



第六届 全国生物多样性监测研讨会

2025.8.27-8.29 | 哈尔滨

摘要集



第六届全国生物多样性监测研讨会

论文摘要集

主办单位

中国科学院生物多样性委员会
中国科学院生物多样性监测与研究网络

承办单位

东北林业大学生态学院
东北亚生物多样性研究中心
中国科学院生物多样性监测与研究网络-森林网

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委员会 编辑

目 录

大会报告人摘要	5
旱区生态系统监测与模拟	5
中国生态系统联网观测研究体系的使命、现状、展望	5
中国迁徙水鸟监测的科学进展与保护建议	6
草原物种无人机识别技术	6
激光雷达技术在森林生态应用的现状与展望	7
中国两栖动物多样性监测及其对环境变化的响应	8
东北虎豹智慧监测与精准保护管理研究进展	9
长江江豚保护及智能监测技术进展	9
森林生物多样性长期监测与研究进展	10
专题 1. 脊椎动物多样性监测（召集人：肖治术）	11
云南省绿孔雀监测体系构建及进展	11
基于卫星追踪的东北地区红隼迁徙监测研究	11
中国哺乳动物新分布记录的分类学、时空格局及生态关联研究	12
利用环境 DNA 技术监测热带森林脊椎动物多样性及分析群落结构	13
峨眉山及周边区域脆蛇蜥种群状况及其生境选择	13
从生物完整性到食物网完整性：野生动物栖息地质量监测评价新方法	14
专题 2. 土壤动物多样性监测（召集人：吴东辉、张卫信）	15
帕米尔高原甲螨分类学研究	15
探地雷达在土壤生态学中的应用：蚯蚓分布与活动的无损监测新途径	16
城市化过程中不同用地类型对土壤真核生物多样性的影响	16
作物生境与非作物生境之间的蜘蛛多样性差异随纬度变化	17
以牧促恢复：绵羊放牧对松嫩退化草地土壤微食物网的调控机制	18
热带退化海岛生态系统土壤生物多样性与恢复	18
整合分类与功能多样性指标解析城市化梯度下土壤跳虫群落季节动态特征	19
长白山垂直自然带诺登爱胜蚓的生态适应性研究	19
东北地区蚯蚓分类学进展与蚯蚓分子标记开发	20
专题 3. 森林多样性监测（召集人：王绪高、陈磊）	21
浙江九龙山和乌岩岭常绿阔叶林动态监测样地概况	21
CFORBio 数据管理系统和野外数据采集 APP 简介	22
东北森林生物多样性及其与生态系统功能的多尺度关联	23
湿润而非干旱气候背景下生境片段化提高白蚁害虫风险	23
喀斯特森林生境异质性与群落物种多样性的关系	24

第六届全国生物多样性监测研讨会

哈尔滨 2025 年 8 月 27~29 日

江西特有井冈山杜鹃沿海拔梯度的环境适应性机制研究	25
死亡邻居的遗留效应对不同生活史阶段及菌根类型树木存活的影响	26
THE DIVERSITY OF UNDERSTORY VEGETATION AND SOIL MICROORGANISMS DRIVE SOIL MULTIFUNCTIONALITY IN TEMPERATE FORESTS UNDER NITROGEN ADDITION TREATMENTS	27
喀斯特季节性雨林优势树种非结构性碳水化合物分配格局及其环境适应	28
南亚热带森林大树死亡后地形依赖的土壤碳归宿	29
STRUCTURAL DIVERSITY ENHANCES THE TEMPORAL EFFECTS OF THINNING ON CARBON STORAGE IN PINE-OAK MIXED FORESTS	29
滇中高原半湿润常绿阔叶林凋落物产量时空动态及其影响因素研究	30
滇中高原半湿润常绿阔叶林不同演替阶段优势种子雨时空动态格局	31
锯齿姬蜂虻生活史研究	33
专题 4. 草原/荒漠多样性监测（召集人：赵玉金）	34
草地植物多样性遥感监测及其生态应用	34
草地灌丛化及过牧风险的多尺度遥感监测	34
南方草地退化评估及退化机制研究	35
植物多样性遥感监测及其应用挑战	36
草地植物多样性无人机高光谱遥感监测及其尺度依赖性	36
自注意力网络融合时空光谱的湿地多样性制图研究	37
HIGH-PRECISION ESTIMATION OF PLANT ALPHA DIVERSITY BY HYPERSPECTRAL DATA IN GRASSLAND	38
专题 5. 微生物多样性监测（召集人：高程）	39
基于平均共享方差系列 R 包的简介与微生物研究中的应用分析	39
亚热带人工林不同树种及混交组合对树木微生物组的影响	39
内蒙古半干旱草地生态系统植物和微生物群落对施氮干扰的弹性和抗性	40
西鄂尔多斯高原子遗植物叶际真菌的多样性研究	41
寒区城市湿地底栖硅藻物种多样性格局及群落构建机制——以哈尔滨市为例	41
菌根树种优势度通过调控多营养级互作影响外生菌根真菌群落结构	42
CONTRASTING PATTERNS OF MICROBIAL COMMUNITY DURING FOREST SUCCESSION BETWEEN PAKISTAN AND CHINA	43
LEAF SECONDARY METABOLITES MEDIATE NICHE PARTITIONING IN TROPICAL TREE PHYLLOSHERE MICROBIOTA	44
专题 6. 森林林冠生物多样性与生理生态过程监测（召集人：陈亚军）	46
MONITORING TROPICAL FOREST INSECTS IN THE 21ST CENTURY: CHALLENGES AND OPPORTUNITIES IN SE ASIA	46
LIGHT-DRIVEN DYNAMIC OPTIMAL ALLOCATION: THE ROAD FOR DIPTEROCARP TREES	

第六届全国生物多样性监测研讨会

哈尔滨 2025 年 8 月 27~29 日

GROWS AS LIGHT HUNTER	47
叶际微生物与叶功能性状对海拔梯度的适应	47
热带雨林林冠昆虫多样性维持与种间互作研究	48
FUNCTIONAL RATIOS DIVERGE ACROSS CLIMATES BUT CONVERGE WITHIN ENVIRONMENTS IN 55 WOODY CANOPY PLANTS	49
无人机遥感观测冠层水分胁迫和生产力的异质性	50
专题 7. 生物多样性监测、评估与保护政策（召集人：肖能文）	51
全国高等植物多样性格局与保护成效评估	51
滇中高原不同森林类型下大型真菌多样性时空动态变化研究	51
京津冀太行山区鸟类多样性分布特征及影响因素研究	52
“昆蒙框架”目标进展评估技术研究	53
面向“昆蒙框架”的生物多样性快速评估体系研究	53
生态文明视域下的浙江省生物多样性保护与可持续利用创新政策与特色实践	54
食物网视角下优先保护物种识别及其保护管理对策	54
生物多样性治理中的企业角色：监测、评估与政策优化	55
宁夏生物多样性友好指数构建研究与综合评估实践	55
YANGTZE FINLESS PORPOISE AS ECOLOGICAL WITNESS: FISHING BAN AS A NOVEL PATHWAY FOR FRESHWATER ECOSYSTEM RESTORATION.....	56
FROM-GLC PLUS 3.0：基于多模态及密集地表观测数据的土地覆盖制图.....	57
基于绿头蝇 iDNA 技术监测和评估哺乳动物多样性	58
香港港珠澳大桥项目马蹄蟹多年生态监测	59
专题 8. 大数据和人工智能驱动下的生物多样性监测新技术与信息化建设（召集 人：胡天宇）	60
基于无人机的草地物种多样性长期-协同监测与智能分析	60
活植物管理数字化体系建设	60
生物多样性调查与监测信息化技术应用——以茂兰大样地为例	61
智守万物：AI 驱动生物多样性智慧监测	62
活体昆虫多样性智能监测技术与信息化建设	62
生物多样性智慧监测技术探索与实践	63

大会报告人摘要

旱区生态系统监测与模拟

傅伯杰

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

bfu@rcees.ac.cn

旱区约占全球陆地面积的 45%，覆盖全球 35% 的生物多样性热点区和 20% 的植物多样性热点区。旱区生态系统结构和功能在气候变暖和人类压力共同作用下面临突破阈值和退化的风险，揭示环境变化对旱区生态系统和生物多样性的影响是生态学的前沿研究领域。本报告主要围绕以下几方面展开：（1）介绍干旱生态系统结构和功能属性监测体系，包括全球旱区 BIODESERT global survey 方法和中国北方及黄土高原旱区样带调查内容；（2）介绍环境变化对旱区生态系统影响的阈值模型进展，包括阈值点、阈值区间和阈值线；（3）揭示干旱生态系统与环境变化的互馈机制，介绍干旱增加、放牧压力及其共同作用对生态系统阈值的影响，探讨生态工程对多样性的影响。分析了黄土高原主要生态系统类型对降雨再分配、蒸散发、土壤水分、径流及碳储量的影响，揭示了生态系统变化对水文过程影响的空间分异规律。（4）提出未来相关热点方向及前沿科学问题。

中国生态系统联网观测研究体系的使命、现状、展望

于贵瑞

中国科学院地理科学与资源研究所, 北京 100101

yugr@igsrr.ac.cn

为了应对全球资源环境危机、探索全球环境治理模式、构建人类命运共同体、维持全球可持续发展，目前各种全球科学研究及行动计划都对大尺度宏观生态系统科学观测研究提出了紧迫需求。本报告围绕大尺度生态系统观测研究现状、支撑宏观生态系统研究的全球野外台站网络建设等内容，分析了网络建设、台站建设、联网观测技术、网络管理等方面的发展趋势。面对推进生态环境治理与生态文明建设、落实碳达峰-碳中和战略、监测国家自然保护地体系及生态安全屏障

的生态功效、监测生态系统五库功能、监管全域国土空间生态资产的国家需求，指出近期生态系统观测研究网络需要聚焦的四个重大科学问题，并提出了建设联网观测-联网实验-数值模拟-知识融合四位一体的新时代国家生态系统观测研究体系新构想。

中国迁徙水鸟监测的科学进展与保护建议

曹垒

中国科学院生态环境研究中心，北京 100085

leicao@rcees.ac.cn

亚洲湿地正经历全球最剧烈的变化，而流域尺度的证据依旧稀缺。依托中国科学院生物多样性监测与研究网络（Sino BON）-鸟类多样性监测专项网，研究采用卫星遥测技术等前沿方法，联合 14 国建立亚洲最大的迁徙鸟类运动生态数据库，同步监测水鸟及其栖息地，结合遥感与野外调查，揭示水鸟分布、行为与湿地特征的关联。研究整合了 42 种、2866 只迁徙水鸟的卫星遥测，与 6 大河流域 20 年的水文与土地利用资料。结果显示：中国不足 1.5 % 的湿地集中于 6 大河流域，支撑着 20 余国水鸟的停歇与越冬需求。研究进一步揭示，消落带面积是影响流域水鸟物种组成与丰度的首要因子；以三峡水库与洞庭湖为例，阐明水位调控既可削弱，也可提升栖息地适宜性。本研究强调水文过程对维系迁徙水鸟网络的关键作用，并提出将迁徙水鸟遥测与流域水文观测耦合的监测框架，建议我国牵头构建亚洲鸟类物联网，加强国际合作与流域综合管理，以保护湿地生态系统，支撑《生物多样性公约》《湿地公约》履约。

草原物种无人机识别技术

高吉喜¹，李敏²，万华伟¹，谢滢²，卢龙辉¹，王永财¹

（1.生态环境部卫星环境应用中心,北京 100094; 2. 中国科学院植物研究所，北京 100093）

gjx@nies.org

常规地面调查可获取高精度的草地生物多样性信息，但也存在成本高、破坏大的缺点。无人机因其灵活、快速获取高清草地图像的优势，越来越多被用于草

地生物多样性监测，在提升监测效率的同时，大大减少了对草地的人为扰动。为此，本研究系统开展了草地物种无人机识别技术研究。通过野外数据采集，构建了涵盖草甸草原、典型草原和荒漠草原的 177 个草地物种无人机识别样本库，开发了基于无人机的草地物种高清图像自动获取技术，构建了以图像匹配为基础的草地物种识别模型。经成本和效益比选，确立了草地物种无人机识别载荷选型、最适样地和样方大小、可见光和多光谱等遥感数据采集方式、物种参数提取等技术方法，形成《草地植物多样性无人机调查技术规范》，建立了草地物种识别 APP 和平台，经在呼伦贝尔、锡林浩特和鄂尔多斯试验表明，对可检出物种的数量比传统小样方提高 70%，比样线提高 30% 以上，调查时间缩短了 90%；基于无人机的草地物种智能识别模型可鉴定物种数量达到 70 种、准确度达到 88.6%。

激光雷达技术在森林生态应用的现状与展望

郭庆华

北京大学，北京 100871

guo.qinghua@pku.edu.cn

激光雷达（LiDAR）技术凭借其高精度三维信息获取能力，在森林生态研究中发挥了重要作用，尤其在生物多样性监测方面展现出独特优势。植物多样性领域中，LiDAR 能够捕捉植被垂直结构特征，进行高分辨率冠层高度和冠层复杂性制图，支撑大尺度多时相多样性评估；多平台近地面 LiDAR 获取的地形、枝干和冠层信息，能够更快速有效地进行植物功能性状三维量化，实现区域物种识别和物种丰富度预测；LiDAR 与高光谱数据的融合植被图是生物多样性保护和生态研究的重要信息来源。动物多样性领域中，LiDAR 可以刻画从单木到全球尺度的三维森林栖息地结构，如郁闭度、垂直层次等，助力于对森林三维属性如何影响动物活动迁徙、资源利用、运动模式及多度分布的理解。随着硬件与算法的进步，LiDAR 在生物多样性研究中的应用将不断深化。多光谱 LiDAR 可同步获取 3D 结构与光谱信息提升物种识别精度；多时相 LiDAR 与卫星数据融合增强动态监测能力；通过 LiDAR 枝干网络重建可以推动 3D 植物标本库建设；同步采集动物 3D 行为与栖息地结构数据有助于揭示生态机理；而深度学习模型可优化点云分类，进一步实现物种精准快速的自动识别。LiDAR 正推动研究范式从二维向三维、静态向动态、描述向机理转变，将在生物多样性保护与生态系统

管理中发挥更关键作用。

中国两栖动物多样性监测及其对环境变化的响应

江建平^{1,3,4} 李成¹ 谢锋¹ 朱未¹ 王斌¹ 赵天^{1,2} 钱天宇¹ 张美华¹ 郭雨鹃^{1,3}

1. 中国科学院成都生物研究所, 成都 610213;

2. 西南大学水产学院, 重庆 400715;

3. 中国科学院大学, 北京 生命科学学院, 北京 100049;

4. 西藏生态安全屏障生态监测站网芒康生物多样性与生态站, 西藏昌都 854500

两栖动物是脊椎动物中从水生到陆生的过渡类群, 其具有水陆双相生活史, 迁移能力弱, 对环境依赖性强等特点, 容易受到环境变化的影响, 是良好的环境指示类群。在中国, 两栖动物不断有新物种和国家新纪录种发表, 自2020年以来, 新增物种保持在28-45种/年, 表明中国两栖动物多样性明显被低估了; 另一方面, 中国两栖动物的受威胁程度是中国脊椎动物中最高的类群, 最新的《中国脊椎动物红色名录》评估发现37.05%的两栖动物受到威胁。这提示需要持续加强中国两栖动物的区系调查和分类研究, 同时需要持续推进其野外监测研究, 以便研究和分析两栖动物多样性变迁及其驱动因素。作为中国科学院生物多样性监测与研究网络的重要组成部分, 两栖(爬行)动物监测与研究专项网通过对11个典型样区中两栖(爬行)动物的组成、种群结构和动态进行长期监测和研究, 将野外数据与生态模型相结合, 探讨两栖爬行动物的种群现状、群落结构及其动态, 以及针对我国两栖爬行动物应对未来环境变化提出及时有效的保护管理对策。在两栖动物多样性时空动态变化研究, 极危两栖动物中国大鲵和濒危两栖动物大凉蟾的保护、环境DNA(eDNA)技术、无线电追踪技术, 以及两栖动物声纹识别技术开发与应用等方面取得了重要进展。探索了两栖动物对环境变化的即时响应机制, 包括温度、污染物、栖息地, 以及长期适应后的遗传响应机制。未来尚需持续加强监测网络建设, 研发和普及先进监测技术, 从法律法规层面强调两栖动物保护, 建设和优化保护区, 推进必要的迁地保护, 实现更多有效保护珍稀两栖动物资源的目的。

东北虎豹智慧监测与精准保护管理研究进展

姜广顺^{1,2}

1. 东北林业大学野生动物与自然保护地学院; 2. 国家林业和草原局猫科动物研究中心
jgshun@126.com

围绕东北虎豹等旗舰物种种群和栖息地保护的重大科技需求,本报告聚焦东北虎豹、猎物及其栖息地质量的足迹、花纹、行为、栖息地三维结构和营养景观的智慧监测技术研究进展,以及基于监测大数据平台的虎豹环境容纳量、野化潜力评估、声音发育、生态调控功能、哺乳动物群落结构和稳定性维持机制等保护管理理论的探索,分享研究团队近年的重要理论突破和技术创新进展,并介绍团队为国家和地方政府东北虎豹保护管理实践方面做出的技术支撑和服务工作。

长江江豚保护及智能监测技术进展

王丁

中国科学院水生生物研究所, 武汉 430064
wangd@ihb.ac.cn

长江江豚是我国长江特有的淡水鲸类。由于人类活动的影响,种群数量在过去几十年一直快速衰退,至 2017 年,仅剩约 1000 头,极度濒危。中国科学院水生所提出并一直坚持推动实施“就地”、“迁地”和“人工繁育”三大保护措施,为种群恢复奠定了坚实的基础。近年来,随着长江十年禁渔和长江大保护等政策的实施,其生存状况得到了一定程度的改善。2022 年长江江豚生态科学考察结果显示自然种群数量约 1249 头,实现了历史性的首次止跌回升。迁地保护种群持续发展至约 150 头,并成功实施了野化放归。同时,继 2005 年攻克江豚人工繁殖技术后,于 2018 年实现了二代成功繁育。当前,基于种群动态精准监测的人类活动协同管理已成为支撑江豚持续恢复的核心需求。我们依托三十余年长江江豚生物声呐信号观测及水下噪声特征研究积累,研制了全球首个小型齿鲸实时被动声学监测设备。采用 4 通道水听器阵列,实现了对长江江豚种群数量、位置及水下运动轨迹的实时监测,并将实时监测数据指挥无人机开展自动巡护,构建了声光融合的江豚实时智能监测技术体系,识别精度达 95%以上。据此推动在南京建立了首个水生生物智慧保护区管理系统,未来有望推广至长江江豚全部分布水域,建成流域尺度的智慧监测网络。

森林生物多样性长期监测与研究进展

王绪高

中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 110016

wangxg@iae.ac.cn

生物多样性是人类赖以生存的基础,然而由于气候变化以及人类对资源的过度利用,目前全球物种灭绝速率不断升高,显著降低生态系统服务,危及可持续发展目标的实现。森林占全球陆地面积的31%,但支撑了60%以上的陆地物种,是遏止全球生物多样性丧失的关键。本报告以森林生物多样性为主要对象,基于大型森林监测样地(>20ha)平台的长期定位观测,通过模型模拟、高级统计推断等手段,探讨森林生物多样性维持及其对生态系统功能的影响机制。在单营养级植物多样性维持方面,揭示种间关系、环境过滤和扩散限制等生态学过程对森林植物多样性格局的作用,明确影响森林植物多样性格局的内在机理;在多营养级植物多样性维持方面,探讨微生物、昆虫、植食动物对森林植物多样性维持的相对作用,丰富森林多营养级生物互作理论;在生物多样性功能方面,提出了“菌根类型优势度”新机制,解决了森林生物多样性与生态系统功能之间关系随空间尺度“由正转负”的难题,强调了土壤生物多样性、林分结构复杂性等对提高森林多重功能的重要性,为森林生态系统多重功能的维持和提升提供了科技支撑。

专题 1. 脊椎动物多样性监测（召集人：肖治术）

云南省绿孔雀监测体系构建及进展

潘越¹, 何娴¹, 赵雨梦¹, 吴飞*

中国科学院昆明动物研究所 昆明 650051

wufei@mail.kiz.ac.cn

绿孔雀是国家一级重点保护野生动物,中国现仅分布于云南。系列调查显示,其在云南的种群数量从上世纪 90 年代的 800 - 1100 只降至 2018 年约 500 只。尽管近年绿孔雀的种群数量有所恢复,2023 年全省种群数量估计已经超过 800 只,但除集中分布的元江上游区域外,其它片段化分布区种群数量持续下降,甚至局部消失。同时,仍存在有半数以上的绿孔雀种群不在保护区范围内,保护形势严峻。

现有绿孔雀监测体系存在覆盖不全、监测方法不统一等问题,直接影响了该物种的有效保护和管理措施实施,亟需建立统一、规范、系统的监测体系。为此,项目组在前期工作基础上,在全省 5 市(州) 12 县共计 13 个监测单元开展了系统性监测工作,构建了多技术协同的综合监测体系:基于 1744 个 0.5 km × 0.5 km 网格,整合 1030 台红外相机、140 台鸣声记录仪及样线调查形成综合监测网络,开发了影像与声纹自动识别系统,实现数据规范化管理。该体系为解析绿孔雀种群动态、实施精准保护提供了技术支撑。

关键词: 绿孔雀; 动态监测; 种群数量; 监测体系

基于卫星追踪的东北地区红隼迁徙监测研究

赵筱涛

东北林业大学野生动物与自然保护地学院, 哈尔滨 150040

1434944105@qq.com

野生动物迁徙监测是生物多样性保护与生态系统管理的重要基础,对掌握物种动态、制定科学保护策略具有关键意义。红隼(*Falco tinnunculus*)作为欧亚大陆广泛分布的猛禽,其迁徙与栖息地利用模式是区域生态变化的重要指标,系统监测可为鸟类保护提供依据。在 2021 年 7 月—2022 年 10 月,通过卫星追踪

技术监测东北地区红隼迁徙动态及栖息地利用, 结果如下: 1) 东北地区红隼迁徙路线存在差异, 低纬度地区红隼秋迁、春迁距离与高纬度地区红隼相比较高, 且低纬度红隼的迁徙时间晚于高纬度地区的红隼。2) 红隼活动面积与停留天数之间不存在显著差异 ($p>0.05$)。红隼秋迁中途停歇地 50% dBBMM 活动范围为 (1.54 ± 0.28) km², 红隼春迁中途停歇地 50% dBBMM 活动范围为 (5.10 ± 4.86) km²。监测到红隼秋迁停歇总时长平均为 (16.1 ± 6.3) d, 春迁停歇总时长平均为 (7.7 ± 6.3) d, 且春迁停歇地活动范围更大、时间更短。3) 雌雄红隼对栖息地忠诚度有别: 雄性对越冬地和繁殖地忠诚, 雌性仅忠诚于越冬地, 繁殖地选择更灵活。监测还发现, 红隼在越冬地停留约占整个生活史周期的 1/2。4) 在红隼 50% dBBMM 活动范围中, 全年偏好利用耕地, 约占 55.64%。本次基于卫星追踪技术对东北地区红隼进行迁徙监测研究, 所获迁徙路线、栖息地偏好等数据, 为针对性制定红隼迁徙保护措施、优化栖息地管理方案提供了重要科学依据。

关键词: 红隼; 卫星追踪; 迁徙路线; 栖息地; 土地利用类型

中国哺乳动物新分布记录的分类学、时空格局及生态关联研究

丁晨晨^{1#}, 丁家乐^{2#}, 乔慧捷³, 蒋志刚^{3*}, 王志恒^{1*}

1. 北京大学 城市与环境学院 北京 100871;
2. 新疆师范大学 地理科学与旅游学院 乌鲁木齐 830054
3. 中国科学院动物研究所 北京 100101;

共同第一作者

*王志恒, zhiheng.wang@pku.edu.cn, 蒋志刚, jiangzg@ioz.ac.cn

物种的地理分布是生物地理学、宏观生态学与保护生物学研究的基础。然而, 关于物种在空间与时间上的分布范围仍存在不完整或不准确的认识, 即“华莱士缺口”(Wallacean shortfall), 严重制约了我们对生物多样性格局与过程的理解。本研究系统整合了 2001 至 2023 年间中国境内 150 个哺乳动物物种的 192 条省级新分布记录, 涵盖 7 个目、26 个科, 旨在揭示其分类学、时空及生物地理格局, 并探索驱动新记录发现的生态因子。在物种层面, 采用贝叶斯系统发育广义线性混合模型评估物种性状与环境因素对新记录发生的影响; 在省级层面, 采用泊松回归模型分析调查努力、物种丰富度和社会经济变量对新记录数量的影响; 并通过卡方检验评估新记录的空间方向性偏倚。结果显示, 翼手目 (69 条)、猬形目 (26 条) 和啮齿目 (23 条) 贡献了最多的新记录, 云南、广东和西藏为记录最

集中的地区；小体型和夜行性的物种更易产生新分布记录，新记录数量与物种丰富度及当前调查努力显著正相关 ($r > 0.5$, $p < 0.05$)；40.7%记录向北扩展，21.3%向东扩展，存在显著的空间方向性偏倚 ($\chi^2 = 183.8$, $df = 7$, $p < 0.01$)。本研究强调亟需加强对物种丰富但调查不足地区，以及对体型小、夜行性和数据缺乏类群的监测。通过整合物种性状、气候和社会经济因素，本文提出了一个识别新分布记录发生概率的分析框架，为缓解华莱士缺口提供科学依据，并为生物多样性调查和监测及保护管理提供科学支持。

关键词：生物多样性调查；哺乳动物；新分布记录；取样偏倚；物种分布；物种性状；华莱士缺口

利用环境 DNA 技术监测热带森林脊椎动物多样性及分析群落结构

蔡望，杨洁

中国科学院西双版纳热带植物园，云南勐腊 666303

yangjie@xtbg.org.cn

环境 DNA (eDNA) 技术因其高灵敏度、非侵入性及成本效益，在近年成为生物多样性监测的重要工具。热带森林作为地球上物种最丰富的生态系统，其脊椎动物多样性正面临栖息地丧失与气候变化的多重威胁。本研究结合空气、水体与蚂蚁样本，通过高通量测序与生物信息学分析，评估热带森林中哺乳类、鸟类、两栖类、爬行类与鱼类的多样性及群落结构，并探讨其环境驱动因子。结果表明，eDNA 可有效监测不同类群脊椎动物的空间分布格局，并揭示小尺度食物资源分布与中尺度栖息地质量（如森林类型与人为干扰）对群落结构的影响。本研究展示了 eDNA 在热带森林生态系统中的应用潜力，为生物多样性监测、生态保护与管理提供了重要科学依据。

峨眉山及周边区域脆蛇蜥种群状况及其生境选择

蔡波*，齐银

中国科学院成都生物研究所 成都 610041

* caibo@cib.ac.cn

脆蛇蜥(*Dopasia harti*)是主要分布在中国的受胁爬行动物，为国家二级重点保护野生动物。然而到目前为止，脆蛇蜥野生种群资源状况和生境偏好尚未开展

系统调查和监测。作者近年来对峨眉山及周边区域进行了问卷调查,并根据问卷调查结果在其出现点进行了实地调查,设置样方以探究其生境选择。对调查问卷结果及实地调查的数据分析后发现:在峨眉山及周边地区,脆蛇蜥野生种群数量曾经因人为捕捉和栖息地变化等原因普遍下降,其分布从峨眉山及周边 600~1200m 广大区域,已退缩至高桥镇、绥山镇、龙池镇、黄湾镇、华头镇和柳江镇 800~1 200 m 狭小区域。脆蛇蜥偏向选择中低海拔地区、半阴半阳坡、距水源大于 50 m、草本高度大于 6 cm 且植被覆盖率为 10%~75% 土壤疏松的阔叶林中;其受到的干扰因子主要为道路建设和种植业。基于上述结果,建议优化道路建设,避免破坏脆蛇蜥栖息地;推广生态友好产品种植,推广自然生态旅游,减少对脆蛇蜥栖息地的破坏;以及加强对周边民众的科普教育,提高人们的保护意识。

关键词: 脆蛇蜥; 野生资源; 生境选择; 峨眉山; 栖息地

从生物完整性到食物网完整性:野生动物栖息地质量监测评价新方法

李星醇, 周学红*

东北林业大学野生动物与自然保护地学院, 哈尔滨, 150040

Lixingchun0612@126.com

生物完整性 (Biological Integrity) 是评估生态系统健康的核心概念,反映了生物群落在物种组成、多样性及功能组织上接近自然本底状态的程度,是生态系统稳定性的重要基础。经典的生物完整性指数主要从物种组成、营养结构和生物健康状况等方面进行评价,尽管其在群落水平的评价方面发挥重要作用,但仍缺乏系统层面的整体评估方法,难以满足当前野生动物栖息地质量精准监测的需求。本研究通过整合物种组成完整性与结构功能完整性两个维度,创新性地提出了“食物网完整性”概念及其定量评价方法——食物网完整性指数 (Food Web Integrity)。该指数涵盖食物网拓扑结构、营养结构等多维指标,可系统评估特定生态系统食物网维持其原始或近原始状态的能力。基于该创新指数,本研究选取我国森林、草原和荒漠三大典型生态系统的代表性自然保护区为研究案例,定量构建其陆生哺乳动物食物网,并评估其食物网完整性水平。本研究为野生动物栖息地质量监测提供了新的评价方法,为生态系统健康评价和自然保护区管理提供了重要的科学依据和技术支撑。

关键词: 生物完整性; 食物网; 完整性; 结构

专题 2. 土壤动物多样性监测（召集人：吴东辉、张卫信）

帕米尔高原甲螨分类学研究

刘程林

中国科学院东北地理与农业生态研究所，长春 130102

liuchenglin@iga.ac.cn

帕米尔高原位于中亚地区，横跨塔吉克斯坦、中国、阿富汗、吉尔吉斯斯坦和巴基斯坦。该高原平均海拔达 4000 米以上。作为中亚地区的生态高地，其独特的地理位置和极端的环境条件使其成为生物多样性研究的重要区域。甲螨属于蛛形纲（Arachnida）蜱螨亚纲（Acari）疥螨目（Sarcoptiformes）甲螨亚目（Oribatida），是一类起源古老的节肢动物。截至 2024 年底，全球共记述甲螨 166 科、1328 属（亚属）、11628 种（亚种）。然而，此前关于帕米尔高原甲螨的分类学研究相对匮乏，仅报道甲螨 33 科 44 属 54 种，亟需进行更加深入和系统的分类学调查工作。本研究对帕米尔高原代表性生境进行野外考察，采集甲螨标本，依据形态特征鉴定出该区域甲螨 35 科 61 属 94 种，其中包括 26 新种，塔吉克斯坦 17 新纪录科、42 新纪录属、49 新纪录种，吉尔吉斯斯坦 2 新纪录科、2 新纪录属、3 新纪录种，中国 4 新纪录属、8 新纪录种。连同已有分布文献记录，本研究共记述帕米尔甲螨 46 科 83 属 129 种。在区系组成方面，帕米尔高原甲螨分布类型有 9 种，其中仅分布于古北区的物种最多，有 90 种，占总数的 69.77%，其次是古北区+新北区分布，有 16 种，占总数的 12.40%；世界广布种次之，有 9 种，占总数的 6.97%；帕米尔高原特有种有 29 种，占总数的 22.48%。本研究进一步揭示了帕米尔高原甲螨物种多样性组成，为该地区动物多样性、生物地理学研究以及生态保护等提供了重要的依据。

关键词：甲螨亚目；新种；分类学；帕米尔高原

探地雷达在土壤生态学中的应用：蚯蚓分布与活动的无损监测新途径

王鑫^{1, 2}, 申智锋^{1, 2}, 常江辉^{1, 2}, 葛梓晨^{1, 2}, 张卫信^{1, 2*}, 傅声雷^{1, 2*}

1. 河南大学地理科学与工程学部 开封 475004;

2. 河南大学地理科学学院 开封 475004

*weixinzhang@139.com; fsl@henu.edu.cn

蚯蚓作为“生态系统的工程师”，是土壤生态过程的重要调控者，其分布活动直接影响土壤结构形成和养分循环。传统蚯蚓监测方法（如挖掘法）效率低、破坏性强，难以实现大规模、动态化观测。本研究提出基于探地雷达的无损监测新方法，通过分析电磁波在土壤中的散射特征，结合蚯蚓与土壤的介电差异，实现蚯蚓分布及活动轨迹的探测。初步结果表明，探地雷达能有效探测蚯蚓空间位置及活动变化，但存在技术限制：分辨率不足；信号干扰导致图像解析困难；且仅能估算群体数量，无法鉴别物种。尽管该方法存在局限，但其创新地为土壤生态学研究提供了一种高效、原位、可持续的监测工具。在长期观测和土壤健康评估方面展现出独特优势。未来将进一步优化信号解译算法；建立不同生态型与物种蚯蚓的电磁特征数据库；拓展至不同土壤类型及多物种互作场景的应用验证。

关键词：探地雷达；蚯蚓；土壤生态学；无损监测；介电特性

城市化过程中不同用地类型对土壤真核生物多样性的影响

马尚飞^{1, 2}, 龚鑫¹, 上官华媛^{1, 3}, 姚海风^{1, 3}, 王滨¹, 李志鹏¹, 孙新*,

1. 中国科学院城市环境研究所城市环境与健康重点实验室/福建省流域生态重点实验室 福建 厦门 361021;

2. 河北大学生命科学学院 保定 071000;

3. 中国科学院大学 北京 100049

*xsun@iue.ac.cn

为探究城市土壤真核生物的多样性特征及其环境驱动因素，本研究在宁波市选择了两种非城市用地（森林与农田）和五种城市用地（公园绿地、绿化带、工业区绿地、居民区绿地和医院绿地），解析了五种关键土壤真核生物类群（真菌、原生生物、线虫、节肢动物和环节动物）的多样性对城市化和不同城市绿地类型的响应规律。研究结果显示，总体真核生物在城市绿地中的丰富度显著低于农田，其中城市绿地土壤中节肢动物的丰富度显著低于森林用地，城市绿化带土壤中原

生生物的丰富度下降最为明显。土壤真核生物的 β 多样性在森林、城市绿地以及农田三种生境中存在显著差异，其中节肢动物与原生生物在城市绿地中的异质性最高，而五种城市绿地间除了环节动物外的其余土壤真核生物 β 多样性无显著差异。所有土壤真核生物类群在不同用地之间的差异主要由 β 周转组分来驱动的。土壤 pH 和总磷含量可能是影响土壤真核生物群落多样性变化的主要驱动因子。其中，真菌和环节动物的丰富度与土壤 pH 呈负相关，土壤 pH、质地以及含水率也会降低原生生物丰富度，而总磷含量升高则与原生生物丰富度呈正相关。总体上，城市绿地可能导致真核生物类群均质化，通过土壤改良等手段提升土壤理化属性的空间异质性，从而为城市土壤真核生物多样性的提升创造可能。

关键词：城市化；土地利用；土壤真核生物；土壤 PH；土壤总磷含量

作物生境与非作物生境之间的蜘蛛多样性差异随纬度变化

邓茗岑

西南大学，重庆 400715

amanda041317@hotmail.com

非作物生境通过提供食物资源、适宜的微生境和越冬栖息地，为农田生物提供了庇护所。它们常常充当物种库，造成了作物生境和非作物生境之间群落组成的差异（ β 多样性）。众所周知，全球总 β 多样性随纬度降低而增加，扩散能力也会影响 β 多样性。由于气候的多变性，在低纬度地区扩散限制将占主导地位，而在高纬度地区环境过滤作用会更强。随着纬度的升高，扩散效应会减弱。然而，作物生境和非作物生境之间的差异如何随纬度变化尚未可知。我们选取了中国东部农区的 177 个区域（50 m²×50 m²），对三种生境类型（耕地、杂草地和人工林）进行了空间研究。我们采用单位面积吸虫器法对蜘蛛群落进行调查。我们比较了蜘蛛群落的稀疏丰富度；利用广义线性混合模型（GLMM）分析了生境和纬度对丰富度的影响；使用线性模型拟合了随着纬度升高，作物生境与非作物生境之间 β 多样性变化的情况。结果表明，（1）非作物生境的稀疏丰富度高于作物生境；（2）生境和纬度对丰富度的影响程度各不相同。总体而言，随着纬度的升高，作物生境与非作物生境之间的 β 多样性降低，这说明非作物生境的作用逐渐减弱。因此，有必要根据实际情况在农业生态系统中维护和保护非作物生境。

关键词：稀疏丰富度； β 多样性；天敌

以牧促恢复：绵羊放牧对松嫩退化草地土壤微食物网的调控机制

杨菁婧

大庆师范学院，黑龙江大庆 163712

732209861@qq.com

全球 49% 的草地正遭受不同程度的退化，其支持土壤生物多样性、土壤微食物网和生态系统服务的能力受到严重威胁。尤其我国在草地退化不断加剧的背景下仍进行大面积放牧的现状，重视草地退化状态和放牧的耦合情况尤为重要。尽管人们直观地认识到家畜放牧会对退化草地的土壤居民产生负面影响，但这一问题尚未得到明确的科学关注。基于以上国情，本研究开展不同草地退化阶段的土壤微食物网对家畜放牧响应的研究，分析不同草地退化阶段土壤微食物网的变化规律，探讨家畜放牧对土壤微食物网的调控作用，最终揭示不同草地退化阶段土壤微食物网对家畜放牧的响应规律。本研究有助于提出基于自然的解决方法利用大型草食动物作为生态系统工程师的调控能力，有效改善退化草地的土壤微食物网结构和功能，为在利用中恢复草地生态系统多种功能和服务提供重要的见解，并为实际的草地适应性管理奠定全面坚实的科学基础。

热带退化海岛生态系统土壤生物多样性与恢复

吴文佳

中国科学院华南植物园，广州 510650

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，非洲大蜗牛入侵主要通过影响土壤养分资源的可获取性，从而削弱了季节对土壤生物（微生物、线虫和螨虫）的影响。（2）自然植被土壤受细菌控制的能量通道控制，而人工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。

整合分类与功能多样性指标解析城市化梯度下土壤跳虫群落季节

动态特征

胡莎莎, 李志鹏, 孙新*

中国科学院城市环境研究所城市环境与健康重点实验室 厦门 361021

*xsun@iue.ac.cn

城市化对地表生物多样性产生了深远的影响。然而,城市生态系统中土壤生物多样性的空间和时间动态尚未得到充分研究。跳虫作为土壤生态系统中的关键分解者,是评估城市土壤生物群落关键驱动因素的良好指标。我们通过在春季、夏季和秋季比较森林与三个典型的城市绿地(草地、绿化带、居民区)中的跳虫群落情况,以探究城市化对跳虫群落季节动态的影响。我们发现与森林相比,城市化总体上降低了跳虫的分类多样性,但这种变化未伴随着功能多样性的下降。此外,绿化带和居民区的季节性波动比森林更为剧烈,而草地的季节性波动则相对较低。这与居民区和绿化带功能群的季节性更替强度高于草地有关。我们的研究表明,城市生态系统中跳虫群落季节性特征具有很强的系统特异性,最终导致了不同栖息地的群落形成过程的差异。未来需要更多关注城市化对跳虫群落的影响,以全面理解土地利用变化对土壤生态系统的长期效应。

关键词: 城市化; 跳虫; 季节动态

长白山垂直自然带诺登爱胜蚓的生态适应性研究

肖婷婷

东北师范大学, 长春 130024

xiaott070@nenu.edu.cn

山地约占陆表面积的 1/8 (除南极外), 却为超过 1/3 的生物提供栖息地。海拔梯度是形成山地结构与功能、导致生态过程变化的地形要素之一, 能够引起气候、土壤等生态因子在较短距离内的巨大变化 (例如, 温度沿海拔的变化速率是其沿纬度变化速率的 1000 倍), 从而对生物群落产生作用。明确典型土壤动物分布的时空模式, 尤其是对特定生态梯度 (如海拔梯度差异) 的适应过程, 对于理解土壤动物的生态偏好、进化策略以及山地地下生物多样性的维持机制至关重要。本研究以长白山垂直自然带优势蚯蚓物种诺登爱胜蚓为研究对象, 在厘清诺

登爱胜蚓谱系关系的基础上,分析其种内功能性状沿海拔梯度的变异,揭示环境-遗传-性状间的内在关联。结果发现,长白山诺登爱胜蚓种群在基因上分化为两个遗传谱系;谱系间的体型(体长、体宽、长宽比及生物量)、化学元素组成(碳浓度、氮浓度、磷浓度、碳氮比、碳磷比、氮磷比)、稳定同位素含量($\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$)均表现出显著差异;海拔更多地解释了诺登爱胜蚓的形态变异,而谱系更多地解释了其化学计量特征的变异;我们进一步评估了诺登爱胜蚓生态位沿海拔的变化,发现两个谱系的生态位在整个垂直自然带上差异不显著,但在特定海拔上两谱系共存时生态位的重叠度较低,表明它们共存时通过生态位分离利于共存;基因上的分化与功能性状上的差异共同支持了诺登爱胜蚓种群在长白山存在隐存种的观点,为理解土壤动物适应海拔梯度的策略提供了重要的理论支持。

东北地区蚯蚓分类学进展与蚯蚓分子标记开发

赵慧峰^{1*}, 韩恩典², 刘敏¹, 秦明艳², 李江妮¹, 张玉峰^{1*}, 吴东辉^{2*}

1. 河北省动物多样性重点实验室, 廊坊师范学院 廊坊 065000;

2. 东北师范大学环境学院 长春 130117

通讯作者邮箱: 赵慧峰 zhaohf@lnu.edu.cn; 张玉峰 qqzyf123@126.com; 吴东辉

wudonghui@iga.ac.cn

蚯蚓作为土壤中的工程师,对土壤有着巨大影响。东北黑土地被誉为土壤中的大熊猫,土壤质量极高。然而,对黑土有重大影响的蚯蚓却未得到研究者的重视,尤其是最为基础的蚯蚓分类学工作在过去的 30 年基本无人问津。比如在分类学快速发展的 21 世纪,东北蚯蚓分类工作依然未见起色。得益于科技部基础资源调查项目,我们近些年对东北地区的蚯蚓分类学开展了系列工作,通过整合经典形态学性状和分子数据(线粒体基因与核基因)的方法,我们使得东北地区蚯蚓物种数在原有基础上增加了 64% (原来三科六属 25 种,目前三科六属 41 种,新增 16 种),特有种增加了 140% (原来 5 种,新发现 7 种)。东北地区幅员辽阔,长白山和大小兴安岭地区存在众多的地理隔离,未来我们将在东北开展更为细致的采集,相信还会有更多的蚯蚓新种会被报道。此外,我们还开发了蚯蚓的 80 个核基因分子标记,便于未来开展蚯蚓的系统发育学和生物地理学的工作。

专题 3. 森林多样性监测（召集人：王绪高、陈磊）

浙江九龙山和乌岩岭常绿阔叶林动态监测样地概况

于明坚，王云泉，韦博良

浙江大学生命科学学院，杭州 310058

fishmj@zju.edu.cn

中国森林生物多样性监测网络（CForBio）始建于 2004 年，系统覆盖了中国从寒温带到热带的纬向地带性森林类型，是全球森林生物多样性长期定位监测的重要平台。本报告对近期加入中国森林生物多样性监测网络的九龙山中山常绿阔叶林样地和乌岩岭次生常绿阔叶林样地及其相关研究成果进行简要介绍。两个样地严格按照 ForestGEO 和 CForBio 的统一监测标准完成了样地建设和首次全面调查，并测定了土壤理化性质，布设了种子雨凋落物收集器和幼苗框，同步开展了红外相机和土壤-空气温湿度监测。

九龙山样地位于浙江九龙山国家级自然保护区内，于 2023 年启动建设，2024 年完成第一次群落调查，样地面积 30 公顷，最低海拔 1390.9 米，最高海拔 1681.5 米，最大高差 290.6 米，首次调查共记录有近 18 万株独立个体。样地为典型的中山常绿阔叶林，优势种为多脉青冈（*Cyclobalanopsis multinervis*）、木荷（*Schima superba*）和猴头杜鹃（*Rhododendron simiarum*）等，还有南方红豆杉（*Taxus wallichiana* var. *mairei*）和鹅掌楸（*Liriodendron chinense*）等国家重点保护野生植物。

乌岩岭样地位于浙江乌岩岭国家级自然保护区内，始建于 2012 年，面积为 9 公顷，2013 年完成第一次群落调查，分别于 2018 年和 2023 年完成两次复查，最低海拔 869.3 米，最高海拔 1144.6 米，最大高差 275.3 米。首次调查共记录有超过 7 万株独立个体，为典型的次生常绿阔叶林，群落优势种为甜槠（*Castanopsis eyrei*）、褐叶青冈（*Cyclobalanopsis stewardiana*）、鹿角杜鹃（*Rhododendron latoucheae*）和木荷（*Schima superba*）等。已于 2024 年扩建至 15 公顷。

CForBio 数据管理系统和野外数据采集 app 简介

唐治喜

中国科学院植物研究所 北京 100093

tangzhixi@ibcas.ac.cn

中国森林生物多样性监测网络（CForBio）目前已覆盖我国多个典型森林生态系统的 31 个大样地，其长期监测遵循每 5 年一次的周期性调查机制，工作量大，数据多样，同时也需要方便样地之间的比较，因此对生物多样性监测和数据管理采用统一规范进行管理尤其重要。但目前传统纸质记录与分散式数据管理模式逐渐暴露出效率低下、标准不统一、多源数据异构性强等问题，严重制约了跨样地数据可比性及长期动态分析的可靠性。针对上述挑战，CForBio 结合实际现状和需求开发了野外数据采集 APP 和数据管理系统，既融入了原数据管理的优点，也克服了传统纸质调查弊端。数据管理系统及数据采集 APP 均聚焦单木调查、生长环观测、种子雨记录、幼苗监测、草本藤本调查等主要监测场景，融合传统纸质数据双录入比对机制，利用软件特性智能配置与样地及监测内容精准匹配的校验规则，显著提升数据录入和数据校准效率；同时支持历史表格数据及移动终端实时采集数据的双向批量导入，实现多源数据的标准化整合与统一管理；数据管理系统与移动终端技术的融合，构建了一套覆盖数据采集、处理到共享的全流程解决方案。系统采用多角色分级权限控制，严格规范数据采集-校对-核查-共享的全生命周期闭环管理，有效降低移动终端采集误差与纸质数据二次录入差错率。作为面向大样地长期监测的专业工具，CForBio 数据管理系统及野外数据采集 APP 为大样地生物多样性监测提供了高效、安全的数据采集和管理方案，将极大的提高整个森林网监测工作效率和数据精度。

关键词：CForBio；野外数据采集 APP；CForBio 数据管理系统；样地监测；动态调查

东北森林生物多样性及其与生态系统功能的多尺度关联

张春雨

北京林业大学, 北京 100083

zcy_0520@163.com

聚焦东北温带天然林生态系统, 系统阐述了生物多样性分布格局、驱动机制及其与生态系统功能的关联研究成果。研究绘制了 1 km×1 km 高分辨率树种多样性分布图, 揭示出长白山、张广才岭等区域物种丰富度较高, 而大兴安岭区域丰富度较低的空间格局。 β 多样性研究发现, 其随纬度升高显著下降, β 偏差则呈非单调模式, 在约 50°N 处达峰值, 降水相关变量是主要驱动因素, 且空间尺度对这些模式影响显著。

关于生物多样性与生产力关系, 多维度生物多样性(分类、功能、系统发育多样性)的作用具有空间尺度依赖性: 小尺度下系统发育多样性主导生产力, 大尺度时分类多样性影响更突出; 长期人为干扰会削弱分类和功能多样性对生产力的提升作用(尤其幼龄林)。在碳固存稳定性方面, 多维度生物多样性通过物种异步性和空间异步性等保险效应增强多尺度稳定性, 而温度变异性因降低生物多样性对生态系统稳定性产生负面影响。多功能性(EMF)的研究表明, α -EMF 主要由树木 α 多样性驱动, 草本 α 多样性影响较弱; β -EMF 则受树木和草本 β 多样性共同促进, 两者通过提升 α -EMF 和 β -EMF 协同增强区域 γ -EMF, 证实多层植物多样性在不同空间尺度上对维持 EMF 的关键作用。

以上研究为温带天然林的生物多样性保护、可持续管理及生态系统功能维持提供了重要科学依据。

湿润而非干旱气候背景下生境片段化提高白蚁害虫风险

巫东豪^{1,2}, 刘聪³, Fernanda S. Caron⁴, 罗媛媛⁵, Marcio R. Pie⁶, 于明坚², Paul Eggleton⁷,
储诚进¹

(中山大学生态学院¹, 浙江大学生命科学院², 美国哈佛大学比较动物学博物馆³, 巴拉那联邦大学动物学系⁴, 中国计量大学生命科学学院⁵, 英国边山大学生物学系⁶, 英国自然历史博物馆生命科学部⁷)

donghao_ecology@zju.edu.cn

白蚁是陆地生态系统的主要无脊椎动物类群之一, 广泛分布于热带至温带地区, 其总生物量几乎等同于人类。作为重要的生态系统工程师, 白蚁承担凋落物分解、土壤扰动、植物更新等关键的生态系统功能。然而, 部分白蚁种类在森林、

农田、城市等系统中造成严重危害，其直接经济损失每年高达 150~400 亿美元。此外，至少 28 个白蚁种类被列为重要的全球入侵物种，它们随木材远洋贸易等方式扩散到其他大陆，不断侵害城市设施与森林生境。研究表明，生境片段化会促进白蚁害虫种类在群落中的优势度，但气候变化的作用目前尚不明晰。在当前全球气候变化与生境片段化背景下，它们对于白蚁群落组成及害虫优势度的交互作用亟待研究。

当代共存理论研究表明，环境与资源异质性会促进物种适合度与生态位的分化与权衡，进而提升竞争能力强的物种在优质生境中的优势度。因此，气候变化与生境片段化可以通过改变白蚁群落的种间竞争强度，从而影响害虫种类的优势度。基于此，本团队基于岛屿生物地理学和群落构建机制等理论，搜集全球大陆与海洋岛屿的白蚁群落组成、功能性状与谱系数据，探讨气候因子如温度、降水与生境因子如面积、隔离度对群落结构（功能与谱系距离）和害虫优势度的交互作用，进而推断不同气候条件下种间竞争对于塑造片段化生境中白蚁群落的作用差异。结果表明，湿润气候区中竞争作用是群落构建的主要机制，而干旱地区中环境过滤或扩散限制是主要机制。降水通过提升强竞争能力物种在连续或大面积生境斑块中的优势度，从而排除竞争能力弱的物种，导致共存物种在功能性状（或谱系）上更加相似（或相近）。因此，生境片段化在湿润气候下会显著降低竞争作用，最终提升害虫种类在白蚁群落中的优势度。热带湿润地区目前正面临森林丧失与降水减少，两个事件将互相推进。在双重因素的胁迫下，白蚁群落中竞争能力强且对环境敏感的物种可能将进一步丧失，导致害虫爆发的机率逐渐增高。因此，湿润气候区应尤为注重对原始森林的保护，提升植树造林面积，以此来维持与保护白蚁群落的生态功能，降低害虫种类爆发的风险。

关键词：岛屿生物地理学；群落构建机制；竞争作用；环境过滤；扩散限制

喀斯特森林生境异质性与群落物种多样性的关系

税玉民

中国科学院昆明植物研究所，昆明 650201

ymshui@mail.kib.ac.cn

不同物种对生境的适应性选择促进了物种的多样化，生境异质性是物种多样化的重要原因之一。本研究对 25 ha 古林箐动态样地的样地生境状况进行了区分，即对石灰岩雨林的基质异质性进行评估，然后根据调查结果选择其中较为连续的极端生境区域（4 个石生境与 5 个土生境）的植物群落作为研究对象，接着对选取

的样方中的乔木层群落状况进行野外调查与比较分析。结果显示，喀斯特地区高度特异化的基质环境中植物群落发生了显著的分化，石生境与土生境群落中占据优势的物种明显不同，且在一种生境中居于优势的物种往往在另一种生境中居于劣势（石山银钩花，石生境重要值：17.56,土生境重要值：0.67），表明在喀斯特地区生境异质性对物种多样性的形成有着重要的作用。生境异质性对植物群落结构与功能的影响研究，不仅有助于揭示不同环境条件下植物多样性形成与维持的机制，还能够积累关键的基础数据，为后续在不同空间尺度上开展群落生态学研究提供参照，对生态系统健康评估具有重要参考价值。

江西特有井冈山杜鹃沿海拔梯度的环境适应性机制研究

叶林江

景德镇学院，江西景德镇 333499

yelinjiang@jdzu.edu.cn

全球气候变化深刻影响着植物对环境的生存适应，杜鹃花属植物因其丰富的多样性种类及生境适应性成为环境适应性研究的理想类群。井冈山杜鹃作为江西特有物种，面临气候变化与人为干扰的双重威胁，对其适应机制研究具有重要科学价值与保护意义。

本研究通过对 5 个海拔的井冈山杜鹃叶片功能性状及其相应的转录组分析，解析井冈山杜鹃沿海拔梯度的适应策略。结果显示，叶面积和比叶面积对海拔响应最敏感（可塑性系数 0.89、0.84），多数性状沿海拔呈显著线性关系，且叶厚度与比叶面积为核心聚类性状，碳磷比可能起关键调控作用。VPA 与通径分析表明，土壤与海拔共同解释 32.9% 的性状变异，其中土壤 pH 为首要调控因子。主成分分析显示高、低海拔样本性状差异显著，低海拔偏向性状构建，高海拔则侧重资源利用，表现出不同的适应性策略。基于转录组差异表达分析筛选出大量海拔响应基因，主要富集于次生代谢、碳代谢、光合作用、氧化应激等通路。

本研究整合形态与分子数据揭示了井冈山杜鹃沿海拔的适应机制，不仅为其物种资源保护提供了依据，也丰富了非极端海拔环境下物种对环境的适应性认识。

死亡邻居的遗留效应对不同生活史阶段及菌根类型树木存活的影响

高俊峰^{1,2}, 张悦^{1,2}, 姚裕珺^{1,2}, Daniel F. Petticord³, 任海保¹, 米湘成¹, 马克平¹ 陈磊^{1,2*}

¹中国科学院植物研究所植被与环境变化国家重点实验室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;

²中国科学院大学, 北京 100049

³康奈尔大学生态与进化生物学系, 纽约州伊萨卡 14853, 美国

*chenlei@ibcas.ac.cn

同种密度制约 (conspecific negative density dependence, CNDD) 对森林群落物种共存的影响仍存在争议, 部分原因在于其作用强度随植物菌根类型和生活史阶段呈现变化, 且传统研究长期忽视了周围死亡邻居的遗留效应。本研究基于亚热带 24 公顷森林动态监测样地的幼苗与成树存活数据, 通过构建邻居效应模型, 量化了活体 CNDD (即存活同种邻居密度对植物存活的影响) 与遗留 CNDD (即近期死亡同种邻居对植物存活的影响) 的相对重要性, 并分析二者在不同菌根类型 (丛枝菌根 AM vs. 外生菌根 EcM) 和生活史阶段 (幼苗 vs. 成树) 的差异。研究表明, 植物菌根类型显著调控了活体与遗留 CNDD 随生活史阶段变化的相对重要性。具体而言, AM 物种在幼苗阶段表现出比 EcM 物种更强的活体 CNDD; 而在成树阶段, 两类菌根类型均呈现出显著的稳定化遗留 CNDD 效应。此外, 尽管两种 CNDD 强度存在种间差异, 物种多度对这种变异的解释力有限。这些结果暗示了活体 CNDD 主要由自然天敌驱动, 而遗留 CNDD 更可能与资源竞争有关。综上所述, 本研究揭示了活体与遗留 CNDD 在不同生活史阶段协同作用以维持森林多样性, 强调了将遗留效应纳入物种共存理论框架的必要性。

关键词: 密度制约; 遗留效应; 生活史阶段; 菌根类型; 物种多度

不同功能群植物叶际和根际微生物多样性

王蕾^{1,2,3,4}, 刘志理^{1,3,4*}, Cécile BRES², 金光泽^{1,3,4}, Nicolas FANIN²

¹ 东北林业大学生态学院 150040;

² INRAE, Bordeaux Sciences Agro, UMR 1391 ISPA, 71 avenue Edouard Bourlaux, CS 20032,

F33882 Villenave-d'Ornon cedex, France;

³ 东北林业大学东北亚生物多样性研究中心 150040;

⁴ 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 150040.

* liuzl2093@126.com

目的: 本研究旨在评估叶际和根际群落的多样性和组成, 探讨四种不同植物功能群和植物器官之间微生物群落组成的重叠性, 并了解微生物与植物之间的适应度匹配关系。

方法: 对不同植物功能群(针叶、阔叶、灌木和草本)和器官(叶和根)的微生物进行测序, 获取其微生物多样性和群落结构, 并分析其在不同环境下的差异, 旨在确定不同环境条件下核心微生物类群。

结果: 在所有植物功能群中, 根际的细菌和真菌多样性高于叶际。此外, 根际细菌种类的相似性高于叶际, 这表明叶片表面对微生物群落组成施加了更大的选择压力。与较高的植物功能群相比, 草本植物的细菌和真菌种类的重叠性更高。这表明, 随着植物体型的减小, 植物器官之间微生物群落的相似性增加。有趣的是, 在四个植物功能群中, 叶际和根际共享的核心微生物类群相对相似。 α -变形菌门(Alphaproteobacteria)和座囊菌门(Dothideomycetes)是叶际的优势类群, 而 α -变形菌门(Alphaproteobacteria)和伞菌门(Agaricomycetes)是根际的优势类群。

结论: 本研究揭示了植物微生物组中关键微生物类群的普遍性和重要性, 突出了驱动共同进化模式, 同时塑造不同器官和功能群的生存、发育和选择的核心微生物。

关键词: 叶际; 根际; 不同植物功能群

The diversity of understory vegetation and soil microorganisms drive soil multifunctionality in temperate forests under nitrogen addition treatments

Xin Peng

Northeast Forestry University, Ha'erbin 150040

18905380589@163.com

Atmospheric nitrogen (N) deposition is the main driving factor of global climate change affecting the stability and function of forest ecosystems. Understory vegetation and soil microbial communities are essential components in forest ecosystems. However, the respective contributions of understory vegetation and soil microbial communities to soil multifunctionality (SMF) under long-term N addition are still poorly understood. In this study, we carried out a 15-year N addition

experiment in a temperate forest to assess how N inputs influenced the diversity and community structure of understory vegetation and soil microorganisms, and how these factors affected SMF. Our results showed that N addition significantly reduced the α -diversity of both understory vegetation ($P < 0.0001$) and soil microorganisms ($P < 0.005$), and led to a decline in SMF. Structural equation modeling indicated that N addition indirectly inhibited SMF by decreasing soil pH and altering biodiversity, rather than exerting a direct effect. Microbial diversity—particularly bacterial α -diversity—was positively associated with SMF. In contrast, there was a nonlinear relationship between understory vegetation diversity and mean SMF, which had a significant negative effect at low thresholds (e.g., 20%). Moreover, long-term N inputs weakened the linkage between above-ground and belowground communities. These findings highlighted bacterial diversity was a key regulator of multifunctionality under N addition, and further offered new insights into biotic mechanisms that maintain ecosystem function under anthropogenic nutrient inputs.

Keywords: nitrogen addition; soil multifunctionality; understory vegetation; soil microorganisms; temperate forest

喀斯特季节性雨林优势树种非结构性碳水化合物分配格局及其环境

适应

钟艺倩

中国科学院广西植物研究所，广西桂林 541006

3315997239@qq.com

本研究以广西弄岗喀斯特季节性雨林优势树种为对象，通过测定 15 hm²样地内 81 种植物叶片及样地外 6 种树种器官（叶、枝、干、根）的非结构性碳水化合物（NSC、可溶性糖、淀粉）含量，探讨优势树种 NSC 分配格局和季节动态特征以及环境适应性。结果表明：（1）6 种树种的 NSC 和淀粉含量表现为树根>树干>叶片>枝条，可溶性糖为树根>叶片>树干>枝条，根系是喀斯特植物主要储存器官；植物旱季的平均 NSC 和淀粉含量显著低于雨季，可溶性糖略高但差异不显著；（2）NSC 及其组分含量在物种和科间差异显著，其中水螵花科、蔷薇科等植物 NSC 含量较高；旱季叶片 NSC 及组分含量高于雨季，且 NSC、可溶性

糖季节差异显著；常绿植物的 NSC 储存能力高于落叶植物，灌木 NSC 和淀粉含量显著高于乔木；（3）叶片 NSC 及组分在 3 个生境间呈现出山顶>中坡>洼地的分布格局，木质密度、叶厚度和海拔等与其呈正相关；（4）通过聚类分析将 81 种植物分为三类：第一类（18 种）有较高 NSC 和可溶性糖，适应干旱；第二类（56 种）低 NSC 但数量多，适应性强；第三类（7 种）有较高的淀粉含量，反映碳资源充足。研究表明植物优先分配碳资源到根系以提高环境适应性，物种特性、降水的季节变化以及不同功能类群对植物的碳分配有影响，此外还受到生境条件和多种生态因子的影响。本研究揭示了喀斯特植物通过调整 NSC 的分配以适应环境变化，为森林碳循环研究提供了参考依据。

南亚热带森林大树死亡后地形依赖的土壤碳归宿

张东旭，郑毅，冯瑜茗，叶万辉，练琚愉*

中国科学院华南植物园，广州 510650

*lianjy@scbg.ac.cn

气候变化情境下，大树死亡事件日益频发，已成为影响森林碳汇功能的重要扰动事件。大树死亡不仅将大量生物量碳输入土壤，还通过林窗效应重塑土壤水热条件，这将对土壤碳库产生强烈影响，进而决定森林系统表现为碳源或是碳汇。目前，驱动大树死亡后土壤碳库变化方向的关键过程尚不清楚。基于广东省鼎湖山 20 公顷森林动态监测样地，我们选取了 6 种新死亡的大树个体，结合土壤碳组分分析和微生物测序，揭示了大树死亡后土壤碳库的变化方向具有明显的地形依赖性；地形通过调节树木死亡对林下环境的扰动，影响着微生物对碳源的利用策略，进而驱动着土壤碳库向碳源或碳汇的转变方向。该研究为理解森林土壤碳库在气候变化情景下的响应过程提供了关键视角。

Structural diversity enhances the temporal effects of thinning on carbon storage in pine-oak mixed forests

Zi'ao Liang^a, Xiangfu Wang^{b*}, Yu Li^a, Xuehong Ma^c, Yuanhui Li^b, Li Li^d, Wenting Dong^b, Qilin Sheng^e, Weifeng Wang^{a*}

^a Co-innovation Center for Sustainable Forestry in Southern China, College of Ecology and Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing, Jiangsu 210037, China

^b Northwest Surveying and Planning Institute of National Forestry and Grassland Administration,

*Key Laboratory National Forestry Administration on Ecological Hydrology and Disaster
Prevention in Arid Regions, 'Xi'an 710048, China*

^c College of Life Sciences, Nanjing Forestry University, Nanjing Jiangsu 210037, China

^d Bamboo Research Institute, Nanjing Forestry University, Nanjing Jiangsu 210037, China

^e Ningdong Forestry Bureau, Ankang, 711603, China

As a key silvicultural practice, thinning affects carbon storage dynamics, but the role of structural complexity, species composition, and functional traits in post-thinning recovery remains unclear. In this study, effects of structural, species, and plant trait diversity on ecosystem carbon storage (including live trees, litter, and soil) with post-thinning recovery were examined for pine-oak mixed forests in Qinling Mountains, China. We found that total carbon storage declined initially (4-year; $112.32 \pm 8.51 \text{ Mg} \cdot \text{ha}^{-1}$) but recovered to pre-thinning levels ($131.70 \pm 10.34 \text{ Mg} \cdot \text{ha}^{-1}$ vs. $134.81 \pm 9.40 \text{ Mg} \cdot \text{ha}^{-1}$) by 12-year. A similar trend was observed in non-spatial structural diversity (Gini coefficient of DBH), emerging as the primary mechanistic driver of carbon storage changes during recovery, accounting for up to 68% of the variance. The variation of spatial structure (Mingling, size dominance, and uniform angle index) showed no significant influence on carbon storage. Our findings highlight managing forests for structural complexity could enhance carbon sequestration in the context of global change.

Keywords: Thinning recovery; Biodiversity; Forest structure; Plant trait diversity; Carbon storage

滇中高原半湿润常绿阔叶林凋落物产量时空动态及其影响因素研究

王丹

云南大学, 昆明 650091

2722534758@qq.com

森林凋落物作为生态系统物质循环的关键载体,其动态特征直接反映了系统能量流动与养分平衡过程。本研究以滇中高原半湿润常绿阔叶林为研究对象,通过构建动态监测大样地网络 (n=310 个凋落物收集器),开展为期 1 年的连续观测,系统解析了不同演替阶段凋落物产量的季节动态格局及其驱动机制。主要研

究结果如下：（1）年际尺度上，演替早期森林凋落物年产量（7626.72 kg/ha）显著高于晚期阶段（7324.71 kg/ha），其中叶凋落物在两组分中均占主导地位（早期：63.55%；晚期：59.51%），其次为枝皮（早期：26.11%；晚期：22.41%）；（2）季节动态方面，早期群落呈现显著的双峰模式（峰值出现在 3-4 月与 7-8 月），而晚期群落则表现为单峰格局（峰值集中于 3-4 月）；（3）通过 20m×20m 样方尺度的多因子分析发现，早期群落凋落物产量主要受生物因子调控（均匀度指数、有效磷 AP 和胸高断面积），而晚期群落则更多受生物-地形因子协同作用（海拔、全氮 TN 和胸高断面积）的影响。本研究揭示了演替过程中群落结构与生境因子的交互作用对凋落物时空格局的塑造机制，为亚热带森林生态系统功能评估提供了科学依据。

滇中高原半湿润常绿阔叶林不同演替阶段优势种种子雨时空动态格局

王晓凤

云南大学，昆明 650091

3063560200@qq.com

半湿润常绿阔叶林是中国亚热带地区常绿阔叶林的西部亚型，是以滇中高原为代表的半湿润气候区的地带性植被类型，其优势种的种子雨动态对森林更新和群落演替具有关键影响。本研究基于滇中高原半湿润常绿阔叶林样地群中火后演替中期的珠江源样地和演替后期的雕翎山样地的一年种子雨监测数据，对优势树种种子雨的时空分布特征、种间差异和样地间差异及其驱动因素进行系统分析。结果表明：1）雕翎山样地的滇石栎和珠江源样地的元江栲种子量大幅高于其他种，所有优势种都存在大量的败育种子。2）壳斗科优势种中，高山栲和滇青冈种子质量最低，白穗石栎和元江栲最高，珠江源元江栲种子质量显著高于雕翎山。3）云南松种子雨期集中在 3-7 月，其他种则集中在 9-12 月。4）与最近母树的距离、母树年龄、母树数量是种子雨收集器种子数量的极显著影响因素。本研究有助于深入理解森林演替过程中种子扩散的早期阶段特征，为滇中高原常绿阔叶林的生态恢复与生物多样性保护提供理论依据。

Phylogenetic pattern provides the insight of biogeographical complexity: an approach of three ForestGEO dynamics plots with old-growth forests in Asia

HUANG Hong¹, SHUI Yumin^{1*}, HUANG Hua¹, LI Buhang², WANG Xugao³, XU Kun¹, and
CHEN Wenhong¹

1.Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences Kunming 650201, China

2.Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

3. Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shengyang 110016, China

*ymshui@mail.kib.ac.cn

Aims: To determine the phylogenetic structure and phylogenetic distance between three forest types that range from frigid - temperate to tropical regions based on dynamic forest plot data.

Location: China

Taxon: Vascular plants

Methods: We examined the phylogenetic distances among three plots across China. We considered two alternative metrics: the mean pairwise distance (Dpw), which is sensitive to basal branching in the phylogeny, and the mean nearest taxon distance (Dnn), sensitive to terminal branching. Furthermore, to obtain the standardized effect - size measures of Dpw and Dnn, we contrasted the observed values of these metrics with those expected under “taxa.labels” null models with randomized phylogenetic differences. We used the net relatedness index (NRI) and the nearest taxon index (NTI) of co - existing species within the plot at three taxon levels to calculate metrics of the phylogenetic structure, and seven null models were used to obtain the standardized effect - size measures of NRI and NTI.

Results: (a) the NRI and NTI results are positive, indicating phylogenetic clustering based on three taxonomic levels in GLQ plot; The negative NTI and NRI values indicated that the family, genus and species in YLXS plot were phylogenetically overdispersed (except for the NTI at species level); We found no consistent patterns of phylogenetic structure based on different taxonomic levels in CBS plot. (b) the NTI and NRI for three plot was statistically distinct from each other based on three taxonomic levels (except for the NTI at species level). (c) Contrary to expectations, the values of SES.Dnn and SES.Dpw reveal that the GLQ plot and CBS plot are

closely clustered, which are then grouped with the YLXS plot.

Main conclusions: The old - growth forests of China exhibit two patterns across different plots, which are the phylogenetic clustering at the basal and terminal parts of the phylogenetic tree at lower elevations (a strong competitive environment) and basal overdispersion and terminal clustering at higher elevations (a stressful environment). Phylogenetic dissimilarity between plots was more strongly influenced by differences in environmental characteristics than by geographical distances. Nevertheless, the phylogenetic diversity and structure of all vascular plants in dynamic plots spanning from the Paleotropics to the Holarctic remain unresolved, and further research is required considering the complex biogeographic history and species evolution.

Keywords: Competitive interaction; Environmental filtering; Forest plot data; Old - growth forests; Phylogenetic distances; Phylogenetic structure

锯齿姬蜂虻生活史研究

张灿

云南大学, 昆明 650091

imshizhe@163.com

锯齿姬蜂虻 (*Systropus denticulatus* Du, Yang, Yao & Yang, 2008) 隶属于蜂虻科 (*Bombyliidae*), 弧蜂虻亚科 (*Toxophorinae*), 姬蜂虻族 (*Systropodini*), 姬蜂虻属 (*Systropus*)。姬蜂虻属是一类专性寄生刺蛾科昆虫的蜂虻, 其雌性成虫会直接把卵产在寄主刺蛾的体表, 一龄幼虫孵化后钻入寄主体内, 一龄幼虫大部分时间在寄主体内度过, 二、三龄幼虫转移至寄主体外。其在取食完寄主后在寄主茧内化蛹, 羽化前会利用蛹头部结构顶开刺蛾茧预留的羽化盖。姬蜂虻成虫拟态肿跗姬蜂亚科 (*Anomaloniinae*) 的姬蜂。本研究详细记录了锯齿姬蜂虻的生活史, 填补了姬蜂虻族生活史的长期空白, 并揭示了一种全新的寄生昆虫发育模式。

专题 4. 草原/荒漠多样性监测（召集人：赵玉金）

草地植物多样性遥感监测及其生态应用

赵玉金¹, 吴智胜¹, 陈文贺¹, 白永飞¹

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, 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, 然后利用在整个蒙古高原取样的 1609 块 25 ha 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。

草地灌丛化及过牧风险的多尺度遥感监测

王洁

中国农业大学, 北京 100091

jiawang178@cau.edu.cn

草地灌丛化及过度放牧是影响草原生态系统生物多样性的关键过程, 但是受数据限制, 其影响机制尚不明确。本研究针对草地灌丛化及过度放牧空间监测数据缺乏的问题, 结合多源遥感监测手段, 探究遥感在这两个关键过程监测方面的

应用潜力。通过整合 PALSAR、Sentinel-1、Sentinel-2、Landsat 影像及气候环境变量, (1) 开展了全球典型地区草地灌丛化的遥感监测研究, 表明了不同区域灌丛化特征以及遥感监测差异规律; (2) 根据草地植被对放牧牲畜的响应规律, 结合遥感信号的时空波动特征, 构建了区域尺度草地过牧风险遥感监测方法, 实现了我国草甸草原、典型草原过牧风险的时空连续监测。研究结果为草原生物多样性变化的驱动机制研究提供了数据支撑。

关键词: 草地灌丛化; 生物多样性; 多源遥感; 过牧风险; 时空变化

南方草地退化评估及退化机制研究

段江华

云南大学, 昆明 650091

18844632670@163.com

气候干旱和人类不合理利用造成了广泛的草地退化现象, 并导致生物多样性维持和生态系统服务功能被削弱。中国南方草地广泛而相对破碎地分布于中国南方和西南山地, 降水季节性、起伏地形和日益增强的人为干扰(如放牧)加剧了草地的脆弱性, 对南方草地生态系统的可持续管理构成主要挑战。草地退化的定量评估和机制分析是维持草地结构功能稳定性的前提。本研究基于对滇东北典型南方草地的野外调查、采样和实验分析, 对比层次分析法 AHP 和主成分分析 PCA 的两种方法分析建立草地退化评价等级指标体系, 并探索草地退化不同阶段的主导过程和驱动因素, 发现 AHP 和 PCA 两种方法显示了南方草地植被和土壤对退化过程的相似规律, 但 AHP 方法对不同退化程度的指标变化更为敏感。在轻度退化阶段, 草地植被高度、可口牧草种类的重要值、总生物量及其地上部分下降, 群落结构和生产力首先发生退化; 在中度退化阶段, 草地生产力退化加剧, 群落的功能群组成以及水分-养分限制下的资源分配策略转变, 禾草类和莎草类生物量降低, 豆科和杂类草显著增加, 群落根冠比显著增加; 在重度退化阶段, 群落结构和功能已经无法维持, 植被覆盖显著降低, 土壤养分流失, 土壤质地显著改变。基于南方草地退化过程的时空异质性及生态机制, 建议依据地形适配性和不同退化阶段特征, 合理恢复和可持续利用南方草地生态系统。

植物多样性遥感监测及其应用挑战

曾源^{1,2}, 郑朝菊¹, 许聪¹, 赵平^{1,2}, 任龙^{1,2}, 付颖^{1,2}, 周兆福^{1,2}, 赵雪茗^{1,2}, 武金琛^{1,2}, 杨世杰^{1,2}, 李明渊^{1,2}, 赵玉金^{3,2}, 赵旦^{1,2}, 吴炳方^{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. 中国科学院植物研究所 饲草种质高效与利用全国重点实验室, 北京 100093

zengyuan@aircas.ac.cn

生物多样性是提供生态系统服务与维持生态系统功能的基础, 其中绿色植物是地球生物多样性的重要组成部分。传统的植物多样性调查可获取点尺度以及局部区域的多样性瞬时值, 但很难反映大范围植物多样性的动态变化。随着新型遥感平台和高分辨率地面—近地面—机载—星载传感器的不断涌现, 遥感技术在空间和时间角度极大拓展了对于不同生态系统植物多样性的定量监测能力。本文围绕物种、功能、基因三个生物多样性核心维度, 分别聚焦于植物物种多样性的假说和算法, 植物功能性状的提取与功能多样性建模, 以及光谱特征与系统发育多样性的敏感性分析, 结合实例系统综述了植物多样性遥感监测技术的研究进展。随后, 针对森林、草地、湿地和农田生态系统分别探讨了植物多样性遥感监测方法的适用性。最后, 总结并展望了遥感技术在植物多样性监测研究中的前沿与未来趋势。综合“天空地”各种观测技术手段的特点和优势, 发展植物多样性遥感核心监测指标与数据产品, 探讨多样性监测的时—空—谱尺度问题, 构建适用于不同生态系统类型的植物多样性外推模型, 实现大范围植物多样性的快速、准确监测是未来研究的重要方向。加强遥感学家与生物多样性研究者之间的沟通与合作, 有助于将遥感技术与生物多样性研究更紧密地结合, 推动生物多样性监测和保护的科学发展。

草地植物多样性无人机高光谱遥感监测及其尺度依赖性

吴智胜

中国科学院植物研究所, 北京 100093

wuzhisheng21@mailsucas.ac.cn

有效监测草地生物多样性是草地资源保护与可持续利用的关键。尽管基于成像光谱的光谱多样性 (SD) 已被广泛用于预测植物物种多样性, 其效果仍存争

议，尤其受采样样方大小、空间分辨率与光谱范围等尺度因素制约。与此同时，SD 与反映绿色生物量的光谱指数（如 NDVI）能否协同提升预测能力，尚缺乏系统检验。本研究以中国科学院内蒙古草原生态系统定位研究站长期氮添加试验平台为依托，利用无人机成像光谱数据，系统评估了在不同采样样方大小与空间分辨率下，整合 SD 指标与 NDVI 预测植物物种丰富度的有效性。我们比较了三种归一化方式（无、局部、全局）以及分段光谱整合策略（可见光、红边、近红外）对“SD—丰富度”关系的影响；进一步在样方面积（1、4、9、16、25 m²）与空间分辨率（2、10、20 cm）组合下，分别考察单用 SD、NDVI 及二者联合的预测精度；并量化不同样方面积下 SD 与 NDVI 的相对贡献。结果表明：一是不同 SD 指标对应的归一化方式并不一致；二是分段光谱的整合可明显提升物种丰富度的预测表现；三是随样方面积增大，部分 SD 指标的预测精度下降，而空间分辨率的影响整体较小；四是 SD 与 NDVI 联合建模在各尺度上均优于单因子模型，且随样方面积增大，绿色生物量的重要性持续提升。本研究为在多尺度情境下联合利用 SD 与绿色生物量开展草地生物多样性高效、可扩展监测提供了方法学依据与实践参考。

自注意力网络融合时空光谱的湿地多样性制图研究

赵平

华中农业大学，武汉 430070

pingzhao96@outlook.com

有效保护高山湿地生态系统需要快速进行植物多样性（PD）制图，以确定风险区域并指导及时干预。利用多光谱卫星图像时间序列（SITS）的遥感方法为湿地 PD 大规模制图提供了有效的替代方案。无人机（UAV）技术和 SITS（具有每日米级分辨率）的发展为弥合地面调查样方与卫星观测之间的尺度差距，实现 PD 的跨尺度制图提供了新的机会。在这项研究中，我们开发了一个结合实地样方调查、无人机航拍和 PlanetScope 卫星影像，使用机器学习算法进行高山湿地 PD 制图的综合框架。我们通过增强实测样本质量和融合跨尺度时空变异性信息，建立最优的 PD 制图方案，并通过为期两年的生长季 PD 实地调查来验证该框架的有效性。结果表明：（1）在无人机尺度上，草本物种分类模型的总体准确率为 0.82，基于分类结果估计 PD 的 R² 为 0.79；（2）在景观尺度上，我们提出的 SAWPD-Net 模型实现了最高的 PD 制图精度（R²=0.72，RMSE=0.19），与基线方法相比，R²提高了 3.6%~26.3%，RMSE 降低了 5.3%~20.8%；（3）9 月的平均气温和入侵物种覆盖率对解释 PD

的空间格局最为重要。总之，我们的框架提供了一种可扩展的解决方案，显著增强了湿地生态系统 PD 监测的有效性。

High-precision estimation of plant alpha diversity by hyperspectral data in grassland

李雯，彭羽

中央民族大学, 北京 100081

23302590@muc.edu.cn

The accurate estimation of plant alpha diversity is essential for understanding ecosystem dynamics and promoting biodiversity conservation. This study explores the use of hyperspectral remote sensing data collected by UAVs to estimate plant diversity in the Hunshandak Sandy Land, Inner Mongolia, a temperate continental monsoon region characterized by arid climates and desertified landscapes. Field surveys were conducted in two areas with different vegetation covers, collecting data on plant species richness, height, and coverage. Four plant alpha diversity indices—species richness, Shannon-Wiener index, Simpson index, and Pielou's evenness index—were calculated using field data. A total of 70 spectral vegetation indices were compiled from literature, and additional remote sensing indicators such as texture parameters and principal component analysis values were derived from hyperspectral imagery. Spearman correlation analysis and random forest models were applied to evaluate the relationships between plant alpha diversity indices and remote sensing metrics across gradients of NDVI and species richness. Results showed significant correlations between spectral indices and plant diversity, with higher correlations observed in low and medium NDVI gradients. Shannon-Wiener and Simpson indices exhibited similar variations across gradients, while richness showed stronger correlations in high NDVI environments. This study highlights the potential of UAV-based hyperspectral data for biodiversity monitoring, emphasizing the importance of selecting appropriate vegetation indices to overcome challenges related to vegetation cover and community complexity. The findings provide a foundation for developing accurate and efficient ecological monitoring models for the Hunshandak Sandy Land and similar ecosystems.

Keywords: plant diversity; hyperspectral; vegetation index; remote sensing; grassland

专题 5. 微生物多样性监测（召集人：高程）

基于平均共享方差系列 R 包的简介与微生物研究中的应用分析

赖江山

南京林业大学

平均共享方差（average shared variance）方法是一种用于定量解释多元模型中各解释变量相对重要性的新思路。2022 年我在 MEE 发表论文提出了该方法的理论框架，并据此开发了系列 R 语言扩展工具包，包括 rdacca.hp（典范排序分析）、glmm.hp（广义线性混合模型、多元线性回归）、gam.hp（广义可加模型）、phylolm.hp（系统发育广义线性/线性模型）以及 spatialreg.hp（空间自相关模型）。这一系列 R 包为生态学与环境科学研究中复杂模型的解释提供了统一且直观的量化工具。迄今为止，相关研究成果已发表系列论文 5 篇，所开发的 R 包已在全球范围内被 1800 余项研究采用，应用领域涵盖生物多样性维持机制、群落构建过程、功能性状与环境等研究，以及近年来快速发展的微生物群落结构与功能解析。本文将简要介绍该系列方法与 R 包的原理、功能和典型应用案例，展示其在生态学、环境科学和微生物学研究中的广泛价值与应用前景。

关键词：平均共享方差；变量相对重要性；R 语言；生态模型；微生物群落

亚热带人工林不同树种及混交组合对树木微生物组的影响

杨浩，周飞华，张晗烁，邱旖婷，陈晓钰，钟文，郑勇*

福建师范大学湿润亚热带生态地理过程教育部重点实验室，福州 350117

* zhengy@fjnu.edu.cn

通过树种选择或树种组合方式造林有助于提高人工林生产力，增强森林碳汇功能。树木微生物组主要包括根际和叶际微生物群系，是促进树木生长、驱动森林物质循环的关键因素。（1）基于同质园试验，利用高通量测序技术，比较研究了 13 个树种的微生物组多样性。研究发现，树木叶际、根系、根际土壤等部位的微生物多样性存在显著差异，根际土壤的细菌多样性最高，而真菌的多样性在叶际最高。树种特性显著影响叶际和根际土壤的细菌和真菌多样性以及根系中真菌多样性，但对根系中细菌多样性无显著影响。不同部位的微生物群落组成差异

明显，且叶际微生物群落的变异度显著大于根际。(2) 基于树种菌根类型长期试验，开展了树木微生物组及其功能研究。结果表明，丛枝菌根(AM)树种的叶际、根系及表层土中真菌的丰富度显著高于外生菌根(EM)树种；真菌残体对土壤有机碳(SOC)的贡献显著高于细菌残体；EM 森林土壤微生物源碳的分解更剧烈，推测亚热带 EM 森林不利于稳定性 SOC 的积累。研究从树木微生物组的角度阐释不同树种影响土壤碳汇的微生物机制，可为树种甄选、组合优化以提高亚热带人工林生态功能提供重要科学依据。

关键词：残体碳；菌根类型；微生物多样性；微生物群落生态学；叶际微生物

内蒙古半干旱草地生态系统植物和微生物群落对施氮干扰的弹性和抗性

杨巍

中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所，北京 100081

yangwei@caas.cn

陆地生态系统地上、地下生物多样性正以前所未有的速度下降，超过一定阈值的氮沉降被认为是生物多样性丧失的主要驱动因素之一，但是其对地上地下群落稳定性（抵抗力和恢复力）的影响仍不清楚。本研究通过内蒙古半干旱草原生态系统为期 10 年的模拟氮沉降实验，研究了两种草地管理策略下（围封或刈割）不同施氮量对地上植物群落和地下微生物群落弹性和抗性的影响。研究结果揭示了植物和微生物群落对施氮干扰的响应差异：1) 植物对施氮干扰的抗性随施氮量增加而增加，但微生物对施氮干扰的抗性与施氮量无关；2) 植物对施氮干扰的抗性高于微生物，但其对施氮干扰的弹性低于微生物。此外，我们进一步揭示了生态系统弹性和抗性的两面性：在群落水平上，弹性和抗性之间存在着极为显著的权衡关系，但在个体水平上，优势的植物或微生物同时拥有高的弹性和抗性。该研究为在氮沉降压力下，地上地下生物多样性保护和恢复提供了重要理论基础。

西鄂尔多斯高原孑遗植物叶际真菌的多样性研究

王永龙

内蒙古科技大学包头师范学院,

wylongceltics@163.com

植物叶际真菌对于维持植物的健康生长、生态系统的多样性和稳定性具有重要作用,然而,目前我们对西鄂尔多斯高原珍稀孑遗植物叶际真菌的多样性和分布格局还知之甚少。本研究选择该地区主要的 7 种孑遗植物为研究对象,开展其叶际表生与内生真菌的多样性和群落结构研究。结果表明,在西鄂尔多斯区域内,孑遗植物的叶际表生真菌和内生真菌主要由子囊菌门、毛霉菌门和担子菌门组成,但是在不同的孑遗植物之间的相对多度分布存在一定的差异。植物种类显著影响叶际表生真菌和内生真菌的丰度和群落组成;不同宿主的叶际表生真菌指示 OTU 及植物-优势 OTU 的配对偏好性较多,对叶际表生真菌的选择作用更加强烈。并且,通过随机森林模型可以准确的预测叶际表生真菌和内生真菌之间的标志 OTU。此外,植物生长时间以及生长地点对不同生态位下的叶际表生真菌和内生真菌的群落组成具有显著影响。孑遗植物表生真菌和内生真菌的群落构建是确定性过程和随机性过程协同作用的,随机过程主要是以漂变和扩散限制为主,确定性过程主要以同质化选择为主。并且,植物物种或生态位影响了叶际微生物的生态过程相对重要性。本研究初步揭示了西鄂尔多斯高原珍稀孑遗植物叶际真菌的多样性和群落结构,为后续真菌资源开发、植物保护及生态修复提供一定的理论支撑。

寒区城市湿地底栖硅藻物种多样性格局及群落构建机制——以哈尔滨市为例

陆欣鑫^{1,2}, 王昊¹, 段泳旭¹, 刘妍^{1,2}, 范亚文^{1,2*}

1.哈尔滨师范大学生命科学与技术学院 哈尔滨 150025;

2.黑龙江省水生生物多样性研究省级重点实验室 哈尔滨 150025

*fanyaw@163.com

由于城市化影响,城市湿地生物多样性丧失日益严重。底栖硅藻根据附着模式可分为石面着生、植物着生和泥面着生等生境类型。硅藻因对环境变化敏感常被用作生态指标,但其群落在城市湿地的组成、动态变化及构建机制尚不明确。本研究以哈尔滨市城市湿地群为研究范例,系统评估了三种生境中底栖硅藻的组成

和季节动态，验证了环境 DNA (eDNA) 技术的适用性，分析了硅藻群落分类多样性与功能多样性的关系，并探讨了群落构建机制。基于 8 个月、9 个位点的 249 份底栖硅藻样本和 27 份水样分析发现：不同生境硅藻群落组成存在差异；水文周期中，分类贝塔多样性以物种更替为主，而功能多样性嵌套成分显著；营养盐、总溶解固体和水温是影响多样性的主要因素。结果表明，三类生境和 eDNA 数据中的硅藻群落构建主要由确定性过程驱动。本研究揭示了生境偏好如何影响底栖硅藻群落的组成、贝塔多样性及构建过程，为城市湿地生物多样性保护提供了新见解。

关键词：群落构建；群落构建；硅藻；城市湿地

菌根树种优势度通过调控多营养级互作影响外生菌根真菌群落结构

张悦^{1,2}, 高俊峰^{1,2}, 马克平^{1,2}, 郭良栋^{2,3}, 陈磊^{1,2*}

¹ 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;

² 中国科学院大学生命科学学院, 北京 100049;

³ 中国科学院微生物研究所真菌学与创新技术研究室, 北京 100101

zhangyue183@mailsucas.ac.cn

菌根共生广泛存在于森林生态系统中，大多数树种通过与丛枝菌根 (Arbuscular mycorrhizal, AM) 或外生菌根 (Ectomycorrhizal, EcM) 真菌建立共生关系，以增强养分吸收和抗逆能力。全球尺度上，菌根类型呈现由赤道向两极，从 AM 树种优势向 EcM 树种优势转变的分布格局。菌根树种优势度的变化通过改变土壤碳氮循环及树种多样性，显著影响地下菌根真菌群落，尤其是宿主专一性较高的 EcM 真菌群落结构。此外，森林土壤中存在由细菌、真菌和原生生物等多类群微生物构成的复杂微食物网，EcM 真菌亦参与其中。然而，菌根树种优势度是否通过重塑多营养级土壤微生物互作进而调控 EcM 真菌群落，尚缺乏实证研究。为此，基于古田山亚热带森林动态监测样地，本研究整合植物种群数据与土壤细菌、真菌和原生生物的高通量测序数据，探究菌根树种优势度变化对 EcM 真菌群落结构的调控机制。研究发现，邻居植物群落中 EcM 树种优势度升高显著增加了 EcM 真菌的相对多度和多样性，同时伴随土壤碳氮比上升和树种多样性下降。值得注意的是，相较于非生物环境与植物群落因子，土壤原生动物类捕食者 (消费者) 对 EcM 真菌相对多度、多样性和群落组成的“自上而下”调

控作用更为显著。路径分析进一步表明，多营养级微生物互作在菌根树种优势度影响 EcM 真菌群落结构的过程中发挥了关键中介作用。综上，本研究揭示了菌根树种优势度通过调控多营养级土壤微生物互作影响 EcM 真菌群落的作用机制，凸显了多营养级互作在维持菌根共生关系中的关键作用，并为深入理解森林植物多样性维持机制提供了新的理论视角。

关键词：菌根优势度；外生菌根真菌；多营养级互作；原生生物

Contrasting patterns of microbial community during forest succession between Pakistan and China

Waseem Muhammad¹, Hua-Zheng Lu¹

¹ Yunnan Key Laboratory of Forest Ecosystem Stability and Global Change,
Xishuangbanna

Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla, Yunnan, 666303,
China

It is very crucial to clarify the response of the soil microbial community and the potential functions during forest succession, as this significantly contributes to soil health, nutrient cycling and the overall ecosystem stability. In this study, we compare the soil microbial diversity, microbial community dynamics and soil physicochemical characteristics across different forest successional stages between Pakistan and China. In Pakistan, soil organic carbon (SOC) and total nitrogen (TN) increased significantly from early to late-successional forests, aligning with global trends of organic matter accumulation in mature ecosystems. In contrast, soil pH decreased from early to late-successional stages, triggering acidification linked to nutrient cycling and phosphorus limitation. Chinese forests exhibited more complex dynamics, with higher SOC observed in mid-successional stages. These regional differences are attributed to variations in climate, soil chemistry, and disturbance history, which affect microbial community composition. Microbial alpha diversity was strongly influenced by forest succession, with bacterial diversity peaking in mid-successional forests in both regions, while fungal diversity was highest in latesuccessional forests. In Pakistan, microbial diversity showed minimal stratification with soil depth, whereas Chinese forests exhibited pronounced vertical shifts, particularly in fungal communities,

reflecting the more humid tropical environment. Bacterial communities in Pakistan were dominated by Actinobacteriota, while Acidobacteriota, Chloroflexi and Proteobacteria were more prevalent in China. Fungal communities in both regions were dominated by Ascomycota. Statistical analysis revealed that microbial communities were strongly influenced by forest type and soil properties, with pH in Pakistan and potassium (TK) in China acting as key regulators of microbial community structure. Overall, our results show that forest succession influences microbial diversity and composition, with regional differences in soil characteristics and forest type playing critical roles.

Keywords: Forest succession; Microbial diversity; Community composition; Soil properties; Soil depth; Pakistan & China; Nutrient Cycling

Leaf secondary metabolites mediate niche partitioning in tropical tree phyllosphere microbiota

苏焱

中国科学院西双版纳热带植物园昆明分部

suyao@xtbg.ac.cn

The phyllosphere microbiome, which includes both epiphytic communities residing on the leaf surface and endophytic communities living within the leaf interior, plays a critical role in plant health and ecosystem functioning. However, the specific factors that differentially shape the structure and assembly of these two communities remain under debate. Although host genetics and functional traits such as leaf morphology and nutrient content are known to play a role, the dynamic influence of plant chemical traits, particularly secondary metabolites, remains largely unexplored. In this study, we integrate microbial amplicon sequencing, metabolomics, multi-locus genotype and functional trait data from 10 tropical dominant tree species to reveal how metabolite diversity influences microbial assembly. Although 87% of endophytic ASVs being shared with epiphytic communities, the two communities exhibited clearly distinct dominant taxonomic compositions. Epiphytic communities exhibited higher taxonomic richness but lower network connectivity compared to endophytic

communities. Null model analysis of alpha diversity indicated that stochasticity plays a dominant role in structuring epiphytic communities. In contrast, endophytic communities were more strongly shaped by deterministic processes, particularly by host leaf secondary metabolites. Through microbial co-occurrence networks, we identified core modules from a large number of microbial taxa. Model selection revealed that polyketides were negatively associated, while terpenoids were positively associated with core modules of epiphytic microbial communities. In contrast, only alkaloids showed a significant positive association with endophytic bacterial communities. Our findings indicate that host secondary metabolites act as niche filters that partition phyllosphere microbiomes into epiphytic and endophytic compartments via deterministic selection. This provides critical mechanistic insights into plant-microbe interactions and advances our conceptual understanding of host-associated microbial ecology.

专题 6. 森林林冠生物多样性与生理生态过程监测(召集人: 陈亚军)

Monitoring tropical forest insects in the 21st century: challenges and opportunities in SE Asia

Akihiro Nakamura

中国科学院西双版纳热带植物园, 云南勐腊 666303

a.nakamura@xtbg.ac.cn

Insects, as a major component of eukaryotic biodiversity, play indispensable roles in maintaining and restoring forest ecosystems. Their ecosystem services shape community dynamics across multiple trophic levels—from plants to vertebrates, including humans. Despite growing global concern over the decline of insect populations, insect diversity in tropical regions, particularly Southeast Asia, remains poorly studied. Establishing robust baseline data is urgently needed, as it forms the foundation for effective biodiversity restoration and ecological rehabilitation.

To address this critical gap, we aim to develop a long-term, cross-regional monitoring platform to track the dynamic changes in tropical forest insect communities under climate change and anthropogenic disturbances. Our approach integrates taxonomic, phylogenetic, and functional perspectives, combining efforts from Southwest China, Thailand, and Laos. Here, I present our ongoing efforts to document the spatiotemporal dynamics of key insect groups, including ants, moths, beetles, and hymenopterans, in southern Thailand.

Preliminary findings emphasize the importance of standardized monitoring protocols for accurately assessing population and community shifts. However, traditional survey methods remain labor-intensive and inefficient. To overcome this limitation, we are incorporating DNA metabarcoding and automated monitoring tools powered by machine learning, including camera and acoustic detection systems.

Advancing our understanding of insect taxonomy, biogeography, and ecological roles

is essential not only for biodiversity conservation but also for informing effective restoration strategies. Establishing long-term reference datasets through innovative and scalable monitoring approaches will be key to managing and rehabilitating megadiverse insect communities in tropical forest ecosystems.

Light-driven dynamic optimal allocation: the road for Dipterocarp

trees grows as light hunter

谭正洪

云南大学, 昆明 650091

tan@ynu.edu.cn

热带雨林复杂的垂直结构导致光环境具有高度异质性, 林下低光照条件对树苗的再生和存活构成显著挑战。作为后期演替物种, 龙脑香科植物 (Dipterocarpaceae) 表现出卓越的环境适应性与资源竞争能力, 既能定植于荫蔽的林下环境, 又能突破林冠限制, 成为高效的“光捕猎者”, 独占冠层充足的光资源。然而, 其从耐荫到喜光转变过程中的资源利用策略与碳平衡机制尚不明确。本研究以我国热带雨林优势树种——望天树 (*Parashorea chinensis*) 为研究对象, 通过测定不同垂直梯度叶片的表型可塑性及光合特征, 结合环境因子的变化综合分析龙脑香科植物的“光捕猎”策略, 从成本收益、动态资源配置和表型可塑性的视角探讨龙脑香科植物在东南亚雨林中占据优势的原因。

叶际微生物与叶功能性状对海拔梯度的适应

卢华正* 余晓成 周芷晴 罗强

中国科学院西双版纳热带植物园

luhuazheng@xtbg.ac.cn

叶际微生物群落和宿主植物的功能性状在植物生长、生态适应和环境 响应中具有重要作用。宿主的功能性状直接影响植物的存活、生长及其生态适应 策略, 而叶际微生物则通过和宿主植物的互作, 与宿主功能性状相协调来共同影 响植物对环境的响应与适应能力。该研究选取云南热带、亚热带与亚高山典型气 候区的海拔梯度中的多种宿主乔木的叶片为研究对象, 运用高通量测序技术和叶

片功能性状测定方法，解析了叶际共生微生物群落的多样性特征、组成结构、共现网络特征及群落构建机制，分析了叶际微生物群落与叶功能性状对海拔梯度的协同适应规律。研究结果为在全球变化背景下，基于云南典型森林的叶际微生物与宿主植物的互作机制，开展生物多样性保护与森林管理实践提供理论基础。

关键词：叶际微生物；叶片功能性状；不同气候带；海拔梯度；协同适应

热带雨林林冠昆虫多样性维持与种间互作研究

邢爽

中山大学生态学院，广州 510275

xingsh5@mail.sysu.edu.cn

从地面到林冠，食物资源，微气候与栖息地结构的变化在较短的空间距离上形成了复杂的环境梯度组合。我们通过整合动物垂直分层的地理格局与生态机制，提出了植被的垂直分层驱动物种形成，共存与互作的理论框架，阐明了小尺度生境在驱动生物地理格局和物种共存机制中的关键作用。同时，基于野外调查，分别通过关注热带雨林优势植物物种-望天树和重要功能类群-蚂蚁，从不同角度理解不同林冠高度下的种间互作和物种共存格局。从动物角度，以婆罗洲热带雨林蚂蚁群落为研究对象，系统比较了相似空间尺度下群落在垂直方向与水平方向上的变化规律，结合微气候与微生境连通性等变量，重点探讨了不同环境因子如何塑造动群落分布格局。结果显示，蚂蚁群落周转率随垂直距离增加而增强，呈现出明显的“距离衰减”趋势；而水平方向虽表现出更高的群落异质性，但相异度与距离无明显关联。该研究揭示了局域尺度内群落在垂直与水平方向上均具有明显空间结构，其形成受微气候与微生境异质性共同驱动。从植物角度，我们以中国云南热带雨林中的优势冠层树种望天树（*Parashorea chinensis*）为对象，通过量化其不同年龄阶段的微气候条件和植食压力，以及不同发育阶段与生长、物理防御和化学防御相关的关键叶片性状，理解不同冠层高度下昆虫植物互作格局。结果表明，在幼树阶段，望天树具有更高被取食压力而较低防御能力，而成年的露生层个体被取食压力低而防御能力强。研究结果强调了在生物多样性研究中纳入三维空间结构考量的重要性，并为理解复杂生境中物种共存机制与多样性维持提供了理论支撑与实证依据。

Functional ratios diverge across climates but converge within environments in 55 woody canopy plants

Lan Zhang¹, Yajun Chen^{2,3*}, Keping Ma^{4,5}, and Frank Sterck⁶

¹ College of Forestry, Northeast Forestry University, 150040, Harbin, Heilongjiang, China

² Key Laboratory of Tropical Forest Ecology, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla, Yunnan, 666303, China

³ Yunnan Key Laboratory of Forest Ecosystem Stability and Global Change, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla, Yunnan, 666303, China

⁴ State Key Laboratory of Vegetation and Environmental Change, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, 100093, Beijing, China

⁵ College of Resources and Environment, University of the Chinese Academy of Sciences, 100049, Beijing, China

⁶ Forest Ecology and Forest Management Group, Wageningen University and Research Centre, PO Box 47, Wageningen, 6700 AA, The Netherlands

*chenyj@xtbg.org.cn

1. Functional coordination among leaf, xylem, xylem ray parenchyma, and phloem govern carbon-water economy of woody plants, yet the allocation principles and climatic drivers remain underexplored. Here, we hypothesized that species from lower altitudes/latitudes would exhibit higher hydraulic efficiency, requiring less xylem and phloem per unit leaf area, whereas xylem/phloem allocation and ray-parenchyma increases at higher altitudes/latitudes to enhance storage.
2. Using canopy cranes in four Chinese forests, we quantified how leaf area, branch tissue allocation, constituent cell types, and functional traits for 55 canopy species (27 families) varied and coordinated across altitudinal and latitudinal gradients.
3. Xylem/phloem area: leaf area ratios were lower at low altitudes and latitudes, whereas ray-parenchyma area: leaf area ratios were higher at high altitudes but similar across latitudes. These functional ratios were generally comparable among lifeforms within most sites and correlated with functional traits.
4. Our findings demonstrate that functional ratios diverge across climates but converge within similar environments, suggesting environmental filtering drives storage-transport balance. Cold climates prioritize ray-based storage, likely due to short growing seasons and freeze-thaw embolism repairment needs, underscoring

coordinated tissue allocation as a key adaptation for balancing resource transport and storage under diverse environments.

Key words: leaf; xylem; phloem; ray parenchyma; altitude; latitude

无人机遥感观测冠层水分胁迫和生产力的异质性

章永江

中国科学院西双版纳热带植物园, 云南勐腊 666303

zhangyj.um@gmail.com

无人机遥感技术已经被用于植物生理和生产力的观测, 但是其在复杂多样的生态系统中的应用还需更多研究。此外, 这些技术能否捕获相关性状的时间动态也未可知。我们利用无人机高光谱技术和热成像技术探讨了观测复杂系统冠层水分胁迫空间异质性和季节动态的可能性, 同时也利用 RGB 图像和机器学习技术来量化生产力(产量)的异质性。我们用自然蓝莓灌木生态系统作为模式系统。我们的结果表明基于热成像的水分胁迫预测优于高光谱的预测。同时, 基于地面实测参考值的模型要优于基于统计估算参考值的模型。前者的预测可以达到 $R^2 = 0.79$, 能较好捕捉冠层水分胁迫的时空异质性。此外, 基于无人机 RGB 图像和机器学习模型的预测模型可以高效预测蓝莓产量 ($R^2 = 0.89$), 而高空(30 米)的图像反而比低空(5 和 15 米)图像的表现更好。我们的结果表明了无人机遥感技术可以很好地用于冠层生理和生产力地监测。

专题 7. 生物多样性监测、评估与保护政策（召集人： 肖能文）

全国高等植物多样性格局与保护成效评估

于胜祥^{1,2,3*}, 薛天天^{1,2,3}, 唐孟阳^{1,2,3}

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. 中国科学院大学, 北京 100049
3. 国家植物园, 北京 100093

* yushengxiang@ibcas.ac.cn

中国是生物多样性大国, 由于历史原因与气候变化等, 使得生物多样性保护面临巨大挑战, 而且多样性格局与保护成效缺乏全面评估。本研究全面考虑重要类群和区域, 利用多种算法, 分析了中国高等植物空间分布格局与保护成效。研究表明: 多样性热点区域主要集中分布在中国的西南地区, 但不同类群的分布格局存在明显差异; 不同的生物多样性算法的结果不一致, 但各自反映了不同的生物学特性。其次, 保护成效评估表明: 国家级自然保护区对各类群的保护成效明显优于省级自然保护区, 但省级自然保护区在某些类群的保护对是前者的重要补充; 其中, 当前保护网络对近危物种的保护成效最优, 其次是国家重点保护野生植物和受威胁植物; 然而, 国家重点保护野生植物面临保护空缺最为明显; 此外, 不同类群、不同地区的保护成效与保护空缺是极其不均衡的, 未来气候变化将明显影响狭域物种的分布格局。该研究可为生物多样性保网络的优化布局提供重要支撑。

关键词: 高等植物; 分布格局; 多样性热点; 保护成效; 气候变化

滇中高原不同森林类型下大型真菌多样性时空动态变化研究

陈丽因

云南大学, 昆明 650091

2537133340@qq.com

大型真菌是森林生态系统的关键组分, 兼具重要生态功能与经济价值, 其群

落结构受植被、气候、地形等多因素复杂影响。滇中高原楚雄地区作为云南野生菌资源最丰富、产量最高的核心区域，已建立多个保育促繁基地。本研究首次系统在楚雄地区 10 个县（市）的不同森林类型中，同步设置样方，并开展了三轮林下大型真菌多样性调查，共采集标本 3484 份。所有标本均通过形态学结合分子生物学方法进行精准鉴定，共鉴定出大型真菌 2 门、7 纲、21 目、75 科、180 属的 844 种。我们的研究表明，不同森林类型下的 α 多样性存在显著差异；其中混交林显示出更高的丰富度和多样性。森林郁闭度、坡度等均对大型真菌物种丰富度产生影响。三轮时序调查有效揭示了大型真菌群落的空间异质性和时间动态变化，显著深化了对该区域大型真菌生态功能、分布规律及其环境响应的认识。研究成果为该区域乃至滇中高原的大型真菌多样性保护、森林可持续经营管理及退化生态系统的修复提供了重要的科学依据。

京津冀太行山区鸟类多样性分布特征及影响因素研究

韩煜，高晓奇，史娜娜，王琦，肖能文*

中国环境科学研究院 北京 100012

cucuhy@126.com

太行山生物多样性保护优先区是我国生物多样性热点区之一，其生物多样性格局及其形成机制一直是研究重点。本研究于 2019–2020 年采用样线法对鸟类进行调查，并利用广义加性模型拟合气候因子、海拔因子、生境异质性因子、人类活动因子与鸟类多样性指数的非线性关系。结果表明：（1）京津冀太行山区共调查记录鸟类 18 目 54 科 233 种，其中，国家一级重点保护鸟类 8 种，国家二级重点保护鸟类 35 种，受威胁（极危、濒危、易危）鸟类 34 种；（2）鸟类多样性分布特征显示，物种丰富度指数、Shannon-Wiener 多样性指数和 Simpson 多样性指数随海拔梯度变化呈单峰型，在中低海拔显著大于高海拔；森林和灌丛生境的鸟类群落多样性指数显著高于草地生境，鸟类群落结构在森林和灌丛生境最相似；（3）鸟类多样性指数的主要影响因素是气候因子和生境异质性因子，不同多样性指数的影响因素及其贡献率略有差异。本研究揭示了在京津冀太行山区，影响鸟类物种分布格局的主导理论是气候假说和生境异质性假说。

关键词：鸟类；物种多样性；分布格局；影响因素

“昆蒙框架”目标进展评估技术研究

王金洲

中国环境科学研究院，北京 100012

jwang963@163.com

昆蒙框架是中国作为主席国领导达成的里程碑式全球协议，指导未来一个时期全球生物多样性治理方向。落实昆蒙框架、评估其目标进展，是全球生物多样性保护和政策管理的优先事项。本报告拟回顾昆蒙框架监测框架发展历程，梳理昆蒙框架目标要素，分级分类提出评价指标体系。同时，以中国为例，分析国家目标与昆蒙框架全球目标的匹配度、全球评估框架的国别适用性，提出下一步评估工作建议。

面向“昆蒙框架”的生物多样性快速评估体系研究

俞乐

清华大学，北京 100084

wuhui_bio@163.com

有效落实昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架（KMGBF）亟需开展及时、可推广的生物多样性评估。为此，本课题组构建了一套融合遥感观测、地面监测与人工智能辅助分析的综合方法体系，以支持快速、多层次的生物多样性监测。在生态系统层面，基于 IUCN 全球生态系统分类体系 2.0 (Global Ecosystem Typology 2.0)，集成土地覆盖、气候、地形及生态等多源数据，制备了全球年度生态系统地图（THU-AEMP，2000–2024）。同时，开发了 RS-EBV Watch 可视化平台，将主要遥感产品（如 MODIS、FROM-GLC Plus）整合生成优化的关键生物多样性变量（Essential Biodiversity Variables, EBVs）数据集。在物种多样性方面，构建了全球 10 公里分辨率的年度适宜栖息地（AOH）数据集，涵盖 1982–2100 年间 6 万余种陆生脊椎动物，揭示了受土地利用与气候变化驱动的栖息地时空动态。在海洋多样性方面，生成了多类群物种丰富度地图，清晰展现了随水深变化的显著梯度特征。在遗传多样性维度，融合高光谱遥感与环境 DNA（eDNA）技术，探索实现大尺度遗传多样性监测的可扩展路径。该方法体系可为与“昆蒙框架”目标对齐的快速、空间显式评估提供技术支撑，并为全球生物多样性保护规划奠定科学基础。

生态文明视域下的浙江省生物多样性保护与可持续利用创新政策与特色实践

汤博

浙江省生态环境科学设计研究院, 杭州 310007

tangbo1984278@163.com

在生态文明建设的时代背景下,生物多样性保护的重要性不言而喻。浙江省秉持习近平生态文明思想,践行“绿水青山就是金山银山”理念,对接国际“昆蒙框架”履约要求,响应国家战略部署,紧密结合省情实际,全方位推进生物多样性保护与可持续利用的政策创新与实践探索。

为加速地方落实国家及省级相关文件的目标任务,提升全省生物多样性保护工作的统筹协调水平,浙江省创新构建了生物多样性友好指数这一政策工具。目前,该指数已推出试行版与 2.0 版,并由浙江省生态环境厅正式印发实施。2022 年至 2024 年,全省生物多样性友好指数核算结果在国际生物多样性日浙江主场活动中相继发布,为生物多样性保护领域的科学评估提供了有力支撑。

针对生物多样性保护理念在社区、企业等基层层面传播不足、认知不深的现状,浙江省精心打造了特色鲜明、层次丰富的生物多样性友好体验品牌体系。在此过程中,充分挖掘生物资源潜力,加强可持续利用技术研发,推动生物资源价值转化,积极探索多领域的可持续利用模式,开展了生物多样性友好城市、乡镇、湿地、企业等试点建设。

通过一系列创新政策与特色实践,浙江省在生物多样性保护与可持续利用方面取得显著成效,为其他地区提供了宝贵的经验借鉴与实践范式。

食物网视角下优先保护物种识别及其保护管理对策

王强¹ 周学红²

1. 中国科学院东北地理与农业生态研究所 中科院湿地生态与环境重点实验室, 长春 130102;
2. 东北林业大学 野生动物与自然保护地学院, 哈尔滨 150040

wangqiang_1978@126.com

为实现《生物多样性公约》的“3030”目标,全球每年仍面临约 7000 亿美元的资金缺口,大幅提升保护效益势在必行。优先保护物种是保护生物学中的重要策略,通过识别并保护优先保护物种,可带动其他物种甚至整个生态系统的保

护,从而提升生物多样性保护效益。现行优先保护物种的确定主要依据濒危等级,未能准确表征物种在生态系统中的重要功能。尽管已有基于生态功能开展优先保护物种识别的研究与实践,但仍面临科学性不足、难度大、方法参差不齐等技术难点。本研究从生态系统中物种间相互作用的最基本表达形式即食物网视角出发,纳入对物种生态功能重要性的考量,基于有向加权食物网核心框架,结合网络中心性理论,应用 MixSIAR 模型,创新性地提出优先保护物种及物种集识别的新方法。并以全球濒危物种东方白鹳(*Ciconia boyciana*)为案例物种,于湖泊湿地、沼泽湿地等开展系列研究,基于此提出保护管理对策及建议。研究结果表明,从食物网视角考量创立的优先保护物种识别新方法,从根本上打破了传统选择方法的局限性,有助于提升野生动物群落乃至生态系统的整体保护效果,对于助力实现“3030”目标具有重要意义。

关键词: 优先保护物种; 食物网; 稳定性; 管理对策

生物多样性治理中的企业角色：监测、评估与政策优化

王也

生态环境部对外合作与交流中心, 北京 100035

wang.ye@fecomee.org.cn

随着全球全面进入“昆蒙框架”实施关键阶段,企业在生物多样性保护中的角色日益受到关注。本文基于生物多样性监测、评估与保护政策框架,探讨企业参与生物多样性保护的实践路径、挑战与政策协同机制。通过文献分析与案例研究,本文指出,企业可通过技术创新、生态修复、供应链管理及数据共享等方式参与生物多样性监测与保护,但面临标准缺失、监管不足及经济利益冲突等障碍。研究建议,政府应完善生物多样性保护政策体系,建立企业参与的激励与约束机制,推动跨部门数据整合与多方协作,以促进企业将生物多样性目标纳入可持续发展战略。本文为企业参与生物多样性治理提供了理论依据与实践参考,对实现“昆蒙框架”目标具有重要意义。

宁夏生物多样性友好指数构建研究与综合评估实践

王春霞

宁夏环境科学研究院(有限责任公司)

对国内外生物多样性评价相关研究成果进行全面分析,并对五个地市生物多样性进行特色研究,综合运用 DPSIR 模型法、熵值权重法等构建了宁夏生物多样性友好指数体系,包括一级指标五个,二级指标 14 个,三级指标 25 个,指数体系总分 100 分,加分项 10 分。

为更好指导各地在实践中更好地运用指数体系,在分值计算基础上,将友好指数分为五级,分别为优、良、中、较差、差五个等级,并给出每个等级的预警。

将构建的指数体系应用于五个地市生物多样性综合评估,结合评估过程和评估结果对指数进行优化调整。形成的评估结果为全区生物多样性保护成效评估提供定量化理论基础,为各地市生物多样性保护与可持续利用提供科学指引。

本次研究主要创新点是在借鉴国内外最新成果的基础上,结合宁夏生物多样性保护实际,在西北地区率先研究构建宁夏生物多样性友好指数 1 套,借鉴相关指标 11 项,结合宁夏实际新建指标 14 项,形成的指标体系既具有代表性,又体现了宁夏实际情况。

项目研究成果为自治区做好“十五五”时期美丽中国建设考核奠定坚实基础,对自治区生态质量评价(EQI 指数计算)、美丽宁夏建设等具有重要参考价值,同时成果运用于自治区及各地市“十五五”生态保护规划及专项规划中。

Yangtze Finless Porpoise as Ecological Witness: Fishing Ban as a Novel Pathway for Freshwater Ecosystem Restoration

Bin Tang¹, Renyong Wang³, Jinsong Zheng^{1,2}, Zhigang Mei^{1,2}, Zhangbing Kou^{1,2}, Fei Fan^{1,2},
Songhai Li⁴, Kexiong Wang^{1,2}, Ding Wang^{1,2}, Yujiang Hao^{1,2*}

¹Key Laboratory of Aquatic Biodiversity and Conservation, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China

²National Aquatic Biological Resource Center, NABRC, Wuhan 430072, China

³Shanghai Aquatic Wildlife Conservation and Research Center, Shanghai, China

⁴Marine Mammal and Marine Bioacoustics Laboratory, Institute of Deep-sea Science and Engineering, Chinese Academy of Sciences, Sanya, China

*Corresponding authors: Dr. Y. Hao (Email: hao.yj@ihb.ac.cn, Tel: +86 27 87491267)

Freshwater ecosystems worldwide are facing severe degradation. To reverse this trend, the Chinese government implemented a Ten-Year Fishing Ban (TYFB) to rescue

Asia's largest freshwater ecosystem—the Yangtze River. The ecological benefits of this ambitious policy are beginning to emerge, offering a potential paradigm for restoring degraded freshwater systems. However, most evaluations remain limited to species richness, highlighting the need for multidimensional evaluation. Here, we integrate dietary plasticity and physiological stress responses of the Yangtze finless porpoise (*Neophocaena asiaeorientalis*, YFP), a critically endangered apex predator, to elucidate mechanisms by which the TYFB promotes ecosystem health. Using quantitative fatty acid signature analysis (QFASA), we identified nine prey groups, predominantly schooling fishes, with carps (*Carassius auratus*, *Ctenopharyngodon idella*) and *Coilia brachygnathus* together comprising approximately 70% of dietary intake. Following the TYFB, prey community structure shifted toward higher densities of energy-rich fish species, likely enhancing foraging efficiency and improving YFP survival. Notably, blubber cortisol concentrations declined post-ban, indicating reduced stress and a significantly augmented population growth potential. These results suggest that the TYFB has effectively facilitated ecological recovery in the Yangtze River. More broadly, this policy may serve as a scalable model for freshwater ecosystem restoration globally.

Key words: Freshwater ecosystem; fishing ban; Yangtze finless porpoise; dietary composition; physiological stress

FROM-GLC Plus 3.0: 基于多模态及密集地表观测数据的土地覆盖制图

杜贞容¹, 俞乐^{2,3*}

1. 大连理工大学信息与通信工程学院, 辽宁大连 116024;

2. 清华大学地球系统科学系, 北京 100084;

3. 东亚迁徙鸟类与栖息地生态学教育部野外观测研究站, 北京 100084

duzhenrong@dlut.edu.cn

土地覆盖制图在监测土地系统变化中发挥着关键作用。尽管遥感技术不断进步, 传统基于卫星的监测方法仍常受到云层遮挡、时间分辨率较低以及在捕捉精细尺度土地动态方面的限制, 导致土地覆盖监测的连续性和时效性存在局限。近

地表相机通过提供高频率地面视角的观测，为弥补土地覆盖监测的时间间隔、增强空间细节提供了有效解决方案。因此，本研究提出将近地表相机观测与卫星影像相结合，针对两者成像视角差异及地面观测覆盖范围有限等关键挑战，提升了土地覆盖动态监测能力。通过利用近地表相机实现时间序列重建，并捕捉了日尺度下的土地覆盖动态，从而弥补传统卫星方法在时间上的关键缺口。本研究还通过引入 Segment Anything Model (SAM) 语义分割大模型，实现了精确的地块级边界划分，并基于此提高了高空间分辨率土地覆盖分类的精度和可用性。此外，该框架能够综合多模态数据源（近地表相机、Sentinel-1/2 以及高分辨率影像），在空间与地面传感器集成方法上实现了突破，可用于近实时土地覆盖变化检测，从而支持土地系统变化高时效应用与预警系统建设。

基于绿头蝇 iDNA 技术监测和评估哺乳动物多样性

李冰欣^{1,*}, Suk-Ling Wee², John James Wilson³, 陈进民^{1,*}

1. 安徽师范大学生命科学学院; 2. Faculty of Science and Technology, National University of Malaysia; 3. National Museums Liverpool, Liverpool, United Kingdom

*leepingshin@qq.com; chenjinminkiz@126.com

哺乳动物是生物多样性的重要组成部分，其有效监测对保护管理至关重要。无脊椎动物来源 DNA (iDNA) 技术，尤其是绿头蝇 iDNA 方法，为野生动物监测提供了新途径。本研究聚焦绿头蝇 iDNA 方法，评估其在哺乳动物监测中的应用潜力、优化技术流程并验证其有效性。

我们的研究显示：1) 哺乳动物 DNA 在绿头蝇肠道内可稳定存留 4-5 天；2) 设计并优化特异性引物，有效扩增哺乳动物的迷你条形码片段，包括隐秘物种，同时抑制绿头蝇自身 DNA 扩增，显著提升物种识别能力；3) 通过标记重捕实验证实绿头蝇在热带森林主要活动范围在 1 公里内（最远 3 公里），为监测动物活动范围定位的准确性提供依据。另外，我们优化了实验流程，包括提取方法、多引物系统和物种鉴定方法比较，提升了物种检出率和类群覆盖度。

在此基础上，我们在不同气候带进行了实例比较研究。结果显示，绿头蝇 iDNA 不仅有效监测到包括稀有、濒危和隐秘物种在内的哺乳动物多样性，其检出物种与传统方法（如红外相机、多种陷阱）重叠度低，且在类群覆盖上更具广度，表现出良好的互补性。绿头蝇 iDNA 能有效补充红外相机难以监测的小型、树栖或夜行性物种（如食虫目、翼手目）。另外，我们目前正在拓展此方法应用

于监测鸟类、两栖类及爬行类等其他脊椎动物。

本研究验证了绿头蝇源性 DNA 技术是一种有潜力、高效的哺乳动物监测工具。该技术为快速评估生物多样性，特别是监测受威胁和隐蔽的物种提供了标准化、可推广的方案，为低成本高时效的野生动物监测和保护提供参考基础。

关键词：生物多样性监测；评估；绿头蝇 iDNA 方法；新技术；濒危物种保护

香港港珠澳大桥项目马蹄蟹多年生态监测

余书生（首席生态顾问）

中港生态顾问有限公司

ecology2002@netvigator.com

本文报告了香港基建项目「港珠澳大桥香港段」自 2012 -2025 共 13 年对于节肢动物马蹄蟹（蜃）生态监测结果。监测的目的是获取大屿山东涌湾和散头泥滩的生态资料及基建对生态的影响。这是港珠澳大桥香港连接路—观景山与香港口岸之间的一段建造阶段的环境监察及审核计划的一部分。生态监测涵盖蜃、海草床和潮间带软岸群落。该监测每年进行四次（3 月、6 月、9 月，和 12 月），以充分覆盖旱季和雨季。共四个采样区，每个采样区由经验丰富的生态调查员采用主动搜索方法对马蹄蟹监测。在搜索期间，在退潮时期的 2-3 小时内（潮汐水平低于图表基准（C.D.），潮汐水平低于 1.2 m）。一旦发现了马蹄蟹，即记录物种名，数量，位置（GPS 坐标），大小等参数。共记录了两种马蹄蟹，即中国蜃 *Tachypleus tridentatus*，及圆尾蜃 *Carcinoscorpius rotundicauda*。单次记录种群数浮动大，在 0-94 之间，其中个别月份无记录。多年种群数量显示趣小。

专题 8. 大数据和人工智能驱动下的生物多样性监测 新技术与信息化建设（召集人：胡天宇）

基于无人机的草地物种多样性长期-协同监测与智能分析

孙义, 宜树华*

兰州大学草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室, 兰州大学草地农业科技学
院, 兰州 730000

*ysh@lzu.edu.cn

基于传统样方/样带法与经典多样性指数计算原理, 建立了一种基于无人机的草地植物物种多样性长期定点监测方法。该方法主要包括: 1) 使用自主研发的无人机系统-FragMAP 中的 Belt 模式进行近地面航拍, 地面分辨率高于 0.1cm; 2) 对获取的高清图像进行人工物种识别与记录; 3) 统计 16 张航拍照片中各物种出现频次, 并采用传统公式计算物种丰富度、Shannon 指数、Simpson 指数和 Pielou 均匀度指数。本方法在青藏高原东缘不同牧压牧场、疏勒河源区不同草地类型、黄河源区降水梯度带及新疆冰川退缩区演替序列等多个生态梯度区得到应用。结果表明, 该方法与传统样方法所获多样性指数间存在极显著线性相关 ($P < 0.01$), 且在不同环境梯度下变化趋势一致。尽管存在少数物种因植株矮小或相互遮挡而识别遗漏 (低于 5%), 该方法具备更高的工作效率与代表性。通过对优势种予更高权重, 可进一步提升估算准确性, 实现对大范围草地物种多样性长期、高效、精准和非破坏性的监测评估。

关键词: 植物物种多样性; 草地; 无人机; 监测

活植物管理数字化体系建设

高燕萍, 陈建平*, 王正伟

上海辰山植物园 上海 201602

ieditor@126.com

辰山植物园自主研发的“活植物管理数字化体系”已成功构建从引种定植到

共享利用的全生命周期数字化闭环。该系统以权威植物数据库为核心，建立科学的分类体系、物种名录及珍稀濒危等级库，提供物种名称校正、科属分类匹配、濒危等级标注等服务，显著提升活植物资源管理的规范性与科学性。全面覆盖引种登记、栽植定位、日常养护、生长监测、物候观测、病虫害防控及植物材料开放共享等核心业务，实现每一份活植物资源“来源可溯、去向可查、养护有据、科研可用”，有力支撑植物迁地保育与科研共享。

为适配多元应用场景，辰山同步推出三大客户端：

1.在线 Web 系统：集成多维度数据管理，实现业务流程数字化与统计分析可视化，提升管理效率；

2.“园丁笔记”移动 App：支持工作人员在园区现场扫码采集、实时上传养护数据，实现作业数据即采即传；

3.植物种质资源服务微信小程序：面向公众开放植物资源检索、信息查询与种质材料在线申请，促进资源开放共享。

截至目前，该系统已获 7 项国家计算机软件著作权，并荣获“第十届中国花卉博览会科技成果类（软件类）金奖”。除在辰山植物园全面应用外，已成功向多家植物园、科研机构及园林单位实现成果转化与技术推广，形成可复制、可推广的行业标杆——“辰山样板”，助力我国植物园智慧化建设迈向新阶段。

关键词：活植物；数字化；植物园

生物多样性调查与监测信息化技术应用——以茂兰大样地为例

严令斌¹，安明态¹，金明²

1. 贵州大学 贵阳 550025；2. 无锡维乐彩智软件开发有限公司 无锡 214174

lbyan@gzu.edu.cn

传统野外调查主要依赖纸质记录，在大型样地调查中会存在消耗大量人力、时间及纸张的情况，且在质量控制方面存在不及时、记录值有效性不足、多数据源关联性难等问题，而一般数字化调查中应用开发程度低、项目定制成本高、数据安全性存疑等问题。在贵州茂兰大样地建设中，我们采用数图田调 APP 进行数字化调查，实现无纸化、本地化应用，确保数据安全、探索绿色低碳途径，在调查工作中与 APP 开发者协作迭代，提高了数字化调查的便捷性、持续性，探索多系统终端分工、高阶定制功能，在调查数据质量控制方面探索控制流程化方

法，有效提高了调查与监测工作的信息化程度，同时技术手段成功拓展应用到其它大型动态监测样地调查、植物资源调查、森林碳汇监测网络等大型项目上。

关键词：生物多样性；数字化调查；信息化监测，茂兰大样地

智守万物：AI 驱动生物多样性智慧监测

胡理乐

北京青远生态环境有限公司，北京 102206

service@qyst.cc

为解决生物多样性监测中物种识别困难、调查成本高、数据处理复杂等挑战，本研究提出基于人工智能技术的综合解决方案。通过开发“北极花”智能软件平台，集成图像识别、声纹分析、热成像监测等多模态技术，实现物种精准识别与高效数据采集。其中，无网环境下的离线植物识别模型（采用卷积神经网络）准确率达行业领先水平；声纹监测系统具备前端降噪与边缘计算能力，鸟类识别准确率超 80%；无人机热成像技术可昼夜探测大型兽类。平台同时构建数据管理分析系统，支持物种组成分析、多样性指数计算及报告智能生成。案例表明，该技术已应用于北京四座楼等自然保护地，累计识别鸟类 229 种、植物 436 种，调查效率提升显著。系统还扩展至智慧监管平台与科普宣教功能，为生物多样性保护提供技术支撑。

关键词：人工智能；生物多样性监测；智能识别；自然保护地；数据管理

活体昆虫多样性智能监测技术与信息化建设

胡宪亮¹，王圣楠²，叶保华*

1.山东祥辰科技集团有限公司 济阳 251400，

2.山东祥辰科技集团有限公司 济阳 251400，

*山东祥辰科技集团有限公司 济阳 251400。

1366847074@qq.com

针对传统生物多样性监测中昆虫调查效率低、时效性差、干扰生态平衡等问题，本研究提出一种“生态友好-智能感知-决策支撑”的一体化监测范式。融合物

联网（IoT）、边缘计算、人工智能（AI）与大数据的活体昆虫多样性智能监测系统。系统通过宽光谱多波段光源诱集昆虫，采用撞击捕获-活体保育技术维持生态平衡；利用高精度成像系统采集虫体图像，基于云端神经网络模型实现虫种智能识别（准确率 $\geq 90\%$ ），并通过大数据分析昆虫活动规律与节律预测。系统支持动态调控运行策略，覆盖 15–30 亩监测区域，适用于湿地、保护区、农林草原等多场景。依托祥辰植信通云平台，实现虫情数据实时可视化与管理，推动生物多样性监测向自动化、信息化、智能化转型，为科研与生态保护提供精准技术支撑。

关键词：昆虫多样性；智慧监测体系；云平台

生物多样性智慧监测技术探索与实践

迟涛

安徽南创生态科技有限公司

ctgiser@163.com

本研究以生物多样性智慧监测为手段，以浙江舟山、丽水市为试点区域，探索建立了覆盖全市域的生物多样性智慧监测体系，实现了监测数据自动采集、物种智能识别、生物多样性预测预警分析模型，显著提升了生物多样性保护基础保障能力，进一步完善了生态环境监测体系。建立了物种识别和数字监管系统、实现了对华东地区350种脊椎动物AI识别，准确率达85%以上，提高了监测效能；构建了全市域生物多样性智慧监测网络，通过实时传输红外相机、两爬雷达相机、鸟类声纹监测仪、昆虫监测仪（蝴蝶）等自动化监测设备，实现了高等植物、陆生脊椎动物、陆生昆虫、水生生物的智慧化监测。

关键词：智慧监测体系；AI识别；数字监管；自动化监测



中国科学院生物多样性委员会

电话：010-62836629, 62836603

Email: bc-cas@ibcas.ac.cn

网址: www.cncdiversitas.cn

地址：北京市海淀区香山南辛村20号中国科学院植物研究所水杉楼213