

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(ADBM),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子。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)