

烟威近海鱼类群落分类 β 多样性及其组分 空间变化的驱动因素分析*

张孝民¹ 苏海霞¹ 李少文¹ 杨艳艳¹ 王田田^{2①}
徐炳庆¹ 李 凡¹ 王秀霞¹

(1. 山东省海洋资源与环境研究院 山东省海洋生态修复重点实验室 山东烟台 264006; 2. 烟台市海洋经济研究院
山东烟台 264006)

摘要 β 多样性是区域生物多样性研究的重要方向, 根据 2020 年在烟威近海的底拖网调查数据, 采用 Mantel 检验分析和冗余分析(RDA)等方法, 对驱动烟威近海鱼类群落 β 多样性及其组分的环境因素和空间距离进行了研究。结果显示, 烟威近海调查共出现鱼类 33 种, 其中优势种有 3 种, 鱼类群落的 β 多样性均值为 0.711~0.737, 整体处于较高水平; 全部鱼类群落和弱扩散鱼类群落 β 多样性主要以物种替换(周转)组分为主, 强扩散鱼类群落 β 多样性由丰富度差异(嵌套)组分来解释; 空间距离和环境因素共同驱动烟威近海鱼类群落 β 多样性, 离岸距离 OD 是影响烟威近海鱼类群落 β 多样性的关键因素, 地理距离 GD 是物种替换的决定性驱动因子, 环境因子影响了弱扩散鱼类群落的丰富度差异。表明空间距离驱动烟威近海鱼类群落 β 多样性的作用强于环境过滤, 扩散限制是其 β 多样性的关键影响因素, 研究结果可为烟威近海生物多样性保护提供理论依据。

关键词 β 多样性; 鱼类群落; 环境因子; 空间距离; 烟威近海

中图分类号 S931.1; S932.5 **doi:** 10.11693/hyhz20221100309

对于物种多样性通常有三种方式描述, α 多样性表示一个地点的某个群落或生境内部物种的多样性, β 多样性指在一个梯度上从一个生境到另一个生境所发生的物种多样性变化或不同地区之间物种组成的变化, γ 多样性用于量化一个地理区域内一系列生境中物种多样性(Whittaker, 1972)。 β 多样性衡量物种组成在时空尺度上的变化, 但是其度量方法复杂多样, 降低了不同研究之间的可比性, 成为阻碍 β 多样性研究的重要原因(张金屯等, 2022)。与 α 多样性和 γ 多样性的已得到持续研究不同, β 多样性自 2000 年前后才逐渐受到学者重视, 相关研究快速增加。

β 多样性对于了解群落组装机制是十分重要的(Soininen *et al.*, 2018), 主要包括物种替换或周转

(replacement or turnover)和物种增加或丧失(gain or loss) (Legendre, 2014), 两种 β 多样性组分代表了不同的生态过程, 其驱动因素也不尽相同。在海洋生态系统中, 生物的栖息环境包括水深、水温、溶解氧、pH、底质以及水化学等因素, 通过环境梯度引起的过滤效应, 对某一物种产生有利或不利影响(Li *et al.*, 2012), 进而改变群落 β 多样性。生物扩散能力与 β 多样性同样密切相关, 不充分的扩散会阻止物种跟踪环境梯度, 从而削弱当地环境对群落变化的影响(Gianuca *et al.*, 2017; Hill *et al.*, 2017)。此外, 空间距离以及扩散路线上地理阻隔也会对生物的扩散产生重要影响, 进而影响群落 β 多样性分布。

烟威近海位于北黄海的南部, 西面通过渤海海

* 烟台市科技创新发展计划项目资助, 2020MSGY061 号, 2020MSGY056 号, 2021MSGY031 号, 2021XDHZ053 号。张孝民, 助理研究员, E-mail: zhangxiaominyt@163.com

① 通信作者: 王田田, 高级工程师, E-mail: wangtt2009@163.com

收稿日期: 2022-11-28, 收修改稿日期: 2023-01-12

峡与渤海相连,是多种洄游性海洋生物进入渤海产卵和离开渤海越冬的重要通道(山东省海洋与渔业厅, 2010),受沿岸流和黄海暖流交汇的影响,烟威近海饵料生物丰富,渔场条件良好,是我国北方重要的作业区域(张元奎等, 1996),鱼类群落的 α 多样性较高(高雪等, 2019)。同时该海域水交换频繁,环境梯度变化较大,鱼类群落时空分布差异显著,为深入了解其群落差异模式和影响机制,本文根据 2020 年 8 月底拖网调查数据,研究不同扩散能力鱼类群落 β 多样性分布格局及其驱动因素,为烟威近海鱼类生物多样性保护和渔业资源管理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 鱼类数据

数据来源于 2020 年 8 月份在烟威近海进行的底拖网调查,调查区域为 $120^{\circ}30' \sim 122^{\circ}30'E$ 、 $37^{\circ}30' \sim 38^{\circ}00'N$,调查站位 16 个(图 1)。调查船只功率 260 kW,调查网具为单船底拖网,网口周长 30.6 m,囊网网目 20 mm,拖曳时网口宽度约 8 m,采样及分析均按《海洋调查规范》GB/T 12763.6-2007 (中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局等, 2008)进行。渔获物鉴定参考刘瑞玉(2008)。以调查网具拖速 3 kn、拖网时间 1 h 为基准,根据各站位实际拖网时间对调查数据进

行标准化处理,将其换算为单位时间的个数(ind./h),以表征鱼类丰度。利用相对重要性指数(index of relative importance, IRI)评价不同种类在群落中的重要程度(Pinkas *et al*, 1971),当 $IRI > 1\ 000$ 时定为优势种, $100 < IRI < 1\ 000$ 时定为重要种, $IRI < 100$ 时定为普通种(程济生, 2005; 吴强等, 2011)。计算公式为

$$IRI = (N + W) \times F \times 10^4, \quad (1)$$

式中, N 为某一类尾数占总尾数的百分比; W 为某一类生物量占总生物量的百分比; F 为某一类出现站位数占调查总站位数的百分比。

参考刘静等(2011)黄海鱼类分类情况,按栖息场所类型将鱼类划分为大陆架浅水底层鱼类(continental shelf demersal fish, CD)、大陆架岩礁性鱼类(continental shelf reef-associated fish, CRA)、大陆架浅水中上层鱼类(continental shelf pelagic-neritic fish, CPN)、大陆架浅水中底层鱼类(continental shelf benthopelagic fish, CBD)。为了解扩散能力对鱼类群落 β 多样性的影响,依据其栖息场所将所有鱼类分为强扩散和弱扩散两种,其中 CD 受海底地形、复杂底质等影响,加上普遍游泳能力不强,扩散能力弱,故将其划为弱扩散鱼类;而 CRA、CPN 和 CBD 相对于 CD 扩散能力较强,且中上层水域阻碍较小,故将其划为强扩散鱼类。

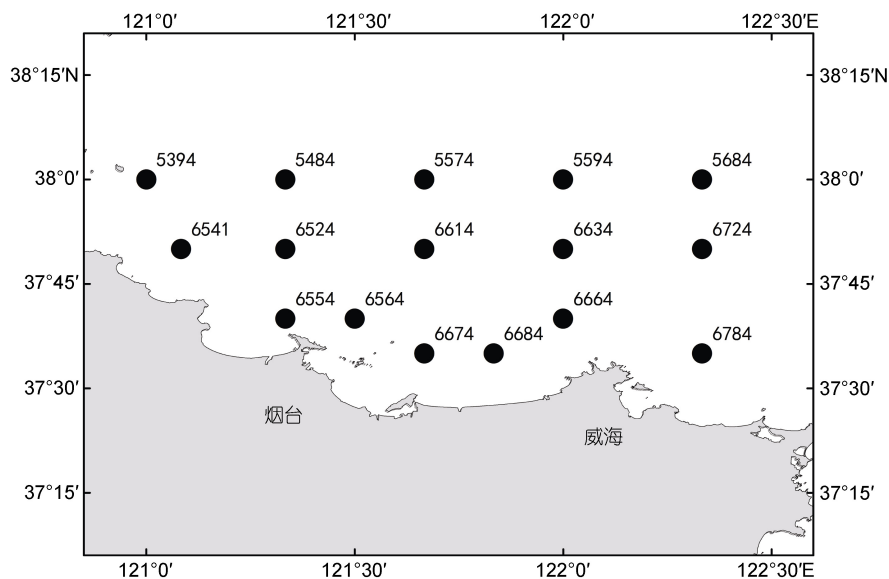


图 1 烟威近海鱼类群落调查站位

Fig.1 Sampling stations of fish community in the coastal areas of Yantai and Weihai

1.2 环境数据

环境数据利用美国 ORI-ON520M-01A 便携式 YSI 水质分析仪现场测定,内容为水深(Depth, D)、表层水温(Surface sea temperature, SST)、底层水温

(Bottom sea temperature, BST)、表层盐度(Surface sea salinity, SSS)、底层盐度(Bottom sea salinity, BSS)、表层溶解氧(Surface dissolved oxygen, SDO)、底层溶解氧(Bottom dissolved oxygen, BDO)、表层 pH (Surface

pH, SPH)、底层 pH (Bottom pH, BPH)。

1.3 空间距离数据

为了量化空间距离对鱼类群落 β 多样性的影响, 通过记录每个站位起网时的经纬度位置, 利用 R 语言 geosphere 包的 distm 函数计算站位间的地理距离 (Geographic distance, GD), 利用 Arcgis 计算起网位置与最近海岸线的直线距离, 定义为离岸距离 (Offshore distance, OD)。

1.4 数据分析

1.4.1 β 多样性组分分解 R 4.0.3 adespatial 包中的函数 beta.div.comp() 用于实现群落的 β 多样性分解分析, 将物种组成矩阵转化为相异矩阵以量化 β 多样性, 并将其分解为物种替换 (species replacement) 或周转 (turnover) 的组分, 以及物种丰富度差异 (species richness differences) 或嵌套 (nestedness) 的组分。

1.4.2 β 多样性影响因素分析 采用 Mantel 检验分析环境因子和空间距离因子对鱼类群落的 β 多样性及其组分 (物种替换和丰富度差异) 的影响, 通过样方-响应因子矩阵计算几种环境参数和 OD 的样方距离 (欧几里得距离) 矩阵, 对于 GD 的样方距离, 本文采用真实的地理距离直接作为样方距离测度, 之后

使用 β 多样性及其组分相异矩阵与样方距离矩阵执行 Mantel 检验。通过 R 语言中的 Vegan 程序包完成 Mantel 检验, 并进行可视化绘图。

对 β 多样性相异矩阵与样方距离矩阵进行去趋势对应分析 (detrended correspondence analysis, DCA), Axis lengths 排序轴如果大于 4.0, 选择基于单峰模型的典范对应分析 (canonical correspondence analysis, CCA), 如果小于 3.0, 则选用基于距离的冗余分析 (distance-based redundancy analysis, db-RDA)。

2 结果

烟威近海底拖网调查共出现鱼类 33 种, 其中优势种有 3 种, 为细条天竺鲷、细纹狮子鱼和鲢, 重要种有 11 种, 其他均为普通种。栖息场所类型共 4 种, 其中 CD 共 19 种, CBD 共 5 种, CPN 共 8 种, CRA 1 种, 按其扩散能力划分, 弱扩散种类 19 种, 强扩散种类 14 种 (表 1)。聚类分析显示鱼类群落共分为两组, 其中 6614、5574、6634、5684、5594 站位为离岸组, 分布于离岸较远的海域, 其余站位为近岸组, 多分布于近岸海域。各站位鱼类丰度范围为 252~1 804 ind./h, 最高站位为 5594 站, 最低站位为 6541 站 (图 2)。

表 1 烟威近海鱼类组成
Tab.1 Fish composition in the coastal areas of Yantai and Weihai

种名	拉丁文名	栖息场所	扩散能力	优势度类型
大泷六线鱼	<i>Hexagrammos otakii</i>	CD	弱扩散	重要种
大银鱼	<i>Protosalanx hyalocranius</i>	CD	弱扩散	普通种
方氏云鲷	<i>Pholis fangi</i>	CD	弱扩散	普通种
绯鲷	<i>Callionymus beniteguri</i>	CD	弱扩散	重要种
高眼鲷	<i>Cleisthenes herzensteini</i>	CD	弱扩散	重要种
尖海龙	<i>Syngnathus acus</i>	CD	弱扩散	普通种
六丝钝尾虾虎鱼	<i>Amblychaeturichthys hexanema</i>	CD	弱扩散	重要种
小眼绿鳍鱼	<i>Chelidonichthys spinosus</i>	CD	弱扩散	重要种
矛尾虾虎鱼	<i>Chaeturichthys stigmatias</i>	CD	弱扩散	普通种
绵鲷	<i>Zoarces elongatus</i>	CD	弱扩散	重要种
普氏缯虾虎鱼	<i>Amoya pflaumi</i>	CD	弱扩散	普通种
石鲷	<i>Kareius bicoloratus</i>	CD	弱扩散	普通种
细条天竺鲷	<i>Apogon lineatus</i>	CD	弱扩散	优势种
细纹狮子鱼	<i>Liparis tanakae</i>	CD	弱扩散	优势种
星点东方鲀	<i>Takifugu niphobles</i>	CD	弱扩散	普通种
星康吉鳗	<i>Conger myriaster</i>	CD	弱扩散	普通种
许氏平鲉	<i>Sebastes schlegelii</i>	CD	弱扩散	普通种
长蛇鲻	<i>Saurida elongata</i>	CD	弱扩散	普通种

续表

种名	拉丁文名	栖息场所	扩散能力	优势度类型
中华栉孔虾虎鱼	<i>Ctenotrypauchen chinensis</i>	CD	弱扩散	普通种
银姑鱼	<i>Pennahia argentata</i>	CBD	强扩散	普通种
带鱼	<i>Trichiurus lepturus</i>	CBD	强扩散	普通种
小带鱼	<i>Eupleurogrammus muticus</i>	CBD	强扩散	普通种
小黄鱼	<i>Larimichthys polyactis</i>	CBD	强扩散	重要种
银鲳	<i>Pampus argenteus</i>	CBD	强扩散	普通种
斑鲈	<i>Konosirus punctatus</i>	CPN	强扩散	普通种
赤鼻棱鲉	<i>Thryssa kammalensis</i>	CPN	强扩散	重要种
黄鲛鲷	<i>Lophius litulon</i>	CPN	强扩散	重要种
黄鲫	<i>Setipinna taty</i>	CPN	强扩散	普通种
蓝点马鲛	<i>Scomberomorus niphonius</i>	CPN	强扩散	重要种
鲛	<i>Liza haematocheilus</i>	CPN	强扩散	普通种
日本鲭	<i>Scomber japonicus</i>	CPN	强扩散	重要种
鳀	<i>Engraulis japonicus</i>	CPN	强扩散	优势种
绿鳍马面鲀	<i>Thamnaconus modestus</i>	CRA	强扩散	普通种

注: CD 表示大陆架浅水底层鱼类; CRA 表示大陆架岩礁性鱼类; CPN 表示大陆架浅水中上层鱼类; CBD 表示大陆架浅水中底层鱼类

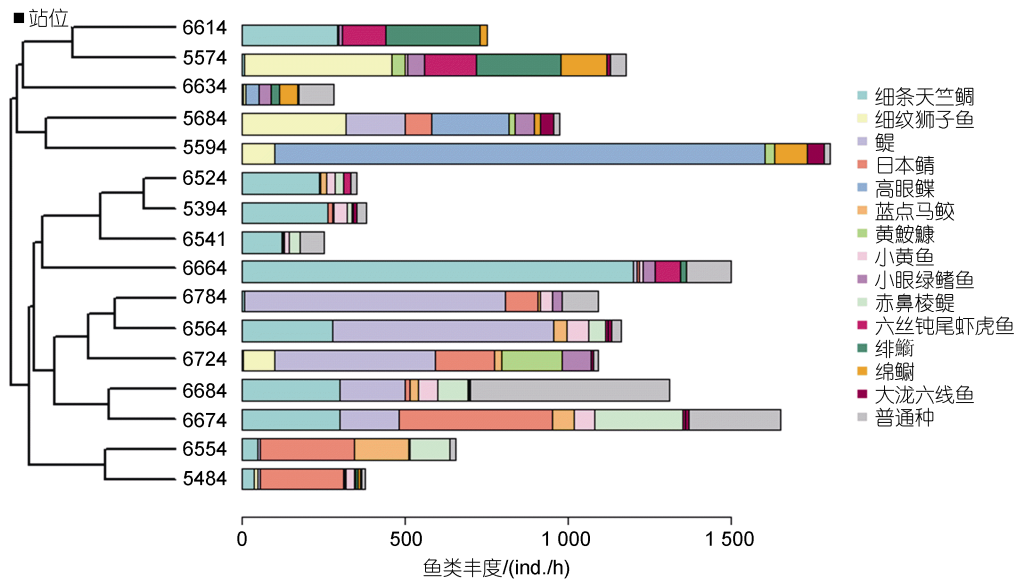


图 2 烟威近海鱼类丰度及群落聚类

Fig.2 Abundance and community clustering of fish in the coastal areas of Yantai and Weihai

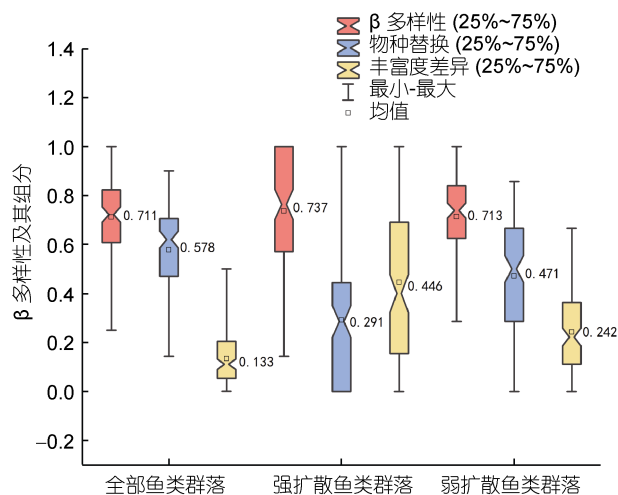
2.1 β 多样性及其组分的贡献

烟威近海全部鱼类群落的 β 多样性及其物种替换和丰富度差异均值分别为 0.711、0.578 和 0.133, 物种替换贡献为 80.7%, 丰富度差异贡献为 19.3%; 强扩散鱼类群落的 β 多样性及其物种替换和丰富度差异分别为 0.737、0.291 和 0.446, 物种替换贡献为 39.5%, 丰富度差异贡献为 60.5%; 弱扩散鱼类群落

的 β 多样性及其物种替换和丰富度差异分别为 0.713、0.471 和 0.242, 物种替换贡献为 66.1%, 丰富度差异贡献为 33.9% (图 3)。

2.2 β 多样性的 Mantel 分析

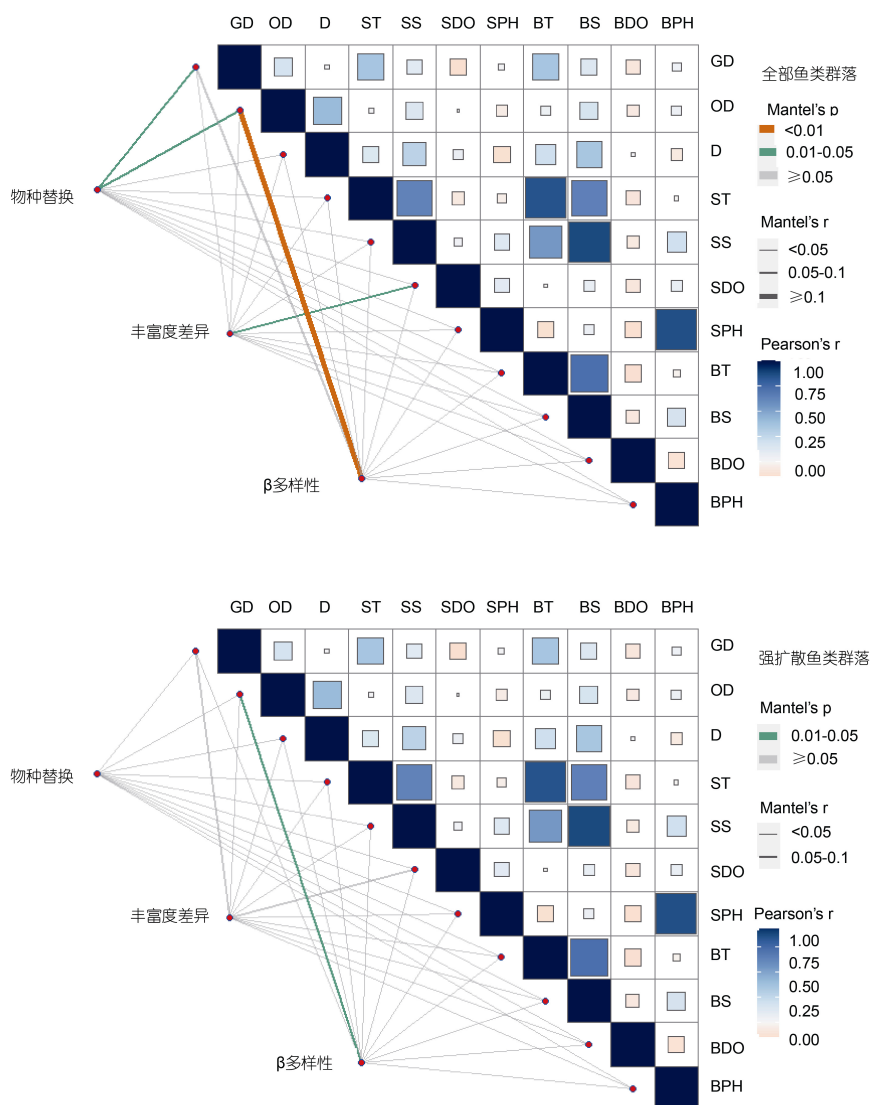
Mantel 检验分析表明对于全部鱼类群落, 物种替换的主要影响因素是 GD 和 OD, 丰富度差异主要受 SDO 的影响, β 多样性受 OD 的响应极显著($P<0.01$)。

图3 烟威近海鱼类群落的 β 多样性及其组分Fig.3 β -diversity and composition of fish community in the coastal areas of Yantai and Weihai

对于强扩散鱼类群落, 环境因素和空间地理因素对物种替换和丰富度差异都没有显著影响, 其 β 多样性受 OD 的影响。对于弱扩散鱼类群落, 物种替换受 OD、SS、SDO、BS 的影响显著 ($P < 0.05$), 丰富度差异未受环境因素和空间地理因素影响, β 多样性与全部鱼类群落和强扩散鱼类群落相似, 受 OD 的响应显著(图 4)。

2.3 β 多样性的影响因素分析

全部鱼类群落、强扩散鱼类群落和弱扩散鱼类群落的去趋势分析(DCA)排序轴长度分别为 0.919、1.202 和 1.193, 均小于 4, 故采用 db-RDA 对鱼类群落 β 多样性及其组分影响因子进行分析。冗余分析结果表明(表 2, 图 5), 对于全部鱼类群落, 第一轴 RDA1 的解释比例是 73.45%, 第二轴 RDA2 的解释比例是 26.65%, GD、OD 和 D 与 RDA1 的相关系数较高, GD、D 和 BPH 与 RDA2 的相关系数较高, 对 β



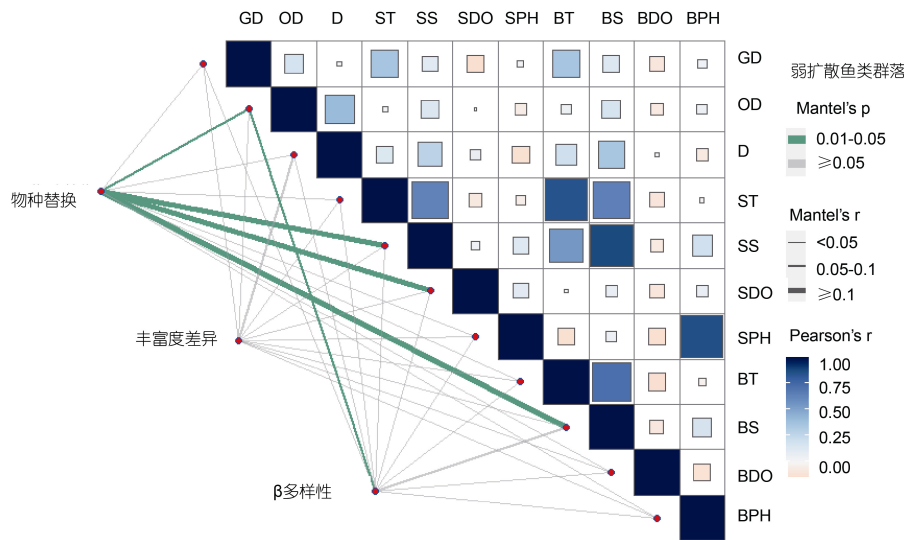


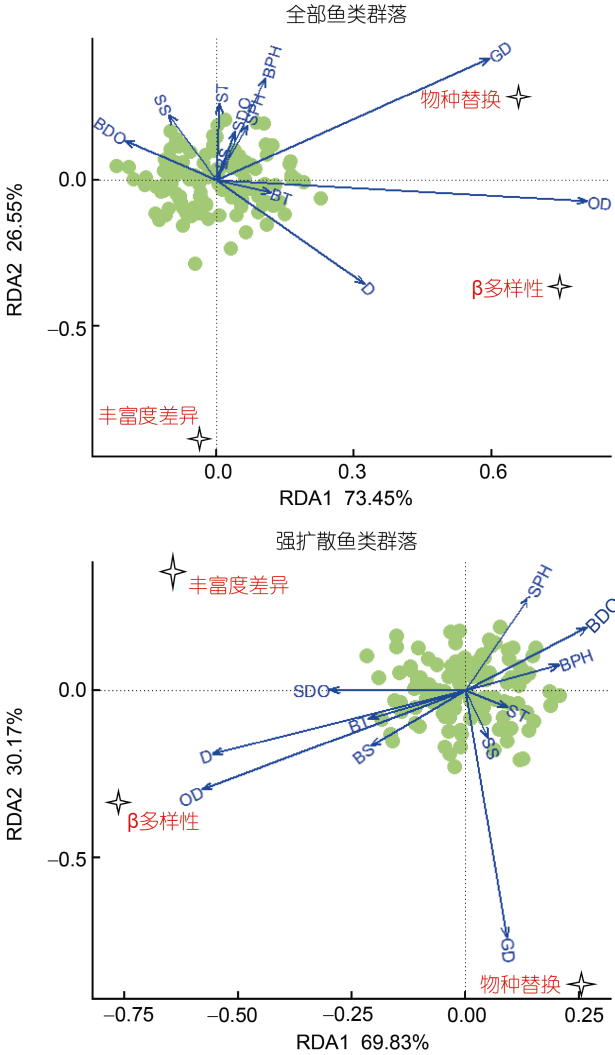
图 4 β 多样性及其组分与影响因子的 Mantel 检验

Fig.4 Mantel analysis of β diversity components and influencing factors

表 2 冗余分析因子与排序轴之间的相关系数
Tab.2 Correlation coefficients between ordination axes and factors

约束变量	全部鱼类群落		强扩散鱼类群落		弱扩散鱼类群落	
	RDA1	RDA2	RDA1	RDA2	RDA1	RDA2
特征值	0.777	0.281	0.617	0.267	0.592	0.201
GD	0.596	0.418	0.092	-0.742	0.682	-0.029
OD	0.810	-0.072	-0.581	-0.296	0.462	0.405
D	0.323	-0.359	-0.558	-0.190	0.131	-0.053
ST	0.007	0.263	0.095	-0.050	-0.079	0.077
SS	-0.105	0.224	0.050	-0.142	-0.321	0.088
SDO	0.042	0.169	-0.300	0.003	-0.342	0.000
SPH	0.068	0.190	0.142	0.283	-0.045	0.733
BT	0.120	-0.043	-0.214	-0.084	0.079	-0.118
BS	0.007	0.037	-0.209	-0.164	-0.255	0.029
BDO	-0.200	0.136	0.269	0.190	-0.178	0.152
BPH	0.108	0.353	0.208	0.077	-0.100	0.728

多样性影响较大的因子为 OD 和 D, 对物种替换影响较大的因子为 GD 和 BPH, 丰富度差异受因子影响较小。对于强扩散鱼类群落, 第一轴 RDA1 的解释比例是 69.83%, 第二轴 RDA2 的解释比例是 30.17%, OD、D 和 SDO 与 RDA1 的相关系数较高, GD、D 和 SPH 与 RDA2 的相关系数较高, 对 β 多样性影响较大的因子为 OD、D 和 SDO, 对物种替换影响较大的因子为 GD, 对丰富度差异影响较大的因子为 SDO。对于弱扩散鱼类群落, 第一轴 RDA1 的解释比例是 74.68%, 第二轴 RDA2 的解释比例是 25.32%, GD、OD、SDO



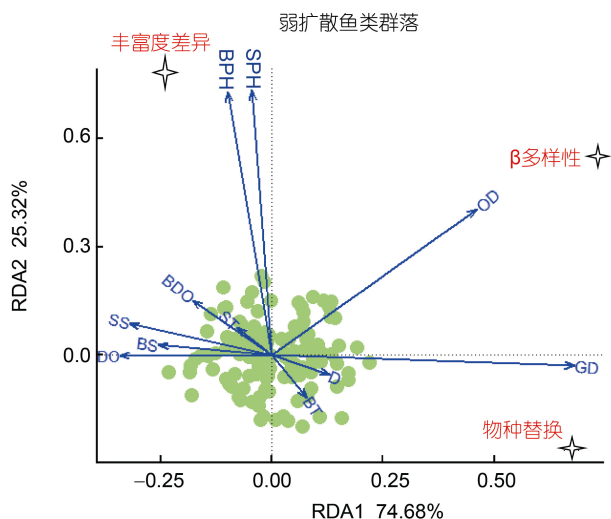


图5 基于 db-RDA 的鱼类分类 β 多样性与空间变量和环境变量间的关系

Fig.5 db-RDA analysis of β diversity components and influencing factors

和 SS 与 RDA1 的相关系数较高, SPH、BPH 和 OD 与 RDA2 的相关系数较高, 对 β 多样性影响较大的因子为 OD, 对物种替换影响较大的因子为 GD, 对丰富度差异影响较大的因子为 SPH 和 BPH。

3 讨论

3.1 烟威近海鱼类群落及 β 多样性格局

研究表明, 人为压力因素(如污染和过度开发)和气候变化正在导致海洋鱼类群落出现快速同质化的现象(Magurran *et al.*, 2015), 给海洋生物多样性造成前所未有的挑战(Jackson, 2008), 对于 β 多样性的研究有利于我们深入了解鱼类群落同质化状况。烟威近海鱼类群落的 β 多样性整体处于较高水平, 全部鱼类群落(0.711)、强扩散鱼类群落(0.737)和弱扩散鱼类群落(0.713)的 β 多样性差距较小, 强扩散鱼类群落由于其较强的扩散能力, 略高于全部鱼类群落和弱扩散鱼类群落。与海州湾秋季鱼类群落(0.842~0.853)相比(李雪童等, 2022), 烟威近海鱼类群落 β 多样性较低, 可能是由两个海域鱼类丰富度差异造成, 海州湾海域鱼类丰富度在 43~65 种(李雪童等, 2021), 而烟威近海本次调查鱼类仅 33 种。在其组分分解方面, 烟威近海全部鱼类群落和弱扩散鱼类群落主要以物种替换(周转)组分为主, 与海州湾秋季鱼类群落以及淡水鱼类(López-Delgado *et al.*, 2020)的 β 多样性划分研究结果类似, 强扩散鱼类群落总的差异主要通过丰富度差异(嵌套)组分来解释, 与其他研究中的鱼类群

落略有不同。

3.2 环境因子和空间距离对 β 多样性的影响

本文综合利用 Mantel 检验和 RDA 分析烟威近海鱼类群落 β 多样性影响因子, 两种方法相互补充, 可更加全面地对其驱动因素进行分析, 如强扩散鱼类物种替换和丰富度差异以及弱扩散鱼类的丰富度差异, Mantel 检验未能选择出显著的影响因子, 但 RDA 分析给出了相对重要的解释变量, 同时对全部鱼类群落的丰富度差异, Mantel 检验筛选出显著因子 SDO。环境异质性和地理阻隔是生物群落 β 多样性的主要驱动力(Heino *et al.*, 2015a), OD 是影响烟威近海鱼类群落 β 多样性的关键因素, 聚类分析将鱼类群落分成明显的近岸组和离岸组, 也能证明此结论。物种替换的驱动因子中起决定作用的是 GD, 原因是在海洋和河流生态系统中, 通常物种相似性随着站位间距离增加而降低(Soininen *et al.*, 2007; 陈圣宾等, 2010; Forget *et al.*, 2020)。环境过滤主要对弱扩散鱼类群落的丰富度差异产生影响, 与空间距离相比对烟威近海鱼类群落 β 多样性的影响较小, 可能的原因是环境因素对群落 β 多样性的影响取决于研究区域内的环境梯度长度(Grönroos *et al.*, 2013; Heino *et al.*, 2015b), 烟威近海作为连接渤海和黄河的通道, 水交换频繁, 水文连通性较强, 使得烟威近海环境因子差异较小, 无法形成有效梯度, 因此造成环境因素对鱼类群落 β 多样性影响减弱。

3.3 扩散能力对鱼类群落 β 多样性的影响

鱼类的游泳能力是其扩散能力的主要评价指标, 此外栖息场所也对种群扩散有一定的限制。强扩散鱼类依靠其扩散能力, 可以突破环境因素和空间距离的限制, 寻找适宜的栖息场所, 使强扩散鱼类大都具有集群性的特点(Razeng *et al.*, 2016), 导致其 β 多样性高于弱扩散鱼类群落, 丰富度差异成为群落间 β 多样性的主要解释因素。与之相反, 弱扩散鱼类群落受环境梯度限制和空间距离的扩散阻碍, 生物流通性差, 使各采样站位间物种组成产生很大差异(Cañedo-Argüelles *et al.*, 2015), 因此物种替换是主要的解释因素。扩散限制是影响群落 β 多样性的重要因素(Soininen *et al.*, 2007), 对于海洋生物来说, 不同生活史阶段的游泳能力相差较大, 部分底栖生物成体游泳能力较差, 但在其幼体阶段生活在海洋上层, 随洋流漂浮扩大了其栖息空间(Han *et al.*, 2015), 对整个海洋生物群落 β 多样性也有重要的影响。了解 β 多样性的驱动机制是区域生物多样性保护的重要前提, 对 β

多样性组分的深入探讨,有助于揭示生物多样性动态变化的过程,在以后的研究中应充分考虑 β 多样性的影响因素,为制定科学有效的生物多样性保护策略提供依据。

4 结论

烟威近海鱼类群落的 β 多样性整体处于较高水平,全部鱼类群落和弱扩散鱼类群落 β 多样主要以物种替换(周转)组分为主,强扩散鱼类群落 β 多样性由丰富度差异(嵌套)组分来解释。群落 β 多样性由空间距离和环境因素共同驱动,其中,离岸距离 OD 是关键影响因素,地理距离 GD 是物种替换的驱动因子,弱扩散鱼类群落的丰富度差异受环境因子影响。总体看来,空间距离比环境过滤对烟威近海鱼类群落 β 多样性的驱动作用更强,扩散限制是其 β 多样性的关键因素。

参 考 文 献

- 山东省海洋与渔业厅, 2010. 山东近海经济生物资源调查与评价[M]. 北京: 海洋出版社.
- 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会, 2008. 海洋调查规范 第 6 部分: 海洋生物调查: GB/T 12763.6-2007[S]. 北京: 中国标准出版社: 1-157.
- 刘瑞玉, 2008. 中国海洋生物名录[M]. 北京: 科学出版社: 659.
- 刘静, 宁平, 2011. 黄海鱼类组成、区系特征及历史变迁[J]. 生物多样性, 19(6): 764-769.
- 李雪童, 徐宾铎, 薛莹, 等, 2021. 海州湾鱼类 β 多样性变化[J]. 中国水产科学, 28(4): 451-459.
- 李雪童, 徐宾铎, 薛莹, 等, 2022. 海州湾秋季鱼类 β 多样性组分分析及其与环境因子的关系[J]. 海洋学报, 44(2): 46-56.
- 吴强, 王俊, 金显仕, 等, 2011. 中国北部海域主要无脊椎动物群落结构及多样性[J]. 中国水产科学, 18(5): 1152-1160.
- 张元奎, 耿孝同, 1996. 春季烟威渔场水温均值预报[J]. 海洋预报, 13(2): 77-80.
- 张金屯, 米湘成, 曹科, 2022. Beta 多样性度量方法研究进展[J]. 山西大学学报(自然科学版), 45(3): 826-843.
- 陈圣宾, 欧阳志云, 徐卫华, 等, 2010. Beta 多样性研究进展[J]. 生物多样性, 18(4): 323-335.
- 高雪, 李凡, 吕振波, 等, 2019. 烟威海域游泳动物群落结构研究[J]. 海洋渔业, 41(2): 179-187.
- 程济生, 2005. 黄海无脊椎动物资源结构及多样性[J]. 中国水产科学, 12(1): 68-75.
- CAÑEDO-ARGÜELLES M, BOERSMA K S, BOGAN M T, *et al*, 2015. Dispersal strength determines meta-community structure in a dendritic riverine network [J]. *Journal of Biogeography*, 42(4): 778-790.
- FORGET F, DAGORN L, MÉRIGOT B, *et al*, 2020. Beta diversity of pelagic assemblages at fish aggregating devices in the open ocean [J]. *African Journal of Marine Science*, 42(2): 247-254.
- GIANUCA A T, DECLERCK S A J, LEMMENS P, *et al*, 2017. Effects of dispersal and environmental heterogeneity on the replacement and nestedness components of β -diversity [J]. *Ecology*, 98(2): 525-533.
- GRÖNROOS M, HEINO J, SIQUEIRA T, *et al*, 2013. Metacommunity structuring in stream networks: roles of dispersal mode, distance type, and regional environmental context [J]. *Ecology and Evolution*, 3(13): 4473-4487.
- HAN Z Q, ZHENG W, CHEN G B, *et al*, 2015. Population genetic structure and larval dispersal strategy of portunid crab *Charybdis bimaculata* in Yellow sea and East China sea [J]. *Mitochondrial DNA*, 26(3): 402-408.
- HEINO J, MELO A S, BINI L M, 2015a. Reconceptualising the beta diversity-environmental heterogeneity relationship in running water systems [J]. *Freshwater Biology*, 60(2): 223-235.
- HEINO J, MELO A S, BINI L M, *et al*, 2015b. A comparative analysis reveals weak relationships between ecological factors and beta diversity of stream insect metacommunities at two spatial levels [J]. *Ecology and Evolution*, 5(6): 1235-1248.
- HILL M J, HEINO J, THORNHILL I, *et al*, 2017. Effects of dispersal mode on the environmental and spatial correlates of nestedness and species turnover in pond communities [J]. *Oikos*, 126(11): 1575-1585.
- JACKSON J B C, 2008. Ecological extinction and evolution in the brave new ocean [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105(S1): 11458-11465.
- LEGENDRE P, 2014. Interpreting the replacement and richness difference components of beta diversity [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 23(11): 1324-1334.
- LI F Q, CHUNG N, BAE M J, *et al*, 2012. Relationships between stream macroinvertebrates and environmental variables at multiple spatial scales [J]. *Freshwater Biology*, 57(10): 2107-2124.
- LÓPEZ-DELGADO E O, WINEMILLER K O, VILLA-NAVARRO F A, 2020. Local environmental factors influence beta-diversity patterns of tropical fish assemblages more than spatial factors [J]. *Ecology*, 101(2): e02940.
- MAGURRAN A E, DORNELAS M, MOYES F, *et al*, 2015. Rapid biotic homogenization of marine fish assemblages [J]. *Nature Communications*, 6: 8405.
- PINKAS L, OLIPHANT M S, IVERSON I L K, 1971. Food habits of albacore, bluefin tuna and bonito in California waters [J]. *Fishery Bulletin*, 152(1): 106.
- RAZENG E, MORÁN-ORDÓÑEZ A, BOX J B, *et al*, 2016. A potential role for overland dispersal in shaping aquatic invertebrate communities in arid regions [J]. *Freshwater Biology*, 61(5): 745-757.
- SOININEN J, HEINO J, WANG J J, 2018. A meta-analysis of nestedness and turnover components of beta diversity across organisms and ecosystems [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 27(1): 96-109.
- SOININEN J, MCDONALD R, HILLEBRAND H, 2007. The distance decay of similarity in ecological communities [J]. *Ecography*, 30(1): 3-12.
- WHITTAKER R H, 1972. Evolution and measurement of species diversity [J]. *Taxon*, 21(2/3): 213-251.

THE DRIVING FACTORS OF β -DIVERSITY AND ITS COMPONENTS SPATIAL VARIATION OF FISH COMMUNITY IN COASTAL AREA OF YANTAI AND WEIHAI

ZHANG Xiao-Min¹, SU Hai-Xia¹, LI Shao-Wen¹, YANG Yan-Yan¹, WANG Tian-Tian²,
XU Bing-Qing¹, LI Fan¹, WANG Xiu-Xia¹

(1. Shandong Provincial Key Laboratory of Restoration for Marine Ecology, Shandong Marine Resource and Environment Research Institute, Yantai 264006, China; 2. Yantai Marine Economic Research Institute, Yantai 264006, China)

Abstract β -diversity is an important research direction of regional biodiversity. Based on the bottom trawl survey data in 2020, Mantel test analysis and redundancy analysis (RDA) were used to investigate how environmental factors and spatial distance drive β diversity and its components in the coastal areas of Yantai and Weihai, Shandong. The results show that 33 species of fish were found in the survey, and three species were the dominant species. The average β diversity of the fish community was 0.711~0.737, which was at a high level. The β diversity of all-fish community and weakly-dispersed fish community could be explained by mainly species replacement (turnover) components, while that of strongly-dispersed fish community was explained by richness difference (nested) components. The spatial distance and environmental factors jointly drive the β -diversity of the fish community in the coastal areas of Yantai and Weihai. The offshore distance was the key factor affecting the β diversity of fish communities, while the geographical distance was the decisive driver of species replacement. Environmental factors affected the richness differences of weak dispersed fish community. This study showed that spatial distance had a stronger effect on β -diversity than environmental filtration, indicating that dispersal limitation was the key factor affecting β -diversity of fish community in the coastal areas. This study could provide a theoretical basis for biodiversity conservation in the coastal area of Yantai and Weihai.

Key words β -diversity; fish community; environmental factors; spatial distance; coastal areas of Yantai and Weihai