生物多样性 2015, **23** (3): 293–294 doi: 10.17520/biods.2015124
Biodiversity Science http: //www.biodiversity-science.net

DNA条形码在保护生物地理学中的应用

黄继红[1,2*] 黄建华[3]

1 (中国林业科学研究院森林生态环境与保护研究所, 国家林业局森林生态环境重点实验室, 北京 100091)
2 (南京林业大学南方现代林业协同创新中心, 南京 210037)
3 (中央民族大学经济学院, 北京 100081)

Applications of DNA barcoding in conservation biogeography

Jihong Huang[1,2*], Jianhua Huang[3]

1 *Key Laboratory of Forest Ecology and Environment of State Forestry Administration, Institute of Forest Ecology, Environmental and Protection, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091*
2 *Co-Innovation Center for Sustainable Forestry in Southern China, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037*
3 *School of Economics, Minzu University of China, Beijing 100081*

生物多样性保护的需求迫在眉睫(Pimm *et al*., 1995; Balmford *et al*., 2003; Jenkins, 2003)。在可利用资源有限的情况下, 人们广泛关注的是如何以最小代价实现生物多样性的最佳保护, 而最有效和普遍的做法就是保护生物多样性热点地区(Wilson & Francis, 1988; Balmford, 1998; Reid, 1998; Myers *et al*., 2000)。保护生物地理学正是在这一背景下应运而生的, 作为一门新兴的分支学科, 它最早由Whittaker等(2005)提出。该学科主要是运用生物地理学的原理、理论和分析方法, 研究宏观尺度生物多样性的分布动态, 解决生物多样性保护方面的问题(Ladle & Whittaker, 2011), 也就是生物地理学在生物多样性保护方面的应用。

近几十年来, 随着全球生物多样性保护研究的深入开展, 物种数量, 特别是特有物种和濒危物种数量已成为确定生物多样性优先保护区的普遍参考指标(Myers *et al*., 2000; Orme *et al*., 2005; Brooks *et al*., 2006; Lamoreux *et al*., 2006)。然而, 物种仅仅是生物多样性的一个层面, 遗传多样性以及生态系统多样性都是多样性研究的重要组成部分。随着分子生物学技术的发展, DNA条形码已成为对现存物种进行分类和鉴定普遍采用的有效手段。据此, 人们掌握了更多物种的遗传特征, 结合化石年代信息, 构建了完整的生命系统进化树, 这为生物多样性保护, 尤其是保护生物地理学的研究注入了新的活力。

基于系统进化树测算的系统多样性指数度量了系统进化多样性及其独特性, 能更好地反映一个地区生物多样性分化的潜能, 对未来生物多样性中心的确定以及现有生物多样性保护效益的评估都具有重要的现实意义(Vane-Wright *et al*., 1991; Faith, 1992; 李义明, 1998; Barker, 2002)。Vane-Wright等(1991)最先指出物种本身处在不同的进化分支系统中, 因此针对物种的保护效力并不等同, 从而提出整合分类差异性与包含分支分类信息计算分类多样性的新方法。1992年, Faith等明确定义系统发育多样性指数(phylogenetic diversity, PD)为某区域内出现的所有分类群对应的最小生成路径枝长的和, 反映了某一地区物种组成的系统进化特征多样性(Faith, 1992), 该指数是当前被广泛采用的表征系统进化多样性特征的指数之一。相关研究表明, 系统发育多样性与其物种多样性的空间分布格局并不完全一致(Rodrigues & Gaston, 2002; Mace *et al*., 2003; Forest *et al*., 2007), 因此, 系统发育多样性引起保护生物学家更多的关注, 而且已被引入大尺度生物多样性热点地区的确定以及保护效益

收稿日期: 2015-05-08; 接受日期: 2015-05-11
基金项目: 国家自然科学基金(41471048)和中央级公益性科研院所基金(CAFYBB2014MA005, CAFIFEEP2015B02)
* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: northalluvion@163.com

评估的研究中(Forest *et al*., 2007; Rosauer *et al*., 2009; Cadotte *et al*., 2010)。

基于DNA条形码技术获取的系统发育信息为测度生物多样性、确定保护优先区、量化种库的进化历史等提供了新的途径(Mace *et al*., 2003)。近几年, 随着物种空间分布范围在生物多样性保护研究中越来越受到重视(Williams, 2000), 系统发育多样性也逐渐发展为系统发育信息与空间分布信息结合的指数, 涌现了大量结合系统发育多样性与物种空间分布范围以及濒危信息等的测算方法(Rosauer *et al*., 2009; Cadotte *et al*., 2010; Faith, 2013), 如系统发育特有性指数(phylogenetic endemism, PE) (Rosauer *et al*., 2009)和空间加权进化特异性指数(biogeographically weighted evolutionary distinctiveness, BED) (Cadotte *et al*., 2010)。这些指数已被用于特有植物多样性热点地区的确定(Huang *et al*., 2012), 以及热带雨林的孑遗区和分化区划分的研究中(Costion *et al*., 2015)。Yan等(2014)运用DNA条形码对分布于喜马拉雅–横断山区的中国种子植物最大属杜鹃属(*Rhododendron*)进行了研究, 不但鉴定了该属的许多种, 而且确定了其多样性热点地区, 这为杜鹃属的保护提供了重要的数据支持。利用系统发育多样性的信息特征, 结合高分辨率的分布数据可为保护四足动物的进化历史提供重要的参考(Thuiller *et al*., 2015)。当前生物多样性快速丧失, 亟待保护。然而, 可供保护的资源有限, 基于系统发育多样性的保护优先性分析突出了正确合理分配有限可利用资源的重要性(Nunes *et al*., 2015)。此外, 系统发育多样性在量化禽流感生物类群灭绝指标以及濒危物种优先级的管理设置等方面也发挥了重要作用(Barker, 2002)。

系统进化信息在保护生物地理学研究中已受到越来越多的重视。2011年9月在西班牙阿维拉召开的欧洲生态联合会期间, 法国生态学会(医药)和生物多样性研究基金会(美联储)发起了“进化历史、生态系统功能和生物保护: 新视角”的专题讨论。该专题强调的重要内容之一就是系统进化信息对于生物多样性保护的重要作用(Rolland *et al*., 2012)。时隔两年半, 2014年3月在伦敦由Felix Forest、Mark Chase FRS、Keith Crandall和Daniel Faith联合发起了以“系统发育、灭绝风险和生物保育”为主题的专题讨论, 进一步强调了系统进化信息在生物多样性保护研究中的重要作用, 重申了全球生物多样性保护应承认系统发育多样性的重要作用, 同时致力于将系统进化历史纳入生物多样性关键地区的确定及保护中(Forest *et al*., 2015)。Thomas Brooks教授呼吁应将系统学和进化过程作为确定生物多样性关键地区的必要条件, 并提出了付诸实践的可行方案(Forest *et al*., 2015)。Sven Buerki博士强调全面整合系统进化过程在生物多样性保护决策制定中的重要性, 并以马达加斯加岛的研究为例, 创建了适用于当地的生物多样性保护网络系统。该系统既保护了当前的生物多样性, 同时也最大限度地保护了生物多样性的进化潜能, 实现了生物多样性资源的可持续利用(Forest *et al*., 2015)。

文中引用的参考文献见附录1 (http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/w2015-124-1.pdf)。

(责任编委: 高连明 责任编辑: 黄祥忠)

附录1　参考文献

Balmford A (1998) On hotspots and the use of indicators for reserve selection. *Trends in Ecology and Evolution*, **13**, 409.

Balmford A, Green RE, Jenkins M (2003) Measuring the changing state of nature. *Trends in Ecology and Evolution*, **18**, 326–330.

Barker GM (2002) Phylogenetic diversity: a quantitative framework for measurement of priority and achievement in biodiversity conservation. *Biological Journal of the Linnean Society*, **76**, 165–194.

Brooks TM, Mittermeier RA, da Fonseca GAB, Gerlach J, Hoffmann M, Lamoreux JF, Mittermeier CG, Pilgrim JD, Rodrigues ASL (2006) Global biodiversity conservation priorities. *Science*, **313**, 58–61.

Cadotte MW, Davies TJ, Regetz J, Kembel SW, Cleland E, Oakley TH (2010) Phylogenetic diversity metrics for ecological communities: integrating species richness, abundance and evolutionary history. *Ecology Letters*, **13**, 96–105.

Costion CM, Edwards W, Ford AJ, Metcalfe DJ, Cross HB, Harrington MG, Richardson JE, Hilbert DW, Lowe AJ, Crayn DM (2015) Using phylogenetic diversity to identify ancient rain forest refugia and diversification zones in a biodiversity hotspot. *Diversity and Distributions*, **21**, 279–289.

Faith DP (1992) Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, **61**, 1–10.

Faith DP (2013) Biodiversity and evolutionary history: useful extensions of the PD phylogenetic diversity assessment framework. *Annals of the New York Academy of Sciences*, **1289**, 69–89.

Forest F, Crandall KA, Chase MW, Faith DP (2015) Phylogeny, extinction and conservation: embracing uncertainties in a time of urgency. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, **370**, doi: 10.1098/rstb.2014.0002.

Forest F, Grenyer R, Rouget M, Davies TJ, Cowling RM, Faith DP, Balmford A, Manning JC, Proches S, van der Bank M, Reeves G, Hedderson TAJ, Savolainen V (2007) Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. *Nature*, **445**, 757–760.

Huang JH, Chen B, Liu CR, Lai JS, Zhang JL, Ma KP (2012) Identifying hotspots of endemic woody seed plant diversity in China. *Diversity and Distributions*, **18**, 673–688.

Jenkins M (2003) Prospects for biodiversity. *Science*, **302**, 1175–1177.

Ladle RJ, Whittaker RJ (2011) *Conservation Biogeography*. John Wiley & Sons, Ltd., Oxford.

Lamoreux JF, Morrison JC, Ricketts TH, Olson DM, Dinerstein E, McKnight MW, Shugart HH (2006) Global tests of biodiversity concordance and the importance of endemism. *Nature*, **440**, 212–214.

Li YM (李义明) (1998) The phylogenetic diversity measurements and their uses in biodiversity conservation. *Chinese Biodiversity* (生物多样性), **6**, 49–54. (in Chinese with English abstract)

Mace GM, Gittleman JL, Purvis A (2003) Preserving the Tree of Life. *Science*, **300**, 1707–1709.

Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, da Fonseca GAB, Kent J (2000) Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, **403**, 853–858.

Nunes LA, Turvey ST, Rosindell J (2015) The price of conserving avian phylogenetic diversity: a global prioritization approach. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*: *Biological Sciences*, **370**, doi: 10.1098/rstb.2014.0004.

Orme CDL, Davies RG, Burgess M, Eigenbrod F, Pickup N, Olson VA, Webster AJ, Ding TS, Rasmussen PC, Ridgely RS, Stattersfield AJ, Bennett PM, Blackburn TM, Gaston KJ, Owens IPF (2005) Global hotspots of species richness are not congruent with endemism or threat. *Nature*, **436**, 1016–1019.

Pimm SL, Russell GJ, Gittleman JL, Brooks TM (1995) The future of biodiversity. *Science*, **269**, 347–350.

Reid WV (1998) Biodiversity hotspots. *Trends in Ecology and Evolution*, **13**, 275–280.

Rodrigues ASL, Gaston KJ (2002) Maximising phylogenetic diversity in the selection of networks of conservation areas. *Biological Conservation*, **105**, 103–111.

Rolland J, Cadotte MW, Davies J, Devictor V, Lavergne S, Mouquet N, Pavoine S, Rodrigues A, Thuiller W, Turcati L, Winter M, Zupan L, Jabot F, Morlon H (2012) Using phylogenies in conservation: new perspectives. *Biology Letters*, **8**, 692–694.

Rosauer D, Laffan SW, Crisp MD, Donnellan SC, Cook LG (2009) Phylogenetic endemism: a new approach for identifying geographical concentrations of evolutionary history. *Molecular Ecology*, **18**, 4061–4072.

Thuiller W, Maiorano L, Mazel F, Guilhaumon F, Ficetola GF, Lavergne S, Renaud J, Roquet C, Mouillot D (2015) Conserving the functional and phylogenetic trees of life of European tetrapods. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, **370**, doi:10.1098/rstb.2014.0005.

Vane-Wright RI, Humphries CJ, Williams PH (1991) What to protect? Systematics and the agony of choice. *Biological Conservation*, **55**, 235–254.

Whittaker RJ, Araujo MB, Paul J, Ladle RJ, Watson JEM, Willis KJ (2005) Conservation biogeography: assessment and prospect. *Diversity and Distributions*, **11**, 3–23.

Williams P (2000) Some properties of rarity scores used in site quality assessment. *British Journal of Entomology and Natural History*, **13**, 73–86.

Wilson EO, Francis MP (1988) *Biodiversity*. National Academy Press, Washington, DC.

Yan LJ, Liu J, Möller M, Zhang L, Zhang XM, Li DZ, Gao LM (2014) DNA barcoding of Rhododendron (Ericaceae), the largest Chinese plant genus in biodiversity hotspots of the Himalaya-Hengduan Mountains. *Molecular Ecology Resources*, doi: 10.1111/1755-0998.12353.