

· 科技期刊亮点 ·

## 围垦改变南汇东滩湿地大型底栖动物群落结构

为评价围垦促淤工程对南汇东滩湿地大型底栖动物生态学的影响,华东师范大学生命科学学院马长安根据 2004 年 10 月和 2009 年 10 月对南汇东滩湿地底栖动物的定量定性调查数据,对比分析出围垦对南汇东滩湿地大型底栖动物的影响。研究发表在《生态学报》2012 年第 4 期。

研究人员 2004 年共采集到大型底栖动物 32 种,其中在经围垦促淤后形成的堤内、堤外两个区域分别采集到底栖动物 20 种和 21 种,2009 年堤内外分别为 9 种和 19 种,共 26 种;2004 年堤内和堤外优势种分别为 8 种和 4 种,共有优势种为中华螺赢蚩和谭氏泥蟹,2009 年堤内优



势种仅有摇蚊幼虫 1 种,堤外有 4 种,优势种种类组成也发生了很大变化。2004 年大型底栖动物的平均丰度和生物量分别为

44.15 个/m<sup>2</sup>, 38.80g/m<sup>2</sup>, 2009 年为 86.76 个/m<sup>2</sup>, 1.97g/m<sup>2</sup>, 2009 年堤内、堤外的生物量与 2004 年相比明显降低,丰度变化则相对较小。进一步结构分析表明,围垦是大型底栖动物群落结构改变的一个重要因素,围垦造成堤内底栖动物群落结构发生了明显差异,堤外群落结构变化相对较小。大型底栖动物的生物多样性指数受到围垦促淤工程的影响均降低,尤其以围垦促淤的堤内湿地生物多样性指数最低。

围垦促淤工程对盐度、潮汐动力、底质特征的改变以及人类活动等因素是影响大型底栖动物群落结构的主要原因,工程结束后的湿地生态修复十分必要。

《科技导报》编辑部 [2012-03-03]

## 未来可能形成超级大陆

美国耶鲁大学 Ross Mitchell 等在对巨大的大陆板块运动进行最新分析后得出结论:在接下来的几亿年中,北冰洋和加勒比海将会消失,亚洲将撞入美洲,形成一个横跨北半球大部分地区的超级大陆。相关研究成果发表在 2 月 9 日出版的 Nature 杂志。



不像在今天的世界上,不同的构造板块携带着一片片我们称之为大洲的地壳在地球表面移动,古代地球是超级大陆的天下,它把即使不是全部也是大部分的主要陆地结合为一体。以往的研究表明,超级大陆在分裂前持续了大约 1 亿年,此后板块开始漂浮并进入另一个活动周期。

此次,研究人员提出新的模型发现下一个扩张的被称为“美亚”的超级大陆,在其最初阶段将会合并亚洲和美洲,然后横跨北半球大部分地球。在接下来的几亿年中,板块运动将导致北冰洋和加勒比海消失,南美洲的西部边缘将向东海岸靠近,澳大利亚将会冲入东南亚。不过,关于南极洲是否会加入这场“聚会”还是依旧独守南极目前尚不清楚。

《中国科学报》[2012-02-10]

## 新型催化剂将植物变成塑料

美国陶氏化学公司和荷兰乌得勒支大学 Krijn P. de Jong 等利用纳米技术设计出一种新型铁催化剂,可以将植物变成普通塑料。相关研究成果发表在 2 月 17 日出版的 Science 杂志。

这种新型催化剂,主要成分之一是在碳纳米纤维上相互分离的纳米小颗粒。在实验室中,该催化剂可高效将以植物为原料制成的氢气、二氧化碳合成气转化为普通塑料的主要成分——乙烯和丙烯,且转化过程不会大量产生无用的甲烷等副产品。



利用新型催化剂制成的塑料与利用石化产品制成的塑料一模一样,所以具有更广泛的用途,但它同样不能生物降解,尽管原材料也来自可再生资源。但是,这只是初步研究,相关技术还需大规模测试和相关项目的检验。研究人员还计划利用快速生长的树木或草取代粮食作物做原料生产普通塑料。

新华网 [2012-02-21]

## 基因组测序法可追查疫情暴发路径

美国哈佛大学公共卫生学院和布洛德研究所 William P. Hanage 等利用全基因组测序已经追查到 2011 年在欧洲

大范围致病的大肠杆菌 (E.coli) 暴发路径,这是第一个采用基因组测序的方法来研究食源性暴发的动态,由此为了解未来疫情和传染病的出现和蔓延提供了新途径。相关研究成果发表在 2 月 21 日出版的 PNAS 杂志。

在生物学中,一个生物体的基因组是指包含在该生物体的 DNA (部分病毒是 RNA) 中的全部遗传信息。确定哪些 DNA 变异导致特定性状或疾病则需要进行个体间比较。寻找疫情暴发的多种细菌的基因组之间的差异,即可得到疫情发生的线索。像做侦探工作一样,研究人员通过这种方式跟踪疫情,可了解未来疾病暴发路径。

2011 年夏天在德国,因大肠杆菌病毒的肆虐成千上万人死亡,之后在法国也引起了小范围的暴发。研究人员将这两国的致病大肠杆菌株对比分析,发现菌株相同。



然而,利用全基因组测序分析菌株之间的差异时,研究人员发现:所有与德国当地相关暴发的菌株都几乎是相同的,而出现在法国菌株表现出更大的多样性,显示出是从德国菌株分离出来的一个子集。

《科技日报》[2012-02-29]

(责任编辑 高靖云(实习生),李娜)