

基于稳定同位素技术的高寒草甸高原鼢鼠 营养生态位特征

周睿^{1,2}, 王志鹏¹, 花立民¹, 邹小玉², 汪海波^{3*}

(1. 甘肃农业大学草业学院, 草业生态系统教育部重点实验室, 甘肃省草业工程实验室, 中-美草地畜牧业可持续发展研究中心, 甘肃 兰州 730070; 2. 省部共建三江源生态与高原农牧业国家重点实验室, 青海大学畜牧兽医科学院(青海省畜牧兽医科学院), 青海 西宁 810016; 3. 果洛藏族自治州林业和草原站, 青海 果洛 814000)

摘要:【目的】分析啮齿动物营养生态位特征, 了解动物所占据的营养层, 揭示啮齿动物在不同时间尺度上的食物资源利用变化。【方法】以祁连山东段高寒草甸栖息的高原鼢鼠(*Eospalax baileyi*)为研究对象, 采用贝叶斯碳氮稳定同位素质量平衡混合模型, 分析高原鼢鼠不同组织的食性信息及其营养生态位特征。【结果】高原鼢鼠不同组织中同化的食物种类基本一致, 但在食谱中的贡献率各有差异。地上部分蒲公英(*Taraxacum mongolicum*)在血液(24.33%)、肌肉(19.63%)和毛发(14.00%)组织中的贡献率均最高; 地下部分鹅绒委陵菜(*Potentilla anserina*)在不同组织中的贡献率均最高, 分别为66.01%, 17.79%和10.72%。不同组织中同化食物种类和营养生态位宽度变化一致, 在植物地上部分表现为血液(8种, 1.742) < 肌肉(10种, 2.049) < 毛发(13种, 2.227)组织, 植物地下部分为血液(5种, 1.100) < 肌肉(14种, 2.370) < 毛发(15种, 2.469)组织, 且地上和地下植物在高原鼢鼠血液组织(1.100)中的生态位重叠度远低于肌肉(0.447)和毛发(0.566)组织。【结论】高原鼢鼠各组织代表的不同时间尺度的食性信息中, 短期食性(血液组织)中同化物种数较少, 生态位宽度较小。而在长期食谱(肌肉和毛发组织)中食物种类广泛, 生态位宽度变大。且地上和地下植物在高原鼢鼠短期食性中生态位重叠度远低于长期食性。鉴于高原鼢鼠的采食习性, 建议在高原鼢鼠危害严重区域, 可以通过补播禾本科等优良牧草, 降低高原鼢鼠优质食物在其栖息地植物群落中的比例, 达到防治高原鼢鼠危害的目的。

关键词: 高寒草甸; 高原鼢鼠; 食性; 营养生态位; 稳定同位素; 贝叶斯混合模型

中图分类号: S812.6 **文献标志码:** A **文章编号:** 1009-5500(2024)02-0025-13

DOI: 10.13817/j.cnki.cycp.2024.02.003



动物的营养生态位是研究动物生境需求的核心内容, 是研究动物食物生态位及种间食物生态位重叠

的重要途径, 也是动物生态学研究的核心问题之一^[1-2]。生态位宽度和重叠指数作为营养生态位分析的重要参数, 不但表现物种食物来源的多样性, 而且也反映动物个体对食物资源的竞争强度^[3]。当前, 动物营养生态位的研究主要集中在食性分析方面。主要是因为食物的组成和分布不仅是动物赖以生存和繁衍的物质基础, 也是了解动物与环境的相互关系, 掌握其食物来源和营养级位置的前提和基础^[4-5]。动物的食性选择受到自身基础代谢率、栖息地类型、捕食风险强度、种内竞争和资源可获得性等诸多因素影

收稿日期: 2023-03-05; 修回日期: 2023-04-04

基金项目: 青海省科学技术厅基础研究计划青年项目(2022-ZJ-964Q); 青海大学青年科研基金项目(2021-QNY-7); 青海省“昆仑英才·高端创新创业人才”-引进拔尖人才项目资助

作者简介: 周睿(1991-), 男, 甘肃山丹人, 助理研究员。

E-mail: 13893632442@163.com

*通信作者。E-mail: 931534548@qq.com

响^[6-7]。因此,研究动物食性,不仅要关注动物在短期内的食物选择,同时也需要探讨动物在整个生长阶段的食性特征及其变化,从而更好地认识和理解该物种在生态系统中的营养位置及在长期演化过程中的适应策略。

早期的营养生态位研究多以直接观察法、粪便分析法 and 胃内容物分析法等传统方法作为主要的技术手段^[8],但这些方法只能反映生物短期内的摄食信息,且易受环境因素的影响^[9-10]。随着稳定同位素技术的发展,一种通过分析动物和植物组织中 $\delta^{13}\text{C}$ 和 $\delta^{15}\text{N}$ 稳定同位素比率来评估动物食物来源的方法被广泛应用。与传统食性分析方法相比,生物体的稳定同位素特征反映了动物对食物长期吸收和同化的结果,通过比较动物组织和潜在食物资源的稳定同位素比值,可以推断动物的食性和食物来源信息,并可描述动物与食物资源之间的对应关系^[11]。另外,由于动物对食物中的稳定同位素同化过程需要一定的时间,而且动物不同组织对稳定同位素的同化能力和过程又有差异^[12]。因此,根据动物不同组织中稳定性碳、氮同位素含量特征,可以推断出动物在不同的时间段内的食性信息。利用稳定同位素技术研究生态系统中动植物互作关系,不仅能够比较准确地反映动物在栖息地中的食物来源,而且能够揭示动植物间的种间关系。

青藏高原高寒草地作为重要的陆地生态屏障和畜牧业生产基地,在水土保持、气候调节以及生物多样性保护等方面具有重要作用^[13-14]。然而长期的过度放牧以及缺乏科学的管理使草原退化严重,鼠害频发。据统计,青藏高原鼠害发生面积达到 $2.0 \times 10^7 \text{ hm}^2$,约占天然草地面积的14.28%^[15]。高原鼯鼠(*Eospalax baileyi*)作为高寒草地生态系统的主要地下啮齿动物^[16],通过采食、挖掘洞道及推土造丘行为对高寒草地生态系统产生多种影响^[17-18]。当前,关于高原鼯鼠定义为害鼠的主要原因,除了推土造丘造成鼠丘密布和裸地增加,导致草地生态功能下降外^[19],更主要的原因就是高原鼯鼠采食牧草,与放牧家畜争草而损害牧民经济利益,多年来常被灭杀控制^[20]。但是有研究发现,高寒草地有毒植物的蔓延与高原鼯鼠种群密度存在显著负相关关系^[21],且高原鼯鼠对杂类草中蔷薇科(Rosaceae)、毛茛科(Ranunculaceae)和龙胆

科(Gentianaceae)植物的采食显著高于禾本科植物^[22-23]。以上研究多局限于高原鼯鼠短期内的食谱组成、食量以及不同食物在食谱中的占比等方面。因此,要想对鼠类动物的危害程度有一个客观准确的认识,必须在不同时间尺度下研究草原鼠类的食性特征。为此,本研究利用稳定同位素质量平衡混合模型,分析了高原鼯鼠不同组织中的食物类型和贡献率,并据此探讨了高原鼯鼠在不同时间尺度下的食性信息及其生态位特征,以期从食物资源利用层面揭示高原鼯鼠食性及其生态位的变化规律,为科学防控鼠害提供理论和技术支撑。

1 材料和方法

1.1 试验区概况

试验在甘肃省天祝县爪喜秀龙乡的高寒草甸区($37^\circ 11' \text{ N}$, $102^\circ 29' \text{ E}$)进行,该地区海拔2 700~3 100 m,昼夜温差较大,空气稀薄,太阳辐射强,气候寒冷潮湿,年均降水量416 mm,主要集中在7~9月,年均蒸发量1 592 mm,无绝对无霜期。仅分冷、热两季。年均气温 0.1°C ,7月和1月气温分别为 12.7°C 、 8.3°C , $\geq 0^\circ \text{C}$ 的年积温120~140 d^[24]。草地类型主要为高寒草甸。主要植物有垂穗披碱草(*Elymus dahuricus*)、矮嵩草(*Kobresia humilis*)、线叶嵩草(*Carex capillifolia*)、鹅绒委陵菜(*Potentilla anserina*)、高原毛茛(*Ranunculus japonicus*)、草地早熟禾(*Poa annua*)、美丽凤毛菊(*Saussurea blanda*)、珠芽蓼(*Polygonum viviparum*)等。试验区域以高原鼯鼠为绝对优势鼠种(种群密度:42.48 鼠丘/ hm^2),到目前为止没有发现高原鼠兔(*Ochotona curzoniae*)存在,仅有少量草原黄鼠(*Spermophilus dauricus*)分布,种间竞争的干扰很小,是比较适宜的高原鼯鼠研究地点。

1.2 植物样本采集和预处理

在盛草期(8月底),于高原鼯鼠分布区,采用样圆法,在样地内抛样圆3次,并采集样圆内每种植物至少3株。将采集到的植物用剪刀分离地上部分和地下部分,之后装入信封,并标记采样时间和物种名称,带回实验室置于烘箱, 65°C 烘干48 h。之后,以玛瑙研钵研磨,过200目筛备用。

1.3 动物样本采集和预处理

2015年9月初从研究区内捕捉高原鼯鼠10只,采

集麝鼠右侧后腿骨骼胫骨上附着的全部肌肉,封存在离心管,置于 -20°C 下冷冻保存。用剪刀将背部近尾端的一小撮毛发紧贴表皮剪下,封存在离心管,置于 -20°C 下保存待分析。采集麝鼠胸腔血液 1.5~2 mL,封存在离心管,置于 -20°C 下保存。所有样本均置 65°C 烘箱中烘 48 h 以保证完全干燥,分别装入信封,做好记录。用玛瑙研钵分别研磨麝鼠血液、肌肉、骨骼样本,标记编号备用。毛发的处理参考郭波莉等^[25]的处理方法,肌肉样本的处理参考易现峰等^[26]肌肉样品的干燥方法及 Schmidt 等^[27]牛肉样品的脱脂方法,骨骼样本的预处理采用常规盐析法提取骨胶原^[28]。

1.4 稳定同位素营养判别因子计算

稳定同位素混合模型(Stable isotope mixing models, SIMMs)是研究物种营养生态位的重要工具。而这类模型的精度依赖于营养判别因子(Trophic discrimination factor, TDF, Δ)的选择。TDF 代表消费者与其食物来源处于平衡状态时稳定同位素值的偏移量。本研究采用 R 语言编程包 SIDER(Stable Isotope Discrimination Estimation using R, version: 1.0.0.1)对高原麝鼠不同组织的营养判别因子进行估算^[29]。详细代码见附件 1。

1.5 稳定同位素测定

使用 Picarro G2201 碳同位素分析仪对预处理后的样品进行稳定碳同位素值($\delta^{13}\text{C}$)的测定,测定精度 $\leq \pm 0.1\text{‰}$;使用 Themomat 253 氮同位素分析仪对样品进行稳定氮同位素值($\delta^{15}\text{N}$)的测定,测定精度 $\leq \pm 0.2\text{‰}$ 。同位素比值(δ 值)计算公式如下:

$$\delta = \left[\left(\frac{R_{\text{样品}}}{R_{\text{标准}}} \right) - 1 \right] \times 1000\text{‰}$$

式中: δ 为 ^{13}C 值或者 ^{15}N 值; R 为 ^{13}C 值和 ^{12}C 值或者 ^{15}N 值和 ^{14}N 值的比值; $R_{\text{样品}}$ 为样品的 R 值; $R_{\text{标准}}$ 为标准样品的 R 值。为保证试验结果的精度和准确度,每 10 个样品,插入 3 个标准品。

1.6 高原麝鼠潜在食物源筛选

在利用稳定同位素混合模型量化食物源在动物食谱中贡献的过程中发现,食物源过多,会严重影响模型量化的可信度。因此,需要对动物摄食资源信息进行筛选,为模型的建立提供较好的先验信息,提高混合模型预测的准确性^[30]。首先,根据动物组织的稳

定性同位素 $\delta^{13}\text{C}$ 和 $\delta^{15}\text{N}$ 高于其食物资源的特点,初步筛选高原麝鼠的食物资源。然后通过文献查阅传统食性调查方法中高原麝鼠的食谱组成,最终筛选出高原麝鼠的潜在食物源信息。

1.7 高原麝鼠食物组成估算

采用 R 语言中的 SIAR 程辑包计算高原麝鼠的食物组成^[31]。SIAR 使用贝叶斯混合模型来估计不同营养来源的贡献,此类模型在贝叶斯混合模型输出了每个营养来源对消费者贡献比例的概率密度函数,概率密度函数的中值代表了食物资源在动物食谱中最有可能的比例。详细代码见附件 1。

1.8 生态位宽度和重叠计算

采用香浓—维纳(Shannon—Weiner)多样性指数来计算食物生态位宽度^[32],公式如下:

$$H = - \sum_{i=1}^S P_i \log_2 P_i$$

式中: S 为样本数, P_i 为潜在食物 i 在高原麝鼠食谱中的贡献率。 H 为高原麝鼠不同组织的生态位宽度,其值域为 $[0, \log S]$, H 值越大,表明取食者的食物生态位就越宽。

物种间的生态位重叠采用 Pianka 重叠指数计算^[32]。

$$C = \frac{\sum P_{1i} P_{2i} \cdots P_{ni}}{\sqrt{\sum P_{1i}^2 P_{2i}^2 \cdots P_{ni}^2}}$$

式中: C 为高原麝鼠不同组织的生态位重叠度,其值域为 $[0, 1]$,数值越大表示组织间的生态位重叠度越大, P_{ni} 为潜在食源 i 在不同组织(n)中的贡献率。

1.9 统计分析

采用单因素方差分析来比较高原麝鼠相同组织中的食物组成差异,并通过 Turkey—HSD 分析进行多重比较,显著水平 $P < 0.05$ 。数据以 Mean $\pm$ SD 表示。

2 结果与分析

2.1 高原麝鼠不同组织的稳定同位素营养判别因子

通过对高原麝鼠不同组织的营养判别因子进行估算,结果表明,高原麝鼠毛发中碳和氮的营养判别因子最高,其次是肌肉组织,血液中碳和氮的营养判别因子最低(表 1)。

2.2 高原麝鼠潜在食物源筛选

通过查阅王权业等^[33]学者利用传统食性分析方

表1 高原鼯鼠稳定性同位素营养判别因子

Table 1 Discrimination values used to correct stable isotope data of Plateau Zokor

组织	$\Delta^{13}\text{C}\pm\text{SD}$	$\Delta^{15}\text{N}\pm\text{SD}$
血液	2.02 ± 1.870	3.40 ± 1.505
肌肉	2.13 ± 1.863	3.35 ± 1.522
毛发	2.96 ± 1.911	3.39 ± 1.505

法对高原鼯鼠食性的研究结果,以及动物组织的稳定性同位素 $\delta^{13}\text{C}$ 和 $\delta^{15}\text{N}$ 高于其食物资源的特点,筛选出高原鼯鼠不同组织中植物地上和地下部分的同化信息。结果表明,高原鼯鼠血液中食性信息主要包括草地早熟禾、高原毛茛和问荆(*Equisetum arvense*)等8种植物的地上部分,以及高原毛茛、鼠掌老鹳草(*Gera-*

nium sibiricum)和迷果芹(*Sphallerocarpus gracilis*)等5种植物的地下部分;高原鼯鼠肌肉组织中的潜在食源主要包括草地早熟禾、高原毛茛和珠芽蓼等10种植物的地上部分,以及草地早熟禾、高山韭(*Allium sikki-mense*)和高原毛茛等14种植物的地下部分;而高原鼯鼠毛发组织中的潜在食源更加丰富,主要包括草地早熟禾、高山韭和高原毛茛等13种植物的地上部分,以及草地早熟禾、高山韭和毛果婆婆纳(*Veronica didyma*)等15种植物的地下部分(表2)。表明高原鼯鼠的食物来源在血液、肌肉和毛发组织中逐渐丰富,且在血液组织同化的食物中,地上部分植物丰富度高于地下部分,而在肌肉和毛发组织同化的食物中表现为地下部分植物丰富度高于地上部分。

表2 高原鼯鼠潜在食物源筛选

Table 2 Food resources selection of plateau zokor

种名	植物地上部分			植物地下部分		
	血液	肌肉	毛发	血液	肌肉	毛发
草地早熟禾 <i>Poa annua</i>	+++	+++	+++	---	+++	+++
高山韭 <i>Allium sikkimense</i>	---	---	+++	---	+++	+++
高原毛茛 <i>Ranunculus japonicus</i>	+++	+++	+++	+++	+++	+++
珠芽蓼 <i>Polygonum viviparum</i>	---	+++	+++	---	---	---
鼠掌老鹳草 <i>Geranium sibiricum</i>	---	+++	+++	+++	+++	+++
迷果芹 <i>Sphallerocarpus gracilis</i>	---	---	---	+++	+++	+++
问荆 <i>Equisetum arvense</i>	+++	+++	+++	---	+++	+++
赖草 <i>Leymus racemosus</i>	+++	+++	+++	---	+++	+++
鹅绒委陵菜 <i>Potentilla anserina</i>	---	---	+++	+++	+++	+++
蒲公英 <i>Taraxacum mongolicum</i>	+++	+++	+++	+++	+++	+++
湿生扁蕾 <i>Gentianopsis paludosa</i>	---	---	---	---	---	---
毛果婆婆纳 <i>Veronica didyma</i>	---	---	---	---	+++	+++
矮嵩草 <i>Kobresia humilis</i>	+++	+++	+++	---	+++	+++
翻白委陵菜 <i>Potentilla discolor</i>	---	---	---	---	+++	+++
垂穗披碱草 <i>Elymus dahuricus</i>	---	---	+++	---	---	+++
乳白香青 <i>Anaphalis lactea</i>	---	---	---	---	---	---
黄鹌菜 <i>Youngia simulatrix</i>	---	---	---	---	---	---
葛缕子 <i>Carum carvi</i>	---	---	---	---	+++	+++
美丽风毛菊 <i>Saussurea blanda</i>	+++	+++	+++	---	---	---
线叶嵩草 <i>Carex capillifolia</i>	+++	+++	+++	---	+++	+++

注:表中+++代表高原鼯鼠采食的植物,---代表植物未被采食。

2.3 高原鼯鼠的食性及其取食植物的比例

SIAR分析表明(图1),高原鼯鼠血液组织反映的食性信息中,主要包括5科7属8种植物的地上部分:蒲公英(*Taraxacum mongolicum*)(24.33%)、高原毛茛(21.99%)、美丽风毛菊(17.25%)、莎草科(Cypera-

ceae)(14.99%)、禾本科(Gramineae)(11.70%)和问荆(9.75%),采食5科5属5种植物的地下部分:鹅绒委陵菜(66.01%)、鼠掌老鹳草(10.80%)、高原毛茛(10.74%)、蒲公英(6.36%)和迷果芹(6.09%);高原鼯鼠肌肉组织反映的食性信息中,主要包括蒲公英

(19.63%)、美丽凤毛菊(13.74%)、珠芽蓼(12.95%)、莎草科(12.79%)、鼠掌老鹳草(12.26%)、高原毛茛(10.48%)、禾本科(9.27%)和问荆(8.88%)等7科9属10种植物的地上部分,采食鹅绒委陵菜(17.79%)、葛缕子(*Carum carvi*)(14.12%)、鼠掌老鹳草(9.79%)、莎草科(9.75%)、高原毛茛(8.83%)、高山韭(8.23%)、迷果芹(7.60%)、蒲公英(6.26%)、禾本科(6.19%)、问荆(5.08%)、毛果婆婆纳(3.37%)和翻白委陵菜(*P. discolor*)(2.99%)等10科12属14种植物的地下部分;高原鼯鼠毛发组织反映的食性信息中,主要包括8科12

属13种植物的地上部分,贡献度从大到小依次为:蒲公英(14.00%)、高山韭(12.64%)、鹅绒委陵菜(11.36%)、高原毛茛(10.88%)、珠芽蓼(10.04%)、美丽凤毛菊(9.56%)、鼠掌老鹳草(9.38%)、莎草科(8.74%)、禾本科(7.08%)和问荆(6.33%);主要包括10科13属15种植物的地下部分,贡献度从大到小依次为:鹅绒委陵菜(10.72%)、葛缕子(10.45%)、莎草科(9.41%)、鼠掌老鹳草(9.06%)、迷果芹(8.80%)、高山韭(8.65%)、高原毛茛(8.27%)、禾本科(8.05%)、蒲公英(7.56%)、问荆(7.26%)、毛果婆婆纳(6.25%)和翻白委陵菜(5.52%)。

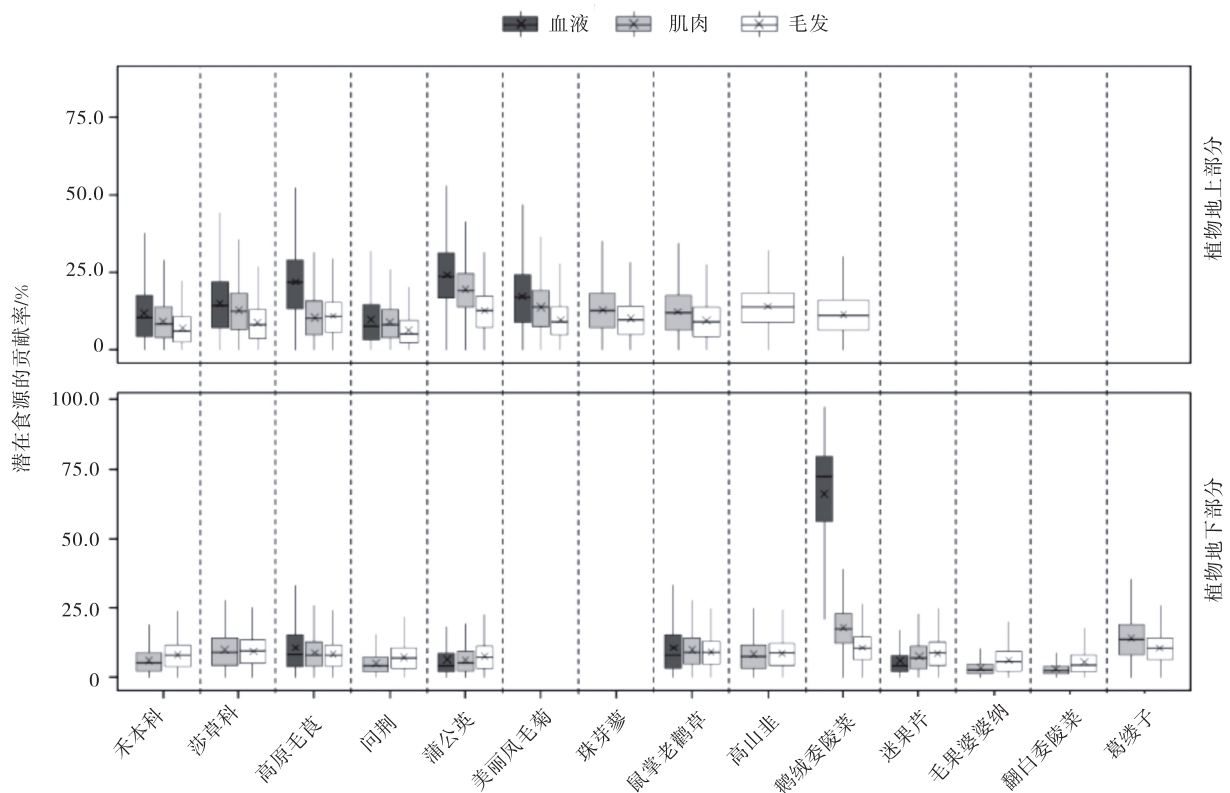


图1 植物地上和地下部分在高原鼯鼠潜在食物源中的贡献率

Fig. 1 Contribution rate of aboveground and underground plants to the potential food source of plateau zokor

2.4 高原鼯鼠不同组织的生态位宽度及其重叠度

高原鼯鼠不同组织的生态位宽度结果表明,高原鼯鼠食源(地上和地下部分)的生态位宽度在血液(1.742, 1.100)、肌肉(2.049, 2.370)和毛发(2.277, 2.469)组织中逐渐增大,且在血液组织同化的食物中,地上部分植物生态位宽度高于地下部分,而在肌肉和毛发组织同化的食物中则表现为地下部分的生态位宽度大于地上部分(表3)。

高原鼯鼠各组织间的生态位重叠度结果表明,植

物地上部分在血液和肌肉组织中的生态位重叠度(0.854)最高,其次为肌肉与毛发组织(0.823),而在血液和毛发组织(0.712)中最低;植物地下部分在肌肉和毛发组织中的生态位重叠度(0.956)最高,其次为血液和肌肉组织(0.823),而在血液和毛发(0.497)中最低。高原鼯鼠毛发组织(0.735)中植物地上和地下部分的生态位重叠度最高,其次是肌肉组织(0.480),在血液组织(0.134)中重叠度最低。植物地上和地下部分在高原鼯鼠3种组织中综合食物生态位

表3 高原鼯鼠不同组织的生态位宽度及其重叠
Table 3 Food resources selection of Plateau Zokor

动植物组织		生态位宽度	植物地上部分			植物地下部分		
			血液	肌肉	毛发	血液	肌肉	毛发
植物地上部分	血液	1.742	1					
	肌肉	2.049	0.854	1				
	毛发	2.277	0.712	0.823	1			
植物地下部分	血液	1.100	0.134	0.148	0.474	1		
	肌肉	2.370	0.447	0.480	0.716	0.644	1	
	毛发	2.469	0.536	0.566	0.735	0.497	0.956	1
综合食物生态位重叠度				0.273			0.194	

重叠度分别为0.273和0.194。

3 讨论

3.1 高原鼯鼠各组织稳定同位素营养判别因子的确定

贝叶斯混合模型的构建对 TDF 或营养富集因子 (Trophic enrichment factor, TEF) 异常敏感,即使营养判别因子很小的变化也会导致贝叶斯混合模型的结果发生巨大的改变^[34-35]。获得 TDF 估计值最合适的方法是进行控制性饲喂实验,以确定研究中的每个消费者、组织类型、食物来源和同位素组合的 TDF 值^[36]。而现实中,控制性饲养试验得到的 TDF 值并不能真实反映动物在自然状态下的采食情况。因此,在缺乏物种特定信息的情况下,大部分研究人员默认使用与消费者系统发育相似的物种 TDF 统计平均值作以获得最接近富集因子真实值的近似值,从而更好地估算该种类的食物组成^[37]。Caut 等^[38]曾尝试利用 66 种期刊近 300 个物种的营养级富集因子估计目标物种的 TDF 值,但这些方法仅仅能够提供少数分类群中特定组织、环境和饮食习惯物种的平均 TDF 值。Healy 等^[29]开发了一种基于编译数据集的系统发育回归模型,来估算消费者不同组织 TDF 值的 R 语言程序包 SIDER。该方法将系统发育信息作为随机因素,将组织(毛发、肌肉和骨骼等)、食物(草食性、植食性或杂食性)和环境类型(陆地动物或海洋动物)在内的其他影响因素作为固定因子一起纳入广义线性混合模型,并选择与所研究物种具有最近系统发育距离的数据集,使用贝叶斯推理估计供试动物不同组织 TDF 值的均值和方差,从而在无法通过喂养试验获得精确 TDF 值的情况下,对供试动物不同组织的 TDF 值进行更可靠的预测。本研究在 SIDER 程序包提供的 409

个 $\Delta^{15}\text{N}$ 和 $\Delta^{13}\text{C}$ TDF 数据基础上,添加了王鑫^[39]和 Robb 等^[40]对子午沙鼠(*Meriones meridianus*)、五趾跳鼠(*Allactaga sibirica*)、三趾跳鼠(*Dipus sagitta*)、小毛足鼠(*Phodopus roborovskii*)、隐鼠(*Cryptomys hottentotus*)、岬鼠(*Georychus capensis*)和南非滨鼠(*Bathyr-gus suillus*)等地面和地下活动鼠类不同组织 TDF 值的研究结果,并将固定因子中消费者类型从哺乳动物精确到啮齿目动物,进一步增加了对供试物种不同组织 TDF 值的预测精度。

受代谢能力的影响,动物不同组织对稳定性同位素的富集情况一般不同^[38],尤其是惰性组织与活性组织的差异更为显著^[41]。本研究与郭莉波^[42]的研究结果类似,高原鼯鼠血液中 $\delta^{13}\text{C}$ 的富集程度低于肌肉和毛发组织,可能是因为血液组织的代谢能力更强,同位素富集过程化学反应中能代谢出更多的重同位素,所以富集因子较低。而肌肉和毛发组织生长缓慢,且长成后不与外界发生物质交换,代谢缓慢,会富集更多的重同位素,最终导致富集因子较高。 $\delta^{15}\text{N}$ 的富集度也具有类似的规律。

3.2 高原鼯鼠食性随时间尺度的变化

高原鼯鼠等小型啮齿类动物的食性会随着栖息地食物资源丰富度、植物营养和次生代谢物含量等因素的变化而改变^[43]。本研究结果表明,高原鼯鼠不同组织中同化植物地下部分的比例差异较大,且毛发组织中反映的食性信息最广泛,其次是肌肉组织,血液中反映的食性信息最少。根据以往的研究,动物的血液、肌肉和毛发组织分别可以代表动物在一周、两个月和半年左右的饮食信息^[40]。由此可推算出高原鼯鼠血液反映了9月初的食性信息,肌肉组织反映了高原鼯鼠从7月的盛草期到9月初的食性信息,而毛发组织反映了高原鼯鼠从4月的返青期到9月初的食性

信息。本研究区内,植物地上部分在9月逐渐枯黄,植物由生殖生长转变为营养生长。因此,该阶段高原鼯鼠喜食植物(如:鹅绒委陵菜和葛缕子等)的地下部分粗蛋白和水溶性糖等营养物质较为丰富^[44]。根据“最优觅食”理论,动物往往偏好蛋白质等营养物质含量高的食物^[51]。高原鼯鼠在有限的植物资源中同样优先选择蛋白质含量较高的食物来保证机体的正常运转,这也导致其在9月初所采食植物的地下部分种类最少。而在肌肉和毛发组织所反映的从植物返青期至牧草枯黄期的长时间尺度下,植物地下部分生物量和营养物质含量均较低,高原鼯鼠为了获得足够的能量维持正常的生命活动,故而尽可能多的采食低质量的食物。

在高原鼯鼠短期和长期的食物来源中,鹅绒委陵菜、葛缕子、迷果芹和鼠掌老鹳草等植物地下部分的贡献率均较高,这基本符合高原鼯鼠主要采食杂类草的轴根、根茎、块根和根蘖的食性特征^[45]。大部分研究表明,小型食草动物偏向于采食蛋白质和可溶性糖含量丰富的植物^[46-48]。但动物对食物的选择还会受到食物季节性变化的影响。本研究结果也发现,高原鼯鼠长期的食性信息中矮嵩草、垂穗披碱草等莎草科和禾本科植物的也占有一定的比例。这主要是由于植物返青期和盛草期植物地下生物量和养分较差,食物资源相对短缺,高原鼯鼠通过采食营养物质并不丰富的禾本科和莎草科植物,满足自身的能量需求。其次,我们认为这可能与高原鼯鼠的肠道结构有关。杨传华等^[49]研究发现,高原鼯鼠具有典型植食性动物的特性,其大肠与小肠的长度分别占整个消化道的30.48%和59.02%,并且盲肠发达。这种肠道结构有利于纤维素的消化和利用。因此,尽管禾本科和莎草科植物具有高纤维素,但在高寒草甸分布广泛,高原鼯鼠觅食过程中有较高的可遇见性,依旧可以作为高原鼯鼠食物来源。苏军虎等^[50]利用粪便和胃容物显微组织分析也表明高原鼯鼠采食一定比例的禾本科(19.04%)和莎草科(0.64%)植物。然而,通过采食禾本科和莎草科等高纤维素的植物并不能满足鼯鼠自身对营养的需求,根据Lester等^[51]的最适觅食理论,动物为获得最大的觅食效率会采取诸如选择最有利的食物,或最优食谱,或选择最有利的生态小区等方

法和措施。因此,当食物资源营养不足时,高原鼯鼠会通过地面或地下扩散的方式寻找食物营养更加全面的栖息地。针对高原鼯鼠的这种采食习性,我们建议对于高原鼯鼠危害严重区域,可以通过补播优良牧草的措施,减少高原鼯鼠的食物来源,达到防治高原鼯鼠危害的目的。

大量直接和间接的证据表明,高原鼯鼠有地面活动和采食的现象^[52-53]。我们在野外采样的过程中也发现新鼠丘覆盖的部分,植物整株消失,这极有可能是由于高原鼯鼠采食所致。因此,我们推测高原鼯鼠采食植物地上部分的方式可能有两种:一是打通盲洞或鼠丘,直接到地面进行采食;二是在近地表活动洞道将整株植物拖入洞道中取食。本研究中,高原鼯鼠不同组织对植物地上部分的同化结果表明,无论是短期还是长时间尺度下,蒲公英、高原毛茛、珠芽蓼和美丽风毛菊等杂类草植物的地上部分在高原鼯鼠食谱中的比例均较高,且血液代表的短时间尺度下的食性信息远少于肌肉和毛发组织代表的长期食性信息。在血液反映的短时间尺度下,栖息地植物地下部分基本能够满足高原鼯鼠的日常能量需求,因此对植物地上部分的需求不大。而在肌肉和毛发组织所反映的从植物返青期至盛草期的长时间尺度下,植物地上部分营养物质含量高于地下部分,为了获得足够的能量维持正常的生命活动,高原鼯鼠通过地上活动的方式寻找并采食营养物质(如粗脂肪等)含量较高的植物^[44]。

3.3 不同时间尺度下高原鼯鼠的营养生态位特征

生态位宽度和重叠是描述种间生态位关系最重要的指标。通常情况下,物种的生态位宽幅与其对栖息地、食物资源的利用及竞争能力呈正相关^[54]。本研究结果表明,高原鼯鼠的营养生态位宽度在毛发组织代表的长期食性下生态位宽度最大,肌肉组织次之,在血液代表的短期食性的生态位宽度最小。值得关注的是,在高原鼯鼠血液组织同化的食物中,地上部分植物生态位宽度高于地下部分,而在肌肉和毛发组织同化的食物中则表现为地下部分的生态位宽度大于地上部分,表明在高原鼯鼠短期食性中,对植物地上部分的需求高于地下植物,而在长期食性中,高原鼯鼠更倾向于采食植物的地下部分。我们认为,这主要与动植物样本采集时间有关。根据采样时间推算,

血液代表9月初的高原鼯鼠食性信息中,植物的地下部分在高原鼯鼠短期食谱中表现出极强的选择性,具体表现为鹅绒委陵菜地下部分(66.01%)在食谱中的比例远高于其他食物。而对植物地上部分的采食并没有很强的针对性。因此,血液同化的地下部分植物的生态位宽度小于地上部分植物。但9月初植物地下部分营养物质相对丰富,高原鼯鼠并不需要采食植物的地上部分来满足能量需求,并且根据Chu等^[44]红外相机的观测结果,该时期高原鼯鼠并无地上活动行为。我们推测,高原鼯鼠并不能严格区分植物的地上和地下部分,会在采食植物地下部分的同时,摄入一定量的地上部分植物。崔雪峰等^[47]在对高原鼯鼠粮仓中食物源的研究中也发现,尽管高原鼯鼠主要取食植物地下部分,但粮仓中有些物种也会夹杂着地上部分,这也进一步证实了我们的推测。在长时间尺度下,高原鼯鼠的食性表现出泛化现象,这主要是由于牧草返青期和盛草期植物地下部分营养较差,高原鼯鼠会通过地上采食或者将植物整株拖入洞道内采食的方式利用植物的地上和地下部分。

许多研究表明,小型啮齿动物的营养生态位受种群密度、食物资源可获得性以及动物对微栖息地选择的影响,会在食物缺乏或种内竞争加剧时倾向性的选择一些不喜食的植物,使营养生态位宽度和重叠度变大^[55]。本研究中,高原鼯鼠血液代表的短期食性中植物地上和地下部分的生态位重叠度明显低于肌肉和毛发组织代表的中长期食性。这也说明,在食物资源相对丰富时,高原鼯鼠会利用最适于其生存和最方便利用的食物资源,导致其对地上和地下部分植物的采食种类以及采食量均有较大差异。相反,当高原鼯鼠对食物资源可获得性降低时,大量次优食物的利用得到提高,进而导致长时间尺度下食物生态位重叠度变大。

综上所述,我们的研究表明,高原鼯鼠主要采食蒲公英、高原毛茛和美丽风毛菊等植物的地上部分,以及鹅绒委陵菜、葛缕子、鼠掌老鹳草和迷果芹等根系发达的轴根类植物的地下部分。但在不同时间尺度下,高原鼯鼠采食植物的种类和比例差异较大。具体表现为高原鼯鼠短期食性中摄入物种数较少,生态位宽度较小。而在长期食谱中食物种类广泛,生态位

宽度变大。且地上和地下植物在高原鼯鼠短期食性中生态位重叠度远低于长期食性。鉴于高原鼯鼠的采食习性,对于高原鼯鼠危害严重区域,可以通过补播优良牧草和灭除杂类草等复合措施,减少高原鼯鼠的食物来源,达到防治高原鼯鼠危害的目的。本研究仅分析了特定时间段内高原鼯鼠的营养生态位关系,而在不同种群密度下的营养生态位关系还亟待研究。

4 结论

综上所述,我们的研究表明,高原鼯鼠主要采食蒲公英、高原毛茛和美丽风毛菊等植物的地上部分,以及鹅绒委陵菜、葛缕子、鼠掌老鹳草和迷果芹等根系发达的轴根类植物的地下部分。但在不同时间尺度下,高原鼯鼠采食植物的种类和比例差异较大。具体表现为高原鼯鼠短期食性中摄入物种数较少,生态位宽度较小。而在长期食谱中食物种类广泛,生态位宽度变大。且地上和地下植物在高原鼯鼠短期食性中生态位重叠度远低于长期食性。鉴于高原鼯鼠的采食习性,对于高原鼯鼠危害严重区域,可以通过补播优良牧草和灭除杂类草等复合措施,减少高原鼯鼠的食物来源,达到防治高原鼯鼠危害的目的。本研究仅分析了特定时间段内高原鼯鼠的营养生态位关系,不同种群密度下这种草食动物的营养生态位关系还亟待研究。

附件 1

```
####利用SIDER推断动物稳定同位素的营养富集因子####  
library(remotes)  
#remotes::install_github("healyke/SIDER")  
#remotes::install_github("TGuillerm/mulTree")  
library(SIDER)  
  
####blood C and N####  
SIDER_data<- scrumpSider(iso.data = "all")  
#head(SIDER_data)  
  
SIDER_trees<- scrumpSider(tree = "all")  
#head(SIDER_trees)  
  
new_data_test<- recipeSider(species = "Ochotona_curzoniae",  
                             habitat = "terrestrial",  
                             taxonomic.class = "mammalia",  
                             tissue = "blood",  
                             diet.type = "herbivore",  
                             tree = SIDER_trees)
```



```

tdf_data_n<- prepareSider(data.estimate = new_data_test,
data.isotope = SIDER_data,
tree = SIDER_trees,
isotope = "nitrogen")

formula_n<- delta15N ~ diet.type + habitat
random_terms<- ~ animal + sp.col + tissue

TDF_est_n<-imputeSider(mulTree.data = tdf_data_n,
formula = formula_n,
output = "test_n_run")

Credible_intervals<- hdr (TDF_est_n $tdf_global,
prob =
c(50, 95, 99))
summary(TDF_est_n$tdf_global)
plot(TDF_est_n$tdf_global)

####muscle C and N####
##muscle
SIDER_data<- scrumpSider(iso.data = "all")
#head(SIDER_data)

SIDER_trees<- scrumpSider(tree = "all")
#head(SIDER_trees)
new_data_test<- recipeSider(species = "Ochotona_curzoniae",
habitat = "terrestrial",
taxonomic.class = "mammalia",
tissue = "muscle",
diet.type = "herbivore",
tree = SIDER_trees)

tdf_data_n<- prepareSider(data.estimate = new_data_test,
data.isotope = SIDER_data,
tree = SIDER_trees,
isotope = "nitrogen")
#GLMM的固定和随机部分的默认公式在 Sider中设置为:
formula_n<- delta15N ~ diet.type + habitat
random_terms<- ~ animal + sp.col + tissue

TDF_est_n<-imputeSider(mulTree.data = tdf_data_n,
formula = formula_n,
output = "test_n_run")

Credible_intervals<- hdr (TDF_est_n $tdf_global,
prob =
c(50, 95, 99))
summary(TDF_est_n$tdf_global)
plot(TDF_est_n$tdf_global)

####carbon

new_data_test<- recipeSider(species = "Ochotona_curzoniae",
habitat = "terrestrial",
taxonomic.class = "mammalia",
tissue = "muscle",
diet.type = "herbivore",
tree = SIDER_trees)

tdf_data_c<- prepareSider(data.estimate = new_data_test,
data.isotope = SIDER_data,
tree = SIDER_trees,
isotope = "carbon")
#random.terms = random_terms

#GLMM的固定和随机部分的默认公式在 Sider中设置为:
formula_c<- delta13C ~ diet.type + habitat
random_terms<- ~ species + taxonomic.class + tissue

TDF_est_c<-imputeSider(mulTree.data = tdf_data_c,
formula = formula_c,
#random.terms = random_terms,
output = "test_c_run")

Credible_intervals<- hdr (TDF_est_c $tdf_global,
prob =
c(50, 95, 99))
summary(TDF_est_c$tdf_global)

####fur C and N####
##nitrogen
SIDER_data<- scrumpSider(iso.data = "all")
#head(SIDER_data)

SIDER_trees<- scrumpSider(tree = "all")
#head(SIDER_trees)
new_data_test<- recipeSider(species = "Ochotona_curzoniae",
habitat = "terrestrial",
taxonomic.class = "mammalia",
tissue = "hair",
diet.type = "herbivore",
tree = SIDER_trees)

tdf_data_n<- prepareSider(data.estimate = new_data_test,
data.isotope = SIDER_data,
tree = SIDER_trees,
isotope = "nitrogen")
#GLMM的固定和随机部分的默认公式在 Sider中设置为:
formula_n<- delta15N ~ diet.type + habitat
random_terms<- ~ animal + sp.col + tissue

TDF_est_n<-imputeSider(mulTree.data = tdf_data_n,
formula = formula_n,
output = "test_n_run")

```

```

Credible_intervals<- hdr (TDF_est_n $tdf_global,
prob =
c(50, 95, 99))
summary(TDF_est_n$tdf_global)
plot(TDF_est_n$tdf_global)

###carbon
new_data_test<- recipeSider(species = "Ochotona_curzoniae",
habitat = "terrestrial",
taxonomic.class = "mammalia",
tissue = "hair",
diet.type = "herbivore",
tree = SIDER_trees)

tdf_data_c<- prepareSider(data.estimate = new_data_test,
data.isotope = SIDER_data,
tree = SIDER_trees,
isotope = "carbon")
#random.terms = random_terms

#GLMM的固定和随机部分的默认公式在Sider中设置为:
formula_c<- delta13C ~ diet.type + habitat
random_terms<- ~ species + taxonomic.class + tissue

TDF_est_c<- imputeSider(mulTree.data = tdf_data_c,
formula = formula_c,
#random.terms = random_terms,
output = "test_c_run")

Credible_intervals<- hdr (TDF_est_c $tdf_global,
prob =
c(50, 95, 99))
summary(TDF_est_c$tdf_global)

####利用SIAR包计算动物组织中食物的贡献率####
##step1:推荐按照下图内容格式(包括标题栏)编辑数据,然后
导入
#install.packages("siar")
library(siar)
####zokor.fur####
#graphics.off()
sources<-read.csv("D:/zokor/fur/sources.csv", header=
TRUE)
consumers<-read.csv("D:/zokor/fur/consumers3.csv", header=
TRUE)
corrections<-read.csv("D:/zokor/fur/corrections.csv", header=
TRUE)
concs<-0

##step2: 作图如下
siar.zokor.fur<-siarmcmcdirichletv4(consumers,sources,correc-
tions,concs)

```

```

#siarplotdata(siar.zokor.fur,iso=c(1,2),leg = 1)
siarhistograms(siar.zokor.fur)
siarproportionbygroupplot(siar.zokor.fur,grp=1)
#siarproportionbysourceplot(siar.zokor.fur,grp=1)

head(siar.zokor.fur$output)
write.csv(siar.zokor.fur$output,"D:/zokor/fur/output1.csv")

###step3:导出数据化的结果,见下图左半部分#
siarhdrs(siar.zokor.fur)

####zokor.muscle####
#graphics.off()
sources<-read.csv("D:/zokor/muscle/sources.csv", header=
TRUE)
consumers<-read.csv("D:/zokor/muscle/consumers3.csv",
header=TRUE)
corrections<-read.csv("D:/zokor/muscle/corrections.csv",
header=TRUE)
concs<-0

##step2: 作图如下
siar.zokor.muscle<-siarmcmcdirichletv4(consumers,sources,
corrections,concs)

head(siar.zokor.muscle$output)
write.csv(siar.zokor.muscle$output,"D:/zokor/muscle/output1.
csv")

###step3:导出数据化的结果,见下图左半部分#
siarhdrs(siar.zokor.muscle)

####zokor.bone####
#graphics.off()
sources<-read.csv("D:/zokor/muscle/sources.csv", header=
TRUE)
consumers<-read.csv("D:/zokor/muscle/consumers3.csv",
header=TRUE)
corrections<-read.csv("D:/zokor/muscle/corrections.csv",
header=TRUE)
concs<-0

##step2: 作图如下
siar.zokor.bone<-siarmcmcdirichletv4(consumers,sources,cor-
rections,concs)

head(siar.zokor.bone$output)
write.csv(siar.zokor.bone$output,"D:/牧科院工作/2020年工作/
output1.csv")

###step3:导出数据化的结果,见下图左半部分#
siarhdrs(siar.zokor.bone)

```

参考文献:

- [1] 热娜古丽·艾合麦提. 阿尔金山自然保护区四种啮齿动物的食性及营养生态位显微组织分析[D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学, 2015:21—22.
- [2] Chen G, Wu Z, Gu B, *et al.* Isotopic niche overlap of two planktivorous fish in southern China[J]. *Limnology*, 2011, 12(2):151—155.
- [3] 岳闯, 郭乾伟, 张卓然, 等. 内蒙古典型草原布氏田鼠营养生态位及其种间关系[J]. *兽类学报*, 2020, 40(5):424—434.
- [4] 郑荣泉, 鲍毅新. 有蹄类食性研究方法的研究进展[J]. *生态学报*, 2004, 21(7):1532—1539.
- [5] 雍仲禹, 郭聪, 张美文, 等. 啮齿动物食性研究的意义及方法评述[J]. *生态学杂志*, 2011, 30(11):2637—2645.
- [6] Baltensperger A P, Huettmann F, Hagelin J C, *et al.* Quantifying trophic niche spaces of small mammals using stable isotopes ($\delta^{15}\text{N}$ and $\delta^{13}\text{C}$) at two scales across Alaska[J]. *Canadian Journal of Zoology*, 2015, 93(7):579—588.
- [7] Robb G N, Harrison A, Woodborne S, *et al.* Diet composition of two common mole—rat populations in arid and mesic environments in South Africa as determined by stable isotope analysis[J]. *Journal of Zoology*, 2016, 30(4):257—264.
- [8] 尹华宝, 余冠军, 王贵林, 等. 食肉目动物食性研究方法[J]. *安徽大学学报(自然科学版)*, 2008, 17(1):90—94.
- [9] 雍仲禹, 郭聪, 张美文, 等. 啮齿动物食性研究的意义及方法评述[J]. *生态学杂志*, 2011, 30(11):2637—2645.
- [10] 黎道洪, 苏晓梅. 应用稳定同位素研究广西东方洞食物网结构和营养级关系[J]. *生态学报*, 2012, 32(11):3497—3504.
- [11] 李由明, 黄翔鹄, 刘楚吾. 碳氮稳定同位素技术在动物食性分析中的应用[J]. *广东海洋大学学报*, 2007, 7(4):99—103.
- [12] 郭波莉, 魏益民, 潘家荣. 牛尾毛中稳定性碳同位素组成变化规律研究[J]. *中国农业科学*, 2008, 29(7):2105—2111.
- [13] Harris R B. Rangeland degradation on the Qinghai—Tibetan plateau: a review of the evidence of its magnitude and causes[J]. *Journal of Arid Environments*, 2010, 74(1):1—12.
- [14] 姚檀栋, 陈发虎, 崔鹏, 等. 从青藏高原到第三极和泛第三极[J]. *中国科学院院刊*, 2017, 32:924—931.
- [15] 洪军, 负旭疆, 林峻, 等. 我国天然草原鼠害分析及其防控[J]. *中国草地学报*, 2014, 36(3):1—4.
- [16] 刘丽, 周延山, 楚彬, 等. 基于线粒体基因、形态学和栖息地指标的两种鼢鼠分类研究[J]. *兽类学报*, 2018, 38(4):402—410.
- [17] Niu Y J, Zhou J W, Yang S W, *et al.* Plant diversity is closely related to the density of zokor mounds in three alpine rangelands on the Tibetan Plateau[J]. *PeerJ*, 2019, 7:e6921.
- [18] 于海玲, 樊江文, 李愈哲, 等. 高原鼢鼠干扰对三江源区高寒草甸群落特征的影响[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(6):1902—1910.
- [19] 宗文杰, 江小雷, 严林. 高原鼢鼠的干扰对高寒草地植物群落物种多样性的影响[J]. *草业科学*, 2006, 23(10):68—72.
- [20] 周雪荣, 郭正刚, 郭兴华. 高原鼠兔和高原鼢鼠在高寒草甸中的作用[J]. *草业科学*, 2010, 27(5):38—44.
- [21] 金樑, 孙莉, 崔慧君, 等. 青藏高原东缘高寒草原有毒植物分布与高原鼠兔、高原鼢鼠的相关性[J]. *生态学报*, 2014, 34(9):2208—2215.
- [22] 康宇坤, 张德罡, 缙晶毅, 等. 甘南草原高原鼠兔食性及其季节性变化[J]. *甘肃农业大学学报*, 2019, 54(2):132—138.
- [23] 潘多锋. 青藏高原高寒草甸草食动物间的相互作用关系及机制[D]. 长春:东北师范大学, 2019:71—73.
- [24] 周建伟, 花立民, 王巧玲, 等. 天祝高寒草甸高原鼢鼠丘植被演替调查[J]. *草原与草坪*, 2014, 34(3):8—13.
- [25] 郭波莉, 魏益民, 潘家荣, 等. 牛不同组织中稳定性碳同位素组成及变化规律研究[J]. *中国农业科学*, 2006, 39(9):1885—1890.
- [26] 易现峰, 李来兴, 张晓爱, 等. 人工食物对高原鼠兔稳定性碳和氮同位素组成的影响[J]. *动物学研究*, 2004, 25(3):232—235.
- [27] Schmidt O, Quilter J M, Bahar B, *et al.* Inferring the origin and dietary history of beef from C, N and S stable isotope ratio analysis[J]. *Food Chemistry*, 2005, 91(3):545—549.
- [28] 吴婷. 牦牛骨胶原蛋白提取纯化及结构解析[D]. 兰州:甘肃农业大学, 2017:7.
- [29] Healy K, Guillerme T, Kelly S B A, *et al.* SIDER: An R package for predicting trophic discrimination factors of consumers based on their ecology and phylogenetic relatedness[J]. *Ecography*, 2018, 41:1393—1400.
- [30] Chiaradia A, Forero M G, McInnes J C, *et al.* Searching—

- for the true diet of marine predators; Incorporating bayesian priors into stable isotope mixing models [J]. PLoS One, 2014, 9(3):e92665.
- [31] Layman C A, Araujo M S, Boucek R, *et al.* Applying stable isotopes to examine food- web structure: an overview of analytical tools [J]. Biological Reviews, 2012, 87(3):545—562.
- [32] Krebs C J. Ecology: the experimental analysis of distribution and abundance [J]. Research, 1972, 48(1):133—148.
- [33] 王权业, 张堰铭, 魏万红, 等. 高原鼢鼠食性的研究[J]. 兽类学报, 2000, 20(3):193—199.
- [34] Bond A L, Diamond A W. Recent Bayesian stable- isotope mixing models are highly sensitive to variation in discrimination factors [J]. Ecological Applications, 2011, 21(4):1017—1023.
- [35] Kurle C M, Koch P L, Tershy B R, *et al.* The effects of sex, tissue type, and dietary components on stable isotope-discrimination factors ($\Delta^{13}\text{C}$ and $\Delta^{15}\text{N}$) in mammalian omnivores [J]. Isotopes in Environmental Health Studies, 2014, 50(3):307—321.
- [36] Martínez del Río, C. *et al.* Isotopic ecology ten years after a call for more laboratory experiments[J]. Biological Reviews, 2009, 84:91—111.
- [37] Río C M N D, Wolf N, Carleton S A, *et al.* Isotopic ecology ten years after a call for more laboratory experiments [J]. Biological Reviews, 2009, 84(1):91—111.
- [38] Caut S, Angulo E, Courchamp F. Variation in discrimination factors ($\Delta^{15}\text{N}$ and $\Delta^{13}\text{C}$): the effect of diet isotopic values and applications for diet reconstruction[J]. Journal of Applied Ecology, 2009, 46(2):443—453.
- [39] 王鑫. 稳定同位素技术在荒漠区啮齿动物食性研究中的应用[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学, 2017:21—22.
- [40] Robb G N, Stephan W, Bennett N C. Subterranean Sympatry: An Investigation into Diet Using Stable Isotope Analysis[J]. Plos One, 2012, 7(11):e48572.
- [41] Darimont C T, Reimchen T E. Intra-hair stable isotope analysis implies seasonal shift to salmon in gray wolf diet [J]. Canadian Journal of Zoology, 2002, 80(9):1638—1642.
- [42] 郭波莉, 魏益民, 潘家荣, 等. 牛不同组织中稳定性碳同位素组成及变化规律研究[J]. 中国农业科学, 2006, 39(9):1885—1890.
- [43] Xie J X, Lin G H, Liu C X, *et al.* Diet selection in over-winter caches of plateau zokor (*Eospalax baileyi*) [J]. Acta Theriologica, 2014, 59(2):337—345.
- [44] Chu B, Ji C P, Zhou J W, *et al.* Why does the plateau zokor (*Myospalax fontanieri*; Rodentia; Spalacidae) move on the ground in summer in the eastern Qilian Mountains [J]. Journal of Mammalogy, 2021, 102(1):346—357.
- [45] 杨晓慧. 青海省草地鼠害防治及高原鼢鼠食性研究[D]. 兰州:兰州大学, 2017:11—13.
- [46] Wang B, Chen J. Effects of fat and protein levels on foraging preferences of tannin in scatter-hoarding rodents[J]. PLoS ONE, 2012, 7(7):e40640.
- [47] 崔雪峰, 谢久祥, 张守栋, 等. 高原鼢鼠越冬食物选择与营养成分的关系[J]. 兽类学报, 2014, 34(4):340—347.
- [48] 张守栋, 林恭华, 杨传华, 等. 高原鼢鼠的消化对策[J]. 四川动物, 2014, 33(5):646—651.
- [49] 杨传华, 都玉蓉, 谢久祥, 等. 两种鼢鼠内脏器官形态差异及其分类学意义[J]. 兽类学报, 2012, 32(3):259—265.
- [50] 苏军虎, 南志标, 纪维红. 家畜放牧对草地啮齿动物影响的研究进展[J]. 草业学报, 2016, 25(11):136—148.
- [51] Lester S E, Ruttenberg B I, Gaines S D, *et al.* The relationship between dispersal ability and geographic range size[J]. Ecology Letters, 2007, 10(8):745—758.
- [52] 崔庆虎, 连新明, 张同作, 等. 青海门源地区大鸺和雕鸮的食性比较[J]. 动物学杂志, 2003(6):57—63.
- [53] 姬程鹏. 祁连山东段高原鼢鼠暖季活动节律及巢域面积变化研究[D]. 兰州:甘肃农业大学, 2017.
- [54] 王凤, 鞠瑞亭, 李跃忠, 等. 生态位概念及其在昆虫生态学中的应用[J]. 生态学杂志, 2006, 25(10):1280—1284.
- [55] Ranganath H A. Darwin's finches: a goldmine for evolutionary biologists[J]. Journal of Genetics, 2018, 97(4):807—809.

Study on trophic niche characteristics of plateau zokor (*Eospalax baileyi*) in Alpine Meadows based on stable isotope technique

ZHOU Rui^{1,2}, WANG Zhi-peng¹, HUA Li-min¹, ZOU Xiao-yu², WANG Hai-bo^{3*}

(1. College of Grassland Science, Gansu Agricultural University/Key Laboratory of Grassland Ecosystem of the Ministry of Education, Lanzhou 730070, China; 2. State Key Laboratory of Plateau Ecology and Agriculture, Qinghai University of Animal Science and Veterinary Medicine (Qinghai Academy of Animal Science and Veterinary Medicine), Xining 810016, China; 3. Forestry and grassland Station of Guoluo Tibetan Autonomous Prefecture, Guoluo 810000, China)

Abstract:【Objective】The analysis of the characteristics of rodent nutritional niche can not only help us to understand the nutrient layer occupied by animals, but also reveal the changes of rodent food resources utilization at different time scales. 【Method】In this study, the plateau zokor (*Eospalax baileyi*) inhabiting the alpine meadow in the eastern part of Qilian Mountain was selected, and the stable isotope mass balance mixed model was used to analyze the foraging information and nutritional niche characteristics of plateau zokor at different time scales. 【Result】The results showed that the main food intake of plateau zokor was the same in different tissues, but the contribution rate in diet was different. Among them, the aboveground part of *Taraxacum mongolicum* had the highest contribution rate in blood (24.33%), muscle (19.63%) and hair (14.00%), while the underground part of *Potentilla anserina* had the highest contribution rate in different tissues, which were 66.01%, 17.79% and 10.72%, respectively. In different tissues, the changes of food intake and nutritional niche width were the same. In the aboveground part of plants, the results were as follows: blood (8 species, 1.742) < muscle (10 species, 2.049) < hair (13 species, 2.227) tissue. In the underground part of plants: blood (5 species, 1.100) < muscle (14 species, 2.370) < hair (15 species, 2.469). The niche overlap of aboveground and underground plants in the blood tissue of plateau zokor (1.100) was much lower than that in muscle (0.447) and hair (0.566). 【Conclusion】The above results show that among the foraging information of different time scales represented by each tissue of plateau zokor, the number of ingested species in short-term eating habits (blood tissue) is less and the niche width is smaller. On the other hand, in the long-term diet (muscle and hair tissue), there are a wide variety of foods and a wider niche width. And the niche overlap of aboveground and underground plants in the short-term foraging habits of plateau zokor is much lower than that of long-term foraging habits. In view of the foraging habits of plateau zokor, we suggest that for the areas with serious damage to plateau zokor, the proportion of high quality food in the plant community of plateau zokor shall be reduced by sowing Gramineae and eliminating forbs, so as to achieve the purpose of preventing and controlling the harm of plateau zokor.

Key words: alpine meadow; plateau zokor; dietary; trophic niche; stable isotope; bayesian mixing model

(责任编辑 康宇坤)