

# 中国科学院高原生物适应与进化重点实验室

Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota (AEPB),  
Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences

2010 年年报



- \* 重点实验室召开第一届学术委员会第一次会议
- \* 西高所抗震救灾活动纪实

**AEPB Annual Report 2010**

# 高原生物适应与进化重点实验室召开第一届 学术委员会第一次会议

4月24日，高原生物适应与进化重点实验室第一届学术委员会第一次会议在西北高原生物研究所召开。中科院生物局综合处处长刘杰，西高所所长张怀刚，党委书记、院重点实验室学术委员会副主任赵新全，副所长陈桂琛，副所长兼院重点实验室主任陈世龙，实验室学术委员会委员顾红雅、施苏华、常智杰、王德华、王道文、汪诗平等及实验室部分人员共计41人参加了会议。（详见第36页简讯）



会议现场



张怀刚所长颁发聘书



陈世龙主任做工作汇报



刘杰处长发言

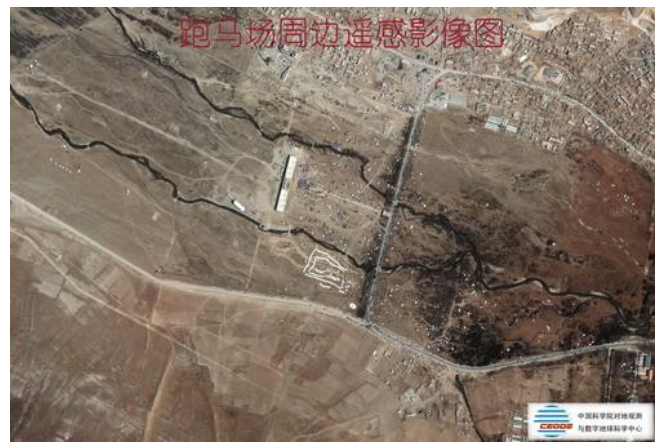


与会人员合影



## 西高所抗震救灾活动纪实

4月14日7时49分，青海省玉树藏族自治州玉树县发生7.1级地震。给当地人民群众生命安全及财产造成极大损失。西高所上下全体职工积极响应救灾号召迅速反应，举行募捐活动，积极出谋划策、协助院内各单位行动，为灾区人民贡献一份自己的力量。并组织悼念玉树地震遇难同胞活动，寄托哀思。（详见第37页简讯）



玉树地震灾区遥感图像



募捐现场



救灾小组成员合影



机场接送救灾物资



哀悼遇难同胞



## 欢迎指导、合作及交流!

中国科学院西北高原生物研究所  
 地址: 青海省西宁市新宁路 23 号  
 邮编: 810001  
 电话: 0971-6143610  
 传真: 0971-6143282  
 Email: hmzhong@nwipb.ac.cn  
 网址: <http://www.nwipb.cas.cn>

封面照片: 高原鼠兔

封二: 召开第一届学术委员会第一次会议

# 目录

一、年度大事 .....	1
二、年度工作进展 .....	6
三、国际合作与交流 .....	12
四、学术交流及活动 .....	15
五、2010 年科研项目 .....	17
六、人才引进和岗位变动 .....	23
七、人才培养 .....	24
八、发表论著 .....	31
九、简讯 .....	36
1. 高原生物适应与进化重点实验室召开第一届学术委员会第一次会议 .....	36
2. 西高所抗震救灾活动纪实 .....	37
3. 青海省科学技术奖励大会召开 .....	41
4. 成功举办青藏高原草地生态系统管理国际研讨会 .....	44
5. “高原 412” 通过国家农作物品种审定委员会审定 .....	46
6. 《土地利用和草地管理主要技术实施方案及其经济分析报告》通过论证 .....	47
十、附件: 代表性论文首页 .....	49

封三: 西高所抗震救灾活动纪实

封底: 重点实验室简介

## 重点实验室组织机构

学术委员会主任：洪德元院士

学术委员会副主任：韩兴国研究员、赵新全研究员

学术委员会秘书：陈世龙研究员

实验室主任：陈世龙研究员

实验室副主任：张堰铭研究员、贺金生研究员

### 学术委员会委员（按姓氏拼音排序）

姓名	职称	工作单位	专业
常智杰	教授	清华大学	生物化学
方精云	院士、教授	北京大学	植被生态学
顾红雅	教授	北京大学	植物系统进化学
刘建全	教授	兰州大学	分子系统学
欧阳志云	研究员	中国科学院生态环境研究中心	生态学
施苏华	教授	中山大学	植物系统学
汪诗平	研究员	中国科学院西北高原生物研究所	放牧生态学
王道文	研究员	中国科学院遗传发育研究所	分子遗传学
王德华	研究员	中国科学院动物所	动物生态学
吴天一	院士、教授	高原医学研究院	环境医学
印象初	院士、研究员	中国科学院西北高原生物研究所	动物分类学
于贵瑞	研究员	中国科学院地理科学与资源研究所	植物生理生态学
张怀刚	研究员	中国科学院西北高原生物研究所	植物遗传学



## 一、年度大事

1月，陈志国研究员培育的春小麦新品种“高原412”经第二届国家农作物品种审定委员会第三次会议审定通过，2009年12月17日中华人民共和国农业部第1309号公告公布，审定编号为：国审麦2009031。

3月，为贯彻落实“青海省省直党政机关企事业单位新一轮定点扶贫暨万名干部下乡动员会”会议精神，以陈世龙主任为组长的西高所中央1号文件宣讲组奔赴海拔3900多米的牧区——果洛州达日县建设乡，开展中央和青海省委1号文件宣讲及扶贫活动。

3月，经单位推荐、专家评审和王宽诚教育基金会审定，2010年度，我室荣获三项中国科学院王宽诚教育基金会项目资助。

4月9日，西北高原生物研究所团委、研究生会联合组织了为西南旱区捐款活动，广大职工和在学研究生踊跃捐款，不在所职工和研究生也委托他人进行捐款，表达着自己的一份爱心，温暖感动。

4月14日7时49分，青海省玉树藏族自治州玉树县发生7.1级地震，给当地人民群众生命安全及财产造成极



高原412田间长相



赴果洛州达日县慰问低保户



全所职工和学生为西南旱区募捐



成立玉树地震救灾小组

大损失。西高所上下全体职工积极响应救灾号召迅速反应，举行募捐活动，积极出谋划策、协助院内各单位行动，为灾区人民贡献一份自己的力量。并组织悼念玉树地震遇难同胞活动，寄托哀思。



全所职工和学生为玉树地震遇难同胞哀悼

4月24日，高原生物适应与进化重点实验室第一届学术委员会第一次会议在西北高原生物研究所召开。中科院生物局综合处处长刘杰，西高所所长张怀刚，党委书记、院重点实验室学术委员会副主任赵新全，副所长陈桂琛，副所长兼院重点实验室主任陈世龙，实验室学术委员会委员顾红雅、施苏华、常智杰、王德华、王道文、汪诗平等及实验室部分人员共计41人参加了会议。



重点实验室学术委员会现场

5月18日，青海省委、省政府隆重召开青海省科学技术奖励大会，表彰2009年度为青海省科技事业发展和新青海建设做出突出贡献的科技工作者。由我所申报的《高寒草甸生态系统与全球变化》成果获得2009年度青海省科学技术进步一等奖。项目组主要完成人曹广民研究员作为获奖代表接受了省委书记强卫的颁奖。



重点实验室学术委员会与会人员合影

5月25日，在2009年度中国科学院院地合作奖评选中，赵新全研究员



《高寒草甸生态系统与全球变化》成果荣获青海省科学技术进步一等奖



获“中国科学院院地合作奖先进个人（科技类）”一等奖。赵新全研究员在院地合作过程中，为国家“三江源生态保护和建设工程”实施提供理论依据和技术支撑，并积极建言献策，效益彰显。

6月7日下午，西北高原生物研究所隆重举行2010届研究生毕业典礼。今年实验室共毕业博士26名，硕士18名。

6月25日，赵新全研究员课题组完成的“藏羚羊种间克隆胚胎的构建”科研成果通过成果评价。

6月28日-7月10日，西北高原生物研究所、北京大学与瑞士苏黎世大学联合在西高所下属海北高寒草甸生态系统开放站举办中瑞研究生暑期学校，主要开展高寒草地生态学研究生的交流和培养。瑞士苏黎世大学11名师生与北京大学、西高所师生一起参加了海北站野外实验培训及青海湖周边地区生态考察。

8月19日至21日，中国科学院副院长詹文龙、青海省科技厅厅长解源、兰州分院副院长杨生荣等在西北高原生物研究所所长张怀刚、副所长陈桂琛的陪同下，考察了饲用甜高粱种植试验研究、玉树震后生态恢复和生态



赵新全研究员在青海省贵南牧场规模化育肥场实地考察



2010届研究生毕业典礼



“藏羚羊种间克隆胚胎的构建”成果鉴定会



中瑞研究生暑期培训班野外考察



衍生产业发展技术与示范、共和县塔拉滩生态治理等项目。

10月3日-11日，应瑞士苏黎世大学邀请，张怀刚所长率团对瑞士、德国的相关学术机构进行了为期8天的正式访问，与瑞士苏黎世大学、德国图宾根大学签订合作协议，取得了丰硕的成果。我室曹广民研究员，百人计划特聘研究员贺金生教授等陪同访问。

10月6-10日，国际农业生物科学中心（CABI）首席科学家 Richard Bardgett 博士，CABI 瑞士中心科学家 Urs Schaffner 博士，英国生态和水文学研究中心土壤生物地球化学和生态学主任 Nick Ostle 博士，在高原生物适应与进化重点实验室主任陈世龙博士与三江源站副站长周华坤博士的陪同下到青海湖周边区域及中科院海北高寒草甸定位站进行考察，调查了解环湖地区的草地生态环境，参观海北站的综合实验观测场、人工草场和模拟增温等实验样地。并举行了“青藏高原草地生态系统管理国际研讨会”，讨论生态系统服务与管理计划（ESPA）第三期资助项目的申报事宜。

10月，由青海省科学技术学术著作出版资金资助，索有瑞研究员所著



詹文龙副院长实地查看甜高粱种植情况



张怀刚所长一行与苏黎世大学进化生物学与环境研究所 Prof. Bernhard Schmid 座谈



青藏高原草地生态系统管理国际研讨会与会人员合影



《柴达木盆地白刺研究与开发》一书出版

的《柴达木盆地白刺研究与开发》一书由科学出版社出版发行。中国工程院吴天一院士为该书作序。

10月29日上午，青海省委书记强卫在省委副书记、西宁市委书记王建军，市委副书记、市长毛小兵等领导的陪同下，视察了即将开馆的青藏高原自然博物馆（由西北高原生物研究所参与并作为技术支撑单位组建的青藏高原自然博物馆已基本完成布展工作）。

11月22日，中国青藏高原研究会20周年纪念暨学术论坛在北京召开，会上表彰了10名荣获第七届“青藏高原青年科技奖”的青年科技工作者，李玉林博士荣获此奖。

12月14日，中国科学院西部行动计划领导小组办公室组织国内有关专家，对赵新全研究员课题组承担的中国科学院西部行动计划（二期）项目“三江源受损生态系统修复机制及可持续管理试验示范”进行了验收。

12月14日，由我所组织申报，中国科学院近代物理研究所、中国科学院电工研究所和青海省农村能源办公室共同参与的中国科学院西部行动计划项目“青海农牧交错区生态农业试验与示范”通过论证。



青海省委书记强卫视察青藏高原自然博物



李玉林博士荣获“青藏高原青年科技奖”



“三江源受损生态系统修复机制及可持续管理试验示范”项目验收会会场



“青海农牧交错区生态农业试验与示范”项目通过论证



## 二、年度工作进展

### 增温和放牧对青藏高原凋落物和粪便分解的温度敏感性响应研究取得进展

在高原生态系统中关于凋落物和粪便分解在营养循环和对气候变化和放牧的响应方面的知识一直发展缓慢。为了估计增温和放牧对凋落物分解的相对作用及凋落物和粪便分解对温度敏感性的响应,汪诗平研究员课题组开展了两项独立的研究:在增温-放牧可控实验平台和 3200 至 3800 米海拔梯度平台开展了 1-2 年的实验。

自由空气温度增强系统(FATE)采用红外加热器,放牧明显增加土壤温度(平均 0.5-1.6°C),从地表至 40cm 土壤深度,除了生长季早期 30cm 土壤深度湿度外,增温和放牧对土壤湿度都没有影响。加热器夜间加热效果大于白天的,但是放牧导致土壤温度增加的效果白天的大于夜间的。海拔 3200m、3600m 和 3800m 5cm 土壤深度的温度年平均值分别是 3.2, 2.4 和 0.3°C。在增温放牧可控实验中,增温和放牧作用都没有改变凋落物的品质。增温和放牧对凋落物分解的影响是累加的,在 2 年的分解期间分别增加了 19.3%和 8.3%,在增温放牧可控实验平台,凋落物分解的温度敏感性系数大约为 11%°C<sup>-1</sup>。在海拔梯度平台凋落物分解的年累加量大约是粪便的 2.5 倍。而粪便分解的温度敏感性指数(约为 18%°C<sup>-1</sup>)大概是凋落物分解温度敏感性指数的 3 倍。

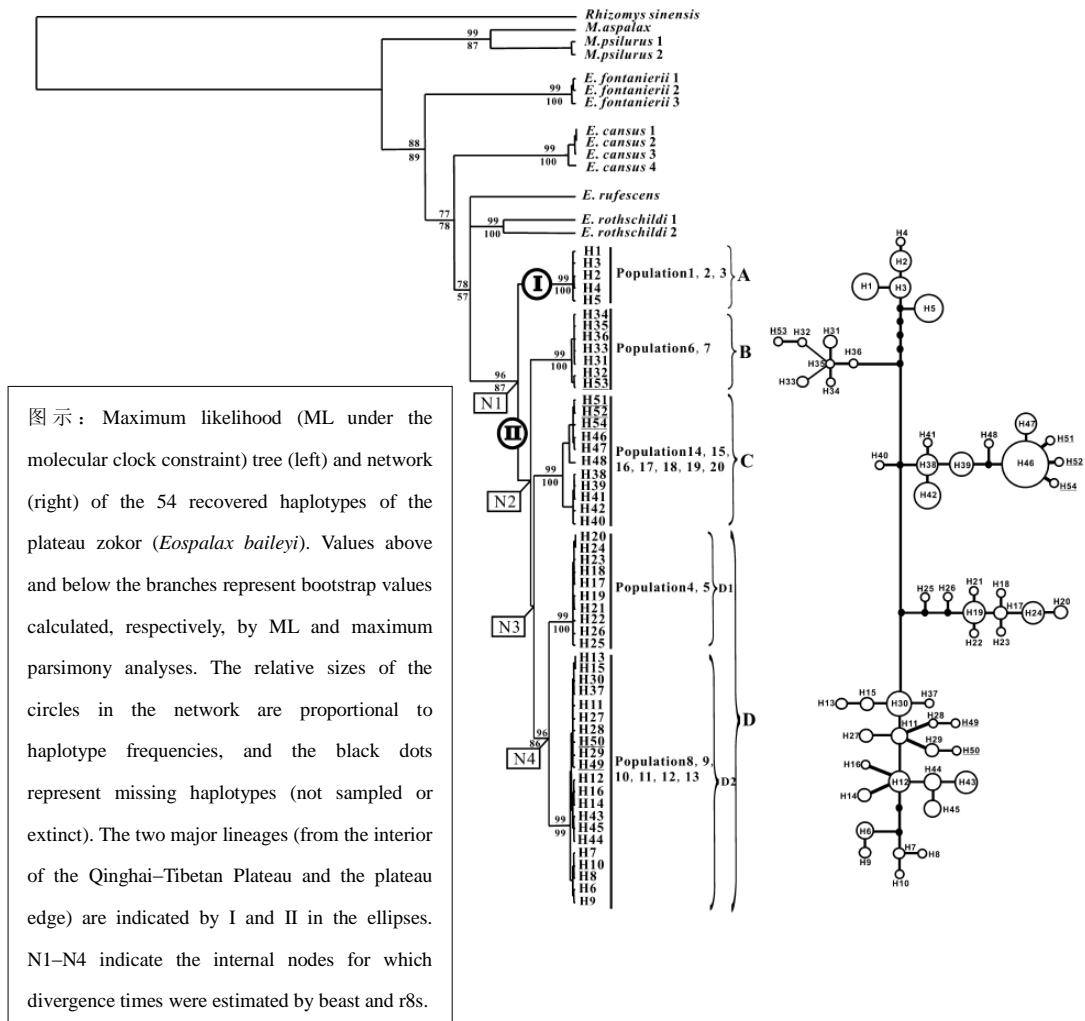
这个结果说明夜间比白天的增温幅度大可以加速凋落物的分解,随着未来温暖化条件下碳蓄量的增加,通过凋落物生物量的减少和粪便产量的增加放牧将加强碳从土壤中释放到大气。研究结果已发表在 2010 年第 16 卷第 5 期“Global Change Biology”杂志上。

### 高原鼯鼠研究获得新进展

苏建平研究员研究组最近的一项研究结果表明,第四纪以来的一系列地质运动和冰期作用对青藏高原土著动物高原鼯鼠(*Eospalax baileyi*)的异域分化和种群

历史产生显著影响。

系统发育和种群遗传分析显示，高原鼯鼠已经分化为 A、B、C、D 四个大的支系。最早的 A 支系分化发生在 1.2 百万年前，与昆仑-黄河运动及喜马拉雅 Naynayxungla 冰期事件的开始时间相对应；昆仑黄河运动及 Naynayxungla 冰期事件在 0.8-0.6 百万年前达到顶峰，导致高原鼯鼠发生第二次大的分化，形成 B、C、D 三大支系；而 0.6-0.5 百万年前的昆仑黄河运动末期及倒三冰期阶段，D 支系又分化为两个亚支系。



在以往的研究中，末次冰期通常与动植物的区域灭绝有关。值得注意的是，高原鼯鼠在末次冰期中并未产生区域性灭绝或被迫外迁，而是在相对较适宜的环境间隙中幸存下来，形成四个主要的生物避难所。种群历史动态的分析表明，无论是青藏高原中心区域还是边缘区域的各支系，种群规模都十分稳定，这可能与高原鼯鼠特殊的地下生活方式（环境相对恒定）有关。

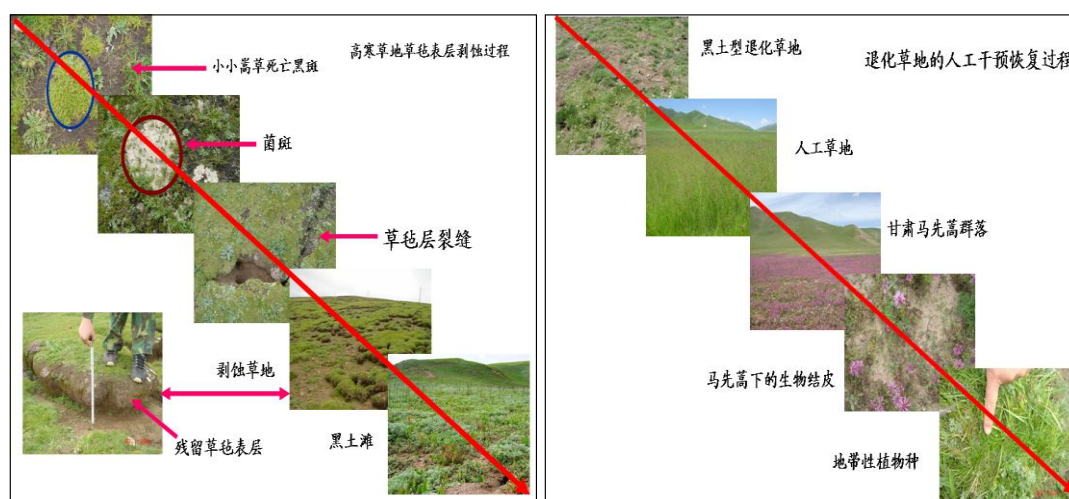


该研究为青藏高原地质、气候事件与土著动物大时间尺度上的进化关系提供了新的分子生态学证据，论文已发表在国际著名生态学期刊《Journal of Biogeography》上。

## 高寒草地退化机理的研究

曹广民研究员课题组对高寒草地退化经研究得出以下结论：放牧干扰下高寒草甸的退化演替过程可分为4个时期，8个阶段。分别为：禾草-矮嵩草群落、矮嵩草群落、小嵩草群落和杂类草-黑土型次生裸地四个时期，按照其草毡表层发育状况，将小嵩草群落时期进一步划分为正常小嵩草群落，草毡表层加厚、草毡表层开裂和草毡表层剥蚀4个阶段。

其实际应用意义表现在：1) 青藏高原上小嵩草群落的大面积发育是禾草-矮嵩草群落在长期超载放牧下偏途演替的结果，如采取封育或减牧后，均可回复到禾草-矮嵩草群落，但时间具差异极大；2) “黑土滩”型高寒退化草地的自然恢复耗时耗力，人工干预可大大缩短对“剥蚀型”和“黑土滩”型退化草地的回复进程。



高寒草地的退化演替过程

高寒草地的人工干预恢复过程

图示：高寒草地正逆向演替过程

## 藏羚羊种间克隆胚胎的构建

赵新全研究员课题组经不懈努力完成了藏羚羊种间克隆胚胎的构建。该成果采用组织块培养法，获得了核型正常、活力高的藏羚羊皮肤成纤维细胞系，为藏

羚羊种间核移植、胚胎学、发育生物学、细胞生物学和分子生物学等研究提供了充足的材料，具有重要的科学意义。建立并优化了适合青藏高原地区的山羊、牦牛、黄牛和奶牛卵母细胞体外成熟培养体系。该体系的建立不但解决了藏羚羊种间核移植受体细胞的问题，也为今后转基因动物克隆和高原畜种遗传改良等提供了技术来源。

首次将手导式克隆技术应用到动物异种克隆领域，该技术操作简便，无需贵重设备，便于应用。创建了提高藏羚羊体细胞和受体卵胞质融合效率的化学辅助融合方法，降低了操作难度、缩短了操作时间，提高了供体细胞与受体胞质的融合效率。基于无透明带手导式克隆技术，构建了藏羚羊-黄牛、藏羚羊-奶牛、藏羚羊-牦牛、藏羚羊-山羊的种间体细胞核移植胚胎，并能够在体外发育。其中，藏羚羊-山羊种间克隆胚胎能够发育到桑椹胚，发育率较高，为下一步藏羚羊-山羊种间胚胎移植奠定了基础。

### 三江源区适宜性草-畜产业发展关键技术集成与示范

由徐世晓副研究员主持的“三江源区适宜性草-畜产业发展关键技术集成与示范”项目，在三江源地区建植优良牧草生产基地 5200 亩，其中在玉树州玉树县巴塘地区建植多年生饲草基地 1700 亩（燕麦与青海草地早熟禾混播饲草生产基地 1000 亩，青海草地早熟禾多年生优良牧草 700 亩）；果洛州玛沁县大武地区建植饲草基地 1500 亩（燕麦与青海草地早熟禾混播饲草生产基地 100 亩，青海草地早熟禾多年生优良牧草 1400 亩）；在海南州同德县建植多年生饲草基地 2000 亩（燕麦与箭舌豌豆混播实验示范基地 100 亩，燕麦与多年生牧草混播饲草生产基地 1900 亩）。利用优质牧草捆裹包膜和壕贮青贮技术，生产优良青贮牧草 630 吨；同时，结合全价混合日粮(TMR)加工饲喂技术的应用，实施饲草料营养科学搭配技术示范，生产全价混合日粮 760 吨，为周边移民新村开展规模化健康饲养提供饲草料保障。

初步筛选出适宜在三江源地区栽培的多年生禾本科牧草适宜品种 2 种、一年生牧草和多年生牧草混播组合方案 3 套；在三江源地区建立农牧耦合型生态畜牧业产业化生产基地 3 个（海南州同德县及贵南县、果洛州玛沁县和玉树州玉树县），育肥示范基地年育肥家畜规模达 26000 只羊单位。



在同德县北巴滩瓜什则移民村和果洛新村建立颗粒饲料加工生产线各 1 套，每套颗粒饲料生产机组分别由干草粉碎机及提升机、精料粉碎机及提升机、混合机和颗粒机组成；颗粒饲料加工机组的混合料年生产能力达到 4500 吨以上；颗粒饲料年生产能力达到 1200 吨以上。日生产能力可为 7000 只以上规模的藏系绵羊育肥提供充足颗粒饲料，为移民新村舍饲育肥规模的扩大和项目成果进一步推广应用奠定了基础。

### **培育春小麦新品种**

陈志国研究员主持培育的旱地春小麦新品种“高原 412”通过全国农作物品种审定；主持培育的旱地春小麦新品种“高原 437”通过青海省农作物品种审定。主持引进的莜麦新品种“坝莜 6 号”和合作引进的莜麦新品种“晋九”（第 2 完成人），通过青海省农作物品种审定。

### **藏药桑蒂苷胶囊开发研究**

本项目建立了川西獐牙菜药材的质量标准，增补了薄层鉴别、含量测定等项目，并对性状、显微鉴别做了修订。通过对药材提取工艺、萃取工艺及柱纯化工艺研究，建立了获得川西獐牙菜中有效部位（龙胆苦苷和芒果苷等）含量高于 50% 的提取分离工艺，工艺稳定成熟。制定了桑蒂苷胶囊的质量标准，完成了光照试验、高温试验和 3 个月室温条件下的稳定性考察，初步证明桑蒂苷胶囊质量稳定。通过主要药效学研究表明，桑蒂苷胶囊对四氯化碳所致大鼠肝纤维化有一定的治疗作用，对二甲基亚硝胺诱导的大鼠肝纤维化有缓解作用。急性毒性试验表明其半数致死量（LD<sub>50</sub>）为 20.2g/kg。该研究成果达到国内领先水平，由魏立新研究员课题组完成。

### **青藏高原生物标本馆**

科研方面：出野外考察 70 余天，共采集植物标本 7300 号，脊椎动物标本 1200 号；制作标本 7000 号，鉴定标本 2000 号。科研人员利用馆藏标本正进行《昆仑植物志》的编写工作。发表相关论文 8 篇，出版图书《青海野生植物图谱精选》。



工作人员整理标本



中小學生參觀標本館

管理方面：植物標本信息系統新錄入標本 1500 號。網上可查詢標本信息 21 萬多條，圖片 12 萬張；動物標本新錄入 500 餘號。共接待本所、動物研究所、石河子大學、昆明植物所等國內外各大學、研究機構查閱動植物標本 680 餘人次，查閱標本超過 10000 號。

科普方面：積極組織和參與院公眾科學日、全國科普日等活動，收到了良好的效果。科普展廳常年堅持不定期開放，共接待大中小學生及社會各界參觀 3500 人次。參與青藏高原自然博物館的建設，並提供了部分展品。

### 三、国际合作与交流

#### \* 来访

1月20日-2月10日,俄罗斯病毒学与生物技术研究中心 Shestopalov Alexandr 教授一行,就“雅江中游越冬水禽调查”合作项目与李来兴副研究员在西藏进行联合科学考察,考察主题是“冬季雅鲁藏布江流域越冬水禽调查”,调查内容包括了越冬水鸟种类、数量、越冬群位置和栖息地环境。

2月1-6日,应张堰铭研究员邀请,英国阿伯丁大学环境与生物研究所所长 John R. Speakman 教授就“高原鼠兔低温生理适应”项目开展中英国际合作野外实验研究,对青海省海晏、刚察等县进行了考察。

5月1日-6月30日,根据中国科学院外国专家特聘研究员计划,新西兰陆地管理研究所 Roger P. Pech 教授及其合作者 Andrea E. Byrom 教授就“高原鼠兔种群调节研究”项目与张堰铭研究员开展合作,赴青海省果洛州玛沁县进行科学考察。

6月1-10日,英国阿伯丁大学生命科学院 John R Speakman 教授就“高原鼠兔低温生理适应”项目再次赴我所开展中英国际合作野外实验研究。

6月28日-7月10日,西北高原生物研究所、北京大学与瑞士苏黎世大学联合在西高所下属海北高寒草甸生态系统开放站举办中瑞研究生暑期学校,主要开展高寒草地生态学研究生的交流和培养。瑞士苏黎世大学11名师生与北京大学、西北高原生物研究所师生一起参加了海北站野外实验培训及青海湖周边地区生态考察。

7月5日-8月2日,根据中国科学院和波兰科学院协议项目安排,波兰科学院 W. Szafer 植物研究所 Beata Paszko 博士来我所进行了为期近一个月的科学考察和学术交流活动。在此期间, Beata Paszko 博士查阅了青藏高原动植物标本馆标本,并在青海省大通县老爷山、互助北山林场、青海湖、拉脊山、贵德县群加林场、坎布拉国家地质森林公园和循化孟达天池等地区进行了考察。并做了题为“Systematic Studies of Closely Related Species within Two Familiar Genera *Calamagrostis* and *Deyeuxia*”的学术报告。



7月20日-8月20日，根据我所与日本国立环境研究所合作协议，该所科研人员白石托也、广田充一行来我所下属海北高寒草甸生态系统开放站进行青海草原生物多样性研究。

7月20日-8月20日，应李来兴副研究员邀请，俄罗斯病毒学与生物技术研究中心 Mariya Sivay 博士来我室对相关技术人员和研究生进行了利用 Real Time RT-PCR 仪测试斑头雁粪便颗粒携带禽流感病原体实验的培训，并对青海湖湿地进行了科学考察。

7月20-23日，应贺金生研究员邀请，韩国高丽大学 Haegeun Chung 博士来海北站参观实验设施。

10月6-10日，国际农业生物科学中心（CABI）首席科学家 Richard Bardgett 博士，CABI 瑞士中心科学家 Urs Schaffner 博士，英国生态和水文学研究中心土壤生物地球化学和生态学主任 Nick Ostle 博士来我所参加青藏高原草地生态系统管理国际研讨会，并对海北高寒草甸定位站进行了考察。

11月17-21日，应索有瑞研究员邀请，加拿大西蒙弗雷泽大学于化忠教授来我所进行交流合作，并做了题为“Reading disc-based bioassays with standard computer drives”的学术报告。

12月2日，应贺金生研究员邀请，韩国高丽大学 Yowhan Son 教授一行3人来海北站参观实验设施。

12月2日，应赵新全研究员邀请，瑞士伯尔尼大学 Gregory B.Greenwood 博士来西宁进行学术交流合作，做了题为“*How Can We Implement Interdisciplinary Earth System Science on the Third Pole?*”的学术报告。

#### \* 出访

1月20日-4月20日，应新西兰陆地管理研究中心邀请，张堰铭研究员进行了为期三个月的高级研究学者访问。

2月1-15日，应加拿大魁北克大学蒙特利尔分校环境科学研究所 Changhui Peng 教授邀请，贺金生研究员赴加拿大就高寒草地土壤碳通量对全球变暖响应开展交流。

3月1日-8月20日，应美国奥克拉荷马大学邀请，周国英副研究员就“工程干扰迹地植被恢复的生态学过程”赴美进行了为期五个月的合作研究。

5月17-22日,陈世龙研究员应英国爱丁堡皇家植物园 Stephen Blackmore 教授邀请,赴英国参加《中国植物志》编委会会议。

6月6-14日,应俄罗斯国家病毒与生物技术研究中心邀请,李来兴副研究员赴俄罗斯参加中、俄、美青年科学家野生鸟类流行病、寄生虫快速诊断培训班,并作了题为“Vertical migration of birds between Russia Far East and China”的圆桌会议主题演讲。

7月30日-8月8日,贺金生研究员赴美国匹兹堡参加第95届美国生态学会年会。

8月20-30日,李来兴副研究员应巴西圣保罗大学生物遗传与进化研究所邀请,访问了圣保罗大学生物遗传与进化研究所,并参加在该地举办的第25届国际鸟类学大会。

9月4-11日,贺金生研究员随A3项目代表团,赴日本参加在名古屋举行的第74届日本植物学大会,并参观了北海道梁乃申先生的全球变化实验基地。

10月1-8日,应瑞士苏黎世大学进化生物学与环境科学研究所 Prof. Bernhard Schmid 邀请,曹广民研究员等一行4人赴瑞士开展高原生态学与高原农业研究领域学术交流,并商讨签订机构间合作协议。

12月11-20日,陈世龙研究员应尼泊尔特里布万大学 Krishna K. Shrestha 教授邀请,赴尼泊尔首都加德满参加“泛喜马拉雅植物志第二次国际研讨会”。

## 四、学术交流及活动

2月28日-3月5日，贺金生研究员参加了由德国基金委和中国国家基金委主办的 BEF-China 北京年度会议。

3月28-31日，由中国农业科学院作物研究所/国家小麦改良中心、江苏里下河地区农科所/国家小麦改良中心扬州分中心、国家小麦产业技术体系遗传育种研究室、中国作物学会小麦产业分会和国际玉米小麦改良中心举办的“第6届全国小麦遗传育种学术研讨会”在江苏扬州召开，陈志国研究员和窦全文副研究员参加了此次会议，窦全文副研究员做了题为“青海高原春小麦优质抗病育种”的报告。

4月12日，贺金生研究员参加了由中科院生物局组织的“中科院虫草项目论证会”。

6月20-22日，陈世龙研究员参加了在北京香山举行的“FLPH项目第一次国内编委会”。

6月21-22日，陈志国研究员和王海庆副研究员参加了在新疆石河子市召开的“中国科学院与新疆生产建设兵团科技合作工作会议”。陈志国研究员在会上做了题为“高原号春小麦新品种培育与示范推广”的成果发布，重点介绍了近年来育成小麦新品种及示范推广情况。

6月23日，由新疆自治区经济和信息委员会和中国科学院新疆分院共同主办的“中国科学院--新疆科技合作项目对接会”在乌鲁木齐举办，陈志国研究员、王海庆副研究员参加了该对接会，做了题为“青海高原春小麦育种现状及其展望”的大会报告，并和相关企业、科研院所的人员进行接洽，与当地部分企业达成初步的合作意向。

6月29日-7月3日，由中国科学院科学传播办公室主办的中国科学院科学传播培训班在上海举行，李文靖工程师参加了此次培训。

8月2-6日，由中国鱼类学会主办的“中国海洋湖沼（动物）学会鱼类分会2010年学术研讨会暨第八届会员代表大会”在新疆乌鲁木齐召开，赵凯研究员参加了此次会议，并做了题为“裂腹鱼适应进化的两个研究案例”的报告。



8月中旬,曹广民研究员参加了由我所和中国科学院微生物所、中国科学院新疆生态与地理环境所等在青海西宁承办的“‘十二五’预研重要方向项目—高寒草地生态系统主要功能群对气候变化响应研讨会”。

8月25-26日,上海海洋大学刘志伟博士应邀来我室进行学术交流,作了题为“Synapse elimination during *Drosophila* metamorphosis”的报告,并对相关人员进行激光共聚焦显微镜的培训。

9月5-7日,“藏羚羊保护十年回顾暨首届中国四大自然保护区研讨会”在西宁举行,张同作副研究员受邀参加会议,并作为藏羚羊科学研究专家代表作了题为“藏羚羊种群生态及保护生物学研究”的大会报告。

9月28日,青海省林业局组织全省16家相关单位召开《青海省重点保护野生动物造成人身财产损害赔偿办法(征求意见稿)》立法听证会,张同作副研究员作为野生动物保护专家代表受邀参加本次会议并作大会发言。

10月8-10日,李玉林副研究员赴山东济南参加由中国化学会、国家自然科学基金委员会主办的“中国化学会第八届天然有机化学学术研讨会”。

10月10-14日,刘登才研究员和窦全文副研究员参加了由中国农业科学院作物科学研究所和中国科学院发育与遗传研究所组织承办的第四届亚洲染色体会议,窦全文副研究员做了题为“利用原位杂交进行6个披碱草种重复序列物理定位及基因组分析”的报告。

10月15-18日,边疆晖研究员和张同作副研究员参加了“第六届全国野生动物生态与资源保护暨庆祝中国动物学会鸟类学分会和兽类学分会成立三十周年”学术会议。并在中国生态学会动物生态专业委员会换届选举会上,张堰铭研究员、边疆晖研究员和张同作副研究员当选为新一届全国动物生态专业委员会委员。

10月24日,贺金生研究员赴昆明参加了由国家基金委、世界农林中心(World Agroforestry Centre)组织的“Planning Workshop 2010, Tree Crops for Food Security and Global Sustainability”会议。

12月7日,由保护国际基金会、山水自然保护中心和青海省林业局主办的“普氏原羚研究与保护总结展望会”在西宁召开,张同作副研究员受邀作为专家代表参加了本次会议,并为今后普氏原羚及其栖息地的保护提出有价值的专业建议。

## 五、2010 年科研项目

2010 年度共争取所外各类科研项目约 30 项，经费约 2000 万元。

2010 年开始执行科研项目如下：

### 1、国家重大基础研究规划项目子专题及攻关项目：

- 李来兴主持“候鸟非连续式传播与家禽连续式传播要素演变规律分析”，161 万元，起止年限：2010 年 01 月—2013 年 12 月。
- 张堰铭主持“气候对高原鼠兔种群爆发的影响”，100 万元，起止年限：2010 年 01 月—2013 年 12 月。
- 窦全文主持“黄花苜蓿的遗传转化和筛选鉴定工作”，30 万元，起止年限：2010 年 01 月—2012 年 12 月。

### 2、国家科技支撑项目：

- 张堰铭主持“高原鼠兔野外实验动物培育种群的建立”，73 万元，起止年限：2010 年 01 月—2013 年 12 月。

### 3、科学院项目：

- 赵凯主持“裂腹鱼进化基因组学与功能基因研究”，300 万元，起止年限：2010 年 01 月—2013 年 12 月。
- 曹广民主持“高寒草地生态系统主要功能群对气候变化的响应”，200 万元，起止年限：2010 年 01 月—2011 年 12 月。
- 贺金生主持“高寒草甸土壤呼吸对气候变暖响应与适应的微生物学机制”，21 万元，起止年限：2010 年 01 月—2012 年 12 月。
- 贺金生主持“冬虫夏草原生境资源保育研究”，70 万元，起止年限：2010 年 04 月—2013 年 12 月。
- 索有瑞主持“青海沙棘高档果酒成果转化及关键技术优化”，40 万元，起止年

限：2010年01月—2012年12月。

- 丁晨旭主持“白刺花色苷产业化”，35万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。
- 王莉主持“水母雪莲毛状根生长及有效成份的积累与调控”，24万元，起止年限：2010年01月—2014年12月。

#### **4、国家自然科学基金：**

- 张同作主持“落叶树中酚类化合物抑制高原麝鼠咬食的化学机制”，31万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。
- 赵凯主持“裂腹鱼高度特化的生物地理学基础”，31万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。
- 边疆晖主持“艾美耳球虫寄生物对高原鼠兔种群控制效应的研究”，30万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。
- 曹广民主持“青藏高原高寒草甸植物对大气甲烷行为分异及其环境效应”，32万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。
- 陈世龙主持“虎耳草属山羊臭组系统演化研究”，30万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。

#### **5、国际合作项目：**

- 王洪伦与加拿大西蒙弗雷泽大学合作“柴达木枸杞品质评价及品牌特点研究”，20万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。

#### **6、青海省科技攻关项目：**

- 丁晨旭主持“高原草红花资源综合利用技术及新产品研发”，50万元，起止年限：2010年08月—2013年12月。
- 沈裕虎主持“青稞若干重要性状的高通量关联分析与基因发掘”，10万元，起止年限：2010年08月—2012年12月。
- 李玉林主持“柴达木盆地枸杞活性成分多糖和色素提取分离技术及中试生产工艺研究”，20万元，起止年限：2010年01月—2011年12月。

- 王洪伦主持“柴达木枸杞品质评价及品牌特点研究”，20万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。
- 郭松长主持“高原鼠兔内皮型一氧化氮合酶（eNOS）基因克隆与表达调控”，12万元，起止年限：2010年11月—2012年12月。

## 7、企业委托或合作：

- 索有瑞主持“青藏高原沙棘资源研究与开发”，50万元，起止年限：2010年01月—2015年12月。
- 韩发主持“青藏高原野生优质植物新油源——微孔草籽油的提取技术研究及示范”，25万元，起止年限：2010年01月—2012年12月。

## 正在执行尚未完成的课题：

### 1、国家部委项目：

- 陈桂琛主持“高原天然草地保护恢复及合理利用技术集成与试验示范”，660万元，起止年限：2008年01月—2012年12月。
- 陈世龙主持“唐古特地区特殊生境种质资源调查”，120万元，起止年限：2008年01月—2013年12月。
- 张堰铭主持“鼠类种群生殖调控与不育控制机理”，300万元，起止年限：2008年01月—2013年12月。
- 周华坤主持“养分和水分对高寒草甸生态系统结构与功能的调控机理”，55万元，起止年限：2009年01月—2012年12月。
- 张怀刚主持“作物特殊营养成分的代谢及其调控研究”，25万元，起止年限：2009年01月—2012年12月。
- 李来兴主持“禽流感疫情监测技术研究”，88万元，起止年限：2009年01月—2011年12月。
- 徐世晓主持“三江源区适宜性草-畜产业发展关键技术集成与示范”，420万元，起止年限：2009年06月—2012年12月。
- 周华坤主持“三江源区退化草地生态修复关键技术集成与示范”，65万元，起



止年限：2009 年 05 月- 2012 年 12 月。

## 2、科学院项目：

- 贺金生主持“植物对青藏高原极端环境的适应：基于碳、氮经济学的机制”，200 万元，起止年限：2009 年 01 月-2012 年 12 月。
- 郭松长主持“青藏高原羊模式动物及基地建设”，150 万元，起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 曹广民主持“高寒草地生态系统固碳潜力及其增汇措施”，80 万元，起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 陈世龙主持“虎耳草属山羊臭组的系统进化研究”，20 万元，起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 边疆晖主持“高原鼠兔无公害新型生物控制技术的研究”，40 万元，起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 张同作主持“利用适宜树种和林草间作模式抑制退耕还林地鼠害”，23 万元，起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。

## 3、国家自然科学基金：

- 郭松长主持“诱导型一氧化氮合酶（iNOS）在高原鼠兔低氧适应中的作用”，21 万元。起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 汪诗平主持“放牧家畜及其排泄物对高寒草甸生态系统温室气体通量的影响”，30 万元。起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 周国英主持“青藏高原多年冻土区重大工程迹地植被自然恢复的生态学过程与冻土演变的关系研究”，23 万元。起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 索有瑞主持“天然香豆素类醛糖还原酶抑制剂的筛选及抑制机理研究”，30 万元。起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 李玉林主持“基于 HPLC/MS 分析技术化学筛选‘藏茵陈’的抗 HBV 活性部位”，30 万元。起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。
- 王海庆主持“拟南芥动蛋白 AtOvKLP 参与胚珠发育调控的机制”，30 万元。起止年限：2009 年 01 月-2011 年 12 月。

- 赵亮主持“青海果洛退化草甸草原生态系统通量观测”，20 万元。起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。

#### 4、国际合作项目：

- 周华坤与日本畜产草地研究所合作“三江源区人工草地的稳定性维持机理、调控策略及可持续利用研究”，15 万元，起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。

#### 5、青海省科技攻关项目：

- 索有瑞主持“沙棘和白刺利用共性关键技术开发、集成与转化”，189 万元，起止年限：2009 年 09 月—2012 年 12 月。
- 赵新全主持“青海省种草养畜技术集成与示范”，132 万元，起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。

#### 6、企业委托或合作：

- 徐世晓主持“藏系绵羊健康育肥技术研究及示范”，20 万元，起止年限：2009 年 09 月—2012 年 12 月。

#### 7、重点实验室开放基金：

- 李玉林主持“藏茵陈活性成分的高效液相色谱/质谱分析及分离制备”，10 万元。起止年限：2008 年 01 月—2011 年 12 月。
- 杨慧玲主持“藏药麻花艽有效成分随生长环境的变化”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。
- 张同作主持“落叶树抑制高原鼯鼠咬食的化学机制”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。
- 周党卫主持“高山植物穴丝草 COR15 基因复制后功能分化研究”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。
- 丁晨旭主持“白刺花色苷精制工艺及药效学研究”，10 万元。起止年限：2009

年 01 月—2011 年 12 月。

- 王环主持“大戟属两种藏药植物化学成分及抗肿瘤活性研究”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。
- 沈裕琥主持“青藏高原青稞种质资源评价：SSR 和 EST-SSR 标记的应用研究”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。
- 刘宝龙主持“紫色籽粒小麦品种高原 115 中调控花青素合成的 bHLH 转录因子克隆及功能验证”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2012 年 12 月。
- 高庆波主持“基于核 DNA ITS 序列对西川红景天进行历史进化研究”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2011 年 12 月。
- 周玉碧主持“西部地区锁阳资源品质评价研究”，10 万元。起止年限：2009 年 01 月—2012 年 12 月。

## 六、人才引进和岗位变动

王小艳、王永翠、张波、陈懂懂、林恭华、罗彩云、胡延萍和操胜博士应聘到实验室工作。



## 七、人才培养

### 1、概况

2010年，实验室共招收研究生40人（其中博士研究生10人，硕博连读研究生5人，硕士研究生25人）。毕业博士生26人、硕士生18人。目前在站博士后5人、在读研究生101人（其中博士研究生28人，硕博连读研究生10人，硕士研究生63人）。

### 2、荣誉

地奥二等奖学金：李国梁

朱李月华优秀博士生：徐广平、孙志伟、胡延萍

院长优秀奖学金：罗彩云

中科院研究生院优秀学生干部：王文娟、杨乐

中科院研究生院三好学生标兵：米兆荣

中科院研究生院三好学生：梁东营、李婧梅、尚艳霞、王蕾、苏爱玲、柳颀、周曙光、胡宜刚、连利叶、赵德勇、张兴旺、杨晓霞、司庆文。

### 3、博士研究生毕业（26人）

1月，魏乐（导师：张怀刚）通过博士论文答辩，论文题目：小麦眼斑病抗性基因Pch1和供体的遗传图谱及Pch1转移片段的遗传多样性。

6月，林恭华（导师：苏建平）通过博士论文答辩，论文题目：地下啮齿类—甘肃鼯鼠挖掘器官形态适应与种群遗传学分析。

6月，于鸿浩（导师：赵新全）通过博士论文答辩，论文题目：基于手导式克隆技术的藏羚羊种间核移植。

6月，柳颀（导师：张怀刚）通过博士论文答辩，论文题目：HMW-GS新基因的克隆与HMW-GS转基因沉默效应的遗传研究。

6月，张波（导师：张怀刚）通过博士论文答辩，论文题目：植物一氧化氮合成

酶关联因子的分子生物学及生理功能研究。

6月，岳鹏鹏（导师：彭敏）通过博士学位论文答辩，论文题目：青海高原紫花针茅草原群落数量生态学研究。

6月，胡延萍（导师：李毅）通过博士学位论文答辩，论文题目：唐古特大黄遗传多样性研究。

6月，杨仕兵（导师：彭敏）通过博士学位论文答辩，论文题目：五脉绿绒蒿种质资源遗传多样性研究。

6月，张蕊（导师：刘永军）通过博士学位论文答辩，论文题目：肾上腺素受体（ $\beta$ 2AR）和钾离子通道（Kir6.2）与一系列药物的相互作用机制研究。

6月，王志国（导师：刘永军）通过博士学位论文答辩，论文题目：药物分子与醛糖还原酶和 HCV NS5B 聚合酶的作用机制及 3D-QSAR 研究。

6月，于瑞涛（导师：张怀刚）通过博士学位论文答辩，论文题目：水母雪莲中牛蒡子苷元的分离制备及生物活性研究。

6月，李锦萍（导师：陈桂琛）通过博士学位论文答辩，论文题目：青海唐古特大黄有效成分动态变化及元素特征研究。

6月，韩友吉（导师：陈桂琛）通过博士学位论文答辩，论文题目：青海椭圆叶花锚活性成分空间变化格局和季节动态研究。

6月，吕坪（导师：彭敏）通过博士学位论文答辩，论文题目：川西獐牙菜部位群抗四氯化碳肝损伤的保肝作用研究。

6月，孙涛（导师：龙瑞军）通过博士学位论文答辩，论文题目：祁连山高山草地治蝗育禽机理与模式研究。

6月，侯勤正（导师：刘建全）通过博士学位论文答辩，论文题目：青藏高原三种高山植物的传粉适应。

6月，曹越（导师：索有瑞）通过博士学位论文答辩，论文题目：锡金微孔草种子油成分、活性及应用研究。

6月，王小艳（导师：索有瑞）通过博士学位论文答辩，论文题目：青藏高原油菜蜂花粉功能活性成分研究。

6月，张凤枰（导师：索有瑞）通过博士学位论文答辩，论文题目：青海浆果植物籽油和果粉成分及活性比较研究。

6月，石丽娜（导师：韩发）通过博士论文答辩，论文题目：锡金微孔草化学成分提取方法比较及海拔因素对其有效成分含量的影响。

6月，徐广平（导师：汪诗平）通过博士论文答辩，论文题目：高寒草甸植物和植物群落对增温和放牧的响应与适应研究。

6月，罗彩云（导师：汪诗平）通过博士论文答辩，论文题目：增温和不同土地利用方式对高寒草甸生态系统净碳交换特征影响的研究。

6月，胡宜刚（导师：汪诗平）通过博士论文答辩，论文题目：气候变化和放牧对青藏高原高寒草甸生态系统温室气体通量影响的研究。

6月，段义忠（导师：陈世龙）通过博士论文答辩，论文题目：窄叶鲜卑花分子地理学研究。

11月，刘永安（导师：陈世龙）通过博士论文答辩，论文题目：老芒麦高分子量醇溶谷蛋白基因的克隆。

12月，周国英（导师：陈桂琛）通过博士论文答辩，论文题目：多年冻土区工程干扰迹地植被恢复的生态学过程及其机理研究。

#### 4、硕士研究生毕业（18人）

6月，彭慧超（导师：刘建全）通过硕士论文答辩，论文题目：粗茎秦艽及其近缘物种物种分化研究。

6月，司庆文（导师：刘建全）通过硕士论文答辩，论文题目：达乌里秦艽的传粉生物学研究。

6月，王东平（导师：魏立新）通过硕士论文答辩，论文题目：藏药佐太中汞的动物蓄积初步研究。

6月，夏振江（导师：魏立新）通过硕士论文答辩，论文题目：藏药佐太的传统炮制工艺规范和质量标准研究。

6月，杨红霞（导师：魏立新）通过硕士论文答辩，论文题目：藏药诃子制铁屑和制乌头的传统工艺研究。

6月，赵德勇（导师：陈志国）通过硕士论文答辩，论文题目：青海省春小麦主要性状评价及品质特性研究。

6月，滕旭（导师：刘永军）通过硕士论文答辩，论文题目：大叶白麻总黄酮提

取工艺的研究及分子对接技术在药物设计中的应用。

6月，李国梁（导师：刘永军）通过硕士学位论文答辩，论文题目：柴达木枸杞活性成分研究。

6月，陈千权（导师：张堰铭）通过硕士学位论文答辩，论文题目：高原属兔攻击行为模式及其影响因素。

6月，杨晓林（导师：赵新全）通过硕士学位论文答辩，论文题目：高原鼠兔血浆一氧化氮含量测定及 eNOS cDNA 基因部分的克隆。

6月，米兆荣（导师：张耀生）通过硕士学位论文答辩，论文题目：基于 MODIS 的近地表气温反演与植被动态研究。

6月，王建雷（导师：李英年）通过硕士学位论文答辩，论文题目：青海高寒草甸生态系统植被/土壤固碳潜力的初步研究。

6月，孙建文（导师：李英年）通过硕士学位论文答辩，论文题目：海北站高寒草甸碳密度的空间异质性分布。

6月，梁东营（导师：曹广民）通过硕士学位论文答辩，论文题目：高寒嵩草草甸退化分异定量化指标研究。

6月，尚洪磊（导师：陈桂琛）通过硕士学位论文答辩，论文题目：青海湖北岸道路工程行程的次生裸地植被自然恢复研究。

6月，许璟瑛（导师：陈桂琛）通过硕士学位论文答辩，论文题目：青海山萮蓂有效成分与化学元素的时空动态特征。

6月，任飞（导师：韩发）通过硕士学位论文答辩，论文题目：超临界 CO<sub>2</sub> 流体萃取琉璃苣籽油的研究。

6月，苏爱玲（导师：汪诗平）通过硕士学位论文答辩，论文题目：气候变化对高寒草甸枯落物分解特性的影响及温度敏感性研究。

## 5、实验室在站博士后、研究生目录

### 在站博士后（5人）

2007年：        王文强（合作导师：印象初）；

2008年：        郭志林（合作导师：赵新全）；



2009 年： 赵云峰（合作导师：索有瑞）；

2010 年： 杨黎彬（合作导师：索有瑞）；

陈立同（合作导师：贺金生）。

### 在读博士研究生（28 人）

2007 年： 冯秉福（导师：赵新全）； 曹俊虎（导师：赵新全）；

杨路存（导师：陈桂琛）；

2008 年： 李克欣（导师：刘建全）； 曲家鹏（导师：赵新全）；

夏 莲（导师：尤进茂）； 丁 栋（导师：陈桂琛）；

星玉秀（导师：彭 敏）； 孙志伟（导师：尤进茂）；

史俊友（导师：刘永军）；

2009 年： 刘德梅（导师：陈桂琛）； 李红琴（导师：张怀刚）；

利毛才让（导师：索有瑞）； 杨 敏（导师：赵新全）；

赵健中（导师：彭 敏）； 董丽华（导师：刘永军）；

曹 惠（导师：赵新全）； 邓 黎（导师：韩 发）；

2010 年： 邹婧汝（导师：赵新全）； 米兆荣（导师：贺金生）；

李春婷（导师：索有瑞）； 杨月琴（导师：彭 敏）；

李国梁（导师：尤进茂）； 陈 光（导师：尤进茂）；

杨红霞（导师：彭 敏）； 范宝磊（导师：索有瑞）；

朱文琰（导师：贺金生）； 皮 立（导师：韩 发）；

### 在读硕博连读研究生（10 人）

2009 年： 张发起（导师：陈世龙）； 段吉闯（导师：汪诗平）；

张振华（导师：汪诗平）； 杨晓霞（导师：贺金生）；

常小峰（导师：汪诗平）；

2010 年： 王 蕾（导师：刘登才）； 谢 玲（导师：赵新全）；

郑 杰（导师：索有瑞）； 谢久祥（导师：苏建平）；

李印虎（导师：陈世龙）。

## 在读硕士研究生（63人）

- 2008年： 王欣（导师：张怀刚）； 刘琦（导师：张怀刚）；  
林巧燕（导师：汪诗平）； 杨虎虎（导师：张堰铭）；  
尚艳霞（导师：师生波）； 连利叶（导师：窦全文）；  
宋成刚（导师：李英年）； 王文娟（导师：王海庆）；  
杨乐（导师：李来兴）； 杨乐（导师：边疆晖）；  
乔春连（导师：徐世晓）； 李婧梅（导师：赵亮）；  
李春丽（导师：周国英）； 周曙光（导师：张耀生）；  
叶鑫（导师：周华坤）； 李岑（导师：魏立新）；
- 2009年： 强伟（导师：索有瑞）； 朱利娜（导师：索有瑞）；  
景年华（导师：尤进茂）； 陈涛（导师：李玉林）；  
张国英（导师：魏立新）； 全正香（导师：魏立新）；  
朱洪梅（导师：魏立新）； 雷云霆（导师：窦全文）；  
纪托（导师：李来兴）； 庞礴（导师：郭松长）；  
杜寅（导师：边疆晖）； 蔡海（导师：赵亮）；  
李生庆（导师：张堰铭）； 姜建峰（导师：魏立新）；  
温军（导师：周华坤）； 刘卫根（导师：周国英）；  
邹庆春（导师：张耀生）； 周同永（导师：韩发）；  
布仁巴音（导师：汪诗平）； 朱鹏锦（导师：师生波）；  
王基恒（导师：徐世晓）； 郭小伟（导师：曹广民）；
- 2010年： 何彦峰（导师：王洪伦）； 权文利（导师：陈志国）；  
李文聪（导师：丁晨旭）； 杨莉（导师：师生波）；  
喻凤（导师：窦全文）； 李梦园（导师：魏立新）；  
沈迎芳（导师：王海庆）； 高亚婷（导师：刘登才）；  
王萍（导师：李玉林）； 胡娜（导师：索有瑞）；  
李璠（导师：周国英）； 刘翠霞（导师：苏建平）；  
杨传华（导师：张同作）； 何慧（导师：边疆晖）；  
张涓泽（导师：郭松长）； 张仁意（导师：赵凯）；  
刘力华（导师：张堰铭）； 刘晓琴（导师：李英年）；

陈 哲（导师：周华坤）； 朱小雪（导师：汪诗平）；  
王广帅（导师：贺金生）； 李 婧（导师：曹广民）；  
葛世栋（导师：徐世晓）； 韩 涛（导师：韩 发）；  
付鹏程（导师：陈世龙）。

## 八、发表论著

2010 年，重点实验室共发表论文 170 篇，出版专著 2 本。论文中 SCI 期刊论文 68 篇，CSCD 期刊论文 95 篇。详见下表：

刊物类型	第一作者单位	非第一作者单位	总数
SCI 期刊论文	45	23	68
CSCD 期刊论文	70	25	95
其它刊物论文	5	2	7
总计	120	50	170

### 2010 年代表性论著目录

(注：序号后注\*为重点实验室第一完成单位，作者后注\*为通讯作者)

#### SCI 期刊论文

- 1\*. Yanping Hu, Li Wang, Xiaolong Xie, Jian Yang, Yi Li\*, Huaigang Zhang\*. Genetic diversity of wild populations of *Rheum tanguticum* endemic to China as revealed by ISSR analysis. *Biochemical Systematics and Ecology*. 2010, 38(3):264-274.
- 2\*. Li-Zhou Tang, Liu-Yang Wang, Zhen-Yuan Cai, Jian-Ping Su\*, Jian-Quan Liu\*, *et al.* Allopatric divergence and phylogeographic structure of the plateau zokor (*Eospalax baileyi*), a fossorial rodent endemic to the Qinghai-Tibetan Plateau. *Journal of Biogeography*. 2010, 37(4):657-668.
- 3\*. CAIYUN LUO, GUANGPING XU, ZENGGUO CHAO, SHIPING WANG\*, *et al.* Effect of warming and grazing on litter mass loss and temperature sensitivity of litter and dung mass loss on the Tibetan plateau. *Global Change Biology*. 2010, 16(5):1606-1617.
- 4\*. Yigang Hu, Xiaofeng Chang, Xingwu Lin, Yanfen Wang, Shiping Wang\*, *et al.* Effects of warming and grazing on N<sub>2</sub>O fluxes in an alpine meadow ecosystem on the Tibetan plateau. *Soil Biology & Biochemistry*. 2010, 42(6):944-952.
- 5\*. Guangping Xu, Yigang Hu, Shiping Wang\*, Zhenhua Zhang, *et al.* Effects of litter quality and climate change along an elevation gradient on litter mass loss in an alpine meadow



- ecosystem on the Tibetan plateau. *Plant Ecol.* 2010, 209(2):257-268.
- 6\*. Guangping Xu, Zengguo Chao, Shiping Wang\*, Yigang Hu, *et al.* Temperature sensitivity of nutrient release from dung along elevation gradient on the Qinghai-Tibetan plateau. *Nutr Cycl Agroecosyst.* 2010, 87(1):49-57.
7. Chun-Jie Wang, Lian-Quan Zhang, Shou-Fen Dai, You-Liang Zheng, Huai-Gang Zhang, Deng-Cai Liu\*. Formation of unreduced gametes is impeded by homologous chromosome pairing in tetraploid *Triticum turgidum* × *Aegilops tauschii* hybrids. *Euphytica.* 2010, 175(3):323-329.
8. Shengyun Chen, Guili Wu, Shilong Chen\*, Jiawen Ren, Dahe Qin. Molecular phylogeny and biogeography of the narrow endemic *Coelonema* and affinitive *Draba* (Brassicaceae) based on two DNA regions. *Biochemical Systematics and Ecology.* 2010, 38(4):796-805.
- 9\*. Zhaofeng Wang, Xin Shen, Bin Liu, Jianping Su, Jianquan Liu\*, *et al.* Phylogeographical analyses of domestic and wild yaks based on mitochondrial DNA: new data and reappraisal. *Journal of Biogeography.* 2010, 37(12):2332-2344.
- 10\*. Gonghua LIN, Jiuxiang XIE, Haixin CI, Lizhou TANG, Jianping SU\*, Tongzuo ZHANG\*. Morphological adaptations of incisors in the subterranean Gansu zokor, *Myospalax cansus* (Rodentia, Spalacidae). *Folia Zoologica.* 2010, 59(4):295-300.
- 11\*. Lizhou TANG, Tongzuo ZHANG, Gonghua LIN, Jianping SU\*. Phylogenetic Discontinuity of Plateau Zokor (*Myospalax Baileyi Thomas*) Populations in Qinghai-Tibetan Plateau. *Polish Journal of Ecology.* 2010, 58(1):167-176.
12. Yu-Peng GUO, Ru ZHANG, Cui-Yun CHEN, Dang-Wei ZHOU, Jian-Quan LIU\*. Allopatric divergence and regional range expansion of *Juniperus sabina* in China. *Journal of Systematics and Evolution.* 2010, 48(3):153-160.
- 13\*. Bo Zhang, Haiqing Wang, Pei Wang, Huaigang Zhang\*. Involvement of nitric oxide synthase-dependent nitric oxide and exogenous nitric oxide in alleviating NaCl induced osmotic and oxidative stress in *Arabidopsis thaliana*. *African Journal of Agricultural Research.* 2010, 5(13):1713-1721.
- 14\*. Dangwei Zhou, Qinzhen Hou, Qinwen Si, Jianquan Liu, Huiling Yang\*. Concentrations of Active Constituents of the Tibetan Folk Medicine Qinjiao (*Gentiana sect. Cruciata*) Within and Between Taxonomic Species across. *Chemistry&Biodiversity.* 2010, 7(8):2088- 2094.

- 15\*. Ho Ting Nong\*, Liu Shang Wu. Two New Species of Gentianaceae from Northwestern Yunnan, China. *Novon*. 2010, 20(2):166-169.
- 16\*. Liu Shang Wu\*, Ho Ting Nong. Two New Species of *Saussurea* (Asteraceae) from the Qinghai-Xizang Plateau, China. *Novon*. 2010, 20(2):172-174.
- 17\*. Yu-Rong DU, Song-Chang GUO, Zhao-Feng WANG, Jian-Ping SU\*, Jian-Quan LIU\*. Demographic history of the Tibetan antelope *Pantholops hodgsoni* (chiru). *Journal of Systematics and Evolution*. 2010, 48(6):490-496.
- 18\*. Gonghua LIN, Haixin CI, Simon J. THIRGOOD, Tongzuo ZHANG\*, Jianping SU\*. GENETIC VARIATION AND MOLECULAR EVOLUTION OF ENDANGERED KOZLOV'S PIKA (*OCHOTONA KOSLOWI BÜCHNER*) BASED ON MITOCHONDRIAL CYTOCHROME B GE. *Polish Journal of Ecology*. 2010, 58(3): 563-568.
19. Yongcui Wang, Jiguang WANG, Zhixia YANG, Naiyang DENG. Sequence-Based Protein-Protein Interaction Prediction via Support Vector Machine. *Journal of Systems Science and Complexity*. 2010, 23(5):1012-1023.
20. Yong-Cui Wang, Xiao-Bo Wang, Zhi-Xia Yang\*, Nai-Yang Deng\*. Prediction of Enzyme Subfamily Class via Pseudo Amino Acid Composition by Incorporating the Conjoint Triad Feature. *Protein & Peptide Letters*. 2010, 17(11): 1441-1449.

### CSCD 期刊论文

- 1\*. 陈晓澄, 李文靖\*, 2010, 荒漠猫脊椎和管状骨的观察。四川动物 29 (3): 424-425。
- 2\*. 胡延萍, 谢小龙, 王莉, 李毅\*等, 2010, 唐古特大黄 ISSR-PCR 反应条件的优化。广西植物 30 (1): 112-116。
- 3\*. 彭慧超, 赵淑慧, 谢贺, 周党卫\*, 2010, 穴丝茅的组织培养与植株再生。植物生理学通讯 46 (4): 379-380。
4. 彭秉玉, 胡延萍, 巩爱岐, 李毅\*等, 2010, 杂交油菜 ISSR-PCR 反应体系的建立和优化。植物研究 30 (5): 576-581。
- 5\*. 李英年\*, 薛晓娟, 王建雷, 朱志红等, 2010, 典型高寒植物生长繁殖特征对模拟气候变化的短期响应。生态学杂志 29 (4): 624-629。
- 6\*. 孙建文, 李英年\*, 宋成刚, 王建雷等, 2010, 高寒矮嵩草草甸地上生物量和叶面积指

- 数的季节动态模拟。中国农业气象 31 (2): 230-234。
7. 柯君, 王慧春, 周华坤, 赵新全等, 2010, 三江源区高寒草甸 43 种植物繁殖体质量比较。草业科学 27 (3): 15-20。
  - 8\*. 苏爱玲, 徐广平, 段吉闯, 汪诗平\*等, 2010, 祁连山金露梅灌丛草甸群落结构及主要种群的点格局分析。西北植物学报 30 (6): 1231-1239。
  - 9\*. 周党卫\*, 彭慧超, 程大志, 王爱珍等, 2010, 冬虫夏草培养子实体 ITS,5.8S 的分析及系统发育研究。生物技术通报 (7): 110-112。
  - 10\*. 彭慧超, 韩发, 王环, 周党卫\*等, 2010, 3 种高山植物紫外吸收物质含量随海拔与季节的变化特征。西北植物学报 30 (6): 1197-1203。
  - 11\*. 段义忠, 张得钧, 高庆波, 陈世龙\*等, 2010, 窄叶鲜卑花(*Sibiraea angustata*) nrDNA ITS 和 cpDNA trnL-F 序列分子进化特点的分析。植物研究 30 (2): 146-151。
  - 12\*. 刘瑞娟, 王海庆\*, 沈裕虎, 2010, 拟南芥动蛋白 AtOvKLP 的序列分析及原核表达。甘肃农业大学学报 45 (3): 151-155。
  - 13\*. 张耀生\*, 赵新全, 赵双喜, 冯承彬, 2010, 三江源区温性草原蒸散量与主要影响因子的相关分析。中国沙漠 30 (2): 363-368。
  - 14\*. 米兆荣, 张耀生\*, 赵新全, 冯承彬等, 2010, NDVI 和 EVI 在高寒草地牧草鲜质量估算和植被动态监测中的比较。草业科学 27 (6): 13-19。
  - 15\*. 陈千权, 曲家鹏, 刘明, 张堰铭\*, 2010, 高原鼠兔对炔雌醚、左炔诺孕酮和 EP-1 不育药饵的适口性。动物学杂志 45 (3): 87-90。
  - 16\*. 李春喜, 董喜存, 李文建\*, 张怀刚等, 2010, 甜高粱在青海高原种植的初步研究。草业科学 27 (9): 75-81。
  - 17\*. 林恭华, 谢久祥, 苏建平, 张同作\*, 四种小哺乳动物四肢长骨重量配置分析。四川动物 29 (5): 622-625。
  18. 唐利洲, 于龙, 丁伟\*, 苏建平\*等, 2010, 高原麝鼠种群历史动态研究。四川动物 29 (5): 521-526。
  - 19\*. 蔡振媛, 张毓, 吉文鹤, 董琦\*, 2010, ICP-OES 测定熊肉中 7 种微量元素的含量。分析实验室 29 (5): 346-347。
  - 20\*. 胡延萍, 王莉, 李毅\*, 2010, 分子标记技术在大黄属植物种质资源研究中的应用。生物技术通报 (12): 64-68。
  - 21\*. 周国英, 陈桂琛\*, 徐文华, 杨路存等, 2010, 围栏封育对青海湖地区芨芨草草原生物

- 量的影响。干旱区地理 33 (3): 434-441。
22. 张法伟\*, 李跃清, 李英年, 李以康等, 2010, 高寒草甸不同功能群植被盖度对模拟气候变化的短期响应。草业学报 19 (6): 72-78。
  23. 张立荣, 牛海山\*, 汪诗平, 李英年等, 2010, 增温与放牧对矮嵩草草甸 4 种植物气孔密度和气孔长度的影响。生态学报 30 (24): 6961-6969。
  - 24\*. 布仁巴音, 徐广平, 段吉闯, 汪诗平\*等, 2010, 青藏高原高寒草甸初级生产力及其主要影响因素。广西植物 30 (6): 760-769。
  - 25\*. 周曙光, 张耀生\*, 赵新全, 米兆荣, 2010, 黄河源区不同草地类型土壤水分状况及其与降水的关系。湖南农业科学 (21): 41-44。
  26. 张毓, 蔡振媛, 董琦, 吉文鹤\*, 2010, ICP-OES 测定熊肉中金属元素的含量。光谱实验室 27 (6): 2215-2218。
  - 27\*. 李春丽, 周国英\*, 徐文华, 陈桂琛, 2010, 原子吸收光谱法测定野生羌活药材中微量元素。分析试验室 (29): 115-118。
  28. 张法伟\*, 李跃清, 李英年, 李以康等, 2010, 高寒草甸不同植被功能群盖度对模拟气候变化的初期响应。草地学报 18 (6): 768-773。

## 其它刊物论文

- 1\*. 苏爱玲, 张振华, 汪诗平\*, 段吉闯等, 2010, The effects of grazing on LAI of *Kobresia humilis* alpine meadow system in different season. 草原与草坪 30 (1): 50-55。
- 2\*. 周党卫\*, 蒋君娥, 2010, 濒危植物穴丝草解剖结构及其与环境的关系。资源开发与市场 26 (2): 97-99。

## 专著

1. 索有瑞。柴达木盆地白刺研究与开发。北京: 科学出版社, 2010。
2. 陈志国等。中国旱区农业。南京: 江苏科学技术出版社, 2010。

## 九、简讯

### 高原生物适应与进化重点实验室召开第一届学术委员会第一次会议

4月24日，高原生物适应与进化重点实验室第一届学术委员会第一次会议在西北高原生物研究所标本楼二楼会议室召开。中科院生物局综合处处长刘杰，西高所所长张怀刚，党委书记、院重点实验室学术委员会副主任赵新全，副所长陈桂琛，副所长兼院重点实验室主任陈世龙，实验室学术委员会委员顾红雅、施苏华、常智杰、王德华、王道文、汪诗平等及西高所科技处和实验室部分人员共计41人参加了会议。

实验室学术委员会正式会议前，陈桂琛副所长介绍了与会来宾，并代表研究所对到会的各位委员和领导表示了热烈的欢迎。张怀刚所长为院重点实验室学术委员会委员颁发了聘书。



实验室学术委员会由副主任赵新全研究员主持。陈世龙主任首先介绍了实验室工作情况，他从研究方向和内容、交流合作、研究队伍与支撑人员、仪器设备、实验室专项经费使用、科研用房与改善计划、管理体制与运行机制和存在问题及

下一步工作重点等方面向学术委员会委员作了全面汇报。

贺金生博士和赵凯博士分别做了题为《中国草地植物生态属性对环境的适应及高寒草地对全球变化的响应》和《裂腹鱼适应进化的生态学



基础》的学术报告。引起委员们浓厚的兴趣，并围绕学术问题展开了热烈的讨论。

下午，与会委员就实验室研究方向、科学问题的凝练、人才引进与培养等方面进行深入讨论并提出了许多宝贵意见和建议。生物局综合规划处刘杰处长对实验室建设提出具体建议，并对长期奋战在西高所的科学家表示敬意，对各位到会专家表示感谢。



最后，张怀刚所长总结讲话，他指出：“此次会议召开的非常成功，各位委员和生物局刘处长就实验室发展提出的意见和建议对实验室发展有着重要意义。”，并对实验室今后的工作提出了具体要求。同时向到会的各位委员和生物局综合处领导对实验室工作的大力支持及实验室全体人员的辛勤工作表示衷心地感谢。

会议结束后，与会人员一同参观了我所生物标本馆。

## 西高所抗震救灾活动纪实

### 一、迅速反应

4月14日7时49分，青海省玉树藏族自治州玉树县发生7.1级地震。给当地人民群众生命安全及财产造成极大损失。灾后，党中央、国务院、青海省委、省政府高度重视。青海省委书记强卫、省直机关发出要求，要求各单位紧急行动起来，投入到抗震救灾的工作中。西高所所党委更是高度重视，立即积极组织力量开展抗震救灾工作，迅速成立了中科院西北高原生物研究所青海玉树抗震救灾应急小组，组长由西高所所长张怀刚担任，副组长由党委书记赵新全担任，成员由副所长陈桂琛、陈世龙，组织人事处处长王萍、科技处处长钟海民、办公室主任杨勇刚、生态中心主任曹广民、藏药中心主任彭敏、农业中心主任陈志国组成，应急小组办公室设在所办公室。



## 二、举行募捐活动

4月15日一早，远在北京的党委书记赵新全与所长张怀刚紧急商量后，决定号召全所职工为地震灾区进行捐款，同时从结余党费中捐款一万元。



从这场灾难发生的那刻起，西高所的广大职工群众就开始关注灾区，那里的灾情一直牵动着全所职工群众的心，多年来，西高所大部分科研人员都在玉树做过野外工作，对那里的一山一水都充满了了感情。一方有难，八方支援。

在所党委的号召下，西高所工会立即行动起来，工会副主席杨勇刚带领在所的工会委员朱莉、李英年、赵亮、崔瑞贤等于4月15日中午11:30至15:00时在西高所操场进行集中募捐活动，在所的职工和离退休老同志、研究生等在短短的就捐款24722.4元。集中募捐结束后，依然有同志们不断的捐款，截至到4月16日16时，西高所职工群众累计捐款共计28522.4元，连同所党委结余党费10000元，一并送往青海省红十字基金会。同时西高所的九三分社社员还在社省委捐款900元。

现场捐款活动中，出现了很多感人的一幕，在球场上玩耍的孩子在妈妈的带领下捐款，在所内租房的群众也来到现场捐款，在职职工纷纷踊跃捐款，所领导更是带头募捐；一些离退休老同志



也是早早就在募捐地点等候捐款，其中就有家庭困难的老职工，行动不便的也委托亲属前来捐款，研究生们也是积极踊跃的捐款，钱虽不多，但都是一颗颗滚烫的爱心。更有在外地和出国的吴翠珍、刘尚武、何廷农、王颖、史顺海等同志，

纷纷委托或汇款来奉献爱心。

### 三、积极出谋划策、协助院内各单位行动

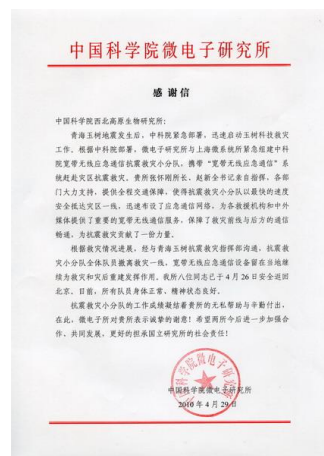
4月16日上午，西高所青海玉树抗震救灾应急小组召集各研究中心负责人和研究员会议，研究部署玉树地震科技救灾工作。与会人员结合西高所的学科优势



和工作基础，围绕西高所在青海玉树灾区灾后重建中能够做哪些工作进行了讨论。最后大家形成共识：在积极做好配合国家和中科院各有关部门开展抗震救灾工作的同时，尽快成立由多学科组成的科学调研组，择日赶赴灾区，开展此次地震对玉树和周边地区生态环境

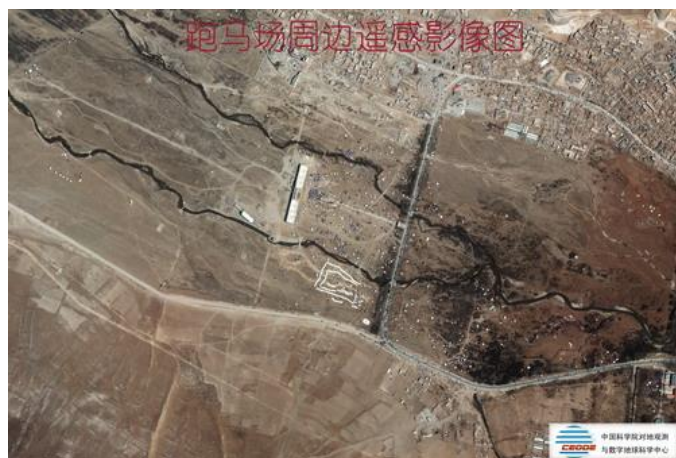
和农牧业生产的影响，在调研的基础上，提出玉树及周边地区生态恢复、高原畜牧业生产等的对策和建议，为当地政府和牧民群众在灾后重建和生产自救提供科学依据和技术支持。

16日下午，兰州分院抗震救灾办公室主任杨生荣与青海盐湖所、西北高原生物研究所领导班子协商抗震救灾事宜。杨生荣向两所通报了兰州分院关于成立青海玉树县抗震救灾工作领导小组的情况，并与两所领导就如何为中国科学院相关研究所抗震救灾队伍提供后勤保障进行了详细部署。同时先期到达的上海微电子所郑敏团队相关人员也参加了会议并就相关情况进行了通报。西高所与盐湖所积极响应中国科学院指示，为微系统所、微电子所相关科研人员组成的“宽带应急通讯指挥系统”，提供人员和车辆保障，我所的李英年研究员和王林随同青海省科技厅副厅长李华于下午4点30分携带相关仪器设备西宁出发，奔赴灾区。



4月17日上午，兰州分院抗震救灾办公室主任杨生荣与青海省科技厅厅长解源就中科院抗震救灾事宜进行了协商。杨生荣向解源厅长通报了兰州分院关于

成立青海玉树县抗震救灾工作领导小组的情况，介绍了中科院相关救援行动的进展以及中科院青海两所为中科院相关研究所抗震救灾队伍提供后勤保障的情况。



西北高原生物研究所与青海盐湖所积极响应中国科学院指示，解源厅长对中科院有关研究所的救援行动表示感谢，就中科院在灾害救助、次生灾害预防、灾害评估、灾后重建方面提供科技支撑进行了探讨，并现场协调了寒旱所的救助行动，青海盐湖所所长马海州、寒旱所张小军、武汉测地所三名专家及西北高原所杨勇刚主任参加了会议。

4月17日上午9时，经过16小时的艰苦行程，由微系统所、微电子所相关科研人员和盐湖所、西高所李英年研究员、王林一行12人组成的“宽带应急通讯指挥系统”救援队到达玉树灾区。应青海省救灾指挥部的要求，该救援队在灾区的主要任务是提供宽带应急通讯指挥服务，保障前方救灾指挥部与青海省救灾指挥部的通信畅通，同时为中国国际救援队提供通讯服务。救援队抵达后，微系统所队员龚勇发生高原反应，17日下午3时多从玉树出发乘坐西高所王林驾驶的车辆连夜返回西宁。

同时，我所还利用中科院院内高速网络传输了中科院对地观测所于4月14日上午10时拍摄的玉树震区遥感图像，于当晚通过科技厅送到了省政府办公厅。



4月19日下午，中科院半导体所李树深副所长、副书记以及综合办公室主任慕东、科技开发处副处长段瑞飞，携带200套LED手电系列，专程抵达西宁市，向玉树灾区人民捐献了200套（600只）LED手电。西高所杨勇刚主任与兰

4月19日下午，中科院半导体所李树深副所长、副书记以及综合办公室主任慕东、科技开发处副处长段瑞飞，携带200套LED手电系列，专程抵达西宁市，向玉树灾区人民捐献了200套（600只）LED手电。西高所杨勇刚主任与兰



州分院副院长杨生荣等一同前往机场迎接，并将 200 套 LED 照明系统送往青海省科技厅，青海省科技厅厅长解源会见了李树深副所长一行，代表灾区接受了捐赠并对中科院半导体所的爱心行动表示衷心的感谢。

4 月 20 日上午，由我所派出的苏建平课题组皮卡车一辆，满载这科学院各相关单位的物资随同青海省科技厅副厅长邢小方奔赴玉树地震灾区。同时青海省科技厅在西北高原生物所召开了玉树灾后重建工作研讨会。科技厅厅长解源出席并主持了会议。中科院北京地理所、西北高原生物所、院外建筑、太能源以及新闻传媒等单位近 30 人参加了会议。参会专家就灾后重建工作充分发表了意见和见解，并形成了初步的认识和看法。纷纷表示会抓紧时间尽快形成科学的规划意见，争取为政府灾后重建工作提供科技支撑、科学决策。

#### 四、组织悼念玉树地震遇难同胞活动

根据青海省人民政府 4 月 20 日发布《关于悼念玉树地震遇难同胞活动的公告》，21 日青海省全省将举行哀悼活动，全省下半旗志哀，21 日上午 10 时起，全省人民默哀 3 分钟。



21 日早，大雪未歇，高原古城西宁笼罩在悲恸的气氛中，西北高原所很多离退休老职工不顾恶劣的天气，早早就来到了工作区国旗前，9:50，所内职工、研究生、聘用人员等陆续集中到国旗前，上午 10 时正，全所职工为玉树地震遇难同胞举行哀悼活动，现场降半旗，所有人员驻足默哀，所有车辆鸣笛。防空警报声在城市上空回响。

### 青海省科学技术奖励大会召开喜获一等奖

5 月 18 日，在玉树抗震救灾取得阶段性重大胜利，灾后重建开始启动，青海省各项工作异常繁忙的情况下，青海省委、省政府隆重召开青海省科学技术奖

励大会，表彰 2009 年度为青海省科技事业发展和新青海建设做出突出贡献的科技工作者。

会议由青海省副省长高云龙主持，副省长邓本太宣读了《省政府关于 2009 年度青海省科学技术奖励的决定》。青海省省委书记、省人大常委会主任强卫，省委副书记、省长骆惠宁，省委常委



委沈何、李鹏新、吉狄马加、多杰热旦，省人大常委会副主任刘晓，副省长何挺，省政协副主席马志伟出席会议并为获奖代表颁奖。

由中科院西北高原生物研究所申报的《高寒草甸生态系统与全球变化》成果获得 2009 年度青海省科学技术进步一等奖。项目组主要完成人曹广民研究员作为获奖代表接受了省委书记强卫的颁奖。

该项目主要完成人为赵新全、曹广民、徐世晓、赵亮、周华坤、李英年、崔晓勇、孙平、王长庭、董全民。

青藏高原是我国内陆及东亚地区重要的生态屏障。随着全球气候变暖和人类活动的加剧，青藏高原生态环境的变化逐渐成为全球关注的焦点。该研究在全球气候变化对青藏高原高寒草甸生态系统影响研究方面取得了如下创新成果：



(1) 通过野外增强紫外辐射实验证实紫外辐射增强可增加高寒草甸植物的叶片厚度，改变植物物候期。

(2) 首次报道了实验增温可降低青藏高原高寒草甸植物物种多样性和牧草营养品质，合理放牧可以减轻增温引

起物种丧失的负面效应，这在高纬度高寒地区具有趋同性。

(3) 首次运用涡度相关法证实青藏高原未退化高寒草甸具有较强的碳汇能力，其固碳能力受控于土壤碳储量和放牧干扰，合理利用天然草地可促进生态系统的碳固定。

(4) 通过高寒草甸对人类活动和气候变化的响应研究，证实了高寒草甸生态系统具有较强的恢复能力和稳定性，提出了高寒草甸退化演替的被动-主动退化假说。



其研究成果对加深全球气候变化对青藏高原高寒草甸生态系统影响的科学认识，合理制定该地区应对气候变化的对策和退化草地有效恢复措施，推动我国全球变化生态学方面的研究，具有重要的科学理论价值和实践意义。

青海省省长骆惠宁在讲话中指出，2009年，是新世纪以来青海经济社会发展最为困难的一年。面对严峻复杂的形势，省委、省政府坚持把增强自主创新能力作为转变发展方式、应对风险挑战的关键举措，大幅度增加科技投入，加快推动重大科技专项，重点实施“123”科技支撑工程，攻克了一批新能源、新材料、盐湖化工、装备制造等特色产业发展的重大技术难题。全省取得科技成果 227



项，科技对经济增长的贡献率达到了 44.7%。这些成绩的取得，是全省上下深入实施科教兴省战略、大力推动科技创新的结果，是广大科技工作者奋发有为、勇攀科技高峰的结果。

骆惠宁强调，当前，青海省正处于加快发展方式转变，奋力实现“四个发展”的关键时期。我们还面临玉树灾后重建的艰巨任务。面对汹涌澎湃的科技革命浪潮，面对区域间争先发展的



竞争态势。我们要深刻认识科技创新的重大意义，始终坚持自主创新、重点跨越、支撑发展、引领未来的方针，进一步把科技创新摆在我省发展战略的核心地位，作为转变发展方式的中心环节，充分发挥科技对全省经济社会发展的引领作用、对玉树灾后重建的支撑作用，促进经济发展由资源依赖型向创新驱动型转变。我们要积极探索开放式的科技创新之路，树立世界眼光，扩大交流合作，整合国内外科技资源和我省特色优势，通过多方面协作，努力实现更高层次、更高起点上的自主创新、合作创新、集成创新。我们要牢牢把握科技创新的重点领域，在矿产资源勘查开发、新材料、新能源、企业技术改造、特色农牧业、生物资源开发、节能降耗、生态建设等方面，着力攻克一批关键技术，带动经济结构优化升级；在玉树灾后重建中着力推广应用清洁能源、节能环保材料等现代技术成果，使玉树重建为应对世界气候变化做出积极贡献。我们要面向经济建设主战场，加快建设以企业为主体、产学研紧密结合的技术创新体系，大力培育具有科技优势的市场主体和产业集群，积极发展创新型企业 and 公共科技创新平台，加速科技成果向产业优势、经济优势和竞争优势转化。



骆惠宁指出，科技是第一生产力，人才是第一战略资源。我们要牢固树立科学人才观，尊重科技人才成长和队伍建设规律，进一步完善和落实重视人才、吸引人才、激励人才的政策举措，进一步创造有利于人才生活、工作、创业、发展的良好环境，努力造就一支规模宏大、结构合理、素质优良的科技队伍，为科技进步与创新提供智力保障。他强调，时代呼唤科技创新，发展亟需科技支撑。让我们在省委的坚强领导下，深入贯彻落实科学发展观，努力开创科技事业发展的新局面，为加快建设富裕文明和谐新青海做出新的贡献。

## 成功举办青藏高原草地生态系统管理国际研讨会

10月6-7日，国际农业生物科学中心（CABI）首席科学家 Richard Bardgett 博士，CABI 瑞士中心科学家 Urs Schaffner 博士，英国生态和水文学研究中心土壤生物地球化学和生态学主任 Nick Ostle 博士，在高原生物适应与进化重点实验室主任陈世龙博士与三江源站副站长周华坤博士的陪同下到青海湖周边区域及中科院海北高寒草甸定位站进行考察，调查了解环湖地区的草地生态环境，参观海北站的综合实验观测场、人工草场和模拟增温等实验样地。CABI 各成员对西北高原生物研究所近年来在高寒草甸生态系统生态学研究上所做出的成绩给予了很高的评价与肯定，并表示了合作研究的愿望。



2010年10月8日下午，“青藏高原草地生态系统管理国际研讨会”在研究所二楼会议室举行，讨论生态系统服务与管理计划（ESPA）第三期资助项目的申报事宜。参会单位有国际农业生物科学中心，英国自然环境研究理事会，中国农业部，青海省科技厅，中科院西北高原生物所，中国农科院草原所，中国农科院农业研究和农业区域规划研究所，中国农科院农业经济与发展研究所，青海省社科院，青海省畜牧兽医科学院。所党委书记赵新全博士主持会议，重点实验室



主任陈世龙博士致开幕词。青海省科技厅厅长解源博士首先介绍了青海省的省情及近来的社会、经济发展状况。随后，会议由项目首席科学家 Richard Bardgett 主持。Bardgett 首先介绍了 ESPA 项目的目的及资金的筹备情况。接着，中

科院农科院草原所所长侯向阳研究员、西高所党委书记赵新全研究员、英国生态和水文学研究中心土壤生物地球化学和生态学主任 Ostle、CABI 瑞士中心科学家 Schaffner、CABI 英国中心研究

员 Maczey、中国农科院农业资源与农业区划研究所蔡典雄研究员、中国农科院农业经济与发展研究所朱立志研究员、青海省社科院院长孙发平研究员先后展示了各自研究领域的内容及成果。中国农科院原副院长章力健博士、CABI 东亚地区中心副主任张巧巧博士、北京代表处张峰博士就项目的组织管理进行了介绍。



2010年10月9日，会议分小组进一步就项目的总目标及具体的任务进行了提议和讨论。包括研究青海高原草地利用、生物多样性和土地退化的相互关系，管理生态系统商品和服务的方法，利用生态系统的管理活动来恢复退化草地，用生态学、经济学、社会学来指导生态系统服务的经济评估等。最终，会议初步拟定了申报项目的实施内容与实施方法，于10月10日圆满结束。

## “高原 412”通过国家农作物品种审定委员会审定

陈志国研究员培育的春小麦新品种“高原 412”经第二届国家农作物品种审定委员会第三次会议审定通过，2009年12月17日中华人民共和国农业部第1309号公告公布，审定编号为：国审麦 2009031。

审定意见认为：该品种符合国家小麦品种审定标准，通过审定。适宜在青海互助、大通、湟中，甘肃定西、通渭、会宁、榆中、永靖，宁夏西海固的春麦区旱地种植。

春小麦新品种“高原 412”主要特征特性为春性，成熟期比对照“定西 35号”早熟5天。幼苗半直立，芽鞘白色。株高平均86厘米。穗纺锤形，无芒，白壳，红粒，籽粒角质、腹沟较深，冠毛少。两年区试平均亩穗数29.5万穗，穗粒数31.4粒，千粒重40.1克。抗旱性鉴定，抗旱性4级，抗旱性较差。落黄好。接种抗病性鉴定：高抗白粉病，中抗条锈病，高感叶锈病、黄矮病。2007年、2008年分别测定品质（混合样）：籽粒容重776克/升、772克/升，蛋白质含



量 16.75%、16.11%；面粉湿面筋含量 32.2%、36.5%，沉降值 62.2 毫升、66.6 毫升，吸水率 63.3%、60.0%，稳定时间 5.6 分钟、5.7 分钟，最大抗延阻力 342E.U、



342E.U，延伸性 16.0 厘米、194.4 厘米，拉伸面积 23.8 平方厘米、68.5 平方厘米。2007 年参加西北春麦旱地组品种区域试验，平均亩产 184.6 公斤，比对照“定西 35 号”增产 14.0%；2008 年续试，平均亩产 271.5 公斤，比对照“定

西 35 号”增产 6.23%。2008 年生产试验，平均亩产 222.5 公斤，比对照“定西 35 号”增产 10.1%。

## 青海省黄南州泽库县碳贸易项目《土地利用和草地管理主要技术实施方案及其经济分析报告》通过专家论证

4 月 14 日，根据青海省科技厅的要求，中国科学院西北高原生物研究所邀请相关专家对青海省黄南州泽库县碳贸易项目的《土地利用和草地管理主要技术实施方案及其经济分析报告》进行了论证。

论证会由中国科学院西北高原生物研究所张怀刚所长主持，青海省科技厅邢小方副厅长、农社处马瑞主任科员、世界混农林中心安迪博士、黄南州农牧局周有锋副局长、泽库县办公室普华多杰主任、中国科学院西北高生物研究所科技处钟海民处长等参加了会议。

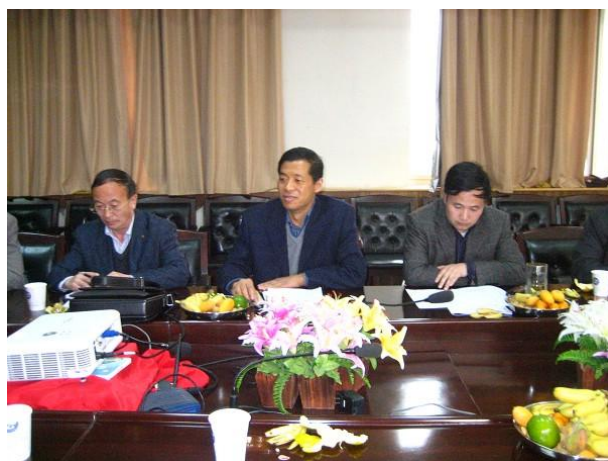


该报告的主要目的是，通过改善草地管理、恢复退化草地及改良牲畜管理等措施，在减少温室气体排放的同时促进项目区域草地畜牧业的可持续发展。在青

海省科技厅与联合国粮食与农业组织协调下，由中国科学院西北高原生物研究所和世界混农林中心等单位进行技术实施方案的设计。

专家组认为：1、该技术方案通过大量的文献查阅和综述，结合对黄南州泽库县项目户土地利用现状调查、规划和畜牧业经济发展现状，详细制定了不同退化程度天然草地的恢复治理途径。2、借鉴该区域已有的人工草地建设和管理的经验和技术措施，根据当地生产条件，集成了有关人工草地建植和管理技术措施。3、总结了以往不同管理措施对家畜生产性能的影响效果，制定了家畜（绵羊和牦牛）的饲养管理和营养技术方案，并对不同养殖方式进行了经济分析。4、该技术方案科学性强，合理可行，具有可操作性，符合三江源生态保护和建设工程规划总体要求，将会对黄南州泽库县碳贸易项目实施奠定基础。

《土地利用和草地管理主要技术实施方案及其经济分析报告》通过论证后，邢小方副厅长在讲话中要求项目组在项目实施过程一定要关注牧民收入提高的



问题；在技术方案设计时要考虑生态保护方面的要求（如在施用农药等方面），要按生态化或有机化方式进行生产；在项目实施的组织上一定要遵循牧户自愿的原则，要依靠当地政府做好项目的实施。

周有峰副局长和普华主任分别代表黄南州和泽库县政府讲话，他们表示黄南州州委州政府和泽库县县委县政府对该项目高度重视，该项目在泽库县实施有一定的基础和经验，州委州政府将全力支持，县上和牧民对该项目的实施将给予全力配合。

最后，张怀刚所长代表西北高原生物研究所感谢到会的各位领导和专家，同时也感谢相关部门所做的前期工作，为该项目的设立和实施奠定了很好的基础。要求项目组根据专家意见尽快完善技术报告，在下一步的工作中加强与各方面的沟通，确保项目的顺利实施。

## 十、附件：代表性 SCI 期刊论文及论文首页

1. CAIYUN LUO, GUANGPING XU, ZENGGUO CHAO, SHIPING WANG\*, *et al.* Effect of warming and grazing on litter mass loss and temperature sensitivity of litter and dung mass loss on the Tibetan plateau. *Global Change Biology*. 2010, 16(5):1606-1617. (IF: 5.561)
2. Li-Zhou Tang, Liu-Yang Wang, Zhen-Yuan Cai, Jian-Ping Su\*, Jian-Quan Liu\*, *et al.* Allopatric divergence and phylogeographic structure of the plateau zokor (*Eospalax baileyi*), a fossorial rodent endemic to the Qinghai-Tibetan Plateau. *Journal of Biogeography*. 2010, 37(4):657-668. (IF: 4.087)
3. Zhaofeng Wang, Xin Shen, Bin Liu, Jianping Su, Jianquan Liu\*, *et al.* Phylogeographical analyses of domestic and wild yaks based on mitochondrial DNA: new data and reappraisal. *Journal of Biogeography*. 2010, 37(12), 2332-2344. (IF: 4.087)
4. Yigang Hu, Xiaofeng Chang, Xingwu Lin, Yanfen Wang, Shiping Wang\*, *et al.* Effects of warming and grazing on N<sub>2</sub>O fluxes in an alpine meadow ecosystem on the Tibetan plateau. *Soil Biology & Biochemistry*. 2010, 42(6):944-952. (IF: 2.978)
5. Dangwei Zhou, Qinzheng Hou, Qinwen Si, Jianquan Liu, Huiling Yang\*. Concentrations of Active Constituents of the Tibetan Folk Medicine Qinjiao (*Gentiana sect. Cruciata*) Within and Between Taxonomic Species across. *Chemistry&Biodiversity*. 2010, 7(8):2088- 2094. (IF: 1.926)
6. Yong-Cui Wang, Xiao-Bo Wang, Zhi-Xia Yang\*, Nai-Yang Deng\*. Prediction of Enzyme Subfamily Class via Pseudo Amino Acid Composition by Incorporating the Conjoint Triad Feature. *Protein & Peptide Letters*, 2010, 17(11): 1441-1449. (IF: 1.755)
7. Guangping Xu, Yigang Hu, Shiping Wang\*, Zhenhua Zhang, *et al.* Effects of litter quality and climate change along an elevation gradient on litter mass loss in an alpine meadow ecosystem on the Tibetan plateau. *Plant Ecol*. 2010, 209(2):257-268. (IF: 1.567)
8. Chun-Jie Wang, Lian-Quan Zhang, Shou-Fen Dai, You-Liang Zheng, Huai-Gang Zhang, Deng-Cai Liu\*. Formation of unreduced gametes is impeded by homologous chromosome pairing in tetraploid *Triticum turgidum*×*Aegilops tauschii* hybrids. *Euphytica*. 2010, 175 (3):323-329. (IF: 1.405)



9. Guangping Xu, Zengguo Chao, Shiping Wang\*, Yigang Hu, *et al.* Temperature sensitivity of nutrient release from dung along elevation gradient on the Qinghai-Tibetan plateau. *Nutr Cycl Agroecosyst.* 2010, 87(1):49-57. **(IF: 1.350)**
10. Yanping Hu, Li Wang, Xiaolong Xie, Jian Yang, Yi Li\*, Huaigang Zhang\*. Genetic diversity of wild populations of *Rheum tanguticum* endemic to China as revealed by ISSR analysis. *Biochemical Systematics and Ecology.* 2010, 38(3):264-274. **(IF:1.131)**
11. Shengyun Chen, Guili Wu, Shilong Chen\*, Jiawen Ren, Dahe Qin. Molecular phylogeny and biogeography of the narrow endemic *Coelonema* and affinitive *Draba* (Brassicaceae) based on two DNA regions. *Biochemical Systematics and Ecology.* 2010, 38(4):796-805. **(IF: 1.131)**

## Effect of warming and grazing on litter mass loss and temperature sensitivity of litter and dung mass loss on the Tibetan plateau

CAIYUN LUO<sup>\*†</sup>, GUANGPING XU<sup>\*†</sup>, ZENGGUO CHAO<sup>\*†</sup>, SHIPING WANG<sup>\*</sup>, XINGWU LIN<sup>‡</sup>, YIGANG HU<sup>\*†</sup>, ZHENHUA ZHANG<sup>\*†</sup>, JICHUANG DUAN<sup>\*†</sup>, XIAOFENG CHANG<sup>\*†</sup>, AILING SU<sup>\*†</sup>, YINGNIAN LI<sup>\*</sup>, XINQUAN ZHAO<sup>\*</sup>, MINGYUAN DU<sup>§</sup>, YANGHONG TANG<sup>¶</sup> and BRUCE KIMBALL<sup>||</sup>

<sup>\*</sup>Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810008, China, <sup>†</sup>Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China, <sup>‡</sup>State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China, <sup>§</sup>National Institute for Agro-Environment Science, Tsukuba 305-8604, Japan, <sup>¶</sup>National Institute of Environmental Studies, Tsukuba 305-8506, Japan, <sup>||</sup>US Arid-Land Agricultural Research Center, USDA, Agricultural Research Service, 21881 North Cardon Lane, Maricopa, Arizona 85238, USA

### Abstract

Knowledge about the role of litter and dung decomposition in nutrient cycling and response to climate change and grazing in alpine ecosystems is still rudimentary. We conducted two separate studies to assess the relative role of warming and grazing on litter mass loss and on the temperature sensitivity of litter and dung mass loss. Experiments were conducted for 1–2 years under a controlled warming–grazing system and along an elevation gradient from 3200 to 3800 m. A free-air temperature enhancement system (FATE) using infrared heaters and grazing significantly increased soil temperatures (average 0.5–1.6 °C) from 0 to 40 cm depth, but neither warming nor grazing affected soil moisture except early in the growing seasons at 30 cm soil depth. Heaters caused greater soil warming at night-time compared with daytime, but grazing resulted in greater soil warming during daytime compared with night-time. Annual average values of the soil temperature at 5 cm were 3.2, 2.4 and 0.3 °C at 3200, 3600 and 3800 m, respectively. Neither warming nor grazing caused changes of litter quality for the first year of the controlled warming–grazing experiment. The effects of warming and grazing on litter mass losses were additive, increasing litter mass losses by about 19.3% and 8.3%, respectively, for the 2-year decomposition periods. The temperature sensitivity of litter mass losses was approximately 11% °C<sup>-1</sup> based on the controlled warming–grazing experiment. The annual cumulative litter mass loss was approximately 2.5 times that of dung along the elevation gradient. However, the temperature sensitivity (about 18% °C<sup>-1</sup>) of the dung mass loss was about three times that of the litter mass loss. These results suggest greater warming at night-time compared with daytime may accelerate litter mass loss, and grazing will enhance carbon loss to atmosphere in the region through a decrease of litter biomass and an increase of dung production with an increase of stocking rate in future warmer conditions.

*Keywords:* alpine meadow, climate change, decomposition, dung, global change, grazing, infrared, litter, temperature sensitivity, warming

*Received 3 April 2009; revised version received 26 June 2009 and accepted 26 June 2009*

### Introduction

The decomposition of plant litter is a key component of the global carbon (C) budget (Raich & Schlesinger, 1992;

Couteaux *et al.*, 1995; Aerts, 1997, 2006; Robinson, 2002). Grasslands are one of the largest terrestrial ecosystems, and grazing is the main land-use on grasslands across the world. Climate change, especially warming, is predicted to affect most regions of the northern hemisphere and will be particularly pronounced at high northern latitudes during this century (ACIA, 2005; IPCC, 2007).

Correspondence: Shiping Wang, tel. +86 971 6106617, fax +86 971 6143282, e-mail: wangship2008@yahoo.cn



ORIGINAL  
ARTICLE



# Allopatric divergence and phylogeographic structure of the plateau zokor (*Eospalax baileyi*), a fossorial rodent endemic to the Qinghai–Tibetan Plateau

Li-Zhou Tang<sup>1,2,3</sup>, Liu-Yang Wang<sup>1,3</sup>, Zhen-Yuan Cai<sup>1</sup>, Tong-Zuo Zhang<sup>1</sup>, Hai-Xin Ci<sup>1,3</sup>, Gong-Hua Lin<sup>1,3</sup>, Jian-Ping Su<sup>1\*</sup> and Jian-Quan Liu<sup>4\*</sup>

<sup>1</sup>Key Laboratory of Evolution and Adaptation of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining, Qinghai 810001, China, <sup>2</sup>Yunnan-Guizhou Plateau Institute of Biodiversity, Qujing Normal University, Qujing, Yunnan 655011, China, <sup>3</sup>Graduate University of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China, <sup>4</sup>Key Laboratory of Arid and Grassland Ecology, Lanzhou University, Lanzhou, Gansu 730000, China

## ABSTRACT

**Aim** Most species of temperate regions are believed to have shifted to lower latitudes or elevations during the glacial periods of the Quaternary. In this study we test whether this phylogeographic assumption is also true for the plateau zokor (*Eospalax baileyi*), a fossorial rodent endemic to the climate-sensitive Qinghai–Tibetan Plateau (QTP), which ranges in elevation from 2600 to 4600 m.

**Location** The QTP of western China.

**Methods** Phylogeographic analyses were conducted based on the mitochondrial cytochrome *b* gene sequences of 193 individuals from 20 populations over the entire range of the species.

**Results** A total of 54 haplotypes identified in the present study clustered into four geographically correlated clades located in the interior of the QTP (clade A) and at the plateau edge (B, C and D). Molecular calibrations suggest that the interior plateau (A) and plateau-edge (B–D) clades diverged at 1.2 Ma and that the three plateau-edge clades diverged between 0.85 and 0.80 Ma. These estimates are concordant with diastrophism and glaciation events in the QTP. Coalescent tests rejected both the hypothesis that all current populations originated from a single refugium at a low elevation during the Last Glacial Maximum (LGM) and the hypothesis that the two lineages diverged during the LGM. The tests instead supported the hypothesis that there were four refugia during the LGM, and that the four clades diverged prior to the late Pleistocene.

**Main conclusions** Our results suggest that Quaternary diastrophisms and glaciations repeatedly promoted allopatric divergence of the plateau zokor into geographical clades, and that these regional clades subsequently persisted at high elevations, rather than migrating to the low-elevation plateau edge during subsequent glacial ages.

## Keywords

Cytochrome *b*, *Eospalax baileyi*, genetic divergence, phylogeography, plateau zokor, rodents, Qinghai–Tibetan Plateau, western China.

\*Correspondence: Jian-Quan Liu, Key Laboratory of Arid and Grassland Ecology, Lanzhou University, Lanzhou, Gansu 730000, China. E-mail: liujq@nwipb.ac.cn

Jian-Ping Su, Key Laboratory of the Qinghai–Tibetan Plateau Ecosystem and Biological Evolution and Adaptation, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining, Qinghai 810001, China. E-mail: jpsu@nwipb.ac.cn

## INTRODUCTION

Quaternary climatic oscillations have played an important role in shaping the current distribution of biodiversity in the Northern Hemisphere (Hewitt, 2000). In both Europe and North America, phylogeographical studies of contemporary

genetic samples have provided evidence of glacial retreats and interglacial/post-glacial recolonizations by most temperate organisms (Avice, 2000). Both animal and plant species ranges have been shown to have shifted repeatedly in response to climatic oscillations, tracking favourable climate (Hewitt, 2000; Rowe *et al.*, 2004; Steele & Storer, 2006).



ORIGINAL  
ARTICLE



## Phylogeographical analyses of domestic and wild yaks based on mitochondrial DNA: new data and reappraisal

Zhaofeng Wang<sup>1†</sup>, Xin Shen<sup>2†</sup>, Bin Liu<sup>2†</sup>, Jianping Su<sup>3†</sup>,  
Takahiro Yonezawa<sup>4</sup>, Yun Yu<sup>2</sup>, Songchang Guo<sup>3</sup>, Simon Y. W. Ho<sup>5</sup>,  
Carles Vilà<sup>6</sup>, Masami Hasegawa<sup>4</sup> and Jianquan Liu<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Molecular Ecology Group, Key Laboratory of Arid and Grassland Ecology, School of Life Science, Lanzhou University, Lanzhou 730000, Gansu, China, <sup>2</sup>Beijing Genomics Institute, Chinese Academy of Sciences, Beijing 101300, China, <sup>3</sup>Key Laboratory of Evolution and Adaptation of Plateau Biota, Northwest Plateau Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810001, Qinghai, China, <sup>4</sup>School of Life Sciences, Fudan University, Shanghai 200433, China, <sup>5</sup>Centre for Macroevolution and Macroecology, Research School of Biology, Australian National University, Canberra, ACT 0200, Australia, <sup>6</sup>Department of Evolutionary Biology, Uppsala University, 75236 Uppsala, Sweden; Estación Biológica de Doñana-CSIC, Avd. María Luisa s/n, 41013 Sevilla, Spain

### ABSTRACT

**Aim** We aimed to examine the phylogeographical structure and demographic history of domestic and wild yaks (*Bos grunniens*) based on a wide range of samples and complete mitochondrial genomic sequences.

**Location** The Qinghai-Tibetan Plateau (QTP) of western China.

**Methods** All available D-loop sequences for 405 domesticated yaks and 47 wild yaks were examined, including new sequences from 96 domestic and 34 wild yaks. We further sequenced the complete mitochondrial genomes of 48 domesticated and 21 wild yaks. Phylogeographical analyses were performed using the mitochondrial D-loop and the total genome datasets.

**Results** We recovered a total of 123 haplotypes based on the D-loop sequences in wild and domestic yaks. Phylogenetic analyses of this dataset and the mitochondrial genome data suggested three well-supported and divergent lineages. Two lineages with six D-loop haplogroups were recovered for all morphological breeds of domestic yaks across their distributions in the QTP, while one more lineage and more endemic haplogroups or haplotypes were found for wild yaks. Based on the mitochondrial genome data, the divergences of the three lineages were estimated to have occurred around 420,000 and 580,000 years ago, consistent with the geological records of two large glaciation events experienced in the QTP.

**Main conclusions** There are distinct phylogeographical differences between wild and domestic yaks. However, there is no apparent geographical correlation between identified haplogroups and distributions of domestic yaks. Three differentiated lineages of yaks probably evolved allopatrically in different regions during the Pleistocene glaciation events, then reunited into a single gene pool during post-glacial population expansion and migrations before the start of the domestication of yaks in the Holocene.

### Keywords

*Bos grunniens*, China, demographic history, D-loop, domestication, mitochondrial genome, phylogenomics, phylogeographical structure, Qinghai-Tibetan Plateau.

\*Correspondence: Jianquan Liu, Key Laboratory of Arid and Grassland Ecology, Lanzhou University, Lanzhou, Gansu 730000, China.  
E-mail: liujq@nwpb.ac.cn  
†These authors contributed equally to this work.

### INTRODUCTION

The domestication of animals made available stable sources of protein and enabled the development of human civilization (Mason, 1984; Diamond, 2002). Molecular and archaeological

studies indicate complex phylogeographical histories of the animals used for meat (e.g. Lau *et al.*, 1998; Luikart *et al.*, 2001; Troy *et al.*, 2001; Jansen *et al.*, 2002; Beja-Pereira *et al.*, 2004; Larson *et al.*, 2005; Pedrosa *et al.*, 2005; Meadows *et al.*, 2007; Naderi *et al.*, 2008). For example, distinct phylogeographical



Contents lists available at ScienceDirect

Soil Biology &amp; Biochemistry

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/soilbio](http://www.elsevier.com/locate/soilbio)

## Effects of warming and grazing on N<sub>2</sub>O fluxes in an alpine meadow ecosystem on the Tibetan plateau

Yigang Hu<sup>a,d</sup>, Xiaofeng Chang<sup>a,d</sup>, Xingwu Lin<sup>c</sup>, Yanfen Wang<sup>d</sup>, Shiping Wang<sup>a,b,\*</sup>, Jichuang Duan<sup>a,d</sup>, Zhenhua Zhang<sup>a,d</sup>, Xiaoxia Yang<sup>a,d</sup>, Caiyun Luo<sup>a,d</sup>, Guangping Xu<sup>a,d</sup>, Xinquan Zhao<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Haibei Alpine Meadow Ecosystem Research Station, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810008, China

<sup>b</sup> Institute of Tibetan Plateau Research, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China

<sup>c</sup> Institute of Soil Science in Nanjing, Nanjing 21008, China

<sup>d</sup> Graduate University, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

### ARTICLE INFO

#### Article history:

Received 22 October 2009

Received in revised form

29 January 2010

Accepted 14 February 2010

Available online 26 February 2010

#### Keywords:

Global warming

Grazing

N<sub>2</sub>O flux

Soil temperature

Soil moisture

Alpine meadow

FATE

Tibetan plateau

### ABSTRACT

A great deal of uncertainty is associated with estimates of global nitrous oxide (N<sub>2</sub>O) emissions because emissions from arid and polar climates were not included in the estimates due to a lack of available data. In particular, very few studies have assessed the response of N<sub>2</sub>O flux to grazing under future warming conditions. This experiment was conducted to determine the effects of warming and grazing on N<sub>2</sub>O flux at different time scales for three years under a controlled warming-grazing system. A free-air temperature enhancement system (FATE) using infrared heaters and grazing significantly increased soil temperatures for both of growing (average 1.8 °C in 2008) and no-growing seasons (average 3.0 °C for 3-years) within 20-cm depth, but only warming reduced soil moisture at 10-cm soil depth during the growing season during the drought year of 2008. Generally, the effects of warming and grazing on N<sub>2</sub>O flux varied with sampling date, season, and year. No interactive effect between warming and grazing was found. Warming did not affect annual N<sub>2</sub>O flux when grazing was moderate during the growing season because the tradeoff of the effect of warming on N<sub>2</sub>O flux was observed between the growing season and no-growing season. No-warming with grazing (NWG) and warming with grazing (WG) significantly increased the average annual N<sub>2</sub>O flux (57.8 and 31.0%) compared with no-warming with no-grazing (NWNG) and warming with no-grazing (WNG), respectively, indicating that warming reduced the response of N<sub>2</sub>O flux to grazing in the region. Winter accounted for 36–57% of annual N<sub>2</sub>O flux for NWNG and NWG, whereas only for 5–8% of annual N<sub>2</sub>O flux for WNG and WG. Soil temperature could explain 5–35% of annual N<sub>2</sub>O flux variation.

© 2010 Elsevier Ltd. All rights reserved.

### 1. Introduction

Nitrous oxide (N<sub>2</sub>O) is one of the major greenhouse gases (IPCC, 2007). Intensive studies in temperate grassland/steppe ecosystems and agricultural land in Euro-Asia, North America, Australia, and New Zealand have revealed that N<sub>2</sub>O fluxes vary with vegetation types, soil properties, climate conditions, and land uses, and that the role of N<sub>2</sub>O emissions from grasslands in the world is an important consideration in the global N<sub>2</sub>O budget (Mosier et al., 1991, 1996, 1998, 2002; Velthof and Oenema, 1995; Flessa et al., 1996;

Mummey et al., 1997, 2000; Ball et al., 1999; Breuer et al., 2000; Billings et al., 2002; Xu et al., 2003a,b; Saggart et al., 2004; Wang et al., 2005; Du et al., 2006; Ma et al., 2006; Holst et al., 2007; Maljanen et al., 2007; Barton et al., 2008; Brümmer et al., 2008). Stehfest and Bouwman (2006) recently calculated that 1.8 Tg N<sub>2</sub>O–N yr<sup>-1</sup> is emitted globally from grasslands. However, a great deal of uncertainty is associated with estimates of global N<sub>2</sub>O emissions because emissions from arid, polar, and boreal climates were not included in the estimates due to a lack of available data, especially data during the winter (Bouwman et al., 2000; Stehfest and Bouwman, 2006).

In temperate ecosystems, particular interest has focused on winter fluxes of N<sub>2</sub>O because much of the annual flux appears to occur during winter and during the transition from winter to spring, when freeze-thaw events are common (Brümmer et al., 1999; Groffman et al., 2000, 2006; Butterbach-Bahl et al., 2002).

\* Corresponding author at: Institute of Tibetan Plateau Research, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China. Tel.: +86 971 6106617; fax: +86 971 6143282.

E-mail address: wangship2008@yahoo.cn (S. Wang).



## Concentrations of the Active Constituents of the Tibetan Folk Medicine Qinjiao (*Gentiana* sect. *Cruciata*) within and between Taxonomic Species across the Qinghai-Tibetan Plateau

by Dangwei Zhou<sup>a)1)</sup>, Qinzhen Hou<sup>a)1)</sup>, Qinwen Si<sup>a)1)</sup>, Jianquan Liu<sup>c)</sup>, and Huiling Yang<sup>a)</sup>

<sup>a)</sup> Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Plateau Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, 59 Xiguan Street, Xining 810008, Qinghai, P. R. China (phone: +86-971-13709726189; fax: +86-971-6133069; e-mail: yanghuiling@nwipb.ac.cn)

<sup>b)</sup> Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, 100039 Beijing, P. R. China

<sup>c)</sup> Key Laboratory of Arid and Grassland Ecology, Lanzhou University, Lanzhou 730000, Gansu, P. R. China

The Tibetan folk medicine *Qinjiao* is traditionally used to treat various conditions, and its main active constituents comprise four iridoid glycosides, *i.e.*, loganic acid, swertiamarin, gentiopicroside, and sweroside. The traditional crude medicine *Qinjiao* is derived from the dried roots of three species belonging to *Gentiana* sect. *Cruciata* (Gentianaceae) growing in the Qinghai-Tibetan Plateau (QTP). In this study, we determined by HPLC the contents of the four main active constituents in the dried roots collected from 83 localities at different altitudes across the QTP. The material was classified under the seven taxonomic species *G. straminea*, *G. dahurica*, *G. crassicaulis*, *G. waltonii*, *G. officinalis*, *G. ihassica*, and *G. macrophylla*. Our results suggested that the four constituents were present in the roots of all seven species for all localities, but their concentrations varied greatly within and between species. The level of gentiopicroside revealed to be the most dominant for all examined localities (2.1–12.4 mg/g), and *G. macrophylla* PALL. contained the highest concentration of all the four constituents at the species level. Except for loganic acid in *G. officinalis*, there was no significant correlation between the contents of these constituents and the altitude of the sampling localities. These results suggest that all species of all origins can be used as reliable resource for the crude medicine *Qinjiao*. However, a few species contain higher concentrations of the main active constituents, irrespective of their origin.

**Introduction.** – The roots of three species belonging to *Gentiana* sect. *Cruciata* (Gentianaceae), *i.e.*, *G. straminea*, *G. dahurica*, and *G. macrophylla*, known under the name *Qinjiao*, have been widely used in the Tibetan traditional folk medicine to treat fungal and bacterial infections, hepatitis, constipation, rheumatism, pain, and hypertension [1–3]. The main active constituents comprise four iridoid glycosides, *i.e.*, gentiopicroside, loganic acid, swertiamarin, and sweroside (Fig. 1) [3–5]. However, the natural resources of *Qinjiao* have been declining in recent years, because of the increasing demands and exploitation as well as of the habitat loss by deforestation and excessive grazing in high altitude pastures in the entire Qinghai–Tibetan Plateau (QTP). Although the other species of *Gentiana* sect. *Cruciata* are also distributed in the QTP, it remains unknown whether these species also contain the four iridoid glycosides

<sup>1)</sup> These authors contributed equally to the work.



## Prediction of Enzyme Subfamily Class *via* Pseudo Amino Acid Composition by Incorporating the Conjoint Triad Feature

Yong-Cui Wang<sup>1,2</sup>, Xiao-Bo Wang<sup>1</sup>, Zhi-Xia Yang<sup>3,\*</sup> and Nai-Yang Deng<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup>College of Science, China Agricultural University, Beijing, China, 100083; <sup>2</sup>Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Science, Xining, China, 810001; <sup>3</sup>College of Mathematics and System Science, Xinjiang University, Urumuchi, China, 830046

**Abstract:** Predicting enzyme subfamily class is an imbalance multi-class classification problem due to the fact that the number of proteins in each subfamily makes a great difference. In this paper, we focus on developing the computational methods specially designed for the imbalance multi-class classification problem to predict enzyme subfamily class. We compare two support vector machine (SVM)-based methods for the imbalance problem, AdaBoost algorithm with RBFSVM (SVM with RBF kernel) and SVM with arithmetic mean (AM) offset (AM-SVM) in enzyme subfamily classification. As input features for our predictive model, we use the conjoint triad feature (CTF). We validate two methods on an enzyme benchmark dataset, which contains six enzyme main families with a total of thirty-four subfamily classes, and those proteins have less than 40% sequence identity to any other in a same functional class. In predicting oxidoreductases subfamilies, AM-SVM obtains the over 0.92 Mathew's correlation coefficient (MCC) and over 93% accuracy, and in predicting lyases, isomerases and ligases subfamilies, it obtains over 0.73 MCC and over 82% accuracy. The improvement in the predictive performance suggests the AM-SVM might play a complementary role to the existing function annotation methods.

**Keywords:** Enzyme subfamily class prediction, conjoint triad feature, imbalance problem, support vector machine.

### 1. INTRODUCTION

Enzymes, as one of the largest and most important group of all proteins, participate in maintaining and regulation of the metabolic states of the cells. According to the definition of Enzyme Commission (EC) number [1], all enzymes can be classified into six main families: oxidoreductases, transferases, hydrolases, lyases, isomerases, and ligases. And each family can be further classified into a number of subfamily classes. For a newly sequenced protein, which enzyme family and subfamily should it belong to? This is the most important problem due to the fact that it is related to the function protein as well as its specificity and molecular mechanism. However, experimentally determining the enzyme family and subfamily is still time-consuming and costly, the computational methods then have become a viable alternative to experimental approaches.

Introduction of novel mathematical approaches and physical concepts into molecular biology, such as Mahalanobis distance [2,3], pseudo amino acid composition [4], complexity measure factor [5,6], graph and diagram analysis [7-12], cellular automaton [13-16], grey theory [17], geometric moments [18], surface diffusion-controlled reaction [19], and ensemble classifier [20], as well as a series of user-friendly web-servers summarized in Table 3 in [21], can significantly stimulate the development of biological and medi-

cal science. Here, we would like to introduce a novel mathematical approach for predicting the enzyme subfamily class.

The most common computational method is transferring an enzymatic annotation between two globally aligned protein sequences, but it has been reported to significantly drop under 40% sequence identity [22]. To remedy this, many machine learning-based methods were successfully used. Especially, as an excellent machine learning method, support vector machines (SVMs) motivated by statistical learning theory [23,24], have been provided state-of-the-art performance in particular in computational biology [25]. Furthermore, SVM-based machine learning algorithm was used in predicting protein subcellular location [26], membrane protein type [27,28], protein structural class [29], specificity of GalNAc-transferase [30], HIV protease cleavage sites in protein [31], beta-turn types [32], protein signal sequences and their cleavage sites [33], alpha-turn types [34], catalytic triads of serine hydrolases [35], B-cell epitope prediction [36], *et al.* Here, we would like to use SVM-based methods to predict enzyme subfamilies for proteins with low homologies to known enzymes.

One key problem for using SVM-based methods is to construct a number of features to represent a given protein sequence. In previous studies, the amino acid composition (AAC) representation has been widely utilized in many predicting problems [37-39], including enzyme family and subfamily class [40]. Owing to lack of the sequence order information, some modified versions of AAC, such as pseudo amino acid composition (Pse-AAC) [41] and amphiphilic pseudo-amino acid composition (Am-Pse-AAC) [42] have

\*Address correspondence to these authors at the College of Science, China Agricultural University, Beijing, China, 100083; Tel: 86-13718691409; Fax 86-0991- 8588010; E-mail: dengnaiyang@cau.edu.cn and College of Mathematics and System Science, Xinjiang University, Urumuchi, China, 830046; Tel 86-13681517962; Fax 86-10- 62561963; E-mail: xiyangzhx@sina.com

## Effects of litter quality and climate change along an elevation gradient on litter mass loss in an alpine meadow ecosystem on the Tibetan plateau

Guangping Xu · Yigang Hu · Shiping Wang · Zhenhua Zhang · Xiaofeng Chang · Jichuang Duan · Caiyun Luo · Zengguo Chao · Ailing Su · Qiaoyan Lin · Yingnian Li · Mingyuan Du

Received: 19 September 2009 / Accepted: 8 December 2009 / Published online: 24 December 2009  
© Springer Science+Business Media B.V. 2009

**Abstract** Knowledge of the response of litter mass loss to climate warming and litter quality in alpine ecosystems is still sparse. Here, we conducted a 507-day litter decomposition experiment along an elevation gradient from 3200 to 3800 m using different litter types to determine the influences of litter quality and climate change on the elemental mass losses and on the temperature sensitivity of litter mass losses (annual percentage decomposition (%) per 1°C temperature difference). Mass losses of C, nitrogen (N), phosphorus (P), potassium (K), sodium (Na), calcium (Ca), and Magnesium (Mg) decreased with an increase in elevation. In general, N and Na concentrations in litter and ratios of C:N and lignin:N were the best

predictors of C mass losses. A higher N concentration and C:N ratio in litter caused greater C mass losses, but higher lignin:N ratio in litter resulted in lower C mass losses. Litter decomposition occurred in a two-stage process. Carbon mass loss in litter was mainly limited by soil temperature in the first growing season of the decomposition period, whereas N concentration and ratios of C:P and N:P limited carbon mass loss in the remaining litter during the second growing season of the decomposition period. Soil moisture appeared not to affect litter mass loss and the temperature sensitivity of litter mass loss of grass litter was greater than that of shrub litter in the alpine region.

**Keywords** Litter quality · Mass loss · Soil temperature · Soil moisture · Elevation gradient · Alpine meadow

G. Xu · Y. Hu · S. Wang · Z. Zhang · X. Chang · J. Duan · C. Luo · Z. Chao · A. Su · Q. Lin · Y. Li  
Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, 810008 Xining, China

G. Xu · Y. Hu · Z. Zhang · X. Chang · J. Duan · C. Luo · Z. Chao · A. Su · Q. Lin  
Graduate University of the Chinese Academy of Sciences, 100049 Beijing, China

S. Wang (✉)  
Institute of Tibetan Plateau Research, Chinese Academy of Sciences, 100085 Beijing, China  
e-mail: wangship2008@yahoo.cn

M. Du  
National Institute for Agro-Environmental Sciences, Tsukuba 305-8604, Japan

### Introduction

Litter nutrient concentration, the concentration of carbon fractions (e.g., lignin), carbon:nitrogen (C:N) and lignin:N ratios have been widely used as litter quality variables due to their influence on microbial activity and litter decomposition rates (Melillo et al. 1982; Taylor et al. 1989; Berg et al. 1996; Murphy et al. 1998). These variables are also used in some ecosystem carbon models (Running and Hunt 1993; Parton et al. 1994). However, there is still no universally accepted litter-quality variable (see citations in Murphy et al.

## Formation of unreduced gametes is impeded by homologous chromosome pairing in tetraploid *Triticum turgidum* × *Aegilops tauschii* hybrids

Chun-Jie Wang · Lian-Quan Zhang ·  
Shou-Fen Dai · You-Liang Zheng ·  
Huai-Gang Zhang · Deng-Cai Liu

Received: 2 February 2010 / Accepted: 13 April 2010 / Published online: 23 April 2010  
© Springer Science+Business Media B.V. 2010

**Abstract** It is believed that unreduced gametes with somatic chromosome numbers play a predominant role in natural polyploidization. Allohexaploid bread wheat originated from spontaneous hybridization of *Triticum turgidum* L. with *Aegilops tauschii* Coss. Unreduced gametes originating via meiotic restitution, including first-division restitution (FDR) and single-division meiosis (SDM), are well documented in triploid F<sub>1</sub> hybrids of *T. turgidum* with diploid *Ae. tauschii* (genomic constitution ABD, usually with 21 univalents in meiotic metaphase I). In this study, two *T. turgidum* lines known to carry genes for meiotic restitution were crossed to tetraploid *Ae. tauschii*.

The resulting F<sub>1</sub> hybrids (genomes ABDD), had seven pairs of homologous chromosomes and regularly formed 14 univalents and seven bivalents at metaphase I. Neither FDR nor SDM were observed. The distribution of chromosome numbers among progeny obtained by self pollination and a backcross to *T. turgidum* showed the absence of unreduced gametes. These results suggest that high homologous pairing interfered with meiotic restitution and the formation of unreduced gametes. This may be related to asynchronous movement during meiosis between paired and unpaired chromosomes or to uneven distribution of chromosomes in anaphases, resulting in nonviable gametes.

Chun-Jie Wang and Lian-Quan Zhang have contributed equally to this research.

C.-J. Wang · L.-Q. Zhang · S.-F. Dai ·  
Y.-L. Zheng · D.-C. Liu  
Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural  
University, Wenjiang of Chengdu city 611130, Sichuan,  
People's Republic of China

H.-G. Zhang · D.-C. Liu  
Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau  
Biota, Northwest Institute of Plateau Biology,  
Chinese Academy of Sciences, Xining 810001,  
People's Republic of China

D.-C. Liu (✉)  
Key Laboratory of Southwestern Crop Germplasm  
Utilization, Ministry of Agriculture, Ya'an 625014,  
Sichuan, People's Republic of China  
e-mail: dcliu7@yahoo.com

**Keywords** *Aegilops tauschii* · Chromosome  
pairing · *Triticum turgidum* · Unreduced gametes

### Introduction

Polyploidy is very common in nature. Many important crops such as wheat, potato, cotton, oat, sugarcane, banana, groundnut, tobacco and numerous horticultural species are polyploids. It is believed that unreduced gametes (2n gametes with the chromosome numbers of a somatic cell) play a predominant role in polyploidization (Harlan and De Wet 1975; Ramsey and Schemske 1998, 2002; Cai and Xu 2007; Jauhar 2007). Unreduced gametes can help in

## Temperature sensitivity of nutrient release from dung along elevation gradient on the Qinghai–Tibetan plateau

Guangping Xu · Zengguo Chao · Shiping Wang · Yigang Hu · Zhenghua Zhang · Jichuang Duan · Xiaofeng Chang · Ailing Su · Caiyun Luo · Yingnian Li · Mingyuan Du

Received: 18 March 2009 / Accepted: 17 August 2009 / Published online: 4 September 2009  
© Springer Science+Business Media B.V. 2009

**Abstract** The temperature sensitivity of nutrient release from dung decomposition will influence ecosystem nutrient recycling in the future global warming. However, the relationship between temperature and nutrient release is not well understood. We conducted a 2-year-long study to understand the yak dung decomposition and its potential response to climate change along an elevation gradient from 3,200 to 4,200 m above sea level on an alpine meadow on the Qinghai–Tibetan plateau. Mass loss of different chemical components of dung [organic carbon (C), cellulose, hemicellulose, lignin, N, P, potassium (K), calcium (Ca) and magnesium (Mg)] significantly decreased with elevation. The ratios of C:N and N:P in the remaining dung increased significantly with decrease in elevation. The average temperature

sensitivities ( $\% \text{ } ^\circ\text{C}^{-1}$ ) (i.e., increase of the mass loss (%) per  $1^\circ\text{C}$  temperature increase among elevations) were approximately 37, 75, 168, 41, 29, 37, 29, 34, and 31% per  $1^\circ\text{C}$  warming within a 273-day decomposition period, which decreased with decomposition time, for organic C, cellulose, hemicellulose, lignin, N, P, K, Ca, and Mg, respectively. The temperature sensitivity of organic C mass loss is positively correlated to the C:N ratios in dung. The average temperature sensitivity of phosphorus mass loss was higher than that of nitrogen mass loss for the first 273 days and thereafter this situation was reversed.

**Keywords** Temperature sensitivity · Nutrient release · Dung decomposition · Elevation gradient · Alpine meadow

G. Xu · Z. Chao · S. Wang (✉) · Y. Hu · Z. Zhang · J. Duan · X. Chang · A. Su · C. Luo · Y. Li  
Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, 810008 Xining, China  
e-mail: wangship2008@yahoo.cn

G. Xu · Z. Chao · Y. Hu · Z. Zhang · J. Duan · X. Chang · A. Su · C. Luo  
Graduate University of Chinese Academy of Sciences, 100049 Beijing, China

M. Du  
National Institute for Agro-Environmental Sciences, Tsukuba 305-8604, Japan

### Introduction

The temperature sensitivity of dung decomposition will influence the ecosystem nutrient recycling in the future global warming. In natural grazing ecosystems, litter fall and dung from grazing animals are the two important processes by which minerals contained are returned to the soil through decomposition (Anderson and Coe 1974; Cornelissen et al. 2007; Fierer et al. 2005; Herrick and Lal 1995, 1996; Hirata et al. 2008). Temperature is often the primary factor determining



ELSEVIER

Contents lists available at ScienceDirect

## Biochemical Systematics and Ecology

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/biochemsyseco](http://www.elsevier.com/locate/biochemsyseco)Genetic diversity of wild populations of *Rheum tanguticum* endemic to China as revealed by ISSR analysisYanping Hu<sup>a,c</sup>, Li Wang<sup>a</sup>, Xiaolong Xie<sup>b</sup>, Jian Yang<sup>a</sup>, Yi Li<sup>a,\*,1</sup>, Huaigang Zhang<sup>a,\*\*,1</sup><sup>a</sup> Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810001, PR China<sup>b</sup> Henan University of Traditional Chinese Medicine, Zhengzhou 450008, PR China<sup>c</sup> Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, PR China

## ARTICLE INFO

## Article history:

Received 24 November 2009

Accepted 9 January 2010

## Keywords:

*Rheum tanguticum*

Genetic diversity

Inter-simple sequence repeats (ISSR)

Conservation

## ABSTRACT

*Rheum tanguticum* is an important but endangered traditional Chinese medicine endemic to China. The wild resources have been declining. Establishing the genetic diversity of the species would assist in its conservation and breeding program. Inter-simple sequence repeats (ISSR) markers were used to assess the genetic diversity and population genetic structure in 13 wild populations of *R. tanguticum* from Qinghai Province. Thirteen selected primers produced 329 discernible bands, with 326 (92.94%) being polymorphic, indicating high genetic diversity at the species level. The Nei's gene diversity ( $H_e$ ) was estimated to be 0.1724 within populations (range 0.1026–0.2104), and 0.2689 at the species level. Analysis of molecular variance (AMOVA) showed that the genetic variation was found mainly within populations (71.02%), but variance among populations was only 28.98%. In addition, Nei's differentiation coefficients ( $G_{ST}$ ) was found to be high (0.3585), confirming the relatively high level of genetic differentiation among populations. Mantel test revealed a significant correlation between genetic and geographic distances ( $r=0.573$ ,  $P=0.002$ ), and the unweighted pair-group method using arithmetic average (UPGMA) clustering and Principal coordinates analysis (PCoA) demonstrated similar results. Meanwhile, the genetic diversity of *R. tanguticum* positively correlated with altitude and annual mean precipitation, but negatively correlated with latitude and annual mean temperature. This result might be an explanation that the natural distribution of *R. tanguticum* is limited to alpine cold areas. We propose conservation strategy and breeding program for this plant.

© 2010 Elsevier Ltd. All rights reserved.

## 1. Introduction

Rhubarb (Dahuang in Chinese), as an important traditional Chinese medicine, is derived from the dried rhizome and root of *Rheum palmatum* L., *Rheum tanguticum* Maxim. ex Balf., and *Rheum officinale* Baill. of the family Polygonaceae. Bitter in flavor and cold in property, it is widely used as a purgative and anti-inflammatory agent (Chinese Pharmacopoeia Commission, 2005). *R. tanguticum* is an endangered perennial herb endemic to China. It is mainly distributed in Qinghai, Gansu Provinces and west Tibetan Autonomous Region at altitudes ranging from 2300 m to 4200 m and can be found on margins of forests, in valleys or shrubs (Yang, 1991; Liu, 1997; Li, 1998; Wu, 2004). Because of overexploitation and deterioration of its habitat, the wild resources of the plant decreased annually and rapidly (Zhang et al., 2008). In fact, it is

\* Corresponding author. Tel./fax: +86 971 6101454.

\*\* Corresponding author. Tel.: +86 971 6143630.

E-mail addresses: [liy@nwipb.ac.cn](mailto:liy@nwipb.ac.cn) (Y. Li), [hgzhang@nwipb.ac.cn](mailto:hgzhang@nwipb.ac.cn) (H. Zhang).<sup>1</sup> Both corresponding authors contributed equally to this work.





Contents lists available at ScienceDirect

## Biochemical Systematics and Ecology

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/biochemsyseco](http://www.elsevier.com/locate/biochemsyseco)

## Molecular phylogeny and biogeography of the narrow endemic *Coelonema* and affinitive *Draba* (Brassicaceae) based on two DNA regions

Shengyun Chen<sup>a,b,d</sup>, Guili Wu<sup>c</sup>, Shilong Chen<sup>d,\*</sup>, Jiawen Ren<sup>a</sup>, Dahe Qin<sup>a</sup>

<sup>a</sup>State Key Laboratory of Cryospheric Sciences, Cold and Arid Regions Environmental and Engineering Research Institute, the Chinese Academy of Sciences, Lanzhou 730000, China

<sup>b</sup>Qilian Shan Station of Glaciology and Ecologic Environment, the Chinese Academy of Sciences, Yumen 735200, China

<sup>c</sup>Key Laboratory of Arid and Grassland Ecology, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China

<sup>d</sup>Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, the Chinese Academy of Sciences, No. 59 Xiguan Avenue, Xining Qinghai, 810001, China

### ARTICLE INFO

Article history:  
Received 16 February 2010  
Accepted 8 August 2010

Keywords:  
Biogeography  
*Coelonema*  
*Draba*  
ITS  
Phylogeny  
*trnL*

### ABSTRACT

To clarify the relationship between two genera, *Draba* and the narrow genus *Coelonema*, endemic to the Qilian Mountains of the northeastern Qinghai-Tibet Plateau, phylogenetic analyses were conducted using nuclear ribosomal DNA ITS, and the chloroplast DNA *trnL*, from *Coelonema draboides* and 30 species of *Draba* representing eight sections, including 25 species of Chinese *Draba*, seven of which were endemic to the study region. The results unambiguously support several previously published proposals to unite *Coelonema* with *Draba* and accommodate *C. draboides* in the latter genus on the basis of morphological re-examination. Our molecular data presented here also provide evidence that these two genera should be combined as a monophyletic group with high support. In addition, it is estimated that *Draba* may have originated about 1.36–2.71 Mya, with *C. draboides* diverging from *Draba* about 0.15–0.31 Mya, based on the molecular calibration of ITS datasets. The assumed speciation and rapid expansion of these two genera is likely to have occurred in the eastern edge of the Qilian Mountains area according to molecular phylogeny and estimated divergence times, which correspond well with the known geological and paleobotanical histories of the Qinghai-Tibet Plateau.

© 2010 Elsevier Ltd. All rights reserved.

### 1. Introduction

The Qinghai-Tibet Plateau (QTP) is the largest, highest and youngest plateau in the world, covering an area of more than  $2.5 \times 10^6$  km<sup>2</sup> at an average elevation of about 4000 m above sea level (Zheng, 1996). Despite significant impacts from both the ice sheet that covered almost the entire plateau during the Quaternary and the uplifting of the QTP since the Tertiary, which must have resulted in large-scale recession and extinction of the flora (Li et al., 1995), the QTP is characterised by an exceptionally young flora with more than 12,000 species of 1500 genera and 189 families. It is estimated that about 50 genera and more than 25% of the total number of species are endemic to this region (Wu, 1980, 1987; Wang et al., 1993; Wu and Wu, 1996). These endemic genera of the QTP, which have been classified primarily on morphological characteristics, are hypothesized to be closely related, and to have originated from local or adjacently distributed genera (Wu, 1980, 1987; Wu et al., 1995). If this hypothesis is correct, it should be possible to find the sympatrically or immediately specific progenitors

\* Corresponding author. Tel.: +86 971 6110067; fax: +86 971 6143282.  
E-mail address: slchen@nwipb.cas.cn (S. Chen).

# 中国科学院高原生物适应与进化重点实验室

Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota (AEPB),  
Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Science

高原适应与进化重点实验室可追溯到我所 1994 年建立的“青藏高原生物适应性分子生物学与细胞生物学开放实验室”。尽管该实验室初期规模不大（研究人员基本保持在 10—15 人之间），但十年来在中国科学院和研究所的大力支持下，实验室领导班子团结协作，勇于创新，在出成果、出人才方面取得了优异成绩。2002 年 3 月 8 日我所进入中国科学院知识创新工程试点后，我所自筹资金 480 多万元，在上述实验室基础上建立“高原生物适应与进化实验室”。



实验室现任学术委员会主任为洪德元院士，实验室主任陈世龙研究员。实验室现有固定人员 64 位，其中 10 位技术管理支撑人员。在读研究生和博士后 106 人，已成为我国青藏高原生物进化适应研究领域的重要研究力量，同时也是国际上该领域有影响的实验室之一。2004 年实验室“中国龙胆科植物研究”获国家科技进步自然二等奖、青海省科技进步一等奖。近几年来，实验室以青藏高原典型、特有和特征性生物及其环境作为研究对象，围绕极端生境下生物物种的进化过程，适应性与抗逆性的遗传、繁殖及生理生态特征，生物与极端环境耦合关系等重大科学问题开展多学科的综合研究，部分成果达到国际先进水平。实验室近期主要围绕高原物种起源与进化适应、生态系统过程和功能及其与全球变化的相互作用机理两方面重大科学问题开展工作。

目前，实验室下辖分子生物学室、蛋白质分析、细胞生物学、生态系统生态学等专业实验室，拥有激光共聚焦显微镜、全自动 DNA 测序仪等一系列大型先进仪器设备。

---

中国科学院高原生物适应与进化重点实验室（中国科学院西北高原生物研究所）

地址：青海省西宁市新宁路 23 号

传真：0971-6143282

邮编：810001

Email: hmzhong@nwipb.ac.cn

电话：0971-6143610

网址：<http://www.nwipb.cas.cn>

---