



科爱传播  
KE AI COMMUNICATIONS

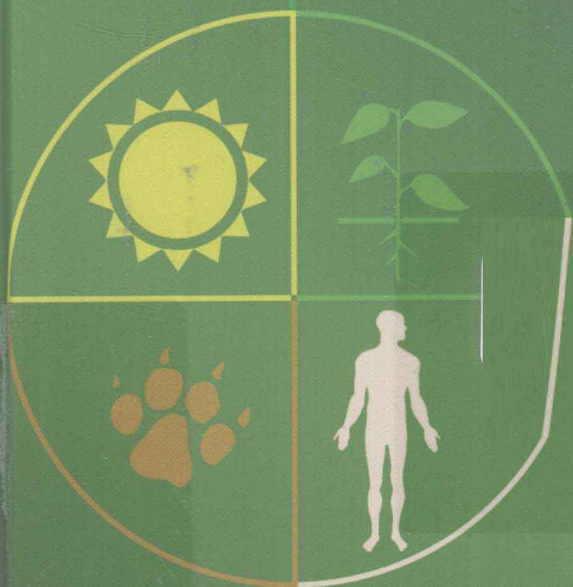
· 导读版 ·

生态前沿系列

Integrative Ecology:  
From Molecules to Ecosystems

# 整合生态学： 从分子到生态系统

Guy Woodward



ELSEVIER

原版引进



科学出版社

生态前沿系列

**Integrative Ecology:  
From Molecules to Ecosystems**

**整合生态学：  
从分子到生态系统**

Edited by

**Guy Woodward**

School of Biological and Chemical Sciences,

Queen Mary University of London,

London E1 4NS, UK

**科学出版社**

北京

**图字：01-2011-4494**

This is an annotated version of

**Integrative Ecology: From Molecules to Ecosystems**

Edited by Guy Woodward,

Copyright © 2010 Elsevier Ltd.

ISBN: 978-0-12-385005-8.

All rights reserved.

No part of this publication may be reproduced or transmitted in any form or by any means, electronic or mechanical, including photocopy, recording, or any information storage and retrieval system, without permission in writing from the publisher.

**AUTHORIZED EDITION FOR SALE IN P. R. CHINA ONLY**

本版本只限于在中华人民共和国境内销售

**图书在版编目(CIP)数据**

整合生态学：从分子到生态系统=Integrative Ecology: From Molecules to Ecosystems: 英文 / (英) 伍德沃德 (Woodward, G.) 主编. —北京: 科学出版社, 2012

(生态前沿系列)

ISBN 978-7-03-034260-7

I. ①整… II. ①伍… III. ①生态学—研究—英文 IV. ①Q14

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2012) 第 090289 号

责任编辑：孙红梅 / 责任印制：钱玉芬

封面设计：耕者设计工作室

**科学出版社 出版**

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码：100717

<http://www.sciencep.com>

**双青印刷厂印刷**

科学出版社发行 各地新华书店经销

\*

2012 年 5 月第 一 版 开本：B5 (720×1000)

2012 年 5 月第一次印刷 印张：22 1/2

字数：454 000

**定价：118.00 元**

(如有印装质量问题，我社负责调换)

## 导 读

生命科学中没有一个学科像生态学这样，涉及如此多的组织层次、如此广的时空尺度，它的研究对象可以是动物、植物、微生物中的任一生物类群或整体，研究层次跨越个体、种群、群落、生态系统、景观，乃至整个地球，探讨的问题包括瞬时的生态应激到地质历史事件的生态效应。由于生物类群的多样性、时空尺度的复杂性，产生了众多的生态学分支学科或研究领域，并且许多分支学科、研究领域间长期分离，学科/领域间的交流十分困难。这种现象早为生态学家所认识，融合不同的生物类群、不同的层次、不同的领域一直是生态学研究者的美好愿景。

伦敦大学玛丽女王学院 Guy Woodward 博士主编的《整合生态学》就是试图达到这种融合的一次很好的尝试，本专辑由 3 篇综述和 4 篇研究论文组成，作者将生态学不同领域的理论和实验进展与新方法相结合，努力“从分子到生态系统，从微生物到宏观世界，从个体到食物网，或者从代谢理论到生物多样性-生态系统功能关系，在生态学不同领域之间构筑新的联系” (p. xv)。

与其他学科一样，生态学的研究重心经历了从对现象、格局的描述（即“是什么”）到探讨其内在机制（即“为什么”）的转变。在对机制的探究中，常常习惯性地从更低的组织层次上找答案：物种多样性不同的生态系统在功能上的差异常可从组成种类的生态位互补或物种属性来解读，而种群不对称的负密度制约则为群落内物种共存和多度格局的形成做出了很好的注解。尽管如此，以较低组织层次为整体分析较高层次时，常常忽略了内部（即更低层次单元）的变异。一个例子就是从种群角度探究群落结构（如种间相互作用）时往往假设同一物种的不同个体是可互换的。然而，这种可互换性通常不成立，且不同营养级生物间的相互作用并不是通过整体进行的，而是通过一个一个的个体来完成的。个体间在新陈代谢、竞争能力等方面的差异可以改变生态位宽度以及与其他物种（的个体）的作用强度，进而影响群落动态和生态系统功能。因此，就不难理解基于个体可以很好地预测群落结构和生态系统功能。Woodward 等人从物种和个体大小两方面构建一组食物网，利用异速食谱宽度模型，仅根据个体大小就可正确预测食物网中高达 84% 的连接。同时，季相变化和个体发育可能改变食谱，甚至反转捕食关系，即“小”物种的大个体取食“大”物种的小个体。

实际上，无论是营养级间的相互作用，还是生态系统过程，都是通过代谢这一过程与生物和非生物环境相互作用而实现的。Reiss 及其合作者同时控制真菌

和大型动物多样性研究对叶片降解，没有发现物种丰富度的明显效应，但聚落的物种组成却有明显的作用。也就是说，总体上物种的表现是加性的，但特定的物种组合可以形成非加性效应。如动物取食真菌的垂直作用产生负的相互作用，或真菌改良叶面状况从而利于动物分解叶片的水平作用产生正效应。而聚落代谢能够解释生态过程约三分之二的变异，显示个体代谢是生物多样性与生态系统功能关系的主要驱动因素。Perkins 等人报道了他们以微型生物为材料，通过多因素实验研究暖化与生物多样性如何共同影响叶片分解等生态系统过程。环境变暖及其导致的物种分布范围迁移，加上随后改变的资源属性，共同影响生态过程，而基于温度和个体大小异速关系推导的聚落代谢可以较好地预测叶片降解速率。Yoon-Durocher 与其合作者提出了一个基于个体代谢的简易模型，通过实验和经验数据整合分析探讨碳循环对温度的依赖性，这一模型很好地预测了碳循环对温度变化的响应。

基于个体的方法为群落和生态系统的研究带来福音，然而，大型生物的代谢状况不易监测，尤其是涉及多个世代观察时更加困难，因此，近些年许多研究在容易控制和重复的、世代时间短的微宇宙中验证生态学理论。但是限于技术瓶颈，这类微宇宙实验中无法以个体为单元进行相关参数的测定，常把微型生物看成“黑箱”。新的分子技术（如第二代测序）的出现为这类研究提供了“钥匙”。Purdy 等人分析了五种第二代测序技术及其优缺点，并通过一些案例介绍了如何应用这些技术定性和定量地分析微型生物的种类及其多度，因而可以更清晰地了解微型生物在生态系统功能中发挥的作用，或者界定它们在食物网中的位置。

然而，在微型生物中观察到的现象不能简单地套用宏观世界建立起来的理论来解释，这并不意味着微观世界与宏观世界之间是矛盾的。一个例子就是有关物种多样性维持机制中著名的“哈钦松悖论”，Ptacnik 与合作者认为这一悖论源于理解生态位的角度不当。他们提出一个与陆地生物类似的框架模型解释浮游生物的共存，指出一方面要结合群落的更替速率来看待扩散能力，扩散强的往往是个体较小的生物，它们的更替速率也很快，形成定居-灭绝动态，因此，群落受区域过程的控制；另一方面，在局域尺度上，生态位不仅包括资源这一维度，也含有环境维度（资源除外的非生物因素），此外，捕食压力等构成的死亡维度也有利于共存，而与此一一对应的物种自身三个特征维度的值决定了它们能否共存。因此，看似存在的物种冗余只是处于上述三维空间不同位置的物种在资源这一维度上投影重叠所致。

同样地，微观世界获得的结果也不能简单地外推到宏观世界。Reiss 等通过

案例分析了单细胞和多细胞生物间、微型生物和大型生物间的差异，指出这些差异影响到理论外推的可行与否。比如，单细胞与多细胞生物繁殖方式的不同导致其个体大小对温度的响应不同，从而决定了温度与大小的转换关系不同。

总的来说，这一专辑在个体层次与群落结构、生态系统功能间，微观世界与宏观生态间的融合做了很好的尝试，为我们理解生态现象、生态过程以及生态功能展示了一个很好的途径。然而，无论是从深度，还是从广度来看，多领域、多层次的融合还远远不够，建立通用的生态学理论任重道远。

陈小勇 童鑫

华东师范大学资源与环境科学学院

## 前 言

这卷《生态学研究进展》专辑尝试整合不同的组织水平及生物学科，以期为生态体系提供更全面的视角。因此，书中的每一章都与任何单一的生态学传统领域的典型研究不同，作者们在这些领域之间努力构筑新的联系，从分子到生态系统，从微生物到宏观世界，从个体到食物网，抑或从代谢理论到生物多样性-生态系统功能关系。这标志该学科进入了激动人心的跨学科阶段，尤其是鉴于生物学是一个整体，而且生态学科内部存在已久的障碍正快速消融。多领域的交叉依赖于理论和实践新进展与方法创新的结合，而这些新进展和方法正是本卷各章的基础。

近些年，我们目睹了在曾经互不相干的群落生态学和生态系统生态学之间建立起的牢不可破的联系，尤其是在涌现的有关生物多样性-生态系统功能关系和食物网研究的推动下。《生态学研究进展》上一专辑（第42卷：生态网络）就是围绕食物网这一主题的。而且这两个研究领域如同群落内的水平和垂直相互作用一样也开始融合，它们对生态系统过程的效应也开始同时被加以考虑。此外，这些相互关系都是通过个体间作用实现，而后者则受到代谢和觅食的制约，因此，在研究生物多样性与生态系统功能关系以及食物网时，应当考虑个体层次，这一点在本专辑得到了充分体现（如 Perkins et al., 2010; Reiss et al., 2010a; Woodward et al., 2010）。例如，Reiss等（2010a）和Perkins等（2010）均利用个体的代谢能力来预测生态系统过程的速率。其中，前者是在生物多样性与生态系统功能关系实验中同时考虑微生物和大型动物多样性的最早研究之一，而后者则描述了气候变化对生物多样性与生态系统功能关系的潜在影响。在这两项研究中，都未检测到物种丰富度对过程速率的影响，原因在于生态系统过程主要受消费者个体大小及代谢需求的驱动，而物种的属性本身也有作用。Yvon-Durocher等（2010）利用一个长期野外实验，也证明了基于个体代谢可以相对简单地预测整个生态系统碳循环对环境变暖的响应。

类似地，Woodward等（2010）对食物网的研究也表明，基于个体大小，系统内部存在物种冗余。他们首次利用个体水平数据，从物种和个体大小两方面构建一组食物网，发现个体大小比物种本身能够更好地解释食谱宽度和捕食关系的位置。比如利用异速食谱宽度模型（ADBWM），仅仅根据体重数据就可正确预测食物网中高达84%的链接。

正如Purdy等（2010）所述，在对生物多样性-生态系统功能关系以及食物网

的研究突飞猛进的同时，分子生态学和微生物生态学在过去的二十年内也迅速成长为成熟的学科。在其成长过程中，技术革新功不可没。近来发明的第二代测序(NGS)开辟了探索隐秘世界的广阔前景，而这一技术可能超过过去十年中其他方法的进展，这似乎注定了要我们从基本的、未曾料到的方面改变对生态学的看法。庞大的隐存生物多样性库以及从未知晓的生态系统过程正以惊人的速度浮出水面，并随着分子生态学和微生物生态学越来越多地融入更广的学科，其第一波涟漪已影响到生态学的一般研究。这笔财富为调查微生物生态学是否符合生态学一般原理或者说微观和宏观生态学学科是否存在内在的差异，提供了新的途径。这两者均为 Reiss 等 (2010b) 和 Ptacnik 等 (2010) 的核心议题。后一篇从新的视角重新分析了生态学中悬而未决的问题——Hutchinson 提出的经典的“浮游生物悖论”。他们着重探讨大量物种如何能够得以维持，即便是在看似匀质的浮游生物环境中，并且强调这些物种实际上对于维持多个生态系统过程是必需的。

总而言之，本卷中的七章探讨了将结构与功能联系起来的相关主题，每一章都强调个体大小和（或）代谢在达到这一目的中的关键作用。当然，这并不意味着它们是仅有的重要变量，而在于它们提供了潜在有效的方法，可以将众多的生物相关变量塌缩成少量的维度，这就使得我们可以更方便地探索其他感兴趣的因素。此外，从基于个体的视角看待问题，也有助于在不同学科、不同组织水平间架起桥梁，从而为新的和已有的生态学问题提供潜在的新视角和新感悟。

Guy Woodward

(陈小勇 童鑫译)



## Contributors to Volume 43

- ANDREW P. ALLEN**, *Department of Biological Sciences, Macquarie University, Sydney, NSW 2109, Australia.*
- R.A. BAILEY**, *Queen Mary University of London, School of Mathematical Sciences, London E1 4NS, United Kingdom.*
- FERNANDA CÁSSIO**, *CBMA - Centre of Molecular and Environmental Biology, Department of Biology, University of Minho, Campus de Gualtar, 4710-057 Braga, Portugal.*
- FRANCOIS K. EDWARDS**, *School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom, and Centre for Ecology and Hydrology, Wallingford, Oxon. United Kingdom.*
- DAVID FIGUEROA**, *School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom, and Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Montt 56 - Casilla 15-D, Chile.*
- JACK FORSTER**, *Queen Mary University of London, School of Biological and Chemical Sciences, London E1 4NS, United Kingdom.*
- STEVEN G. GILMOUR**, *School of Mathematical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom.*
- HELMUT HILLEBRAND**, *Institute for Chemistry and Biology of the Marine Environment, Carl-von-Ossietzky University Oldenburg, Schleusenstrasse 1, 26382 Wilhelmshaven, Wilhelmshaven.*
- ANDREW G. HIRST**, *Queen Mary University of London, School of Biological and Chemical Sciences, London E1 4NS, United Kingdom.*
- PAUL J. HURD**, *School of Biological & Chemical Sciences, Queen Mary, University of London, Mile End Road, London E1 4NS, United Kingdom.*
- J. IWAN JONES**, *School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom.*
- RASMUS B. LAURIDSEN**, *School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom.*
- BJÖRN MALMQVIST**, *Department of Ecology and Environmental Science, Umeå University, Sweden.*
- BRENDAN G. McKIE**, *Department of Aquatic Sciences and Assessment, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.*

- JOSÉ M. MONTOYA**, *School of Biological & Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom, and Institute of Marine Sciences (ICM-CSIC) Pg. Marítim de la Barceloneta, 37-49E-08003 Barcelona, Spain.*
- STEFANIE D. MOORTHI**, *Institute for Chemistry and Biology of the Marine Environment, Carl-von-Ossietzky University Oldenburg, Schleusenstrasse 1, 26382 Wilhelmshaven, Wilhelmshaven.*
- JORDI MOYA-LARAÑO**, *Functional and Evolutionary Ecology, Estación Experimental de Zonas Áridas – CSIC, Carretera de Sacramento s/n, La Cañada de San Urbano, 04120-Almeria, Spain.*
- CLÁUDIA PASCOAL**, *CBMA - Centre of Molecular and Environmental Biology, Department of Biology, University of Minho, Campus de Gualtar, 4710-057 Braga, Portugal.*
- DANIEL M. PERKINS**, *School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom.*
- OWEN L. PETCHEY**, *Department of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield, Western Bank, Sheffield, S10 2TN, United Kingdom.*
- ROBERT PTACNIK**, *Institute for Chemistry and Biology of the Marine Environment, Carl-von-Ossietzky University Oldenburg, Schleusenstrasse 1, 26382 Wilhelmshaven, Wilhelmshaven.*
- KEVIN J. PURDY**, *Department of Biological Sciences, University of Warwick, Coventry, CV4 7AL, United Kingdom.*
- JULIA REISS**, *School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom.*
- REBECCA STEWART**, *Queen Mary University of London, School of Biological and Chemical Sciences, London E1 4NS, United Kingdom.*
- MARK TRIMMER**, *School of Biological & Chemical Sciences, Queen Mary, University of London, Mile End Road, London E1 4NS, United Kingdom.*
- PHILIP H. WARREN**, *Department of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield, Western Bank, Sheffield, S10 2TN, United Kingdom.*
- GUY WOODWARD**, *School of Biological & Chemical Sciences, Queen Mary, University of London, Mile End Road, London E1 4NS, United Kingdom.*
- GABRIEL YVON-DUROCHER**, *School of Biological & Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London E1 4NS, United Kingdom.*

## Preface

This thematic volume of *Advances in Ecological Research* integrates different levels of organisation and biological disciplines, in an attempt to provide a more holistic view of ecological systems. As such, none of these chapters are typical representatives of any single traditional field in ecology, as between them they attempt to forge new links from molecular biology to ecosystems ecology, from microbial to macro-organismal ecology, from individuals to food webs, or from metabolic theory to biodiversity-ecosystem functioning (B-EF) theory. Given that many of the long-established barriers within ecology, and biology as a whole, are rapidly dissolving, this volume reflects as our science as it enters an exciting and evermore interdisciplinary phase. This is being achieved via a combination of new theoretical and empirical perspectives and methodological advances, many of which underpin the chapters presented here.

In recent years, we have witnessed an ever-strengthening link develop between the previously disparate disciplines of community and ecosystems ecology, catalysed in particular by the mushrooming of B-EF and food web research, and the previous companion volume of *Advances in Ecological Research* was devoted to the latter (Volume 42: *Ecological Networks*). These two fields have also started to converge, as vertical and horizontal interactions within communities, and their consequences for ecosystem processes are starting to be considered simultaneously. Further, the fact that interactions occur between individuals operating within metabolic and foraging constraints, is now being recognised and it is becoming increasingly clear that that this level of organisation needs to be considered in B-EF and food web studies, as highlighted in this volume (e.g., Perkins *et al.*, 2010; Reiss *et al.*, 2010a; Woodward *et al.*, 2010). The chapters by Reiss *et al.* (2010a) and Perkins *et al.* (2010), for instance, use the metabolic capacity of individuals to predict ecosystem process rates: the former is one of the first studies to manipulate both microbial and macrofaunal diversity simultaneously in a B-EF experiment and the latter describes a range of potential impacts of climate change on B-EF relationships. In both instances, species richness had no detectable effect on process rates, which were driven primarily by the body size and metabolic demands of the consumers and secondarily by species identity effects *per se*. The chapter by Yvon-Durocher *et al.* (2010) also demonstrates how relatively simple predictions based on individual metabolism can be used to characterise the responses of whole-ecosystem carbon cycling to environmental warming in a long-term field experiment.

The chapter by Woodward *et al.* (2010) includes the first description of a set of food webs constructed from both species- and a size-based perspective simultaneously using individual-level data, and as in the two B-EF papers, this study also revealed size-based redundancy within the system: diet width and the position of feeding links were better explained by body size than by species identity *per se.*, and the allometric diet breadth model predicted up to 84% of the links in a food web correctly, based on body mass data alone.

Within the past two decades, in parallel with the heightened activity in B-EF and food web research, molecular and microbial ecology have also evolved rapidly into mature scientific disciplines in their own right, fuelled by a series of technological breakthroughs, as described in the chapter by Purdy *et al.* (2010). The recent advent of Next Generation Sequencing (NGS) has opened up vast new vistas on a previously hidden world and, perhaps more than any other methodological advance in the last decade, this seems destined to change our view of ecology in radical and unexpected ways for many years to come. Large reservoirs of cryptic biodiversity and even previously unknown ecosystem processes are being unveiled at an astonishing rate, and the first ripples of this are now being felt in general ecology as molecular and microbial ecology become increasingly integrated into the corpus of the wider discipline. This wealth of new information offers novel ways to investigate whether microbial ecology follows general ecological principles, or whether there are inherent differences between the microscopic and macroscopic worlds, both of which are central themes in the chapters of Reiss *et al.* (2010b) and Ptacnik *et al.* (2010). The latter revisits a longstanding question in ecology – Hutchinson’s classic “paradox of the plankton” – from a new perspective and highlights how, even in seemingly homogenous planktonic environments, a large number of species can be supported, and are indeed needed to sustain multiple ecosystem processes.

In summary, the seven chapters in this volume explore themes related to linking structure to functioning and each highlights the role of body size and/or metabolism as playing key roles in achieving this aim. Of course, this does not imply that these are the only variables of importance, rather that they provide a potentially useful means of collapsing a large amount of biologically relevant variation into a small number of dimensions, and this also enables other axes of interest to be explored more easily. In addition, the use of an individual-based perspective can help to bridge different disciplines and levels of organisation, and to provide potentially novel perspectives and insights into both old and new ecological questions.

Guy Woodward

**REFERENCES**

- Perkins, D.M., McKie, B.G., Malmqvist, B., Gilmour, S.G., Reiss, J., and Woodward, G. (2010). Environmental warming and biodiversity-ecosystem functioning in freshwater microcosms: Partitioning the effects of species identity, richness and metabolism. *Adv. Ecol. Res.* **43**, 177–208.
- Ptacinik, R., Moorthi, S.D., and Hillebrand, H. (2010). Hutchinson reversed, or why there need to be so many species. *Adv. Ecol. Res.* **43**, 1–43.
- Purdy, K.J., Hurd, P.J., Moya-Laraño, J., Trimmer, M., and Woodward, G. (2010). Systems biology for ecology: From molecules to ecosystems. *Adv. Ecol. Res.* **43**, 87–149.
- Reiss, J., Bailey, R.A., Cássio, F., Woodward, G., and Pascoal, C. (2010a). Assessing the contribution of micro-organisms and macrofauna to biodiversity-ecosystem functioning relationships in freshwater microcosms. *Adv. Ecol. Res.* **43**, 151–176.
- Reiss, J., Cássio, F., Pascoal, C., Forster, J., Stewart, R., and Hirst, A.G. (2010b). When microscopic organisms inform general ecological theory. *Adv. Ecol. Res.* **43**, 45–85.
- Woodward, G., Blanchard, J., Lauridsen, R.B., Edwards, F.K., Jones, J.I., Figueroa, D., Warren, P.H., and Petchey, O.L. (2010). Individual-based food webs: Species identity, body size and sampling effects. *Adv. Ecol. Res.* **43**, 209–265.
- Yvon-Durocher, G., Allen, A.P., Montoya, J.M., Trimmer, M., and Woodward, G. (2010). The temperature dependence of the carbon cycle in aquatic systems. *Adv. Ecol. Res.* **43**, 267–313.

# 目 录

## 第 43 卷作者

### 前言

#### 破解哈钦松悖论，或为什么需要这么多物种？

概要 .....	1
I. 引言 .....	2
II. 浮游生物的独特性 .....	4
III. 浮游生物的扩散限制 .....	7
IV. 浮游生物中物种多样性-生态系统功能关系的现存证据 .....	12
A. 初级生产与资源利用 .....	12
B. 异养细菌的资源利用 .....	12
C. 次级生产与营养关系 .....	13
D. 低产现象和超级物种 .....	14
V. 海洋中物种多样性-生态系统功能关系的机制 .....	15
A. 环境和性状维度 .....	15
B. 生产力——环境和性状维度 .....	20
C. 光谱共存与化学计量 .....	24
D. 生态系统功能的化学计量学 .....	26
VI. 展望与结论 .....	31
致谢 .....	33
附录 .....	33
参考文献 .....	33

#### 显微镜下的生物何时能为生态学一般理论提供信息？

概要 .....	45
I. 引言 .....	46
II. 文献中的实例：小型生物何时为生态学一般理论提供信息 .....	57
A. 种群、聚落与群落理论 .....	59
B. 更高层次的综合理论 .....	60
III. 研究案例：微观世界能反映宏观世界吗？ .....	61
A. 温度-大小规律 .....	62
B. 多度的不等转换：原生动物与后生动物有相同的格局吗？ .....	67

C. 生物多样性与生态系统功能 .....	72
IV. 结论 .....	75
致谢 .....	77
附录 .....	77
参考文献 .....	77

## 用于生态学的系统生物学：从分子到生态系统

概要 .....	88
I. 引言 .....	88
A. 为生态学建立一个系统生物学? .....	88
B. 微生物黑箱 .....	91
II. 微生物分子生态学简史 .....	92
A. 多样性、多度和功能性状的表征 .....	92
B. 微生物生态学的基因组和后基因组 .....	95
III. 下一代测序技术 .....	96
A. 新的范式 .....	96
B. 罗氏 454 焦磷酸测序 .....	100
C. Illumina 基因组分析仪 .....	100
D. HeliScope 单分子测序 .....	106
E. SOLiD 系统 (美国应用生物系统公司) .....	108
F. SMRT 技术 (太平洋生物科学公司) .....	108
G. 下一代测序技术中多样本分析的改进和阅读长度的增加 .....	110
IV. 基因组测序：生态学中的功能多样性 .....	113
V. 转录组学：功能表达 .....	114
VI. 测序在生态学中的应用 .....	115
A. 揭示地球上隐藏的生物多样性 .....	115
B. 生态宏基因组研究的四个案例 .....	116
C. 超越传统宏基因组学 .....	119
D. 下一代测序和生物多样性 .....	119
VII. 串联多重组织水平：打开系统之门的钥匙 .....	122
A. 从分子到生态系统的尺度转换 .....	122
B. 连接微生物群落结构与生态系统功能 .....	123
C. 生态学的新问题：开启微生物黑箱 .....	125
D. 功能冗余：物种重要吗? .....	127
E. 不仅仅是细菌：开启真核生物黑箱 .....	128

F. 食物网：厘清迷失的联系 .....	128
G. 生态和进化间的联系与下一代测序 .....	132
VIII. 社会经济领域的应用：生态系统商品和服务与生物勘探 .....	133
IX. 结论 .....	134
致谢 .....	135
参考文献 .....	135

**评估淡水小宇宙实验中微型生物和大型动物对  
生物多样性-生态系统功能关系的贡献**

概要 .....	151
I. 引言 .....	152
II. 材料和方法 .....	155
A. 生物种类与设置 .....	155
B. 生物量测定与响应变量 .....	157
C. 预测变量 .....	158
D. 统计分析 .....	159
III. 结果 .....	160
A. 单种培养 .....	160
B. 丰度效应、加性表现和聚落的属性效应 .....	162
C. 消费者生物量和聚落整体代谢解释加性表现 .....	164
IV. 讨论 .....	166
A. 物种丰富度、属性和代谢是生物多样性-生态系统功能关系的驱动因素 .....	166
B. 无脊椎动物和真菌在分解过程中的作用 .....	167
C. 分解者间的相互作用 .....	169
D. 结论 .....	171
致谢 .....	171
附录 .....	171
参考文献 .....	172

**淡水微宇宙中环境暖化与生物多样性-生态系统功能：  
区分物种属性、丰富度和代谢的效应**

概要 .....	178
I. 引言 .....	178
A. 气候变化与生物多样性-生态系统功能关系 .....	178



B. 温度与个体大小驱动生物多样性-生态系统功能关系	180
C. 气候变化对生物多样性-生态系统功能关系的局域和区域效应	181
II. 方法	182
A. 研究对象	182
B. 室内实验	182
C. 预测变量	185
D. 响应变量	186
E. 统计方法	187
III. 结果	188
A. 仅由微生物参与的叶片分解	188
B. 消费者间的差异	188
C. 叶片分解：区域内	190
D. 叶片分解：区域间	191
E. 叶片分解效率：区域内	192
F. 叶片分解效率：区域间	194
IV. 讨论	194
A. 生态系统功能的驱动因素	194
B. 物种丰富度和属性效应	196
C. 在生物多样性-生态系统功能关系实验中融合代谢制约	197
V. 结论	198
致谢	199
附录 I. 区域间水体养分比较	199
附录 II. 淡水无脊椎动物种内体重-代谢关系	200
附录 III. 代谢能力计算方法可行性检验以及方程 3 中标准化经验常数的推导	201
附录 IV. 叶片分解的温度依赖性：种内和种间关系及与基于代谢转换关系 预测值的比较	203
附录 V. 仅考虑微生物的对照组实验结果	203
附录 VI. 含因子“丰富度”的方差分析	204
参考文献	204

### 基于个体的食物网：物种属性、个体大小及取样效应

概要	212
I. 引言	212
A. 食物网数据和理论的新进展	212
B. 物种属性和个体大小决定食物网结构	215