究。研究明确滇金丝猴分化为五大独立遗传种群，受山地地形与人为活动双重阻隔，种群间基本无基因交流，形成独立演化单元，不建议跨遗传单元迁移放归，造成遗传污染。当代种群隔离主要由道路、居民点驱动，各种群内部存在未知亚种群。部分区域存在天然基因交流节点，东南部猴群高度隔离，需针对性开展生态廊道修复。研究证实种群数量与遗传多样性无显著关联，西南部古老遗传支系、北部边缘种群遗传多样性偏低，保护优先级需侧重遗传独特性，而非种群规模。历史溯源显示，明清以来人类活动叠加地形影响，造成种群衰退、栖息地破碎化。种群数量增长无法等同于遗传恢复，保护评估需纳入遗传多样性、基因流动等指标。综上，本研究阐明了滇金丝猴的群体结构与演化历史，为该物种保护提供了关键依据，服务于国家濒危旗舰物种保护的战略需求。

关键词：滇金丝猴，粪便 DNA，遗传多样性，种群历史动态，保护基因组学

基于社交媒体数据的海南热带雨林生态系统文化服务空间格局及其环境驱动因素

吴怡莹[1]，何荣晓[2,*]，熊国玲[1,2]，朱玉[1,3]，徐铭泽[1,3]，杨帆[1]，周鹏[1]
（1.海南大学热带农林学院 海南海口 570228；2.海南大学生态学院 海南海口 570228；3.海南国家公园研究院 海南海口 570203）
rx.he@hainanu.edu.cn

生态系统文化服务（Cultural Ecosystem Services，CES）是连接生态系统与人类福祉的重要纽带，其空间识别及影响因素分析对于热带雨林保护与管理具有重要意义。然而，目前针对热带雨林环境中感知生态系统文化服务的实证研究仍较为有限，其空间格局的驱动机制尚未得到充分认识。为弥补这一研究不足，本研究通过

携程平台收集了 2016 年 4 月至 2026 年 1 月海南热带雨林 113 个地点的 20,221 条旅游评论，并构建适用于研究区域的 CES 识别规则，将非结构化文本转化为可量化的感知 CES 数据。基于此，运用社会价值生态系统服务模型（Social Values for Ecosystem Services，SolVES）绘制七类 CES 的空间格局，并识别其自然与社会环境因素。结果表明：（1）感知 CES 价值呈现显著的空间异质性，中高值区域主要集中于研究区中部和东南部，尤其分布在主要道路沿线、道路交汇处周边以及自然保护地边界附近；（2）不同 CES 类型的最大价值指数（M-VI）存在差异，其排序为：美学价值＞休闲娱乐价值＝康养疗愈价值＝科研教育价值＝生物多样性价值＞历史文化价值＞社会交往价值；（3）感知 CES 的空间格局主要受社会环境因素影响，其中距道路距离（DTR）和夜间灯光（NTL）是主要解释变量，而自然因素的贡献相对较小。本研究通过构建具有区域适用性的社交媒体文本 CES 识别规则，为热带雨林景观文化生态系统服务评估提供了一种具有可迁移性的方法，并为海南热带雨林游客管理、自然保护地分区以及生态保护与可持续利用的协调提供科学依据。

关键词：生态系统文化服务；海南热带雨林；社交媒体数据；SolVES；空间格局

喜马拉雅东麓土壤动物垂直分布格局

贾美蕊 [1,2],聂兮辰 [1,3],路晓茜 [1,4],胡莎莎 [1,3],张赛超 [1,3],王滨 [1*],孙新 [1*]
（中国科学院城市环境研究所,区域与城市生态安全全国重点实验室,福建厦门 361021；2. 河北大学,河北保定 071002；3. 中国科学院大学,北京 100049；4. 福建农林大学,福建福州 350002）
xsun@iue.ac.cn

土壤动物群落的垂直分布格局是宏观生态学的重要议题,但不同体型和食性类群的响应差异及其驱动机制尚不明晰。为此本研究在喜马拉雅东麓的六种生境对两个体型组进行调查（大型、中型土壤动物）。六种生境分别为河谷雨林（800-1100 m）、山地常绿阔叶林（1100-1800 m）、山地针阔混交林（1800-2500 m）、亚高山针叶林（2500-3300 m）、高山暗针叶林（3300-4000 m）和高山灌丛草甸（4000-4600 m）。将采集个体依据食性划分为不同营养类群。结果表明,大型和中型土壤动物群落密度的最小值均出现在高山灌丛草甸,而最大值则分别出现于河谷雨林和亚高山针叶林。此外,同一体型组内不同营养类群的密度沿垂直山地生境带存在差异,同一营养类群内不同体型组间亦如此。分类组成、密度和营养类群的变化受植被和土壤因子影响,且这些因子的相对作用随体型变化。上述结果表明,垂直山地生

境带土壤动物群落的分布格局随体型和食性而变化,可能引发土壤食物网的重构,为全球土壤动物群落的垂直分布格局提供数据支撑。

关键词：垂直分布格局；体型大小；食性类群

鬼针草与飞机草共入侵植物—土壤反馈研究

黄星月, 赵彩云, 陈梦, 吴静霏
（中国环境科学研究院/兰州大学 北京 100012）
zhaocy@craes.org.cn

植物-土壤反馈（PSF）在不同引进历史的外来入侵植物共入侵过程中的相互作用尚不明确。本研究以野外单一入侵、共同入侵和未入侵土壤开展温室 PSF 实验，探究飞机草（*Chromolaena odorata*）（1934 年）与鬼针草（*Bidens pilosa*）（1857 年）之间的反馈关系及共入侵效应，并结合土壤微生物群落分析阐明其共入侵机制。结果表明：（1）二者存在显著的非对称性植物—土壤反馈：鬼针草入侵土壤显著抑制飞机草生长，飞机草入侵土壤对鬼针草无显著影响。（2）共同入侵产生非加性的土壤遗留效应：共同入侵土壤对飞机草呈中性作用，对鬼针草呈拮抗作用。（3）该非对称反馈和非加性共入侵效应主要由土壤病原菌和固氮菌主导。鬼针草积累更多病原菌而显著抑制飞机草，飞机草病原菌积累有限且其固氮微生物的正效应抵消了病原菌的负效应，对鬼针草表现为中性。共入侵土壤中，氮循环功能群无显著作用，病原菌丰度决定了共入侵效应的方向与强度。研究表明，入侵物种的引入历史及其与土壤微生物群落的相互作用对于理解共同入侵效应至关重要。

关键词：植物土壤反馈; 天敌逃逸; 土壤微生物; 非加性效应

不同入侵程度大狼杷草对根际土壤真菌的影响

吴静霏，代婉婷，张思宇，黄星月，赵彩云*
（中国环境科学研究院生态研究所, 北京 100012）
zhaocy@craes.org.cn

大狼杷草（*Bidens frondosa* L.）是原产北美的一年生入侵草本，繁殖和竞争能力强，是北京湿地典型外来植物。为探究土壤真菌对其入侵的响应，在 4 处湿地设未、轻、中、重 4 种入侵程度，采集 96 份土壤，结合高通量测序、理化及酶活性分析。结果表明：随入侵加重，酸性磷酸酶、过氧化氢酶活性及有机质、全氮等养分上升；根际真菌 α 多样性无显著变化，β 多样性显著差异。罗兹菌门和捕虫霉菌

门随入侵先降后增。冗余分析显示，土壤因子共解释真菌群落组成变化的 52.97%。罗兹菌门与有效磷、全氮、含水量正相关，与速效钾、全钾、硝态氮、脲酶负相关；捕虫霉菌门与有效磷、有机质、全氮、铵态氮、含水量正相关，与 pH、速效钾、全钾、脲酶、过氧化氢酶、蔗糖酶负相关。可见，不同入侵程度下根际土壤环境和真菌群落呈梯度变化，土壤养分、水分及酶活性可能是影响真菌群落结构的重要环境因素。

关键词 大狼杷草；入侵程度；根际土壤；理化性质；真菌

云南保护区外西黑冠长臂猿社区保护潜力评估

田欣予*
（伦敦大学学院遗传、进化与环境部门 伦敦 WC1E 6AE）
3135125469@qq.com

现有保护区无法覆盖所有受威胁物种的栖息地，保护区外种群的长期保护往往需要当地社区参与。本研究以云南黄草岭村为例，评估保护区外西黑冠长臂猿(*Nomascus concolor*) 社区保护的潜力。通过对 78 名居民开展问卷访谈及对 4 名关键知情人开展半结构式访谈，调查森林利用、长臂猿地方生态知识、保护态度、参与意愿及社会文化资源等，并采用广义线性混合模型分析保护参与意愿的影响因素。结果显示，居民利用周边森林获取多种资源，但未报告当前狩猎或木材采伐，且地方生态知识可为保护区外长臂猿监测提供补充。居民保护参与意愿总体较高，六个主要预测变量中仅感知收益与参与意愿显著正相关。现有地方组织、护林员经验和部分传统生态知识可为社区保护提供基础，但有限的社区保护经验、人兽冲突及赔偿问题可能制约长期合作。未来应建立稳定、公平、透明的社区收益机制，加强社区能力建设，并改善农损防护和赔偿机制。

关键词：社区保护; 西黑冠长臂猿; 保护区; 人兽冲突; 地方生态知识

起于气候，止于演化：全球植物细根物候的不对称调控

任奕名[1]，Han Y. H. Chen[2 3]，单荣旭[1]，马子龙[1]*
（中山大学生态学院 有害生物控制与资源利用国家重点实验室 广州 510275；Faculty of Natural Resources Management, Lakehead University, Thunder Bay, Ontario, Canada；Institute for Global Change Biology, School for Environment and Sustainability, University of Michigan, Ann Arbor, Michigan, USA）
510275mazlong@mail.sysu.edu.cn

物候是指生物受环境因子影响而出现的周期性生命活动，是生态系统碳、水和养分循环的基础，但地下物候的主导机制至今未明。全球尺度上，细根物候主要由当代气候塑造，还是受演化历史驱动，目前仍存在争议。本研究整合了全球 79 个物种的 152 项细根物候观测数据，量化了气候与系统发育对细根物候的相对贡献。结果表明，细根生长的开始具有高度可塑性，受到温度与降水的显著影响；相比之下，生长终止对温度和降水不敏感，表现出显著的系统发育保守性，演化历史解释了其超过 33%的变异。这些结果揭示了地下细根物候在时间调控上的不对称性，全球气候变暖下细根生长季的延长，主要依赖生长开始期的提前而不是生长结束期的推迟。因此，陆地生态系统模型应明确将气候驱动与演化约束解耦，以有效提高全球变化下地下碳动态预测的准确性。

关键词：细根；物候；系统发育；温度；降水

海南长臂猿生境三维空间的利用模式研究

邓鸿北,关宏灿,陈远,龙文兴,杨海涛*
（海南大学 海南 570228）
yht90h@163.com

海南长臂猿（*Nomascus hainanus*）终生活动于森林冠层，其栖息地利用和移动行为与森林空间环境密切相关，但森林三维空间对二者的影响仍缺乏系统认识。本研究融合无人机激光雷达数据与长期野外监测数据，以海南长臂猿全家庭群为研究对象，结合森林三维结构、地形和人为干扰等环境因子，分析栖息地利用和移动行为对森林环境的响应。采用广义线性模型和因子分析识别影响栖息地利用的关键环境因子，构建 Habitat Quality Index （HQI）评价栖息地利用格局；基于 Step Selection Function（SSF）分析移动过程中的环境选择特征并预测潜在移动路径。结果表明，冠层高度、冠层郁闭度和垂直结构复杂度较高的区域具有更高的栖息地利用强度；移动过程中，海南长臂猿倾向于选择林冠较高、坡度较缓、地形位置较高且远离人为干扰的区域。栖息地利用与移动行为均表现出一致的生境三维空间的

响应，说明森林三维结构不仅影响栖息地选择，也持续影响个体移动过程。本研究揭示了海南长臂猿生境三维空间的利用模式，可为栖息地修复和保护管理提供科学依据。

关键词：激光雷达；海南长臂猿；森林三维结构；栖息地利用；移动行为

橡胶树微生物组碳循环基因的月际变化及作用机制

孙娇[1,2]，魏亚情[1]，兰国玉[1,3*]
（中国热带农业科学院橡胶研究所，海南 海口 571101；海南大学热带农林学院，海南 海口 570228；海南儋州热带农业生态系统国家野外科学观测研究站，海南 儋州 571737）
languoyrri@163.com

微生物驱动的碳循环过程是森林生态系统碳平衡的关键调节者，但在热带人工林中，叶际微生物组碳循环功能的时间动态及驱动机制仍不清楚。本研究以热带橡胶林为对象，对叶际微生物组进行为期 12 个月的连续监测，整合宏基因组、物种丰度、叶片与土壤理化性质、环境因子及光合生理数据，探究碳循环功能基因的月际变化及作用机制。研究聚焦四个科学问题：执行碳循环功能的物种有哪些；这些物种与功能基因如何随气候变化；物种与功能是否同步变化；气候、光合及养分如何影响碳循环基因。从碳循环相关 KO 中系统鉴定碳固定与碳分解功能基因，并通过属水平物种-功能关联分析，揭示了执行碳固定和碳分解功能的主要细菌和真菌类群。解析了功能基因丰度的月际变化及其与温度、降雨的时间滞后关系。通过 Mantel 检验和 Procrustes 分析评估了物种组成与功能的耦合程度。进一步构建结构方程模型（SEM），量化了气候因子、光合速率、叶片碳状态与碳循环基因之间的直接和间接效应路径。

关键词：橡胶林；宏基因组；碳循环

合成菌群对患炭疽病橡胶树叶际微生物的重塑

马雨瑶
（中国热带农业科学院橡胶研究所）
mayuyao88@163.com

近年来，植物病害生物防治的研究已逐步集中在微生态层面上，科学家们挖掘出更多的有利于植物生长的有益微生物群落。本研究以海南儋州市橡胶树健康与患病叶片的叶际微生物为研究对象。利用高通量测序和宏基因组测序技术，系统比较

了叶际微生物群落的组成、多样性、互作网络及功能预测，分析识别出与病害相关的关键差异物种。我们的研究结果表明：（1）橡胶树健康和患病叶片叶际微生物群落的组成和多样性、网络结构、功能、存在显著差异。（2）成功分离 81 株真菌和 51 株细菌，并鉴定了关键病原真菌（如炭疽菌属 *Colletotrichum*）和具有拮抗活性的细菌（如假单胞菌属 *Pseudomonas*、芽孢杆菌属 *Bacillus*）。（3）盆栽实验进一步验证合成菌群能有效抑制病原菌在叶片上的定殖与增殖。总体而言，本研究分离筛选出由 *Pseudomonas nitroreducens*、*Pseudomonas* sp.、*Bacillus cereus* 和 *Bacillus subtilis* 组成的合成菌群，其抑菌效果最佳，抑菌率达 54.79%。为橡胶树叶部病害的生物防治提供了高效菌群资源与科学依据。
关键词：橡胶炭疽病；叶际微生物；合成菌；群落变化

关键词：橡胶炭疽病; 叶际微生物; 合成菌; 群落变化

第 2 组

多维植物功能群塑造热带森林长臂猿行为

张德旭，柳帅，陈远，龙文兴*
（海南大学生态学院 海口 570228）
oklong@hainau.edu.cn

全球栖息地变化正在重塑动物可利用的功能环境，已有研究从能量代谢或安全风险理解动物行为发生，或单方面从栖息地食物数量特征推测动物行为，没有建立栖息地供给功能与动物行为间的直接联系。本研究以极度濒危的海南长臂猿（*Nomascus hainanus*）为对象，提出“栖息地功能群组合假说”，认为动物栖息地利用与多种植物功能群组合有关，不同行为则与符合其生态需求的不同功能组合相关联。研究从森林演替、营养和冠层三个维度量化植物功能群，并分析其与行为发生及使用强度的关系。结果表明，演替、营养和冠层功能群通过空间组合形成连续变化的栖息地复合体，不同家庭群和行为类型对功能群组合表现出差异化响应。进一步分析表明，不同行为类型对功能群组合表现出差异化响应。移动行为与冠层功能群相关；取食和休息行为共同关联冠层与营养功能群；社会行为呈现出跨功能维度的组合特征。总体而言，栖息地功能群组合通过多维度协同作用影响海南长臂猿行为策略，且各功能维度的相对作用随行为情境而变化。将多维植物功能群组合纳入栖息地研究，有助于从动物行为需求出发识别不同生态功能的组合关系，并可为海南长臂猿栖息地质量评价、退化栖息地恢复及濒危树栖灵长类保护提供功能生态学依据。

关键词：海南长臂猿；植物功能群；栖息地功能环境；行为生态学

城市湿地涉禽生境－感知互动机制与景观空间优化

张润旋[1,2],方小山[2*],干靓[1*]
（1.建筑与城市规划学院 同济大学 上海 200070；2.建筑学院 华南理工大学 广州 510641）
[*] xshfang@scut.edu.cn,jinggan@tongji.edu.cn

城市湿地是涉禽保护与公众游憩的关键空间载体，但现有研究多聚焦单一生境修复或感知评价，割裂生境与感知的内在关联，难以实现协同增效。本研究以海珠国家湿地公园为例，从涉禽保护与游客体验双视角切入，筛选 14 种目标涉禽，识别五类关键生境景观单元，构建“景－观”双系统评价模型，对 20 个典型景点开展实测，运用象限诊断、Mantel 检验、RDA 分析解析生境－感知关联机制。结果表明：（1）生境质量与游客感知显著正相关（r=0.682），但并非线性映射，受自然禀赋（解释方差 45.53%）与人为干预（22.42%）双路径协同调控；（2）景点分化为协同增效、优质匹配、提升阻滞、转化阻滞、补偿支撑、薄弱匹配、系统衰退七类互动型，18%高生境点未能转化为高感知，22%低生境点依托补偿实现感知溢出。结论表明，生境质量并非感知体验的充分条件，互动效率取决于双路径协同程度与驱动、限制、补偿三类因子的配比状态。据此提出“宏观游径组织－中观分区施策－微观因子提升”的空间优化策略，为城市湿地涉禽保护与游憩协同提供量化依据与实践参考。

关键词：城市湿地；涉禽；生境质量；景观感知；“景－观”互动

城市绿地空间塑造土壤跳虫的季节动态

胡莎莎[1#], 李志鹏[1#], Anton Potapov[2], 张赛超[1], 冯均[1], 上官华媛[1,3], 朱彪[4], 孙新[1*]
（1.中国科学院城市环境研究所 福建厦门 361021；3.武夷学院茶与食品学院 福建武夷山 354300；4.北京大学生态研究中心及城市与环境学院 北京 100871）
xsun@iue.ac.cn

城市化强烈影响地上生物多样性的时空动态，但其对地下生物多样性的影响仍不清楚。本研究以土壤关键分解者跳虫为对象，比较了中国亚热带城市中森林与三种城市绿地（草地、绿化带、居民区）跳虫群落在三个季节的差异。结果表明，城市化总体上降低了跳虫分类多样性，但未降低其功能多样性。与森林相比，居民区跳虫群落的季节波动在分类多样性（70.4－99.1%）和功能多样性（13.3－88.1%）

上更强，而绿化带跳虫群落则在功能性状组成的变化上表现出更强烈的季节动态。草地跳虫群落以上指标的季节变化弱于其他绿地类型，可能表明了其较弱环境动态或更强的物种适应能力。城市绿地跳虫群落组成的季节动态主要受夏季干旱及与之相关的环境变化驱动，森林跳虫群落的季节动态则受秋季资源变化塑造。不同城市绿地的特异性响应也为城市绿地生物多样性的优化提供了一定依据：草地宜维持当前的管理强度以保持稳定的季节动态，居民区和绿化带则需适应性管理以促进物种的季节性重组并增强其恢复力。

关键词：城市化；跳虫；季节动态

Coastal plant diversity restoration enhances multiple ecosystem functions but benefits are undermined by exotic species

郭千秋, 刘泽正
（School of Marine Sciences, Sun Yat-Sen University, Zhuhai 519000, China）
liuzzh23@mailsysu.edu.cn

Positive effects of plant diversity on ecosystem functions have been well demonstrated in terrestrial ecosystems. However, a global-scale assessment of its effectiveness in coastal systems remains unexplored, despite multispecies planting being increasingly applied to combat extensive coastal loss. Based on a global meta-analysis of 6,206 observations, we show that coastal mixtures enhance plant productivity, carbon storage and biodiversity on average by 61.1%, 39.8% and 169.7% relative to monocultures, respectively. These positive effects were stronger for plant productivity and biodiversity conservation in seagrasses (effect sizes = 0.41 and 0.42), and for carbon storage in mangroves (effect size = 0.16). Among all drivers, vegetation factors, including plant origin, restoration age and plant richness, dominated these positive effects, accounting for 56.4–96.7% of the total relative importance, whereas climatic and hydrodynamic factors played minor roles. Specifically, mixtures involving exotic species significantly reduced the effect sizes for plant productivity in saltmarshes (native: 0.13; exotic: −0.08) and seagrasses (native: 0.45; exotic: 0.16), and weakened mangroves carbon gain rate with increasing restoration age (native vs. exotic regression slope: 0.18 vs. 0.01). Our results demonstrate that coastal mixtures yield multifunctional benefits comparable to those in inland ecosystems, yet exotic species undermine these benefits. These findings have implications for designing coastal restoration strategies and provide key insights into understanding the biodiversity–ecosystem functioning relationships in coastal wetlands.

Keywords: coastal wetlands, multispecies planting, biodiversity and ecosystem functioning

人类足迹遥感制图与生物多样性保护评估

耿梦清[1]，李雪草[2*]
（1. 中国农业大学土地科学与技术学院，北京 100193；2. 中山大学地理科学与规划学院 广东广州 510275）
lixc26@mail.sysu.edu.cn

人类活动是全球生物多样性丧失和生态系统退化的重要驱动因素，刻画人类压力的历史变化及未来趋势，是评估《昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架》实施成效的重要基础。本研究综合八类人类压力因子，构建2000-2025年全球1 km年度人类足迹（Human Footprint，HFP）数据，并在五种共享社会经济路径情景下模拟2020-2100年HFP变化，评估完整生态系统和生物多样性保护风险。结果表明，全球人类压力扩张在 2010-2020 年达到较高水平，2020-2025 年明显趋缓，但部分完整区域仍持续受到新增压力。未来不同发展路径下 HFP 变化明显分化，热带和亚热带地区及全球南方的生物多样性保护面临较高风险。考虑人类压力后，昆蒙框架30%保护目标的有效保护水平明显低于仅依据保护面积的评估结果。将人类压力动态纳入空间规划、生态修复和保护地布局，可为昆蒙框架行动目标 1-3 的实施与评估提供科学依据。

关键词：人类足迹；生物多样性；昆蒙框架；保护区；未来情景

鳞翅目昆虫种内遗传多样性的全球格局与丧失风险：土地利用和气候变化的影响

彭欣[1]，程振韬[1]，张健[2]，黄晓磊[1]
（1.农林生物安全全国重点实验室, 福建农林大学植物保护学院, 福州 350002；2.中山大学生命科学学院, 广州 510275）
huangxl@fafu.edu.cn

种内遗传多样性（Intraspecific genetic diversity，IGD）是生物响应环境变化的演化基石，其快速丧失正构成一场隐秘的生物多样性危机。然而，对于鳞翅目这类兼具重要生态指示价值与相对丰富监测数据的昆虫类群，其 IGD 在全球尺度的分布格局及其在土地利用与气候变化双重压力下的丧失风险尚缺乏系统评估。本研究基于 GenBank 数据库中已命名的鳞翅目物种，整合约 54 万条 DNA 序列，结合随

机森林模型，首次揭示了鳞翅目 IGD 存在显著的纬度梯度格局，并确定年均温、土壤盐度和年降水量为其主导环境驱动因子。进一步分析表明，鳞翅目 IGD 水平随人类土地利用强度增加而显著下降，自牧场至密集居民区呈递减趋势。尤为关键的是，模型预测显示，热带地区鳞翅目 IGD 在未来气候变化下面临最大的损失风险，而温带地区则可能成为其未来的避难所。同时，本研究发现鳞翅目 IGD 热点与传统基于物种丰富度的生物多样性热点之间存在显著空间错配，且未来气候变迁将驱动 IGD 热点发生位移，凸显了当前保护体系在遗传层面对该类群覆盖的严重不足。本研究将为鳞翅目遗传多样性纳入国家及全球生物多样性保护目标提供科学参考与空间决策依据。

关键词：鳞翅目；种内遗传多样性；宏观遗传学；COI；气候变化；土地利用

生态网络气候连通性格局演变与规划应对策略

苏杰, 尹海伟, 孔繁花
（南京大学建筑与城市 南京 210093）
yinhaiwei@nju.edu.cn

气候变化推动物种向适生空间转移，使生物多样性保护任务面向满足维护动态迁徙过程的需求。人类活动造成的生境丧失与破碎化进一步阻碍物种追踪适宜气候，亟须识别生态网络气候连通性的演变规律并提出规划应对策略。本研究整合历史与未来气候、人类足迹及生境空间数据，构建涵盖气候变化速度、生境气候类型变化与廊道效能的综合评估框架，分析不同变暖和干扰情景下生态源地、迁徙通道及踏脚石的格局变化，比较不同扩散方式与廊道配置的连接效能。结果表明，持续变暖与人为干扰增加气候连接失效风险，空间固定的保护地难以独立满足物种动态迁徙需求，非保护地可发挥补充生境、临时庇护和迁徙踏脚石作用。相较于生境内部扩散，依托多个生境节点的走廊能够连接更多生态源地，并适应更大幅度的气候变化；战略性配置廊道有助于降低连接失效风险，提升物种追踪适宜气候的潜力。据此，提出以气候适宜空间变化和物种迁徙需求为导向，构建多尺度嵌套生态网络，优先保护气候避难所与关键通道，修复迁徙瓶颈，将符合条件的非保护地纳入保护体系，并建立跨区域协同、生态补偿与动态监测机制，为气候适应型生态网络规划和生物多样性保护提供依据。

关键词：气候变化; 生态网络; 气候连通性

Asymmetric herbivore pressure confers different competitive performance between invasive and native Sonneratia mangrove species

Xinhui Xia, Yuchen Yang
State Key Laboratory of Biocontrol, School of Ecology, Sun Yat-sen University, Shenzhen, Guangdong 518107, China
518107
yangych68@mail.sysu.edu.cn

Asymmetric herbivore pressure between invasive and native species frequently drives disparate competitive dynamics within recipient ecosystems. In China, *Sonneratia apetala* is an introduced mangrove species with invasive potential. Our field surveys revealed that despite their close phylogenetic proximity, S. apetala exhibits markedly lower attractiveness to local herbivorous insects and sustains less foliar damage than its native congener, S. caseolaris. While these observations suggest that S. apetala benefits from enemy release, the underlying molecular and biochemical mechanisms remain poorly understood. Through host-transfer experiments using *Delias pasithoe*, a specialist herbivore of S. caseolaris, we demonstrated that larvae forced to feed on S. apetala exhibited developmental delays and elevated mortality rate than those preying on S. caseolaris. Transcriptomic profiling of these maladapted larvae revealed a significant upregulation of glucose starvation-responsive pathways, alongside a concomitant suppression of genes governing cell proliferation and organogenesis. Crucially, this growth impairment was effectively rescued by exogenously supplementing S. apetala leaves with glucose or sucrose, establishing nutritional deficiency as a primary bottleneck restricting D. pasithoe performance on the invader. In tandem with nutritional barriers, chemical defenses further fortify S. apetala against herbivory. Following insect damage, S. apetala foliage strongly induced specific secondary metabolites, notably cucurbitacin A. Exogenous applications of cucurbitacin A onto S. caseolaris leaves drastically deterred D. pasithoe feeding. More importantly, while herbivore feeding severely downregulated growth-related genes in S. caseolaris, the expression of the majority of their corresponding orthologs in S. apetala remained unaffected. Collectively, these findings indicated that both nutrient deprivation and induced chemical toxicity render S. apetala highly resistant to local insect herbivores. Conversely, the herbivore pressure sustained by S. caseolaris may forces a costly metabolic reallocation from growth to defense, thereby potentially compromising its competitive performance against invasive plants. Furthermore, the two sibling species emit distinct profiles of volatile organic compounds (VOCs). Of the 61 differentially abundant VOCs identified, nonanal and 4-methyl-benzaldehyde elicited significantly stronger antennal responses in female D. pasithoe than in males, pointing their putative roles as chemical cues for host recognition and maternal oviposition of D. pasithoe on S. caseolaris. Taken together, this study illustrates how the release from herbivore pressure

amplifies the competitive edge S. apetala to native species, providing novel insights into the rapid encroachment of invasive plants across intertidal ecosystems of China.

Keywords: Enemy release, host suitability, nutritional limitation, inducible defense, plant volatiles

时空梯度主导丛枝菌根真菌群落构建

王丽媛, Stavros Veresoglou
（中山大学）
veresoglou@gmail.com

虽然学界对丛枝菌根真菌（AMF）在根系和土壤中的群落构建驱动因素已有一定了解，但这些因素的相对生态重要性仍缺乏系统评估。换言之，我们对 AMF 群落构建机制的认识，或许远没有想象中那么深入。本研究纳入 140 篇野外条件下的研究文献进行 meta 分析，这些文献均使用 AMF 特异性引物，且设置了至少两种实验处理。基于文献中的排序图，我们评估了各实验处理的相对重要性，并分析了这些重要性指标对其他处理的情境依赖程度。结果显示：时空变量是排序变异的主要影响因素；地点效应的情境依赖性强于时间效应（但这仅在把土地利用也纳入地点定义时才成立）；根系群落中，长期变化与短期变化存在明显差异，而土壤群落中则无此现象。此外，高降水量和蒸散量会使 AMF 群落趋于同质化。本研究证明，空间和时间因素是 AMF 群落构建的主要驱动力，地点效应有强情境依赖性；植物宿主身的作用相对有限，但要得出可靠结论，还需要考虑不同研究中 AMF 物种鉴定精度的差异。这一时空框架有助于绘制全球 AMF 群落的变化格局图谱。

关键词：群落构建; 球囊菌门; 宿主选择性; 植物-微生物互作; 时空驱动因子

三江源国家公园兽类空间伞护潜力与公众旗舰潜力的协同与权衡

侯陆一[1,2]，王东[1,3]，高景煜[1,2]，黄莘钧[1,2]，连新明[1,2,3,*]
（1 中国科学院西北高原生物研究所，高原生物适应与进化重点实验室，西宁 810008）；（2 中国科学院大学，北京 100049）；（3 青海省动物生态基因组学重点实验室，西宁 810008）
1557658170@qq.com

保护代理种可降低多物种保护决策的复杂度，但旗舰功能与伞护功能未必由同一物种兼具。本文以三江源国家公园 40 种兽类为对象，基于生境类型和海拔筛选

后的潜在栖息地，以平均定向覆盖率表征空间伞护潜力；同时对 23 种候选兽类开展公众问卷调查，共获得 1883 份有效问卷，以多选比例表征公众偏好与保护支持倾向，以单一“形象大使”选择比例表征旗舰潜力，并结合秩相关、重抽样、目标物种逐一剔除及 Pareto 分析评估两类功能的一致性、稳定性与权衡。结果表明，空间伞护潜力与物种潜在栖息地面积高度相关，狼和岩羊空间覆盖最高；雪豹旗舰潜力排名第一，但空间伞护潜力仅列第 11。空间伞护潜力与两类公众评价相关均较弱且不显著。雪豹、兔狲和狼位于 Pareto 前沿，分别体现公众优势、两维兼顾和空间优势。国家公园代理种遴选应依据具体管理目标，选择具有互补功能的物种或物种组合。

树种多样性促进森林碳汇长期稳定的生态机制

单荣旭，马子龙*
（中山大学生态学院 深圳 51000）
mazlong@mail.sysu.edu.cn

树种多样性被广泛认为是提升森林碳汇、缓解气候变化的基于自然的解决方案。然而，在气候波动和极端事件加剧的背景下，森林碳汇年际波动可能显著增强，因此树种多样性带来的碳汇增益能否长期维持，即能否提升碳汇的时间稳定性，仍是亟待解决的关键问题。基于美国森林资源清查数据，本研究从植物功能策略、地下共生关系、生物胁迫和空间动态四个维度，解析树种多样性维持森林碳汇稳定性的生态机制。结果表明，树种多样性通过增强资源获取与利用策略间的功能互补，提高种群间补偿效应；通过多样化植物—菌根真菌共生关系，拓展地下资源获取途径并增强对环境波动的缓冲能力；通过降低植食昆虫和病原菌流行度产生跨营养级稀释效应，减少碳汇在气候波动下的损伤；在更大空间尺度上增强局域群落间的空间补偿效应，降低区域森林碳汇波动。总体而言，保护和恢复树种多样性不仅有助于增加森林碳汇，也可提升其长期稳定性及作为基于自然气候解决方案的可靠性与持久性。

关键词：功能策略；菌根共生；跨营养级相互作用；集合群落；多样性-稳定性关系

人工繁育重塑绿海龟耐药组及早期来源

牛鑫[1,2]，林柳[1,2]，张婷[1,2]，于洋飞[2,3]，夏中荣[4]，洪美玲[1]，史海涛[1,2]，丁利[1,2*]
（海南师范大学，生命科学学院，海口市 571158；三沙海龟生态学海南省野外科学观测研究站，三沙市 573199；三沙市海洋保护区管理局，三沙 573100；广东省惠东海龟国家级自然保护区，惠州市 516359）
dingli@hainnu.edu.cn

人工繁育与放归是海龟种群恢复的重要措施，但人工繁育是否改变绿海龟（*Chelonia mydas*）肠道微生物群及耐药组并形成潜在耐药风险，尚不清楚。本研究采用 16S rRNA 扩增子测序和宏基因组测序，比较野生与人工繁育绿海龟的肠道微生物群、抗生素抗性基因（ARGs）、可移动遗传元件（MGEs）及潜在人类病原菌，并结合成年雌龟、雏龟、孵化沙滩、水体和食物样本开展来源追踪。结果显示，野生个体细菌 α 多样性更高，而人工繁育个体 ARG 总丰度及携带 ARGs 的潜在人类病原菌数量更高，且 ARG 组成显著分化。来源分析表明，雏龟总体 ARGs 主要与成年雌龟相关，而孵化沙滩对高风险 ARGs 的潜在贡献相对更高；Paracoccus 和 Citrobacter 是雏龟 ARGs 的主要潜在宿主。本研究揭示了人工繁育绿海龟更突出的耐药组及病原相关耐药风险，并识别了成年雌龟和孵化环境对生命早期 ARGs 形成的潜在贡献，为抗菌药物耐药性监测、放归前健康评估及生物安全管理提供依据。

关键词：绿海龟；人工繁育；肠道微生物；抗生素抗性基因；放归生物安全

植物凋落物多样性与可入侵性关系

孙朝芳[1]，程才[2]，张致杰[3]，叶媚[1]，李妍妍[1]，Evan Siemann[4]，刘木[1]，张雪[1]，王毅[5]，李博[5]，刘向[1*]，吴纪华[1*]
(1 草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室 兰州 730000；生物多样性与生态工程教育部重点实验室 上海 200438；3 植被结构、功能与建设全国重点实验室 北京 100871；4 莱斯大学生物科学系 美国德克萨斯州休斯顿 77005；5 植被结构、功能与建设全国重点实验室 昆明 650504)

多样性阻抗假说认为，多样性增通过降低资源可利用性和积累天敌增强群落抗性。但以往研究多关注活体植物，植物衰老后产生的凋落物多样性影响鲜有关注。凋落物既能通过病原菌溢出增强抵抗，也能通过养分富集促进入侵，但缺乏实验证据。本研究以三种入侵菊科植物为对象，种植于近缘或远缘本地植物的病叶凋落物驯化土中，设置凋落物多样性（1、2 或 6 种）和病原菌处理（添加或不添加杀菌剂）以区分养分与病原菌效应。结果表明，近缘高多样性凋落物显著抑制入侵，杀菌剂消除了该效应，表明病原菌溢出是群落抵抗的关键。相反，远缘高凋落物多样

性通过养分富集促进入侵。这表明亲缘关系调控病原菌溢出与养分富集间的平衡，决定了凋落物多样性是增强还是削弱入侵抵抗。本研究从凋落物视角拓展了多样性阻抗假说，强调了凋落物病原菌的重要作用。建议生态修复优先恢复与入侵种亲缘较近的本地群落，以增强病原菌介导的生物抵抗，同时调控养分动态以防止远缘入侵种被促进。

关键词：凋落物多样性；入侵抵抗；病原菌溢出；养分富集；系统发育相关性

中国岛屿特有珍稀植物油叶柯的保护实践

马博伟[1]，施诗*
（华南农业大学 广州 510642）
shis@scau.edu.cn

油叶柯（壳斗科）为中国特有植物，仅分布于台湾、海南、香港及珠海担杆岛，呈典型的岛屿间断分布。该物种生长于海岸岩石山地，耐盐碱、耐干旱瘠薄，抗风性强，在岛屿生态系统中起着保持水土及涵养水源等重要作用。近年来由于人为生境破坏及自然灾害，其分布范围逐渐缩小，种群数量急剧减少。为了解其种群现状并开展保护与恢复工作，本研究综合运用种群生态学、保护遗传学等方法，系统开展了油叶柯地理分布、种群数量特征、种群更新及群体遗传学等研究。结果查明了油叶柯在各分布区的种群数量与分布现状，以台湾为核心分布区，海南文昌种群规模较大但部分群落濒临消亡；遥感监测显示其栖息地持续退化，原生林被经济林替代是主要驱动因素。种群更新方面，种子依靠重力传播、聚集于母株附近，落地后损坏率急剧升高，幼苗向幼树转化率极低，自然更新存在严重瓶颈。群体遗传学分析表明，油叶柯可划分为四个演化显著单元，各单元间基因流几近阻断。据此，本研究提出以演化显著单元为核心的分级差异化保护策略，为其科学保护与种群恢复提供依据。

关键词：油叶柯；岛屿间断分布；种群更新；保护遗传学；演化显著单元

海口市残存森林边缘草本多样性的入侵贡献

卢芳菲，何荣晓*，徐铭泽，吴怡莹，朱玉
（海南大学热带农林学院 海南海口 570228）
rx.he@hainanu.edu.cn

城市残存森林是城市生物多样性的重要载体，但边缘草本物种增多未必意味着本地多样性得到更好维持。本研究在海口市 28 个城市残存森林斑块设置 196 个 20

m×20 m 样方，调查成乔、幼乔、灌木和草本四个植被层，采用混合效应模型和群落相异性分析，比较边缘与内部的分类多样性、草本物种来源、入侵草本盖度及斑块间群落差异。结果表明，边缘响应因植被层而异：草本物种丰富度增加 1.94 种/样方，成乔丰富度降低 0.845 种/样方。草本丰富度的增加主要来自入侵草本，其丰富度增加 2.26 种/样方，非入侵草本无显著差异；入侵草本绝对和相对盖度均显著升高。边缘草本群落的斑块间组成差异低于内部群落，排除广布入侵草本后该差异明显减弱。研究表明，评价城市残存森林边缘的生物多样性不能仅依据局地物种丰富度，还需结合植被层次、物种来源、优势度和斑块间群落差异；管理上应加强森林边缘入侵草本监测与控制，并保护内部生境。

关键词：城市生物多样性；城市残存森林；边缘效应；入侵草本；群落组成

木材密度与生长和存活的种内正关联

张博澳，郑毅，冯瑜菩，叶万辉，练琚愉*
（中国科学院华南植物园 广州 510650）
lianjy@scbg.ac.cn

木材密度与生长、存活的种间关联在多大程度上适用于同种个体？其适用性如何随个体大小和物种性状背景而变化？这些问题仍有待深入探究。本研究基于中国南亚热带森林 21 个木本物种 3177 个个体的木材密度、叶片性状及长期生长与存活记录，量化了种内木材密度变异，检验了其与种群统计特征的关联以及与叶片性状的种内协变关系。结果表明，种内变异占木材密度总变异的 17.0%，不同物种间变异幅度存在差异。与经典种间预期不同，同种个体中较高的木材密度与较快生长相关，这一关联受到个体大小和物种平均木材密度的调节；较高木材密度同时与较高存活相关，这与种间预期一致。此外，木材密度与部分叶片性状存在种内协变，为理解上述关联提供了补充的功能线索。总体而言，种间规律对种内生长和存活关联的适用性并不一致。因此，利用功能性状解释森林动态，需明确区分种内与种间层次，并考虑性状关联的背景依赖性。

关键词：森林动态，生长-存活，种内功能性状变异，个体大小，木材密度

雅鲁藏布江中下游鸟类物种多样性研究

朱文琎, 李天顺, 李明燕, 姚翔, 普布
（西藏大学 西藏自治区 850000）
purbuzd@163.com

雅鲁藏布江游流域作为全球生物多样性热点区域，其生态系统兼具东洋界与古北界两大动物地理区系特征。该区域垂直高差大，生境类型丰富，拥有青藏高原近半数鸟类，是东亚-澳大利西亚候鸟迁徙关键通道，对高原及全球生物多样性保护意义重大。2022 年 8 月-2023 年 10 月采用样线观测与直接计数法开展夏、秋季野外调查，旨在厘清该区域鸟类群落组成、种群动态、季节与空间分布特征，完善本底数据库，为保护策略提供依据。本次共记录鸟类 188 种，隶属 17 目 52 科，雀形目占主导；广布种最多，东洋界、古北界物种次之；居留型以留鸟为主。其中国家一级保护鸟类 3 种、二级 17 种，IUCN 濒危物种红色名录中收录的鸟类 7 种，另有 5 种中国特有鸟类。鸟类群落季节差异显著：秋季迁徙期个体数量、物种数均远高于夏季，秋季多样性、优势度、丰富度更高，但个体分布不均，均匀度偏低，夏秋群落各项指数差异明显。不同生境鸟类特征不同，阔叶林多样性、优势度最高；阔叶林与针阔混交林物种相似性最高，针叶林与湿地相似性最低；夏、秋两季各生境群落相似性、共有物种情况各有区别。该区域鸟类保护面临栖息地破碎化、旅游干扰、迁徙路径被围栏割裂等威胁。据此提出优化保护区区划、开展生境修复、建立长期监测、管控人为干扰、加强法治与公众参与的保护建议。

关键词：雅鲁藏布江中下游; 鸟类; 物种多样性

分类分辨率对浮游动物群落生态阈值识别的影响

龚胜兵, 肖能文
（中国环境科学研究院 北京）
xiaonw@craes.org.cn

生态阈值识别是分析群落沿环境梯度发生非线性响应的重要方法。现有研究多基于单一分类水平开展阈值识别，分类分辨率如何影响生态阈值结果仍缺乏比较。研究基于 eDNA 宏条形码数据，识别影响白洋淀浮游动物群落的关键环境因子，并比较 OTU、种和属不同分类水平下群落沿环境梯度的阈值响应差异。结果显示，TN 对浮游动物群落结构变化解释力最强。阈值指示分类群分析（TITAN）分析表明，不同分类水平识别出的群落响应阈值并不完全一致。属水平和 OTU 水平的负响应阈值均为 1.945 mg/L，置信区间宽度分别为 2.400 mg/L 和 1.572 mg/L；种级水平的负响应阈值为 1.435 mg/L，置信区间宽度为 1.285 mg/L。三个分类水平的指示

分类单元均沿 TN 梯度呈负响应。Hexarthra 仅在属水平被识别为指示类群，Trichocerca 则仅在 OTU 水平被检测到。同一属或同一种级注释单元下的不同 OTU 也表现出不同的响应阈值。依据各分类水平下识别的阈值进行分组，OTU 和属水平组间差异显著且组内离散度不显著，而种水平组间差异不显著、组内离散度显著。总体而言，基于 eDNA 宏条形码技术数据进行生态阈值分析时，OTU 水平有助于揭示群落对环境的细尺度响应差异，属水平可概括群落沿环境梯度的总体响应趋势，而种水平结果则需考虑参考数据库完整性和注释可靠性谨慎解释。

关键词：阈值指示分类群分析；分类分辨率；浮游动物；eDNA 宏条形码技术

红松死亡介导外生菌根共生关系解体促进矿物结合态有机碳积累

刘思雨[1,2]，李春环[1,2]，尹佳轩[1,2]，潘玉梅[1,2]，张春雨[3]，赵秀海[3]，张乃莉[1,2,4*]
（1.北京林业大学林学院林木资源高效生产全国重点实验室 北京 100083；2.植物次生代谢产物高效合成北京重点实验室 北京 100083；3.北京林业大学国家林业和草原局森林经营工程技术研究中心 北京 100083；4.国家林业和草原局黑龙江三江平原沼泽草甸生态系统定位观测研究站 黑龙江双鸭山 518000）
zhangnaili@bjfu.edu.cn

虫害导致的红松死亡正在破坏关键的树木-外生菌根（ECM）互利共生关系。然而，这种破坏对土壤碳固存的影响仍知之甚少。为探究虫害导致的树木死亡对土壤碳固存的影响，我们在长白山温带森林采集了存活和死亡红松个体树下土壤样品，重点关注土壤真菌群落的潜在中介作用。结果表明，与存活红松树下土壤相比，死亡红松树下土壤总碳（TC）平均增加9.50%，其中矿物结合态有机碳（MAOC）平均增加 2.76%，颗粒态有机碳（POC）减少 8.31%。树木死亡显著提高了土壤真菌 Shannon 多样性指数，并导致真菌共现网络崩溃，使其由复杂稳定转变为简单脆弱的状态。此外，ECM 真菌与红松共生关系的崩溃可能伴随着土壤碳转化过程的改变。在存活红松树下，ECM 真菌多样性与 POC 和 MAOC 均呈显著负相关，提示 ECM 真菌可能参与土壤有机碳的分解与转化。相反，在死亡红松树下，腐生真菌群落多样性与 MAOC 积累呈显著正相关，表明树木死亡后土壤碳固存可能由以菌根主导型向分解者主导型的转变。本研究强调虫害导致红松死亡后树木-菌根共生关系的瓦解从根本上改变了温带森林土壤碳固存的途径与结果，为理解森林退化背景下土壤碳库稳定性的变化提供了新的视角。

关键词：树木死亡；外生菌根真菌；矿质结合态有机碳；红松；土壤碳固存

传粉网络调查对比：公民科学与研究者

田鑫[1], 吕明聪[2], 张梦迪[1], 程纹[2], 徐洲峰[3], BONEBRAKE Timothy C.[4], 董慧*[2], 程文达*[1]
（1. 中山大学生态学院 深圳 518000；2.深圳市中国科学院仙湖植物园 深圳 518004；3.中国科学院华南植物园 广州 510650；4. 香港大学生物科学学院 香港 999077）
chegnwd5@mail.sysu.edu.cn

量化物种间相互作用是理解传粉、植食等重要生态过程的关键。公民科学方法能扩展研究者调查的时空尺度，但其收集物种间相互作用和生态网络数据的可靠性仍待评估。2024-2025 年，我们通过“蜜源植物在哪里”公民科学活动，在深圳的城市公园中对比了公民科学和研究者同期独立采集的植物-访花昆虫相互作用数据。我们分析了两者在量化访花网络物种多样性、连接多样性、互作偏好以及网络拓扑结构参数上的差异，并探索了访花昆虫类群、分类校正对上述差异的影响。总体上，公民科学记录到更高植物丰度，昆虫总丰度相似，但源自高估鳞翅目，低估膜翅目和食蚜蝇；两个数据来源的连接多样性和网络结构参数高度相似。分类校正改善了丰度被低估的访花类群参数估计。结果表明，公民科学的互作数据存在尺度依赖性误差：互作连接多样性和网络参数更稳健，但物种层级的参数和互作偏好量化易受影响。因此，在量化种间互作的研究中，合理选择类群和参数可提高公民科学数据的可用性。

关键词：公民科学; 物种间相互作用; 访花网络; 城市生态学

The Right Gardens in the Right Places：中国国家植物园体系优化

ZHAN Yueling[1], FAN Minhong[1], YANG Xian[1], PAN Xiaotian[1], SUN Miao[2], YANG Tuo[3], ANTONELLI Alexandre[4,5,6,7], CHEN Zhiduan[8,9,10], and YE Jianfei1*
(1. State Key Laboratory of Biocontrol, School of Ecology, Shenzhen Campus of Sun Yat-sen University, Shenzhen 518107, China；3. Fairy Lake Botanical Garden, Shenzhen & Chinese Academy of Sciences, Shenzhen 518004, China；4. Royal Botanic Gardens, Kew, Richmond, London TW9 3AE, UK；5. Gothenburg Global Biodiversity Center, Department of Biological and Environmental Sciences, University of Gothenburg, Box 461, Göteborg 40530, Sweden；6. Department of Biology, University of Oxford, Oxford OX1 3RB, United Kingdom；7. Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, China；9. China National Botanical Garden, Beijing 100093, China；10. Sino-Africa Joint Research Center, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, China)
yejf9@mail.sysu.edu.cn

为提升国家植物园体系的迁地保护效率与空间代表性，本研究构建了融合物种覆盖度、独特性与互补性的量化优选框架。基于中国 29 家主要植物园的 49,308 条

活植物收集记录和全国 1.56 百万条原生植物分布记录，评估物种丰富度、本地区系保护覆盖度及园际物种组成差异，并结合聚类分析与互补性排序优化国家植物园的规模和布局。结果显示，29 家植物园共保存 12,753 种原生维管植物，占全国物种总数的 42.1%，但不同植物园的保护效率与类群覆盖差异显著，部分园际物种组成高度重叠。聚类分析识别出 6 个地理一致的植物园组；互补性排序优选出 16 家现有植物园，并确定 5 个新建植物园的优先区域，形成“16+5”体系，预计可覆盖中国 73.2%的原生维管植物，并代表主要气候带、植物区系分区和植被类型。该框架为国家植物园遴选与网络优化提供了可量化、可拓展的决策工具，也可为生物多样性丰富国家的迁地保护规划提供参考。

关键词：迁地保护；国家植物园体系；植物多样性；互补性；空间优化

全球海洋生物多样性数据补全新方法（提交 2 次）

石婷宇，宋浩*
（中国科学院海洋生态与环境科学重点实验室，中国科学院海洋研究所，青岛 266071）
shitingyu@qdio.ac.cn

海洋生物多样性监测数据因观测不足而高度稀疏且碎片化，限制了全球生态过程预测和保护策略制定。现有数据补全方法通常难以从稀疏、异构的海洋生物多样性数据中同时恢复复杂生态关联与时空异质性。为解决这一问题，本研究首次提出一种融合多重分块结构感知与协同滤波的低秩矩阵补全方法（BCCMC）。该方法将异质性缺失显式建模为多重分块结构，并通过协同滤波框架刻画多区块缺失模式，实现对多尺度缺失区域的同步识别与补全。在此基础上，本研究进一步构建了从数据补全到生态预测的系统分析框架。结果显示，BCCMC 使环境因子完整覆盖度提升 54%，并在统计性能与生态合理性方面均显著优于三类经典方法（MICE、Kriging、MaxLike）及新型人工智能方法（RF、BHPMF）。补全后的数据有效揭示了全球海洋生物多样性热点的动态变迁，并识别出热点可能向南美洲西部及印太海域迁移的新趋势。该研究不仅提高了海洋生物多样性数据的完整性与预测建模的可靠性，也为全球生物多样性保护的精准决策提供了可复用的方法框架和新的生态视角。

关键词：海洋生物多样性；数据补全；低秩矩阵补全；协同过滤；热点迁移；生态预测

第 3 组

海平面上升与人类活动共同作用下红树林生境可持续性、适应性与韧性评估

梁姗姗[1]，胡文佳[2*]，叶观琼[1*]，陈彬[2*]

1.浙江大学海洋学院，浙江 316021；2.自然资源部海洋生态保护与修复重点实验室，福建 361005

huwenjia@tio.org.cn

红树林是维持海岸带生物多样性和适应气候变化的重要生态系统，其未来变化受海平面上升与人类活动共同影响。为避免仅以面积增减判断红树林保护成效，本研究以中国南方典型红树林分布区为对象，以海平面影响沼泽模型为核心，分别耦合生态系统服务与权衡综合评估模型、景观格局分析软件、土地利用变化模型和地理探测器等，从生境可持续性、群落空间挤压、适应性与韧性三个层次开展评估。雷州半岛案例构建红树林生境可持续性指数，综合分析生境面积、生境质量、景观格局和保护比例；茅尾海案例评估上下潮带红树林群落的适宜生境、可利用生境和扩张潜力；广东省案例识别向陆迁移后的适宜生境和可维持原有分布与功能的韧性红树林，并量化其人类活动暴露风险。结果表明，海平面上升单独作用下红树林生境不一定显著减少，但人类土地利用约束会显著影响其迁移和维持。雷州半岛灰色基础设施情景下红树林面积下降 16.6%–56.2%，绿色基础设施情景下虽增加 44.7%–197.2%，但新增生境存在破碎化和连通性不足问题。茅尾海上潮带红树林在单独海平面上升情景下表现出更强的适宜生境扩张潜力，但在中、高海平面上升并叠加土地开发情景下，69.2%–81.7%的适宜生境可能被人工用地占用，其实际扩张潜力明显低于下潮带群落。广东省案例表明，到 2070 年，红树林适宜生境在不同海平面上升情景下降至现状的 49.73%–72.01%，韧性红树林仅保留 31.26%–68.67%；同时，人类活动暴露风险对适应性与韧性的影响存在差异，高强度人类压力影响 28.89%–40.23%的未来适宜生境，但仅影响 0.92%–2.08%的韧性红树林，其中养殖塘主要限制适应性，工业中心主要影响韧性。研究表明，在海平面上升与人类活动共同作用下，红树林保护不应仅关注面积增减，而应综合考虑生境质量、景观格局与连通性、向陆迁移空间、不同潮位带群落响应差异以及成熟林韧性维持，实施差异化适应性管理，为全球变化背景下红树林保护和海岸带生物多样性维持提供科学依据。

关键词：气候变化；红树林；人为压力；生境可持续性；适应性与韧性

土壤氮磷形态共同影响森林生态系统稳定性

任芷叶, 梁敏霞*
（中山大学生态学院 深圳市 518107）
liangmx3@mail.sysu.edu.cn

阐明森林生态系统稳定性的维持机制是保障其功能与服务持续供给的重要前提。土壤氮、磷是调控森林生产力与群落动态的关键因素，但不同养分形态对森林长期稳定性的影响尚不明确。本研究整合中国 516 个国家森林公园的土壤有效态与非有效态氮、磷数据及 2001-2024 年卫星遥感稳定性指标，分析全国土壤养分与森林稳定性的关系。结果表明，森林稳定性随纬度升高而降低，而各形态土壤氮、磷含量总体增加。养分效应主要取决于其形态：有效磷含量升高与稳定性降低相关，非有效磷和两种形态氮则通过直接作用或生物多样性介导的简洁作用与较高的稳定性相关。上述关系具存在纬度差异：有效磷与低纬度森林稳定性呈负相关，但与高纬度森林呈正相关；两种形态氮主要与中、高纬度森林较高的稳定性相关。物种丰富度在低、中纬度森林中作用更强，结构多样性在高纬度森林中更为重要。研究表明，森林养分-稳定性关系受到养分形态、群落属性和地理环境的共同调节，特定区域的结论不宜简单外推。

关键词：土壤氮；土壤磷；养分形态；生态系统稳定性

多生活史阶段高温耐受响应重塑草蜥气候风险

周子毅[1]，吴丹阳 2，汪佳欢 3，乔慧捷 1*，孙宝珺[1] *
（1.中国科学院动物研究所 北京 100101；2.中山大学 深圳 518107；3.南京大学 南京 210008）
qiaohj@ioz.ac.cn

物种不同生活史阶段可能具有不同的高温耐受性，经历不同的热环境暴露，从而形成阶段特异性的热响应。因此，气候变化下物种经历的高温气候风险取决于气候特征与物种响应特征的整合作用。然而，气候变化下的风险评估多以成体响应为基础，忽视了其余生活史阶段，对于多生活史阶段的整合响应更是目前存在研究空白。本研究以中国大陆草蜥属蜥蜴为研究系统，通过胚胎和成体高温耐受能力测定、微气候模拟，比较了胚胎与成体的高温耐受性及其热安全裕度，并进一步构建温度依赖的胚胎和成体存活模型，模拟不同生活史阶段的高温响应，评估当前及未来气候下的高温脆弱性，并结合物种分布模型对气候变化下草蜥面临的风险重新评估。结果表明，胚胎和成体的高温耐受性和面临的热暴露风险存在显著不同，草蜥胚胎阶段表现出更明显的高温脆弱性。未来气候变化下热响应具有物种特异性，并不表现出单一的风险变化模式。同时，成体潜在热行为调节和巢址选择行为能够一定程

度上减小胚胎的热风险。此外，将热响应纳入物种分布模型后，能够识别出适宜分布范围内的潜在生理风险。本研究构建的框架，提示了气候变化风险被关键生活史阶段的高温耐受响应重塑的可能性，也强调了将多生活史阶段高温响应纳入气候风险评估的重要性。

关键词：爬行动物；生理响应；热生理；生活史阶段；气候变化；气候风险

从荒漠猫的“衣食住行”到保护实践

孔玥峤，李晟
（北京大学生命科学学院 北京 100871）
shengli@pku.edu.cn

荒漠猫（*Felis bieti*）是中国唯一的特有猫科动物，分布仅限于青藏高原东北部。该物种被列为国家一级保护动物，但长期以来基础生态学信息的匮乏严重限制了有效保护行动的开展。项目团队以青海祁连山南麓农牧交错带的荒漠猫种群为研究对象，首次系统开展荒漠猫生态学研究与保护实践。本项目整合红外相机监测、粪便分子食性分析、卫星定位追踪和入户访谈等多种方法，揭示了荒漠猫在人类主导景观中的时空行为特征、食性组成及对人为干扰的跨尺度响应机制，并识别了该种群面临的关键威胁和高风险区域，推动了针对性的在地保护行动。同时，项目团队联合祁连山国家公园、世界自然基金会等机构，开展了多种形式的管理培训和公众科普活动。项目填补了荒漠猫生态与保护领域的重要空白，为其就地保护及人类主导景观中的食肉动物管理提供科学依据。未来将重点推动以研究成果支撑制度化管理措施的制定，并补充景观尺度研究，加强公众传播与政策倡导。

关键词：荒漠猫，时空行为，食物组成，威胁因素，保护策略

Sea-level driven coastal landscape reorganization and wetland function shifts

严琴方, 陈雅萍
（中山大学 深圳 518000）
chenyp96@mail.sysu.edu.cn

Coastal wetlands are among the most valued yet threatened ecosystems on Earth due to factors including accelerating sea-level rise and intensifying human pressures. There is heated debate regarding the extent to which landward migration of wetlands might

compensate for seaward wetland losses. Here, we develop a comprehensive modeling framework for typical coastal wetlands in China (mangroves, saltmarshes and tidal flats), by integrating processes of sea-level rise, land subsidence, tidal flooding, storm surge and accommodation space associated with human activities, to project decadal patterns of coastal landscape reorganization under five Shared Socioeconomic Pathways (SSPs) throughout the 21st century.We show that (1) flooding frequency, minimum temperature, and total annual precipitation are key determinants of wetland distribution across coastal China, with distinct threshold effects by wetland type; (2) inundation risk escalates rapidly and diverges sharply across SSPs after 2050, hinting the coming decades as a critical intervention window for effective coastal flood mitigation; and (3) landward migration may completely offset seaward wetland losses if accommodation space is unconstrained. However, over 80% of potential migration zones overlap with croplands and urban areas, while the remaining would occur at the expense of valuable uplands, including forests, freshwater wetlands and rangelands. If human land use (e.g., infrastructures, urban areas) is assumed unchanged, more than 50% of coastal counties exhibit insufficient accommodation space to maintain current extents of tidal flats and salt marshes, whereas mangroves are less impeded, with the potential to steadily expand.Together, our findings emphasize that the persistence of coastal wetlands in China is intimately hinged on the availability of inland accommodation space. Managed retreat thus emerges as a critical strategy to alleviate coastal squeeze and sustain ecosystem functions. These results highlight an inherent trade-off between wetland conservation and human land use, offering fresh insights into sustainable coastal management and natural risk mitigation under climate change.

Keywords: climate change; extreme sea-level rise; coastal wetlands; land use change; coastal squeeze

红树林恢复与鸻鹬类保护的潜在冲突

文可，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
aiwuu@gxu.edu.cn

红树林恢复受到广泛重视，但其与鸻鹬类保护之间的潜在冲突仍易被忽视。为厘清这一冲突，通过分析中国红树林恢复与鸟类多样性变化的已有研究，结合鸻鹬类对潮间带生境的依赖，审视红树林恢复的鸟类保护效益及其解释边界。已有研究报告的鸟类丰富度和受威胁物种记录增加，可能受到调查力度及繁殖地生境变化等因素影响，不能直接归因于红树林恢复，也不能代表所有鸟类类群均从中受益。鸻鹬类依赖开阔潮滩觅食及邻近高潮位停歇地休息，红树林向具有重要生态功能的潮

滩扩张，可能压缩其觅食生境。因此，红树林面积增加与鸻鹬类保护成效并不必然一致，鸟类总体多样性记录的增加也不能替代对鸻鹬类及其生境的独立评估。海岸湿地保护与修复亟须关注这一潜在冲突，重视不同生境的生态功能及鸟类需求，协调红树林恢复与鸻鹬类保护。

关键词：保护生物学; 红树林; 鸻鹬类; 生境冲突.

Climate-Driven Habitat Shifts of Terrestrial Taxa Expose Conservation Gaps on the Qinghai-Tibetan Plateau

刘卓涛 [1], 张同 [2], 唐梓钧 [2], 吕永磊 [3], 刘峰 [3], 普布顿珠 [3], 肖洋 [4], 刘金珍 [4], 郭克疾 [1,2,5], 向左甫 [1*]
（1. 中南林业科技大学 长沙 410004；2. 国家林业和草原局中南调查规划院 长沙 410014；3. 西藏自治区林业调查规划研究院 拉萨 850030；4. 长江水资源保护科学研究所 武汉 430051；5. 湖南师范大学 长沙 410081）
xiangzf@csuft.edu.cn

气候变化日益威胁青藏高原的生物多样性，现有保护区难以有效应对物种分布范围的变迁。本研究以六大陆生物种类群（大型食肉类、小型食肉类、雉类、灵长类、小型哺乳类、有蹄类）为对象，利用集成物种分布模型（biomod2），预测其在未来两种气候情景（SSP1-2.6 和 SSP5-8.5）下 2050 和 2090 年代的栖息地适宜性，并分析物种丰富度、生境破碎化、生态位重叠及保护空缺。结果表明，不同类群对气候变化的响应呈现四种模式：可逆性丧失（大型食肉类）、持续性丧失（小型食肉类和灵长类）、斑块整合（雉类和有蹄类）和先增后减（小型哺乳类）。当前，青藏高原仅 29.73%的生物多样性热点区域位于保护地内，三个关键空缺区（喜马拉雅山中部、雅鲁藏布江中游、横断山南部河谷）亟需保护。本研究揭示了营养级异步响应（不同营养级对气候变化的响应存在差异）如何削弱静态保护的有效性，并提出“核心避难所-跨境生态廊道-生态红线”三级动态框架，为高原山地生态系统落实“昆蒙框架”30×30 目标提供科学依据。

关键词：气候变化，生物多样性，保护空缺，适宜栖息地，青藏高原

自由活动动物对陆生脊椎动物的捕食影响

王贤哲 [1], 高梓焜 [1], 宗诚 [1], 时坤 [2], 孙巧奇 [1*]

（1.东北林业大学, 野生动物与自然保护地学院, 中国, 哈尔滨, 150040；2.陆桥生态中心, 中国, 北京, 100085）

自由活动的犬（*Canis familiaris*）和猫（*Felis catus*）种群数量不断攀升，主要源于主人遗弃和活动不受限制，对野生动物施加了普遍的捕食压力。捕食是它们最直接、最具破坏性的生态影响，是全球生物多样性丧失的重要驱动因素。然而，目前缺乏对这一威胁的全球空间格局及其环境驱动因素的全面认识，阻碍了针对性保护策略的制定。为弥补这一空白，我们通过荟萃分析方法，对 53 篇经同行评议研究中汇编的 8,933 起野生哺乳动物、鸟类、爬行动物和两栖动物被捕食事件进行了系统性全球评估。结果表明，在大洲、国家和生态系统尺度上均存在显著的地理异质性。非洲记录的犬捕食事件数量最多（1,698 起），而欧洲是猫捕食的热点区域（2,900 起）。澳大利亚和日本冲绳群岛的极危（CR）物种种群面临极高的捕食压力。犬的捕食影响在不同分类等级间差异较小。相比之下，猫的猎物谱系在分类学上比犬更广，且其影响在不同科间差异显著，其中兔科（Leporidae，28.49%）、鼱科（Procellariidae，14.79%）和鼠科（Muridae，10.05%）受影响最大。此外，猫的捕食率随人口密度、经度和纬度的增加而显著下降，并在不同气候类型间差异显著，而犬的捕食则与这些环境协变量无显著相关性。总体而言，我们的研究结果表明，自由活动的犬和猫在生态影响、觅食行为和适应策略上存在根本性差异。我们的研究强调了制定差异化管理的必要性，应针对地理热点区域（如犬聚集区、岛屿和极危物种分布区）以及物种特异性行为特征，以减轻捕食风险并助力扭转生物多样性丧失。

关键词：Distribution； Free-roaming dogs and cats; Management intervention; Predation risk; Wildlife

忽视氮沉降慢性动态高估了氮沉降对草原植物多样性的影响

赵奕，庾强*

（北京林业大学草业与草原学院 北京 100083）

yuq@bjfu.edu.cn

自工业革命以来，全球氮沉降量增加两倍多，对改变陆地生态系统的结构与功能产生深远影响。以往研究多以一年施一或数次速效肥的方式模拟氮沉降，但这种脉冲式氮输入与大气氮沉降的慢性动态不符，可能错误估计氮沉降对草原生态系统植物多样性的影响。本研究设计并首次验证了一种可有效模拟大气氮沉降慢性动态的缓释肥（树脂包膜尿素），并比较缓释氮与速效氮添加下草原植物多样性的差异。

进一步利用 Nutrient Net 全球联网平台缓释肥数据，配对已发表的速效氮实验结果，通过 Meta 分析从全球尺度揭示两种氮添加方式对多样性的差异影响。结果表明，本研究设计的直径 4 mm、包膜厚度 0.5 mm 的树脂包膜尿素可在干旱半干旱草原持续释放约一年，其氮释放动态与当地大气氮沉降高度相似，释放速率与氮沉降显著正相关（$R^2 = 0.80$）。速效氮添加对多样性的影响，在局地尺度比缓释氮添加高约 1.5 倍，在全球尺度上高约 1 倍。本研究结果表明以往速效氮添加实验可能系统性地高估了氮沉降对草原生态系统的影响。本研究首次验证了缓释肥能够有效模拟大气氮沉降慢性动态，指出以往速效氮添加研究可能高估氮沉降效应，并为实验模拟未来氮沉降增加对生态系统功能和过程的影响提供了一种更为有效的方法。

关键词：全球变化；包膜肥料；生态系统功能；氮沉降；模拟实验

从 OECM 到校园：生物友好型大学校园评估框架（BFUCAF）的构建

祝晓雨，杨晓璇，刘欣，李妍妍，王忠君，张玉钧*
（北京林业大学园林学院 北京 100083）
yjzhang622@foxmail.com

校园生物多样性行动普遍缺乏专门的治理与管理框架。本研究将其他有效区域保护措施（OECMs）理念引入高校校园，构建“生物友好型大学校园评估框架”（BFUCAF），并开展初步内容效度检验。研究采用德尔菲式内容效度验证程序，结合文献指标生成、专家预测试和 26 位专家正式咨询；专家对指标的相关性、清晰性与适用性进行评分，以≥80%相关性阈值为主筛选标准，并结合开放式意见优化条目。BFUCAF 包含栖息地多样性、物种保护、生态系统服务、教育与管理四个维度，并将 30 项初始指标凝练为 24 项拟议指标。本研究的创新在于：面向校园场景构建生物多样性专用、OECM 导向的诊断工具，区别于宽泛的可持续性评级体系，聚焦制度安排与管理实践，为高校识别治理缺口、开展后续试点与实证验证提供依据。维度结构、信度、实证效度及其与生物多样性保护成效的关系仍需进一步检验。

关键词：生物多样性保护；其他有效区域保护措施（OECMs）；高等教育机构；校园生物多样性治理；评估框架

邻居多样性对树木生长的影响随时间变化

杨卓[1,2]，李珊[1,3]，陈磊[1,2,3]，马克平[1]，刘晓娟[1,2,3,4,*]
（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；3.浙江钱江源森林生物多样性国家野外科学观测研究站 北京 100093；4.国家植物园 北京 100093）
liuxiaojuan06@ibcas.ac.cn

大量生物多样性实验与观测研究已证实，树种丰富度促进了森林群落的生产力。由于群落生产力来自个体树木生长的累积，树种丰富度所发挥的促进效应理论上也应延伸至邻居与个体尺度。然而，目前这一多样性效应的尺度传导仍缺乏实证证据。基于我国亚热带长期森林生物多样性控制实验（BEF-China），本研究利用长达 12 年的生长监测数据，分析邻居树种丰富度、邻居基面积及生态位差异对中心树木个体生长影响的时间动态。结果显示，对于邻居树种丰富度较高的中心树木，随着林龄增加，邻居基面积对其生长的影响由正转负，但生态位差异对生长的促进作用逐渐增强，有效抵消了该负面效应。这种邻居多样性效应的时间动态在资源获取型物种中更为突出；且相较于湿润年份，邻居树种丰富度对中心树木个体生长的促进作用在干旱年份更为强烈。上述发现表明，较大的生态位差异能够缓解高物种丰富度森林中激烈的竞争压力，从而维持较高的森林生产力。

关键词：生物多样性与生态系统功能，竞争，功能性状，生态位差异，时间动态

公民科学遇上自然实验：中国鸟类贸易执法效应评估

梁智健[1]，胡思帆[1,2]，钟嘉[3]，危骞[3]，李添明[1*]，刘阳[1*]
（中山大学生态学院 深圳 518107；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；观鸟组织联合行动平台 昆明 650225）
leetm@mail.sysu.edu.cn

非法野生动物贸易是生物多样性丧失的重要驱动因素，然而执法行动的大尺度效果鲜有系统评估，主要受限于市场数据的匮乏。本研究利用 2016—2017 年中国最大规模的全国鸟类市场调查（覆盖 22 省 73 个市场），以期间实施的保护候鸟专项行动为自然实验，评估执法对鸟类贸易的影响。调查由 47 个机构的 290 名志愿者完成，共记录 48 科 346 种 140,723 只鸟类。调查数据的对比分析显示，执法后市场鸟类总丰度显著下降，受国家保护物种的下降最为明显。线性混合模型进一步表明，国家保护级别是预测物种贸易量趋势的最强因子，但不同类群和区域的执法响应存在异质性。然而，市场上交易最频繁的雀形目鸣禽中，超过三分之一未被列入国家保护名录，保护覆盖的偏差削弱了执法效力。本研究首次在全国尺度上量化了

执法对野生动物贸易的效应，揭示了保护覆盖与市场贸易现状之间的偏差，为将市场贸易数据纳入保护名录动态更新机制提供了实证依据。

关键词：野生动物贸易、政策评估、公众科学、保护执法、鸟类保护

Comparative transcriptome analysis unravelling the role of lncRNA-mediated gene expression network in regulating water deficit tolerance of Scaevola taccada

Ruoyu Luo[1], Xiang Jin[2*], Yuchen Yang[1*]
（1. Sun Yat-sen University School of Ecology Shenzhen 518107；2. Hainan Normal University College of Life Sciences Haikou 571158）
518107
yangych68@mail.sysu.edu.cn

As a typical mangrove associate species, *Scaevola taccada* adapts well to water-deficient coastal environments and has been widely used for afforestation in the South China Sea islands. However, the molecular mechanisms underlying its stress tolerance remain largely unresolved. In this study, we integrated physiological assays with comprehensive transcriptome profiling to elucidate the transcriptional reprograming of diverse RNA species (mRNA, lncRNA and microRNA) in S. taccada under water deficit stress. Our physiological results revealed that water-deficit treatment induced severe leaf yellowing and wilting, alongside a marked accumulation of malondialdehyde (MDA). Concurrently, osmoprotectants such as proline and soluble sugar increased signficantly to sustain cellular turgor pressure. Whole-transcriptome analysis revealed that while both differential gene expression and lncRNA-mediated trans-regulation were activated in response to water-deficit stress, these two regulatory pathways exhibit distinct functional divergence. Specifically, differentially expressed genes primarily drove secondary metabolism and plant defense, whereas lncRNA-mediated responses to stress duration were predominantly enriched in carbohydrate metabolic processes and positive regulation of protein metabolism pathway. LncRNAs were further found to participate in the stress response via competing endogenous RNA (ceRNA) networks, where 25 lncRNAs acted as target mimics for 13 differentially expressed miRNAs. This network successfully buffered the miRNA-mediated degradation of mRNAs related to phospholipid-transporting ATPases, photosynthetic precursor protein transport, growth regulation, and heat tolerance. Notably, after 5 days of rewatering, MDA levels and most stress-responsive genes returned to baseline, whereas starch biosynthetic process pathways remained altered, indicating lingering physiological lag. In summary, this study uncovers a sophisticated coding and non-coding RNA coordination network in S. taccada, providing new insights into S. taccada’s tolerance mechanisms to harsh coastal environments.

关键词：water deficit, transcriptome, lncRNA, ceRNA mechanism

西藏高山-亚高山森林生态系统凋落物际原生生物群落对中大型土壤动物的响应

路晓茜[1]，王滨[2*]，孙新[1,2*]
（1. 中国科学院城市环境研究所区域与城市生态安全全国重点实验室，宁波观测研究站，福建省流域生态重点实验室，厦门 361021；2. 中国科学院大学，北京 100049）
bwang@iue.ac.cn

陆生原生生物是森林生态系统土壤微食物网的重要组成，其群落变化对凋落物分解、物质循环和能量流动具有重要影响，但中大型土壤动物对凋落物际原生生物群落的调控作用仍不明确。本研究利用孔径为 0.05 mm 与 5.00 mm 的凋落袋，解析不同森林和凋落物类型背景下凋落物际原生生物群落及其功能类群对中大型土壤动物群落的响应。结果表明，中大型土壤动物是影响凋落物际原生生物 α 多样性的主要因素，大孔径处理下总体原生生物及其功能类群丰富度均显著提高；凋落物际原生生物群落 β 多样性在高山和亚高山森林间存在差异显著。高山森林和难降解落羽杉凋落物中，螨类、弹尾类等中型土壤动物与原生生物群落及功能类群多样性的关联更为显著。中型土壤动物中与微生物存在更直接营养联系的类群，是驱动高海拔森林凋落物层原生生物群落组成的重要生物因子，且这种调控作用在更严苛的环境条件下会进一步增强，这为理解高寒森林生态系统地下食物网稳定机制提供理论依据。

关键词：凋落物际 ； 原生生物 ； 土壤动物 ； 高山-亚高山森林生态系统 ； 青藏高原

农业措施驱动微生物重组与碳汇权衡

张格豪，邓蕾*
（1.西北农林科技大学水土保持科学与工程学院（水土保持与荒漠化整治全国重点实验室）陕西 杨凌 712100）
leideng@ms.iswc.ac.cn

农业管理措施是提升农田土壤碳汇的重要途径，但其对地下微生物多样性及其机制仍不清楚。本研究结合全球数据库与田间试验，比较有机肥和生物炭对土壤碳固存、微生物多样性、群落结构及胞外酶活性的影响。结果表明，有机肥促进土壤有机碳积累，但其生态效应存在明显差异：有机肥表现为较温和的增汇效应，而生

物炭具有最高的碳固存潜力，同时更易降低微生物多样性和均匀度，形成显著的碳汇—多样性权衡。进一步分析表明，生物炭显著重组微生物群落，促进适应快速资源利用的类群相对增加，而不适应新资源环境的类群减少；这一营养型结构变化与碳降解功能类群及胞外酶活性的协同变化相一致。特别的，短期内，微生物主要表现为对新增资源的快速响应，易利用碳和结构性多糖相关功能变化更明显；长期则转向环境筛选，不适应新资源环境的类群持续减少，优势群落形成并表现出更稳定的功能重构。研究表明，农业措施可能使土壤碳汇与微生物多样性存在权衡。

关键词：农业措施；酶活性；土壤碳固存；微生物多样性

气候变化下中国特有植物分布格局及保护对策

唐孟阳[1]，薛天天[1]，韩保财[2]，张晓霞[1]，许悦[1]，张玉冉[5]，李子玥[6]，于胜祥[1*]
（.植物多样性与特色经济作物全国重点实验室 中国科学院植物研究所 北京 100093；2.植被与气候变化全国重点实验室 中国科学院植物研究所 北京 100093；3.浙江农林大学林学院 杭州 311300；4.中南林业科技大学林学院 长沙 410004）
yushengxiang@ibcas.ac.cn

特有植物是生物多样性保护的核心，然而气候变化对其潜在分布格局的动态影响尚不清晰。本研究基于 8626 种，分布点≥5 的中国特有植物，共 678,667 条分布记录；利用 Maxent 物种分布模型，预测了未来两种气候情景下分布格局的动态变化。结果表明，未来两种气候情景下分别有 61.7%（SSP1-2.6）、65.6%（SSP5-8.5）的特有植物适生区面临收缩，濒危物种的占比明显上升，由当前 11.9%分别上升至 51.9%、58.9%；未来物种丰富度在青藏高原东南部将明显增加，而在南部部分区域有所减少；质心转移分析表明物种分布中心整体向西（40.7% vs. 43.2%）和西北（26.9% vs. 27.0%）方向迁移（SSP1-2.6 vs. SSP5-8.5），而且在 SSP5-8.5 气候情景下平均迁移距离更远，可达到 282.5km；研究还检测到年均降水量、气温季节性变化、最冷季度降水量是影响潜在适生区格局的关键气候因子；高丰富度-高周转率主要分布于横断山南部，高丰富度-低周转率集中在海南岛、云南南部等地；海南、云南南部和巴山-巫山等地物种丰富度高，但未来面临丰富度丧失风险，应加强核心保护区建设，建立长久保护机制。本研究综合考虑物种丰富度，物种迁移，周转率等因素，可为中国特有植物在气候变化下制定针对性保护对策提供支持。

关键词：中国特有植物；物种分布模型；气候变化；潜在适生区；保护对策

Taxon-dependent multisite species turnover in fragmented habitats: comparing zeta diversity across birds, butterflies, and cursorial hunting spiders

YU Shirui[1], ZHOU Yufeng[1], JIANG Qiyu[1], XIE Jie[1], WANG Yan[1], DU Qiwen[1], SHENG Shang[1], CUI Yaqian[2], ZHANG Kai[1], WEN Zhixin[2*], YU Hao[1*] and XU Yu[1,3*]

(1. School of Life Sciences, Guizhou Normal University, Guiyang 550025; 2. State Key Laboratory of Animal Biodiversity Conservation and Integrated Pest Management, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101;3. College of Ecology and Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037)

wenzx@ioz.ac.cn

Habitat fragmentation alters species diversity and reshapes community composition. However, conventional pairwise approaches to compositional variation (i.e., β diversity metrics) do not explicitly characterize how species sharing or turnover changes with the number of habitat patches. In addition, cross-taxon differences associated with variation in dispersal abilities and habitat requirements remain underexplored. Here, we examined zeta diversity, which quantifies species sharing and compositional turnover with an increasing number of patches (i.e., zeta order), for three taxa (i.e., birds, butterflies, and cursorial hunting spiders) in a fragmented urban landscape, based on survey data comprising 83 bird, 126 butterfly, and 79 spider species recorded across 30 remnant woodlot patches between 2017 and 2026. Birds showed a greater proportion of species occupying many patches than butterflies and spiders. Shared species declined with zeta order across all taxa, with steeper declines in butterflies and spiders at lower orders. As the order increased, shared species became increasingly likely to be retained across additional patches, particularly for birds. The explanatory variance of environmental factors in species turnover increased with order across all taxa. For birds, turnover was primarily driven by interpatch distance and two habitat composition factors (i.e., the proportions of woodlands and wetlands) across orders. Interpatch distance also appeared to be an important predictor for spiders, but not for butterflies. For both invertebrate groups, however, various other landscape and habitat characteristics influenced turnover, depending on zeta order. The findings suggest that patterns of species turnover in fragmented habitats are taxon- and order-dependent, likely reflecting changes in the relative contribution of rare versus widespread species due to differences in their dispersal abilities and habitat requirements. Our study highlights the need for taxon- and order-specific conservation strategies, such as maintaining habitat heterogeneity and improving landscape connectivity, to promote metacommunity persistence in fragmented habitats.

Keywords: Community differentiation; Dispersal ability; Habitat fragmentation; Habitat requirements; Multi-taxon

菌根真菌和根际细菌驱动相反的多样性-入侵性关系

许凌娜[1], 叶媚[1], 孙朝芳[1], 刘永俊[1], 凌宁[2], 吴纪华[1*]
（1 草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室，甘肃 兰州 730000；草地微生物中心/草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室，甘肃 兰州 730000）
wjh@lzu.edu.cn

当前，全球生物多样性持续丧失与外来植物入侵不断加剧，严重威胁生态系统稳定与生态安全。多样性阻抗假说认为，物种多样性可通过选择效应和互补效应增强本地群落对入侵的抵抗。有益微生物可能在这一关系中发挥关键调控作用，但具体影响尚不明确。本研究通过构建物种多样性为 1、4 和 8 种的本地群落，比较丛枝菌根真菌（AMF）与植物根际促生细菌（PGPR）对多样性-入侵抗性关系的影响。结果显示，AMF 通过增强入侵植物养分获取并抑制本地群落的选择效应，削弱多样性对入侵的抵抗作用；PGPR 则通过限制入侵植物养分吸收、促进高多样性群落中本地物种间的互补效应，增强入侵抵抗力。可见，有益微生物的效应并不一致，其功能身份能够改变多样性-入侵抗性关系，并为解释该关系在不同研究中表现不一致提供了新视角。在生物多样性保护和入侵生态管理中，应充分考虑土壤互利共生类群的功能差异，将其纳入本地群落构建、生态修复与入侵防控策略，以提升生态系统整体抗入侵能力。

关键词：丛枝菌根真菌（AMF）；互补效应；入侵阻抗；植物根际促生菌（PGPR）；土壤有益微生物；选择效应

海南热带雨林微生物群落的月际变化及其驱动因子

宋永轩[1,2]，魏亚情[1]，兰国玉[1,3*]
（国热带农业科学院橡胶研究所，海南 海口 571101；青岛农业大学园林与林学院，山东 青岛 266100；海南儋州热带农业生态系统国家野外科学观测研究站，海南 儋州 571737）
languoyrri@163.com

本研究以海南吊罗山热带雨林为研究对象，在低地雨林与山地雨林建立分别两块两块 100*100 的样地，每个样地选取 5 种优势种，每种采样设计三个重复，开展为期一年每月一次的月际采样，分别采集叶片与土壤两种生境的微生物样品。两块样地面临不同的环境胁迫：低地雨林主要受降雨胁迫，山地雨林主要受温度胁迫。

研究采用 16S rRNA 高通量测序技术，对叶片与土壤微生物群落进行组成与多样性分析，同时测定叶片和土壤的理化性质，对气候因子进行实时监测。在此基础上，比较两种雨林类型、两种生境下微生物群落的差异：基于 16S 高通量测序，比

较叶片与土壤微生物群落在两种雨林类型间的组成差异；分析 α 多样性与 β 多样性的月际变化及雨林类型、生境间的差异；通过 βNTI 判断群落构建过程（确定性 vs 随机性），揭示不同雨林类型和生境下群落构建机制的差异。

在此基础上，结合理化性质与气候因子，探究两类雨林、两种生境微生物群落差异的主要驱动因子，揭示降雨胁迫与温度胁迫背景下热带雨林微生物群落的响应规律。

关键词：微生物；月际变化；环境胁迫；生境

中国科学院生物多样性委员会
地址：北京市海淀区香山南辛村20号
邮编：100093
官网：http://www.cncdiversitas.cn/
邮箱：bc-cas@ibcas.ac.cn
电话：010-62836603/6629

