

极小
种群

野生植物拯救保护通讯

Communication for Conserving Plant Species with Extremely Small Populations (PSESP)

2021



中华人民共和国科学技术部
Ministry of Science and Technology of the People's Republic of China



昆明植物园
Kunming Botanical Garden



云南省科学技术厅
Science & Technology Department of Yunnan Province

云南省林业和草原局
Yunnan Forestry and Grassland Administration



封面故事

云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室积极参与 COP15 生物多样性体验园核心区扶荔宫的种子馆“植物组培苗星空展”布展工作（主题：希望）。从筹划、培养瓶挑选、培养基设计、组培苗培养、培养瓶盖处理、布展、更换、维护等全过程，经历了 14 个月的奋战，把 6 年来的植物高效扩繁技术研发与种质离体保存成果以靓丽的姿态呈现在大众面前，整个展区共展出 56 个种共 219 瓶组培苗，其中有 33 种为极小种群野生植物。彩色培养基和组培苗星空展为国际国内首创，获各级领导、国内外参观者的一致好评，上千家主流媒体图文报道，成为了集科研、科普、展示于一体的热门打卡点。

（文：罗桂芬；图：陈智发）

投稿方式：

本简刊接收有关极小种群野生植物拯救保护的资讯和文章的电子版本。

注：投稿请注明投稿类别（资讯或文章）和题目；图片请提供单独的图片格式并标注图示内容。

邮箱：taolidan@mail.kib.ac.cn

QQ：1523272875

联系人：陶丽丹

电话：0871-65223814

序言

2021 年是极小种群野生植物保护和研究领域继往开来的一年。这一年，云南省林业和草原局委托依托中国科学院昆明植物研究所建设的云南极小种群野生植物综合保护重点实验室（下称：省极小种群重点实验室）为科技支撑，启动了《云南省极小种群野生植物保护名录（2021 版）》（下称：《保护名录（2021 版）》）编制工作。经过物种提名指导原则制定、物种征集、候选物种筛选、专家咨询和研讨、公示和最终审定，形成包含 101 种植物的《保护名录（2021 版）》。为了更好的指导未来 5-10 年云南省极小种群野生植物的拯救保护工作，省极小种群重点实验室组织撰写出版了《保护名录（2021 版）》一书，该书以图鉴的形式进行编写，编入了物种的形态特征、分布现状、受威胁因素和保护建议，图文并茂，兼顾其科学性、实用性和指导性。

这一年，也是极小种群野生植物保护理论化和国际化的重要转折。乘着国际生物多样性公约大会（COP15）第一阶段会议在昆明召开的东风，包括人民日报、新华社、中央电视台、云南电视台、云岭先锋、*China Daily* 等在内的众多国家及地方、国内及国外、官方及民间的媒体对极小种群野生植物研究与保护成效进行了大量报道，这标志着中国、特别云南省的极小种群野生植物的拯救保护已稳步进入新的阶段。这一年，国际学术界也更加关注中国在极小种群野生植物领域的研究与拯救保护工作，中国极小种群野生植物保护的基本理论与模式（实践经验）被一些发达国家和发展中国家应用于其本土植物的保护中。

2021 年，国家林业和草原局、农业农村部联合发布了新的《国家重点保护野生植物名录》，新名录共纳入了 138 科 333 属的植物 1101 余种，纳入的种类中不乏我们熟悉的漾濞槭、云南梧桐、茶果樟、云南兰花蕉、大理铠兰等，《保护名录（2021 版）》中有国家 I 级重点保护野生植物 12 种和 II 级重点保护野生植物 37 种（共 49 种）。新的《国家重点保护野生植物名录》的颁布，不但为一批极小种群野生植物的保护提供了法律依据，也是国家层面对极小种群野生植物拯救保护成效的肯定和践行“人类命运共同体”的体现。

2021 年，极小种群野生植物综合保护喜讯频出。十余年迁地保护于昆明植物园的西畴青冈、巧家五针松、毛枝五针松首次结实，新闻一经发出便吸引了上百万次点击阅读；长果秤锤树在湖南省植物园保育成功、云南兰花蕉野外数量持续增长、漾濞槭新种群发现、建立云南梧桐就地保护点……这些保护成效增加了大众对极小种群野生植物保护的信心。地方林草部门对极小种群野生植物保护工作的投入热情愈加高涨，云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室在 2021 年就新增了 3 个保护研究及科普基地，即：河口极小种群植物园、老山药王谷研究基地（老山植物园）和昆明市西华公园极小种群野生植物保护科普基地。过去的保护经验，不仅给了我们总结保护规范和保护标准的机会，也给了我们面向未来的勇气和开阔的思维。

针对极小种群野生植物的科学研究依旧保持着增长的趋势，并且正在明显地进入到基因组水平的研究中。过去一年间，保护基因组学展现出强劲的发展趋势。研究人员运用基因组学的理论和技术手段，开展了几种典型极小种群野生植物的保护基因组学研究，并基于研究提出了进一步调整或优化目标物种的保护策略和措施。

当前国际形势波诡云谲，自然灾害、大型流行病、地区冲突、国际秩序的动荡给未来世界增加了不确定性。国计民生都面临着较大的困难，为了响应国家和中国科学院对科研成果转化的要求、提高极小种群野生植物保护对经济民生的贡献，云南省极小种群野生植物综合保护重

点实验室在原先的三大研究方向基础上，增加了“极小种群野生植物种质资源发掘利用”，形成了集基础理论、关键技术、保护试验示范、资源发掘利用为一体的四大研究方向。我们也呼吁极小种群野生植物保护和研究领域的同行们，在保护的基础上，对其中具有重要经济价值的物种种质资源进行发掘，将生物多样性保护成果与地方社会经济发展结合起来，发挥生物多样性保护的公益作用，让更多人理解生物多样性保护的价值，将文章写在大地上。我们始终相信，只要团结一心，陷入灭绝漩涡的极小种群野生植物就有希望得到科学的拯救保护，极小种群野生植物这一种质资源就会为国家社会经济发展做出贡献。

2021年，云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室顺利通过云南省科技厅组织的三年评估，依托该实验的首个云南省极小种群野生植物植物保护与利用创新团队通过了认定。云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室将一如既往的同各界人士合作，共同推进极小种群野生植物保护和利用事业的发展壮大。

不知不觉，本年度的《极小种群野生植物拯救保护通讯》已经是第8期了，我们依旧力求系统整理全球在极小种群野生植物保护和研究领域的主要进展与大家共享。期望本期《通讯》继续成为相关科研单位、高等院校、保护部门和保护组织、植物保护爱好者等的一个重要信息交流的平台，并能为政府相关部门的决策提供一些参考。

中国科学院昆明植物研究所昆明植物园
云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室

主任



目录

资讯

老山药王谷 部分极小种群野生植物的“新家”	1
缙云山保护区开展模式植物和极小种群植物繁育保护	1
云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室学术委员会第二次会议顺利召开	2
101种野生植物入选 云南将调整极小种群野生植物保护名录	2
极小种群野生植物长果秤锤树在湖南省植物园繁育成功	2
极小种群野生植物守护者科普活动圆满结束	3
云南兰花蕉野外种群数量持续增加	3
云南巧家实施极小种群物种保护 珍稀植物“巧家五针松”种群规模大幅增加	3
毛枝五针松在昆明植物园极小种群野生植物专类园首次结实	4
《兰花种子的培育》（中译版）出版	5
2021年广西极小种群野生动植物资源拯救项目获中央预算内投资同比增长104%	5
COP15专题采访：云南省极小种群物种保护成效显著	5
穆蕾玛和黄润秋在《人民日报》华盖木抢救性保护报道报纸上签名纪念	6
太白山极小种群动植物保护监控站建成投用	6
云南省极小种群野生植物保护与利用创新团队通过考核认定、云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室通过三年运行考核评估	6
中科院昆明植物所携手西华公园共建极小种群野生植物保护科普基地	6
《云南省极小种群野生植物保护名录（2021版）》出版发行	7

探索发现

黔桂交界石灰岩地区菝葜科一新种——盾叶菝葜	8
滇西南地区极小种群植物调查发现三个植物新分类群	10
青藏高原二次科考之杜鹃花属的极小种群野生植物	11
玉龙杓兰亟待更好的保护	13
滇东南凤仙花科一新种——五台山凤仙花 (<i>Impatiens wutaishanensis</i>)	14
法斗观音座莲 (<i>Angiopteris sparsisora</i>) 的再发现	15

物种研究案例

昆明植物园在极小种群野生植物保护中的作用	16
五星之花再生记	19
极小种群野生植物之滇桐保护案例	19
极小种群野生植物资源冷杉在广西开启首次野外回归	21

昆明植物园壮丽含笑成功扩繁..... 22

漾濞槭群体基因组学分析揭示其种群历史动态和受威胁因素..... 23

华盖木种子休眠萌发与储藏特性..... 32

12 个极小种群物种的种子储藏特性判断 33

“一种用于墨脱百合组培快繁的培养基组合、组培快繁方法及应用”专利介绍..... 36

贯叶马兜铃的遗传多样性和遗传结构研究..... 38

昆明植物园内极小种群野生植物专类园..... 40

科普美文

记极小种群考察中平凡的一天..... 45

木兰科植物和甲虫的亿年故事..... 47

统计数据

2021 年极小种群野生植物领域发表文章情况 52

COP15 期间极小种群野生植物收获大量关注 53

附录

云南省极小种群野生植物保护名录（2021 版） 55

资讯

老山药王谷 部分极小种群野生植物的“新家”



3月16日,打2019年年底起,老山药王谷成了漾濞槭、西畴青冈、单性木兰、滇桐、云南穗花杉等5种极小种群野生植物的“新家”。为何选择将这里作为极小种群野生植物的新家呢?位于云南省文山州麻栗坡县的老山药王



谷,是一个长20公里、占地3000多亩的雨林沟谷,核心区是一块原始森林围绕的低洼平坦地带,日照充足,降水量丰沛,具有得天独厚的地理优势,非常适宜野生植物生



长。在此情况下,2019年12月,中国科学院昆明植物研究所与麻栗坡县友缘农业专业合作社签订合作协议,成立云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室麻栗坡研究基地。基地挂牌后,云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室工作人员通过采集极小种群野生植物的一部分,经过人工繁殖苗木,将部分极小种群野生植物苗木迁移到老山药王谷。截至目前,迁移到老山药王谷的极小种群包括漾濞槭22株、西畴青冈5株、单性木兰3株、滇桐7株、云南穗花杉41株。麻栗坡县友缘农业专业合作社相关人员介绍,为保护好这些“新主人”,他们会随时观察“新主人”长势,并将情况第一时间向林草部门反映。(来源:人民网)



缙云山保护区开展模式植物和极小种群植物繁育保护

3月22日,为进一步加强缙云山模式植物和极小种群植物的繁育保护,重庆缙云山国家级自然保护区管理局利用春季育苗大好时节,对缙云四照花、缙云黄芩等10多种模式植物及极小种群植物进行无性繁殖育苗,以扩大模式植物及极小种群植物种群规模。缙云四照花为缙云山模式植物,属山茱萸科,灌木或小乔木,头状花序,花序下有大型白色总苞片4枚,观赏性较强;缙云黄芩为缙云山模式植物,属唇形科,多年生草本,在缙云山呈相互隔离的“岛屿”状分布,种群数量少,生境多为小路、阶梯或水沟边。(来源:重庆市林业局)

云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室学术委员会第二次会议顺利召开

4月9日，云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室学术委员会第二次会议在中国科学院昆明植物研究所顺利召开。学术委员会听取了实验室主任孙卫邦研究员的实验室三年自评报告和“十四五”期间工作设想，高度肯定了实验室三年运行期间获得的成果，一致认同实验室已完满完成了三年建设目标和研究任务，奠定了极小种群野生植物的概念和基本理论，成果显著，特色鲜明，产生了广泛的社会影响。同时学术委员会对实验室未来运行提出了建设性的意见。（来源：陶丽丹）



101种野生植物入选 云南将调整极小种群野生植物保护名录

4月14日，据云南省林草局官网公布，《云南省极小种群野生植物保护名录（2021版）》（征求意见稿）目前已经面向社会征求意见。此次入选名录的共有101种野生植物，其中包括蕨类植物4种、种子植物97种。2010年至2020年，云南省对第一批共62种极小种群野生植物开展了一系列拯救保护行动。为持续拯救和保护面临高度灭绝风险的野生植物，云南省将继续开展极小种群野生植物的拯救保护。2021年2月，云南省林草局根据极小种群野生植物的特点和保护要求，拟定了极小种群野生植物提名指导原则，并向55名高校、科研院所、林草局和保护区基层管理机构的植物学专家征集到了共391个提名候选物种。今年，云南省林草局召集了中国科学院昆明植物研究所、中国科学院西双版纳热带植物园、云南大学等院所的13名专家组成专家组，对第一批62个物种的调整，以及391个候选物种进行了认真研究、讨论，最终筛选出了101种野生植物，其中包括蕨类植物4种、种子植物97种，形成了最新版的保护名录。（来源：央视新闻客户端）

极小种群野生植物长果秤锤树在湖南省植物园保育成功

4月24日，武汉植物园国宝级植物珙桐因首次开花引发关注，而湖南省森林植物园里另一种濒危国宝级植物长果秤锤树，则以隐居避世姿态安静开花、结果。长果秤锤树是中国特有珍贵园林观赏树种和植物中的“活化石”。开花时，细长花梗上会垂着洁白花瓣，散发出阵阵清香，果实极具特色，形似秤锤。湖南省植物园的专家介绍，长果秤锤树野外数量非常稀少，已处于濒危状态，仅分布于湖南张家界天门山、桑植县八大公山国家级自然保护区、湖南石门壶瓶山国家级自然保护区和与该保护区相接的湖



北后河自然保护区的狭小范围内。为保护这一国宝级植物，湖南省植物园1990年开始对长果秤锤树进行迁地保护、嫁接、扦插等系列研究和繁殖处理。2018年长果秤锤树研究项目更是得到了国际植物园保护联盟BGCI持续支助。研究过程中，专家发现，通过扦插枝条方法，可使它自行生根，但成活率不理想。现阶段，湖南省植物园迁地保育成功的长果秤锤树有20余株，今年有几株已开花并且顺利挂果，1300株扦插繁殖苗已盆栽，即将进入下一阶段研究。湖南省植物园自2017年开始承担湖南地区的本土植物清查与保育工作以来，共新增引种保育湖南本土野生植物1000余种，其中喜雨草、莽山紫菀、岩生蒲公英、石门小檗、石门鹅耳枥、祁阳过路、粗筒唇柱苣苔等均为国内外首次引种驯化种类。（来源：中国新闻网）

极小种群野生植物守护者科普活动圆满结束

7月30日-8月20日，中国科学院昆明植物研究所昆明植物园成功举办了极小种群野生植物守护者科研科普活动，从公益的角度，在线上发起守护招募，超过几百人报名，最终选拔出20位有志少年，与中国科学院昆明植物研究所昆明植物园的科研保育工作者一起守护极小种群绿色宝藏，为生物多样性保护助力。在这“云天收夏色，木叶动秋声”的季节里，我们的科研科普活动带领一批有志少年，亲眼见证并感受到了极小种群野生植物迁地保护、繁殖与栽培等突破性的研究进展，在这里通过科研保育工作者的不懈努力，有许许多多的极小种群野生植物种苗如同国宝大熊猫一样，实现野外回归，让更多物种的生存有了希望。少而学者如日出之阳，相信在这批守护者的感染和带领下，将有更多的少年和家庭参与到守护行动中，一道建设生态文明、保护生物多样性！（来源：云南广播电视台）



云南兰花蕉野外种群数量持续增加

8月4日，云南省红河州河口县林草局工作人员在对南溪戈浩野外云南兰花蕉进行调查时发现，其数量已由

2018年发现时的15丛增加到现如今的26丛。该物种是一种典型的极小种群野生植物，且生长环境特殊，分布极其狭窄，对生物多样性的保护和科学研究都具有重要意义。4年来，河口县林草部门持续加大了对南溪戈浩野外云南兰花蕉的保护工作，定期和不定期地对南溪戈浩野外云南兰花蕉开展科学调研工作。在最近的一次调查中，研究人员发现，南溪戈浩野外云南兰花蕉在自然条件下的繁育种群数量有所增加，4年来共增加了11丛。河口县林草局工作人员平艳梅说：“云南兰花蕉野外种群数量较少，自然状态下种群数量增加缓慢。目前云南兰花蕉已在河口极小种群植物园内分株培育10余株，长势良好。”（来源：人民网云南频道）



云南巧家实施极小种群物种保护 珍稀植物“巧家五针松”种群规模大幅增加

8月24日，记者日前从云南药山国家级自然保护区管理局获悉，通过多年的努力，仅存于昭通市巧家县的极小种群物种“巧家五针松”种群规模得到大幅增加，灭绝风险大大降低。“巧家五针松”野生植株已近全部编号，进行了单株GPS定位，实现了生长发育情况和植被群落长期监测。截至目前，累计实现人工繁育近7000株，保存幼苗幼树5000余株。张天璧介绍，目前，“巧家五针松”人工繁育移栽的存活率达到70%，实现了预期目标。下一步将增加两个移植点，让“巧家五针松”的种群数量达到



一定的规模，确保物种不会消失。据悉，除“巧家五针松”外，巧家县对境内的52种保护植物开展持续的资源调查，针对珙桐、南方红豆杉、连香等国家一、二级保护植物，还建立了野外监测样地实施监测，全力保护这些濒危野生植物。此外，巧家县还在县内6个管护站管护区域内安装了80部红外相机，目前已发现了31种国家重点保护野生动物。通过对其数量和种群变化的监测，从而更好的对它们加以保护。（来源：云南网）



毛枝五针松在昆明植物园极小种群野生植物专类园首次结实

8月30日，极小种群野生植物毛枝五针松在昆明植物园极小种群野生植物专类园首次结实，这意味着云南特有植物、国家II级重点保护植物毛枝五针松（*Pinus wangii*）的迁地保护取得了初步成功。毛枝五针松分布区极狭窄，数量极少，生长很缓慢；干形通直、树形优美、姿态高雅，是优良的园艺观赏植物；木材芳香耐久，材质致密坚韧，是制作高档家具的优良材料。昆明植物园从



1988年就开展了毛枝五针松的迁地保护研究，对其种子贮藏、育苗、生长发育规律、适应性等进行了系统的研究。1989年至2014年间，昆明植物园对毛枝五针松进行了数



次引种。经过园区管理人员6年的科学管护，20株幼苗成活，个别植株于今年首次开花结实，标志着在昆明植物园对毛枝五针松的迁地保护获得了初步成功。这也说明毛枝五针松的适应性强，种质资源发掘利用前景广阔，也对其引种、保护和回归等实践具有重要的意义。（来源：昆明植物园）



《兰花种子的培育》（中译版）出版

《兰花的种子培育》由菲利普·西顿（Philip Seaton）和玛格丽特·拉姆齐（Margaret Ramsay）合著，



于2005年以英文出版。中文版得到了达尔文基金和中国科学院昆明植物研究所的支持，于2021年9月由云南科技出版社出版。《兰花种子的培育》是作者基于多年的兰花培育经验编写的图书，有利于兰花种子的储存和萌发技术的传播和发展，让更多的人学习到兰花繁育技术，也有利于兰科植物物种多样性的综合保护。该书语言通俗易懂，配有许多照片、插图和流程图，将深奥复杂的科学内容和操作作用浅显的语言表达出来；内容详细，从理论到实践全面介绍了兰花种子的培育技术。该书注重对业余种植者的实用性，为不具备实验室条件的业余爱好者和专业人士而写，当一些实践操作在达不到实验条件时，作者提供了可以替代的工具和条件，让更多的爱好者可以实现种子培育兰花的愿望。（来源：杨湘云）



2021年广西极小种群野生动植物资源拯救项目获中央预算内投资同比增长104%

2021年9月，从国家林业和草原局获悉，国家下达广西极小种群野生动植物资源拯救项目中央预算内投资450万元，同比增长104%。项目主要用于支持东黑冠长臂猿、珍稀兰科植物、叉孢苏铁、元宝山冷杉等物种防护网、隔离带等保护拯救设施项目建设。项目实施后将使我区极小种群野生动植物及栖息地（生境）得到有效修复，促使濒危物种得到有效保护和种群恢复，促进野生动植物保护事业的健康发展。（来源：广西壮族自治区林业局）

COP15 专题采访：云南省极小种群物种保护成效显著

10月12日下午，COP15新闻中心云游青山绿水间开展了主题为《云南对极小种群物种保护》的专题采访，“国家林草局珍稀濒危森林植物保护和繁育、云南省森林植物培育与开发利用”联合重点实验室主任杨文忠，香格

里拉高山植物园理事长方震东介绍了云南对极小种群物种保护情况。据介绍，2011—2020年的十年间，云南省纳入国家和省级政府层面保护行动计划的极小种群野生植物共计87种，通过大量探索研究和实践，形成了包括种群调查、就地保护、迁地保护、种苗繁育、迁地保护、种群恢复与重建等方法措施和技术体系，实现了极小种群野生植物种群数量稳定和增长以及生境的改善，20余种极小种群野生植物脱离灭绝威胁，达到了拯救目标。十年来，全省实施



极小种群野生植物拯救保护项目100多个，系统调查极小种群植物80余种，较全面地掌握了调查植物受威胁状况；建立了30个保护小区（点）、13个迁地和迁地基地（园）、5个物种回归实验基地，突破了36个物种的人工繁育技术，共迁地保护61种10万余株，回归定植了极小种群野生植物16种3万余株，云南蓝果树、巧家五针松、华盖木、滇桐、云南金钱槭等67种野生植物得到有效保护和恢复。多个濒临灭绝的野生动物种类及其栖息地得到有效保护，多种珍稀濒危野生动物种群呈现稳定增长趋势，亚洲象数量从150头增长到300头左右，滇金丝猴数量从1400只增长至2600只左右，西黑冠长臂猿、黑颈鹤等多种珍稀濒危野生动物种群呈现稳定增长趋势，野生极小种群动物保护成效显著。（来源：人民网）

穆蕾玛和黄润秋在《人民日报》华盖木抢救性保护报道报纸上签名纪念

10月15日，COP15大会召开期间，人民日报发表《华盖木在抢救性保护中迎来新生》一文，以华盖木的抢救性保护为例，介绍了极小种群野生植物抢救性保护的过程和科学保护的实践，向公众宣传云南省极小种群野生植物保护成效。联合国生物多样性公约秘书处执行秘书穆蕾玛女

士和生态环境部部长黄润秋在人民日报该页报纸版面处签名留念。（来源：云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室）

太白山极小种群动植物保护监控站建成投用

10月31日，2021年陕西秦岭地区极小种群动植物保护项目太白山监控站，在眉县国有太白风景林场下板寺会仙坪、上板寺建成投用。该监控站是眉县林业调查设计队与省林科院合作实施的秦岭地区极小种群动植物保护项目建设内容之一，由西安晨阳电子工程有限公司承建的监控站主要实施独叶草生长及生境监控，监测独叶草生物周期和周边地区降水、温度、紫外线等因子变化情况，监控周边野生动物活动情况，为秦岭地区极小种群动植物保护与研究提供科学依据。（来源：眉县林业局）

云南省极小种群野生植物保护与利用创新团队通过考核认定、云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室通过三年运行考核评估

12月9日，依托中国科学院昆明植物研究所培育的“云南省极小种群野生植物保护与利用创新团队”获云南省科技厅认定。该创新团队培育期为2018年8月-2021年8月，为云南省极小种群野生植物保护与利用领域第一个省创新团队。同年10月，依托中国科学院昆明植物研究所建设的“云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室”顺利通过了云南省科技厅组织的考核评估。（来源：陶丽丹）



中科院昆明植物所携手西华公园共建极小种群野生植物保护科普基地

12月22日，日前，中国科学院昆明植物研究所与昆明市西华公园正式签署合作协议，将在西华公园合作共建极小种群野生植物保护科普基地，共同探索极小种群野生植物在城市中的迁地保护与应用。当前，昆明市正以饱满

《云南省极小种群野生植物保护名录（2021版）》出版发行

2021年12月30日，由孙卫邦主编，中国科学院院士郝小江作序，中国科学院昆明植物研究所、云南省林业和草原局、云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室资助出版的《云南省极小种群野生植物保护名录（2021版）》由云南科技出版社出版发行。本书简要回顾了过去十余年间我国、特别是云南省在极小种群野生植物综合保护方面所取得的成效、社会反响和国际植物物种多样性保护领域的评价，简述了编制《云南省极小种群野生植物保护名录（2021版）》的重要性、背景、物种征集和筛选、公开征求意见、相关厅（局）和专家最终审定过程，并重点对保护名录中的101种极小种群野生植物编辑成图鉴，图文并茂，编入了这些种类的主要识别特征、分布现状、受威胁因素和主要保护建议等信息，还标注了国家重点保护级别和受威胁等级。（来源：陶丽丹）



探索发现

黔桂交界石灰岩地区菝葜科一新种 ——盾叶菝葜

冯劼盈¹, 金鑫杰², 张晟璐³, 杨加文⁴, 费仕鹏⁵, 黄俞淞⁶, 刘演⁶, 祁哲晨¹, 李攀³

(1 浙江理工大学; 2 温州大学; 3 浙江大学; 4 贵州省植物园; 5 贵州茂兰国家级自然保护区; 6 广西壮族自治区中国科学院广西植物研究所)

贵州、广西交界处的石灰岩地区是我国生物多样性分布中心之一, 区内地势起伏, 生境多变, 孕育了完好的喀斯特森林植被和丰富的植物物种多样性。近期, 浙江大学联合浙江理工大学等科考人员在野外发现了一个菝葜科植物新种——盾叶菝葜 *Smilax weniæ* P. Li, Z.C. Qi & Yan Liu。

菝葜科 (Smilacaceae) 目前被认为仅包含菝葜属 (*Smilax* L.) 一属, 《中国植物志》中承认的另外一属——肖菝葜属 (*Heterosmilax* Kunth) 已并入菝葜属。该科 (属) 植物是旧大陆和新大陆各种森林生态系统中最丰富和最容易识别的攀缘植物之一。它们的典型特征是多年生木本, 极少为草本; 攀援, 偶有直立或蔓生; 根状茎常粗壮; 茎常圆柱形或有时具棱; 叶为二列的互生, 叶柄具鞘, 鞘上方有成对卷须或无卷须, 从鞘上部向上直至叶片基部的部分有一色泽较暗的脱落点; 花小, 单性异株, 通常排成单个腋生的伞形花序, 较少若干个伞形花序又排成圆锥花序或穗状花序; 花序的基部有时有一枚与叶柄相对的鳞片 (先出叶); 花序托常膨大, 有时稍伸长, 而使伞形花序多少呈总状; 花被片 6 枚, 卵形至椭圆形, 多为黄绿色, 离生, 极少基部靠合, 或有时花被片合生成筒状; 雄蕊通常 6 枚, 极少可为 3 枚或多达 18 枚; 花药基

着, 通常 1 室, 内向; 雌花具 3 心皮, 具 3 或 6 枚丝状或条形的退化雄蕊, 有时缺如; 花柱较短, 柱头 3 裂, 子房 3 室, 每室具 1-2 枚胚珠。浆果通常球形, 熟时黑色、蓝色、红色或橙色, 有时具粉霜。种子 1-3 枚。

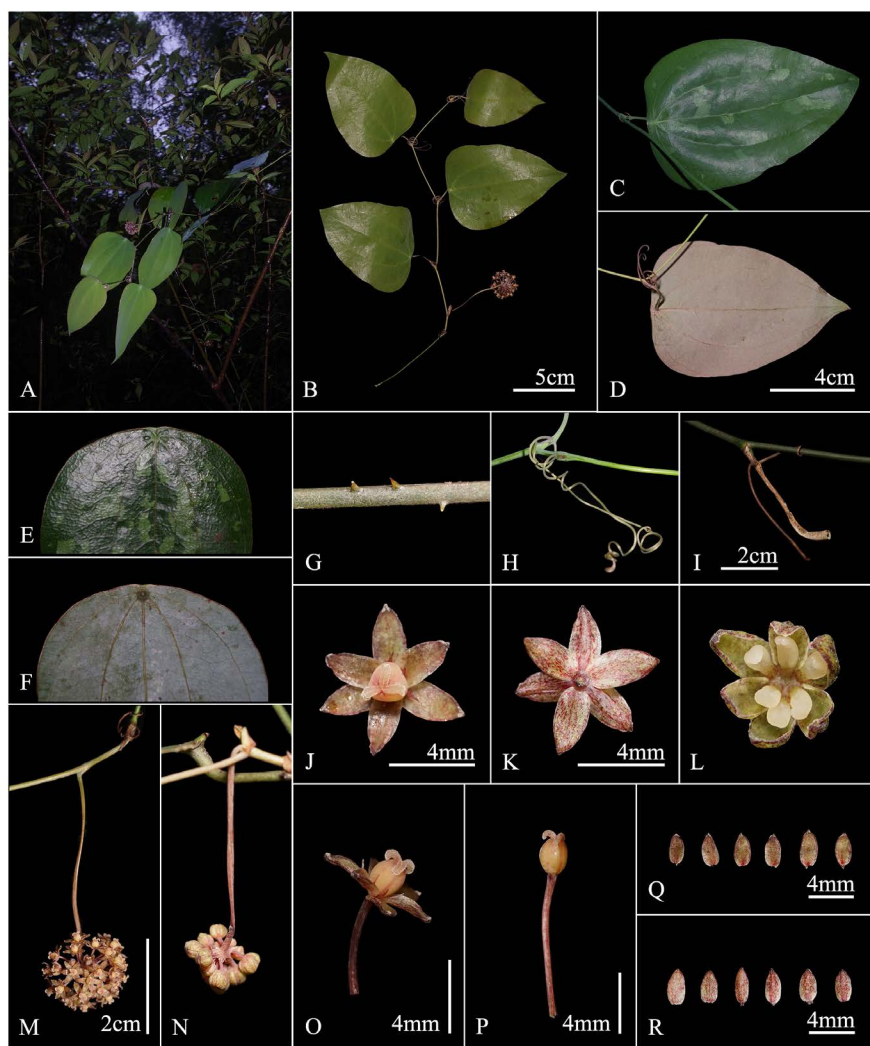


图 1. 盾叶菝葜 (*Smilax weniæ* P. Li, Z.C. Qi & Yan Liu) 的野外及解剖照

2018 年 8 月, 浙江大学李攀博士和贵州省植物园的杨加文工程师等在贵州茂兰国家级自然保护区联合开展极小种群野生植物调查时, 发现一种叶片盾状着生的菝葜科植物。在此之前, 叶片盾状着生的菝葜科植物仅有 1 种, 即分布于我国台湾省的吕氏菝葜 *Smilax luei* T. Koyama。通过多次的野外观察、标本及文献查阅、形态比较和系统发育树构建, 最终证实是一个新种。在查阅标本时发现, 文和群于 1994 年 12 月 2 日在一份标本 (滇黔桂队 70302, 藏于广西植物研究所标本馆 IBK) 上拟了裸名 “*Smilax*

peltatus H.Q. Wen”, 所以她是第一个意识到这份标本代表了一个新种的人, 而 “*peltatus*” 显然是指其叶片盾状着生。文和群于 1982 年从中山大学植物学专业毕业后即在广西植物研究所工作, 1995 至 2000 年任广西植物研究所副所长, 随后调入广西柳州市人民政府任副市长。2013 年 5 月 3 日, 文和群前往黔桂交界地区考察调研少数民族文化产业发展情况, 因雨大雾浓、道路弯多湿滑, 车子不慎坠入悬崖, 不幸遇难。为了纪念文和群女士, 我们将这一新种命名为 *Smilax*

weniæ。目前这个物种只在黔桂交界处发现 3 个分布点, 而且种群数量很少, 是典型的极小种群野生植物。

相关成果以 “*Smilax weniæ*, a new species of Smilacaceae from limestone areas bordering Guizhou and Guangxi, China” 为题发表在国际植物学期刊 *Plants* 上。该研究得到国家科技部基础资源调查专项项目 “中国西南地区极小种群野生植物调查与种质保存” (2017FY100100) 和国家自然科学基金面上项目 (31970225) 等项目支持。

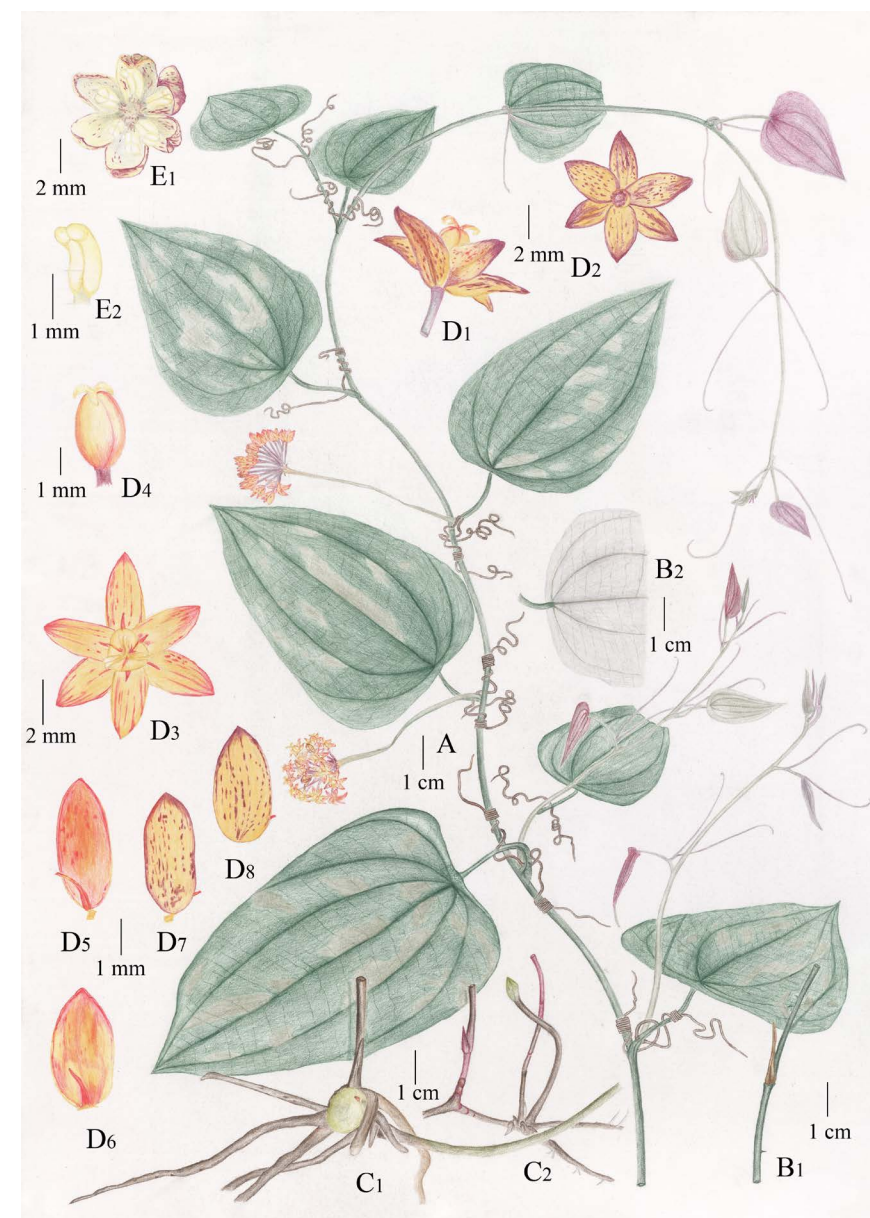


图 2. 盾叶菝葜 (*Smilax weniæ* P. Li, Z.C. Qi & Yan Liu) 的彩铅绘图

滇西南地区极小种群植物调查发现 三个植物新分类群

马兴达, 申健勇

(中国科学院西双版纳热带植物园)

2021年, 中国科学院西双版纳热带植物园园林园艺中心工作人员在临沧、德宏和玉溪开展极小种群野生植物调查的过程中, 陆续发现并发表植物新种3个: 长柱报春花 *Primula longistyla*、盈江斑果藤 *Stixis yingjiangensis* 和绿汁江吊灯花 *Ceropegia luzhiensis*。

2021年3月初, 工作人员在临沧市沧源县发现一种正处于盛花期的报春花属未知植物, 通过对该物种花果解剖, 文献查阅以及相似种的模式标本核对后, 最终确认为一新种, 根据其花柱较长的特征, 将其命名为长柱报春花 *Primula longistyla*, 在线发表于期刊 *Nordic Journal of Botany* 上。长柱报春花目前仅在沧源县勐来

大峡谷溶洞口的崖壁上发现一个居群, 数量100株左右, 生境受人为干扰较为严重, 根据IUCN的评估标准将其濒危等级评估为极危 (Critically Endangered)。

2021年3月底, 版纳植物园园林园艺中心与云南铜壁关省级自然保护区管护局的工作人员在德宏州进行滇西南极小种群植物联合调查时, 在盈江县发现一个斑果藤属疑似新种, 通过详细的形态特征观察和查阅文献查阅, 最终确认该物种为一新种, 并以它的发现地云南省德宏州盈江县, 命名为盈江斑果藤 *Stixis yingjiangensis*, 发表于期刊 *Taiwania* 上。盈江斑果藤目前在德宏州盈江县共发现了两个居群 (共10株), 但由于这两个居群都离边境线很近, 预

计缅甸克钦邦一侧或许也有分布, 目前该物种的野外分布情况还不是很清楚, 根据IUCN的评估标准暂时评为数据缺乏 (Data Deficient)。

2021年9月中旬, 工作人员在云南省绿汁江河谷调查极小种群植物时, 发现一种吊灯花属未知植物, 并拍摄照片和采集标本, 后经文献查阅和标本比对, 确认其为一新种, 根据模式产地, 将其命名为绿汁江吊灯花 *Ceropegia luzhiensis*, 在线发表于期刊 *Nordic Journal of Botany* 上。该新种目前仅在易门县绿汁镇后山坡发现一个居群, 零星的分布在干热河谷稀树灌草丛中, 生境受人为干扰较为严重, 根据IUCN的评估标准将其濒危等级评估为极危 (Critically Endangered)。

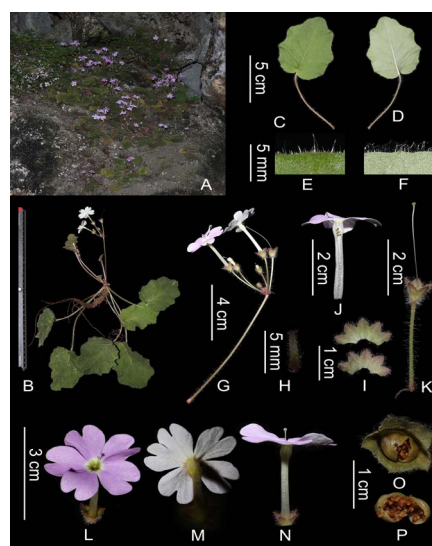


图1. 长柱报春花 *Primula longistyla*. A: 生境; B: 植株; C-D: 叶片正面和背面; E-F: 叶片正面和背面密被长毛; G: 花序; H: 苞片; I: 花瓣; J: 花冠纵切; K: 花 (去花瓣); L-N: 花正面、背面和侧面; O-P: 果实和果实纵切。

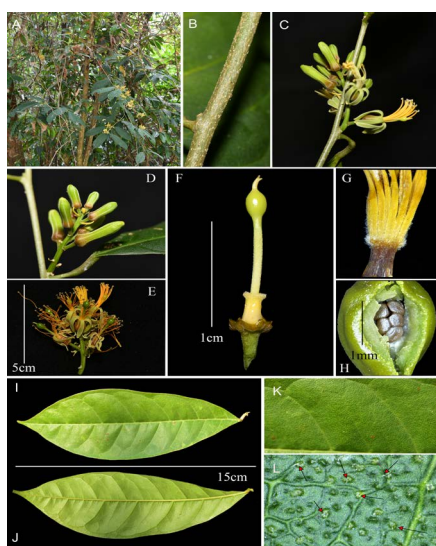


图2. 盈江斑果藤 *Stixis yingjiangensis*. A: 生境; B: 茎干; C-E: 花序; F: 展示花 (去除花萼后) 的雌雄蕊柄, 雌蕊柄, 子房, 和柱头; G: 花丝中下部和雌雄蕊柄上部; H: 子房内部展示其中一室的胚珠; I-J: 花冠纵切; K-L: 叶子正面的泡状凸起和短毛。

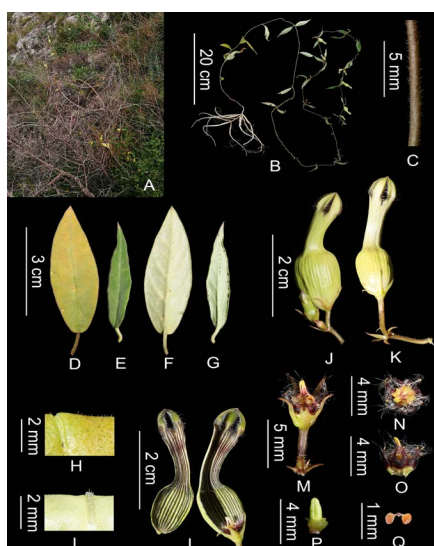


图3. 绿汁江吊灯花 *Ceropegia luzhiensis*. A: 生境; B: 植株; C: 茎; D-G: 叶片正面和背面; H-I: 叶片正面和背面细节放大; J-K: 花序; L: 花冠纵切; M: 花 (去花瓣); N: 副花冠正面; O: 副花冠侧面; P: 子房; Q: 花粉块。

青藏高原二次科考之杜鹃花属的 极小种群野生植物

舒恒, 刘德团, 马永鹏

(中国科学院昆明植物研究所 云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室)

在2021年的六月份, 趁着冰雪融化后正值似初春般的藏区, 鲜花漫山遍野开放的时候: 我们一行人六月四日开始自昆明出发开始了二次科考的行程。沿着219国道从南到北, 顺着怒江逆流而上, 过怒江州到贡山县, 再经察瓦龙乡从这条藏西南的新路进入了藏区。六月正是藏区雨水少的时候, 一路上除了在翻山越岭时经过垭口的地方, 少有雨水肆虐让路难行的时候。沿途的花花草草也因此在这里雨水不至于阻碍行程又不降低能见度

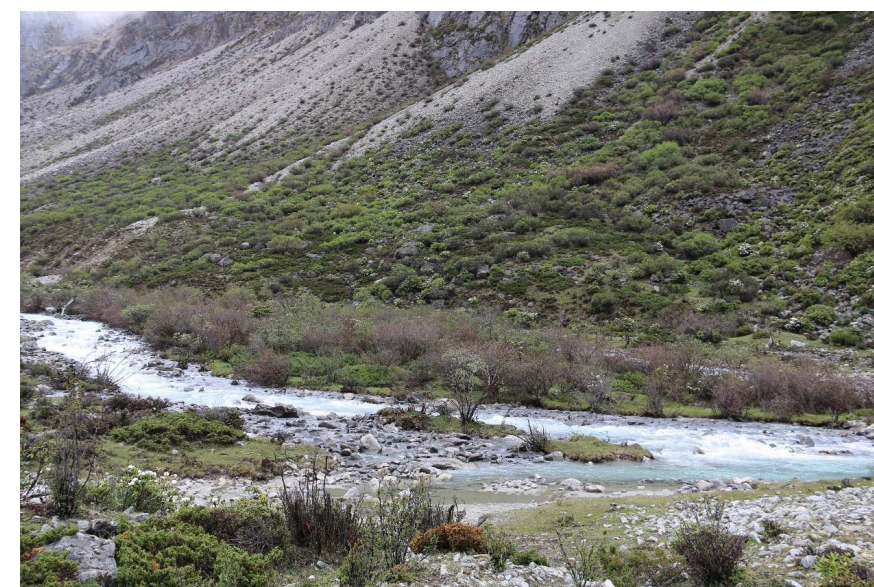
的时候有了更多的关注度。高黎贡山的原始森林让我久久难忘, 成群连片又依山傍势的成群冷杉林, 附生其上的苍山越橘如豆一般大小的重复又规整的卵圆形叶片。往下是滚滚奔腾的独龙江水, 往上是云遮

雾蔼的山峦重叠, 往前是站在壁挂公路两旁的冷杉林和再远一点在对面山的林木全貌, 以及再远处的群山, 一个山头连着一个山头。人继续往上面爬, 山越来越高, 冷杉林就看不见了。取而代之的先是灌木丛再高处是草甸。在一处有黄色的花在开, 看不清楚具体样貌但是马老师凭借对生境的熟悉猜测估计是我们想找的目标物种。刘老师则一个箭步就像是闲庭散步一般轻松就上了崖壁, 以往的文献标本记录分布于藏东南的朱砂杜鹃在贡山上出现, 为云南省的新记录 (新分布)。



离开察瓦龙便正式进到西藏的地界了。自竹瓦根镇往然乌镇的途中在一个即将翻过垭口的路边, 我第一次见到了流石滩, 山间雪水冲刷的坝子上, 冰冻和风化过后留下的碎石块瘫聚在一起。在矮一点靠近溪水的地方有成片的灌木状杜鹃。白毛杜鹃、髯花杜鹃、凝毛栎叶杜鹃……不甚枚举, 一丛一丛地在溪流两边的半坡上开放; 其中白毛杜鹃为极小种群物种。山间的云同远山的雪, 朦胧的雾气和淅淅沥沥的雨, 同盛放的杜鹃们在这一片人间胜景下自成一处, 安静地盛放。

往前就是波密县城, 在旅社老板的推荐下我们一行人去了卓龙沟, 穿过一片神秘静谧的树葬群, 沿着山沟往前方的雪山徐徐前行。雪水从山上融化流下来, 地上、路上、林子里都是融雪的水沟蔓延交错, 高郁闭度让人口的林子显得有点阴深, 而湿漉漉的脚下却让林子水汽森森。山育杜鹃



便是藏在了这样的林子里面，摘下叶片折断的味道独特，很容易让人记住。一行人一直往前，走出林子才知道这是一个山沟里面，往前是嘎隆拉山的后坡，两侧是绝壁的雪山。而一直轰隆隆像爆炸山打雷一样的声音则是前面不远处雪层崩塌而引发的雪崩声，所幸隔了很远。走到山脚下的时候，前面被雪层挡住了去路，但是越过雪层过后的山腰上有或红或紫的花朵在开放。刘老师依然是最为迅捷的，我虽然年轻，但是就是觉得脚很沉迈，一步像是平时在爬家附近的山时候的三步重，于是只能走在刘老师后面了。功夫不负有心人，我们在卓龙沟收获颇丰——紫玉盘杜鹃、粉果杜鹃、三花杜鹃、显绿杜鹃、广口杜鹃等，算是对得起行程。

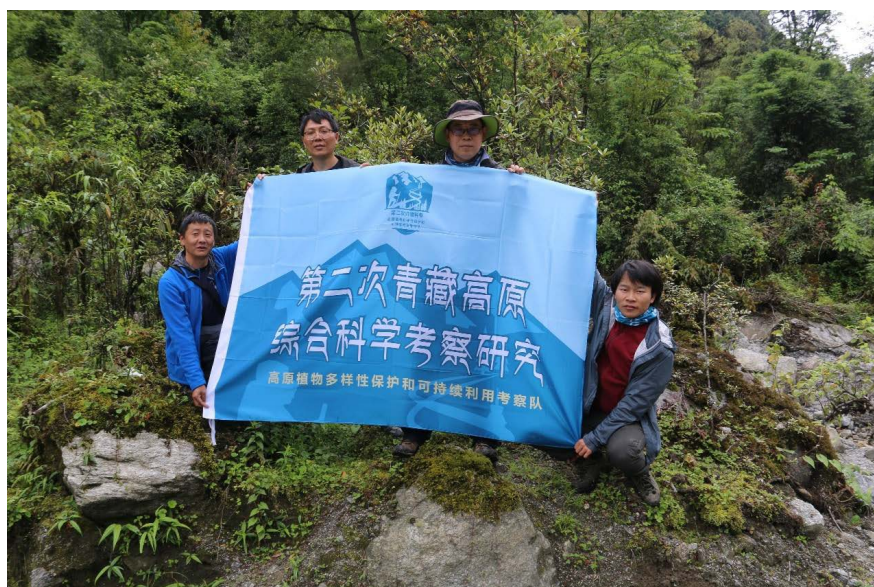
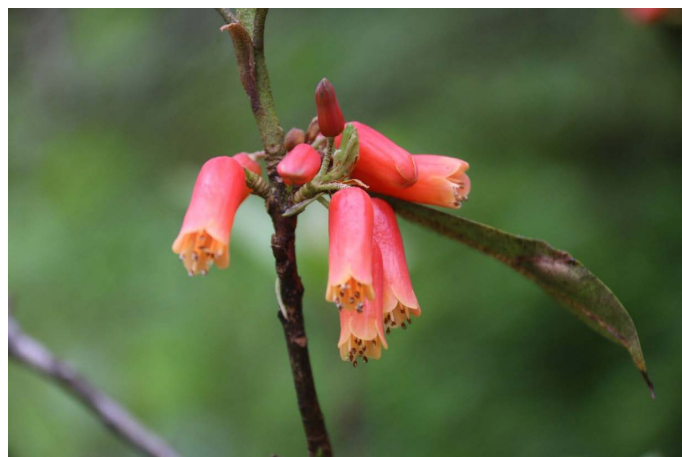
波密沿扎墨公路穿过嘎隆拉隧道就可直达墨脱。这趟路是最精彩也是最有意思的！它可以一天之内就体会到不同的气候风光，从波密县城的春光洋溢的街头出发，在嘎隆达隧道口前停下，爬上嘎隆拉山，踩着雪层和石头前进，山间的风过来是透彻的寒。而过了隧道后，车越往前面开，海拔就越来越矮，到后面温度上来了就热得脱衣服下来。路两旁的植物也是绝佳，木兰杜鹃高大挺拔，叶片和花都很大，是以往以来见识过最大的杜鹃属植物。车此时已经是沿着雅鲁藏布江行驶着，而路旁的一串串橙红色的管状花吸引了我们的注意，停车去看，一丛丛的就长在林子里，经鉴定是极小种群野生植物、IUCN 濒危(EN)物种——薄叶朱砂杜鹃。再往前走就越来越热了，当车窗外面的植被茂密如雨林时，我们便到了墨脱县城了。

本打算在墨脱多呆呆，但是打听到解放大桥不能过去，背崩乡只能丛米林县的派镇而去。第二天一早，我们在墨脱县城山后的仁钦崩寺周围转了一圈，便直接开车原路返回再从波密去往派镇了。但是从派镇能顺利地到达拉格也废了一番心思来。所幸

我们遇到一位在派镇后山的工作人员，经过他的帮助终于如愿到达了拉格乡，而在这派墨公路的旁边，我们发现了被 IUCN 列为极度濒危的杜鹃——折萼杜鹃，同时也是极小种群野生植物(PSESP)。经过一系列的保护工作，目前我们已顺利将该物种周围的生境保护起来。

出了墨脱又回到墨脱，后面又途径朗县、隆子、山南最后到拉萨，旅途中的山山水水花草树木实在是太让人兴奋，在车上的时间眼睛一直望向窗外，生怕错过了什么好东西。好在天公作美，虽然经历了一些困难，

但是成功地完成了本次考察任务。在此向同行的马永鹏老师、刘德团老师表示感谢，也对一路上辛勤驾驶的司机黄文荣表示感谢。



玉龙杓兰亟待更好的保护

明升平 李金

(中国科学院昆明植物研究所 丽江高山植物园 / 云南丽江森林生物多样性国家野外科学观测研究站)

玉龙杓兰(*Cypripedium forrestii* Cribb) 属于兰科、杓兰属、无苞组的物种^[1]，是植物学家 George Forrest 于 1913 年在云南省丽江地区采集并命名，是中国滇西北特有种，只分布在云南西北部(丽江、中甸)，主要生于海拔 3300 米左右的林下、林缘、灌木丛生的坡地或开旷林地上，尤其在溪边林缘种群居多。其伴生种主要是玉龙山箭竹、云南松、钝叶蔷薇、斑叶兰、普通鹿蹄草、楔叶杜鹃、小檗属等物种。

Cribb 和 Sandison (1998) 调查了全世界杓兰属植物标本的保藏状况，玉龙杓兰的标本总数不足 5 份^[2]，在国内标本馆中的记录则更为稀少，当前可以查到的记录只有 1 份。鉴于玉龙杓兰狭小的分布区域，稀少的个体及野外生存情况，在 (2013) 《中

国生物多样性红色名录-高等植物卷》和 (2017) 《中国高等植物受威胁物种名录》都将玉龙杓兰评估为极度濒危(CR) (Critically Endangered)^[3]，新版的《国家重点保护野生植物名录》和《云南省极小种群野生植物保护名录》(2021 版)也都将其纳入其中。

自 2019 年我们在丽江玉龙雪山自然保护区中发现 1 个玉龙杓兰的居群以来，一直在开展玉龙杓兰野外生存状况和居群动态变化监测。目前，在玉龙雪山中共发现了 3 个居群，且都相距不远，虽然其中两个居群都有 20-30 个地上个体，但由于玉龙杓兰的一个根状茎同时拥有多个顶芽，所以这些个体都可能来自同一个或者少数无性系。虽然玉龙杓兰有很强的无性繁殖能力，但在自然状况下结实率很低，在有些年份，单个居群的结实

率甚至为零。调查到的 3 个居群虽然都在玉龙雪山自然保护区之中，受到了保护区的保护，但其生长位置都靠近溪流边，季节性的河道变化严重威胁了其生存，其中一个居群已被河流冲掉了一多半的个体。

鉴于目前玉龙杓兰的野外生存状况，一方面需要继续加强玉龙杓兰野外种群保护力度，另一方面需要通过人工授粉扩大结实率并探索其种子萌发条件，为迁地保护奠定基础。

参考文献:

[1] 郎楷永, 陈心启, 罗毅波等. 中国植物志: 第 17 卷. 科学出版社. 1999: 34.

[2] Cribb P, Sandison MS. A preliminary assessment of the conservation status of *Cypripedium* species in the wild. Botanical Journal of the Linnean Society. 1998, 126: 183-190.

[3] 覃海宁, 杨永, 董仕勇等. 中国高等植物受威胁物种名录. 生物多样性. 2017, 25(7): 49.



A: 玉龙杓兰(*Cypripedium forrestii* Cribb)的花; B: 玉龙杓兰的果; C: 玉龙杓兰的叶; D: 被流水破坏的玉龙杓兰居群。

滇东南凤仙花科一新种——五台山凤仙花 (*Impatiens wutaishanensis*)

廖荣丽^{1,2}, 蔡磊², 喻智勇³, 王跃华¹, 孙卫邦²

(1 云南大学; 2 中国科学院昆明植物研究所 云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室; 3 云南金平分水岭国家级自然保护区管理局)

2015 年在对云南金平分水岭国家级自然保护区进行植物考察时, 我们发现了一种未知凤仙花, 经过仔细查证, 确定其为新种。根据模式标本采集地, 将其命名为五台山凤仙花 (*Impatiens wutaishanensis* R.L. Liao & Lei Cai)。

五台山凤仙花为多年生草本植物, 高 10-35cm, 无毛; 浅根系, 有横走茎和不定根; 茎肉质、直立; 叶全缘, 互生或在茎顶端簇生或近轮生; 叶柄 0.5-2.4cm, 叶片长 3.5-12cm, 宽 1.5-4cm, 椭圆形、披针形或长椭圆状披针形, 基部楔形, 顶部渐尖, 边缘具圆齿, 齿间具短尖; 叶正面深绿、背面淡绿, 侧脉 4-8 对; 总状花序 1-4 条, 生于上部叶腋, 高 4.2-28cm, 直立, 每个花序多达 22 朵花, 花梗 0.6-2.5cm 长, 基部具苞片; 苞片约 8mm 长, 披针形到钻形, 先端锐尖, 基部钝, 边缘全缘; 花黄色, 侧萼片 4, 浅绿色, 外侧 2 枚长 5-8mm, 宽 3-4mm, 卵形或倒卵形, 内侧 2 枚长 8-13mm, 宽 1-3mm, 镰刀形, 斜披针形, 先端渐尖或尾状; 唇瓣长 1.5-2.2cm, 宽 1.2-2cm (不含距), 黄色到黄绿色, 带红色斑点, 斜漏斗状, 基部逐渐缩窄成距, 距长 1.2-3cm, 稍弯曲, 先端具喙。旗瓣长 1.3-2.3cm, 宽 0.7-1.6cm, 黄色, 基部近透明, 倒卵形至卵形,

先端渐尖, 背面中肋不明显, 基部截形或楔形; 翼瓣约 1.6-3cm 长, 黄色, 基部近透明, 具有红色斑点; 雄蕊 5, 花丝线形, 长约 3mm, 花药钝; 子房纺锤形, 稍弯曲, 中轴胎座具 4 室; 未成熟蒴果棒状, 长 2-2.5cm。花期 8-11 月, 果期 9-12 月。

五台山凤仙花目前在金平县发现了两个分布点, 且分布点距离中越边境线很近, 推测越南可能也有分布。

五台山凤仙花分布面积 < 100km², 占有面积 < 15km², 按 IUCN 红色名录标准, 将五台山凤仙花濒危等级评为 VU (易危)。同时由于两个分布点分别只有约 350 株和 200 株个体, 根据极小种群野生植物的评定标准, 五台山凤仙花属于极小种群野生植物物种, 需要开展相应的保护和研究工作。

(翻译、编辑: 陶丽丹)

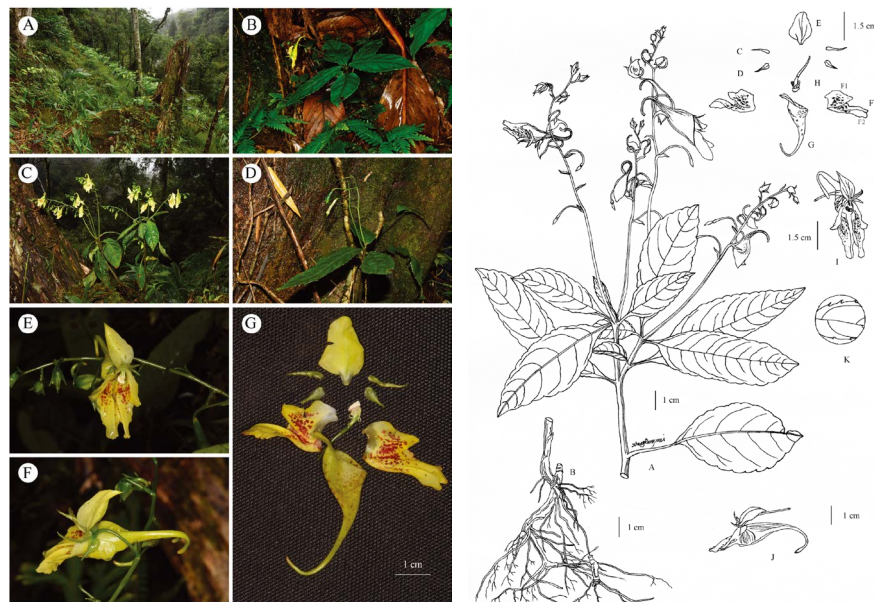


图 1. 五台山凤仙花 (*Impatiens wutaishanensis* R.L. Liao & Lei Cai) A: 生境; B: 全株; C: 花序; D: 蒴果; E: 花正面观; F: 花侧面观; G: 花的不同部位。

法斗观音座莲 (*Angiopteris sparsisora*) 的再发现

蔡磊

(中国科学院昆明植物研究所 云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室)

法斗观音座莲 (*Angiopteris sparsisora* Ching), 也叫法斗莲座蕨, 现隶属于合囊蕨科 (Marattiaceae) 莲座蕨属 (*Angiopteris*), 修订前属于观音座莲科 (Angiopteridaceae) 观音座莲属 (*Angiopteris*)。该种是秦仁昌先生于 1982 年根据武素功先生 1962 年采集于滇东南西畴县法斗的标本发表的新种, 由于特殊的形态特征, 拟为一个假定观音座莲属 (*Angiopteris*) 和原始观音座莲属 (*Archangiopteris*) 间的杂交种。从该种发表至今, 能公开检索到的标本记录也只有 1962 年武素功先生和 1978 年王中仁先生同在模式产地采集的标本。

在 1999 年和 2021 年颁布的《国家重点保护野生植物名录》里, 法斗观音座莲均被列为国家二级重点保护植物, 2010 年云南省人民政府批复的《云南省极小种群物种拯救保护规划纲要 (2010-2020) 和紧急行动计划 (2010-2015)》中将其列为 62 个急需拯救保护的极小种群野生植物之一。而在 2017 版的《云南省生物物种红色名录》中则被列为数据缺乏 (DD), 并且 The IUCN Red List of Threatened Species 也未对其进行评估。在 2012-2020 年间, 中国科学院昆明植物研究所极小种群野生植物综合保护团队 (下称: 昆明植物所极小种群保护团队) 在执行“云南省第二次重点保护野生植物调查”项目 (39Y33G83126) 和国家科技基础资

源调查专项项目“中国西南地区极小种群野生植物调查和种质保存” (2017FY100100) 过程中, 多次在其分布区调查均未发现该种。在编制《云南省极小种群野生植物保护名录 (2021 版)》时, 因没有确切的野外分布点不能开展保护行动, 未将其纳入保护名单。

2021 年 12 月, 昆明植物所极小种群保护团队和西畴县国家级自然保护区管护分局工作人员在西畴法斗调查到法斗观音座莲 (初步鉴定) 的一个小种群, 经云南大学蕨类植物专家陆树刚教授鉴定确是法斗观音座莲。

目前发现的分布点仅有 4 株, 并且受人为干扰严重, 威胁因素主要是草果种植对其生境和植株的破坏。而之前, 云南大学研究团队也记录只有 1 个分布点 7 株。依据近年来野外调查结果和 IUCN 评估标准, 法斗观音座莲的濒危等级应评估为极度濒危 (CR), 且面临随时灭绝的危险, 是典型的极小种群野生植物, 需要尽快采取抢救性保护行动, 优先建立就地保护小区或保护点, 保护发现的分布点植物及其生境, 并开展人工繁育技术研究, 为近地保护、迁地保护、种群增强和回归提供技术支撑。



图 1 法斗观音座莲现状: A. 野外调查中; B. 植株; C. 羽片背面; D. 根状茎; E. 孢子展示

昆明植物园在极小种群野生植物保护中的作用

陈智发

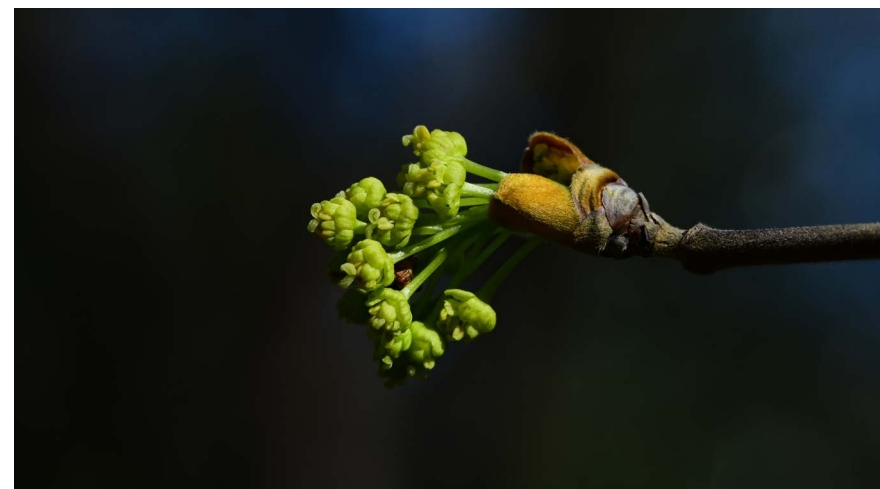
(中国科学院昆明植物研究所 昆明植物园)

自人类文明诞生以来，全球生物多样性快速丧失，即“第六次生物大灭绝”，人类文明也面临着最严峻的考验和挑战。在全球化的浪潮中，中

群野生植物是一类数量极少、分布狭窄在人类的严重干扰下随时面临灭绝的极度珍稀濒危植物，是一类经历重大地质事件、见证人类文明史、进

昆明植物园在长期实践和探索中，发展了一整套切实可行的极小种群野生植物研究、保护和教育体系，引领了全球极小种群野生植物的综合保护，对指导生物多样性保护起到了不可磨灭的作用。

自云南于2005年首次提出“极小种群”，昆明植物园对此概念进行了补充和完善，并发扬光大。2013年《云南省极小种群野生植物实践与探索》和《保护极小种群野生植物：中国在行动》(Conserving plant species with extremely small population (PSESP) in China)、2016年《Plant Diversity》专刊、2019年《云南省极小种群野生植物研究与保护》等出版，奠定了极小种群野生植物科学成熟的研究体系。“极小种群野生植物”概念提出了物种实际保护中可指导和操作的优先性、紧迫性、抢救性、种群大小、人为干扰等因素，而成熟个体少于5000株，每个隔离种群成熟个体少于500株，是中国应“抢救性保护”的极小种群野生植物，重点关注那些成熟个体少于100株的典型极小种群野生植物。科学拯救极小种群野生植物的途径必须是抢救性保护与系统研究相结合，从而推动和指导了《云南省极小种群物拯救保护规划纲要(2010-2020)》和紧急行动计划(2010-2015)》62种、《全国极小种群野生植物拯救保护工程规划(2011-2015)》120种、国家科技基础资源调查专项项目“中国西南地区极



国于2005年率先提出保护生物学领域的重大概念“极小种群”，并拉开了极小种群野生植物保护行动计划，这是全世界首次探索与实践。极小种

化几百万年甚至数千万年后的地球遗产。中国高等植物37790余种，是世界上植物多样性最丰富的国家之一，也是接收自然瑰宝最多的国家之一。



小种群野生植物调查与种质保存”231种、《云南省极小种群野生植物保护名录(2021版)》101种极小种群野生植物的综合保护。2020年，昆明植物园“云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室”通过专家验收，成为全国极小种群野生植物综合保护的示范中心，研究团队已对漾濞槭、华盖木、毛果木莲、西畴青冈、滇桐、旱地木槿、大树杜鹃、云南梧桐、蒜头果、腺叶醉鱼草、土沉香、贯叶马兜铃、大百部、白魔芋等30余种典型极小种群野生植物进行较系统的研究与保护试验示范。

就地保护与迁地保护是保护野生植物的常规手段，然而我国幅员辽阔，自然保护地不能完全覆盖，同时由于生境丧失、气候变化，并非所有植物都能得到就地保护。我国现有植物园(树木园)近200个，迁地保护植物2.3万余种，占本土植物种类的

60%。长期以来，植物园在保护生物多样性方面发挥了积极的作用。昆明植物园建立了全球首个极小种群野生植物专类园，形成了《国家重点保护野生植物名录(2021版)》物种260余种、IUCN标准评估的受威胁植物350余种、61种极小种群野生植物、以及《云南省极小种群野生植物保护名录(2021版)》101种中的46种，如华盖木、滇桐、毛果木莲、巧家五针松、漾濞槭、普陀鹅耳枥、蒜头果、杜鹃红山茶、连香树等极小种群野生植物的乐园，并依托“中国西南野生生物种质资源库”进行全方位的迁地保护，与相关单位合作建立了12个迁地保护基地。同时，昆明植物园与林草部门等合作建立了漾濞槭、华盖木、滇桐等极小种群野生植物就地保护的保护区30个，保护了那些在保护区外散落的个体及其生境；建立了9种极小种群野生植物的4个迁地

保护基地，这种生境模拟、增强人工管护，但介于迁地保护和回归自然之间的特殊保护形式，是科研、保护和教育的重大创新举措；开展了20个极小种群野生植物的种群增强和野外回归工作，使得这些种类的种群数量在逐渐恢复中，并开创了一些物种回归的新模式。

因此，美国科学院士、英皇家植物园邱原主任 Peter Crane 发表评论文章盛赞：保护生物学研究往往强于理论而弱于实践，很多保护行动并未能科学地实施，但 PSESP 保护计划一方面进行科学研究，一方面落实保护行动，打破了理论和实践的壁垒，产生了很多保护成功的案例。

案例一：绝处逢生的漾濞槭。

它是一种“枫树”，叶背面毛茸茸的像一个胖手掌，因发现于云南大理漾濞县而得名。2001年，陈又生博士翻阅标本时敏锐地预测新种，经实

地考察发现仅4株，能开花结果就3株。2007年，昆明植物园开始对漾濞槭进行系统研究，并突破了种子萌发难题，成功繁育了1600余株漾濞槭幼苗。这些小苗一部分留在植物园进行观测、研究和展示，于2015年首次开花、结果，标志着迁地保护初步成功；一部分迁到滇西基地大理漕涧林场进行近地保护，2020年开花结果；一部分回归自然，增加了野外种群数量。2016年，通过基因流和野外调查在苍山西坡发现了新的漾濞槭种群，野生个体共有577株，研究人员采集新分布点的漾濞槭种子，人工繁育出近5万株幼苗用于迁地保护、近地保护、种群增强和自然回归，并将DNA材料保存于种质库。2019年，成功解析漾濞槭全基因组。2020年，在云龙县凤凰山发现漾濞槭新种群，全球漾濞槭共13个分布点（亚种群）、743株。2021年，研究团队在漾濞槭保护

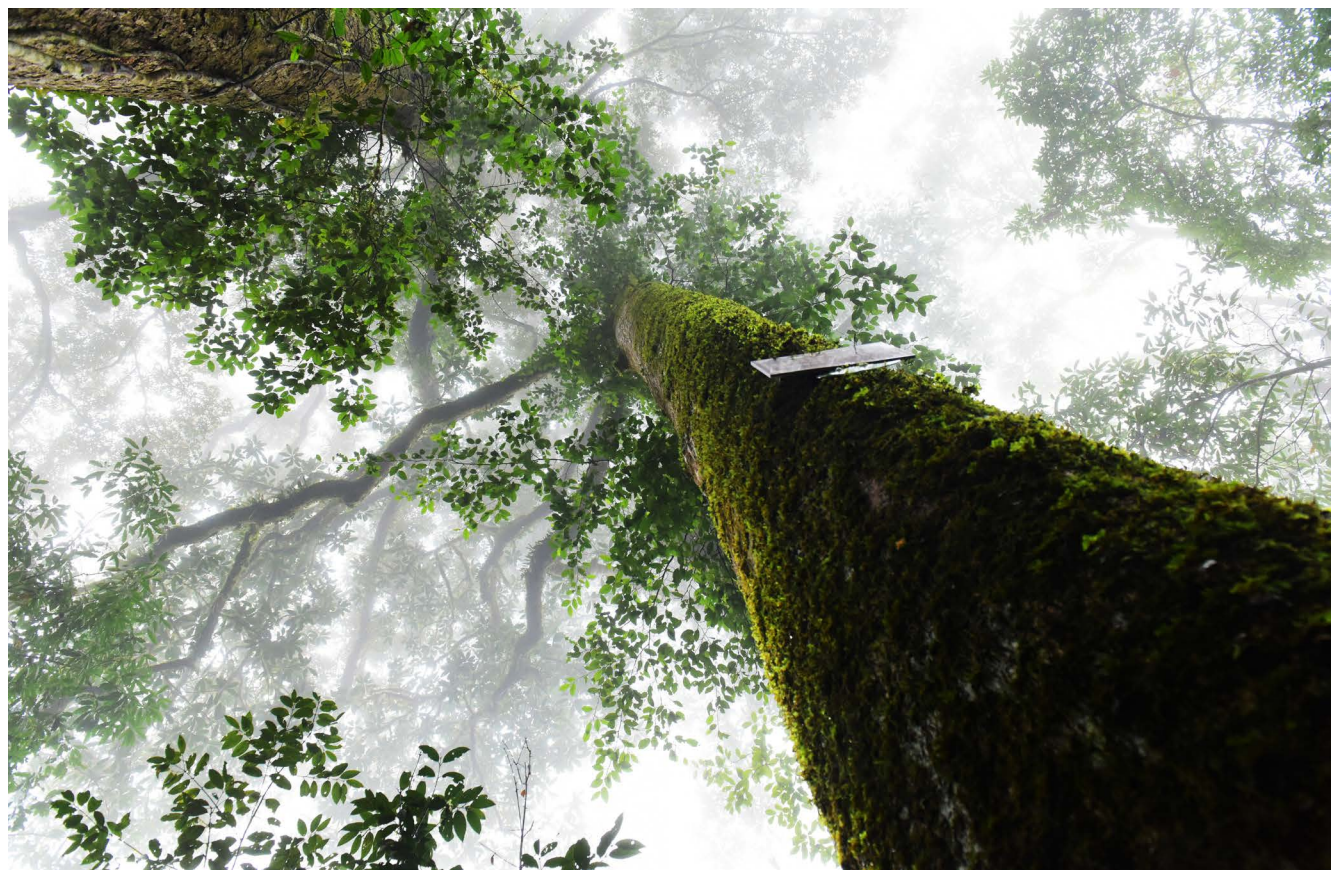
基因组研究与保护策略制定方面取得重要进展，为基因组水平上进行极小种群野生植物的科学保护开创了一个典范。

案例二：柳暗花明的华盖木。

华盖木为我国特有的、古老的木兰科第三纪孑遗单属植物，因其树形“亭亭如华盖”而名满世界。野生个体仅存52株，散生于云南省西畴、马关、屏边、河口和金平等地数千平方公里的阔叶林中。自2004年，昆明植物园研究团队对华盖木展开了综合保护和系统研究，采取就地保护、迁地保护和回归自然等抢救性保护措施，效果显著。华盖木花有二次开放现象，传粉者为一种甲虫，但数量较少，此外生境片段化、人为干扰严重、种子常被啮齿动物取食，导致自然更新困难。保护区内分布有40株华盖木，分布于保护区外的12株位于马关县和金平县，已经建立保护小区。同时，

回归的人工培育幼苗达15000多株。迁地保护于昆明植物园的华盖木已有三十多年树龄，2013年首次开花。该迁地保护种群保存了该物种70%左右的遗传多样性，是保存遗传多样性最高的迁地保护种群；回归自然的华盖木小苗长势良好，回归种群保存了该物种50%左右的遗传多样性。

17年的发展，“极小种群”已深入人心。2017年，生态环境部下发通知《生态红线划定指南》规定极小种群物种分布的栖息地为重要的生态保护地；2018年出台的全国首个《云南省生物多样性条例》规定极小种群物种进行抢救性保护；2021年，50种极小种群植物专项拯救被纳入国家“十四五”规划中，《建议向世界推广极小种群保护工作》被人民日报内参所采用。其保护基本理论与模式（实践经验）也被一些发达国家和发展中国家应用于其本土植物的保护。



五星之花再生记 极小种群野生植物之滇桐保护案例

文字：陈智发，冯石；图片：陈智发
(中国科学院昆明植物研究所 昆明植物园)

在中国西南最北缘的雨林中，生长着一种开着五角星粉红色小花的植物，花像极了五星红旗的五角星。通直的树干高达30米，开阔的冠幅，足以与森林中的高大冠层树种相媲美。

滇桐，这种以云南命名的椴树科落叶植物，生长于海拔1000-2000m的石灰山岩溶环境下的季节性雨林或半常绿季雨林中。美丽的五星之花，花瓣早已退化，显眼部分实为五片长圆形带有绒毛的花萼，为了吸引一种叫大头丽蝇的苍蝇为它传粉。果实幼嫩时粉红可爱，具有5条膜质的薄翅，脉纹清晰、通体晶莹，成熟时靠风力可以传播到远方。这些特征足以使它成为最优秀的园林植物之一。

在古老的地质历史中，它这支谱系（属）曾在第三纪广布于整个北半球，如今只剩下它和它的兄弟滇桂桐。然而滇桂桐自1975年记录以来，就再也没发现过野外植株，可能已经消失。孤家寡人的它成为科学家研究滇桐属植物系统演化的关键物种，科学研究价值极高。然而形势不容乐观，它在野外数量极少，可谓岌岌可危。这引起了国家的高度重视。在1999年，它就被列为国家二级保护野生植物；2010年以来，被列入我国亟待拯救保护的极小种群野生植物。

中国科学院昆明植物研究所极小种群野生植物综合保护团队从2006年开始研究滇桐的保护生物学，并系

统开展了其种质资源的调查、采集和综合保护工作。他们跋山涉水、踏遍

个种群、232株。它们分布于西藏东南部、云南南部、贵州南部的广大地



乡村、深入森林，终于发现了问题所在。

域中，零星而分散，很多点不过几株（少于5株），且大多不在保护区内。在人类的强烈干扰下，大部分种群已经被乡村农舍、农田和经济林地占据，



稀碎的生境、稀疏的个体、稀少的传粉者，自然状态下的滇桐结实率很低。种子在开阔的林窗下持续萌芽，幼苗在穿透的阳光下茁壮成长。然而，林下因栽培草果、茶等经济作物的需要，人工除草给滇桐的幼苗带来灭顶之灾，很少能幸免于难直到长成小树。

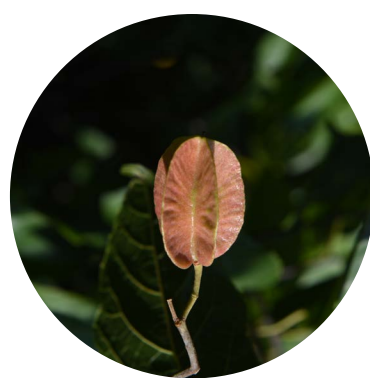
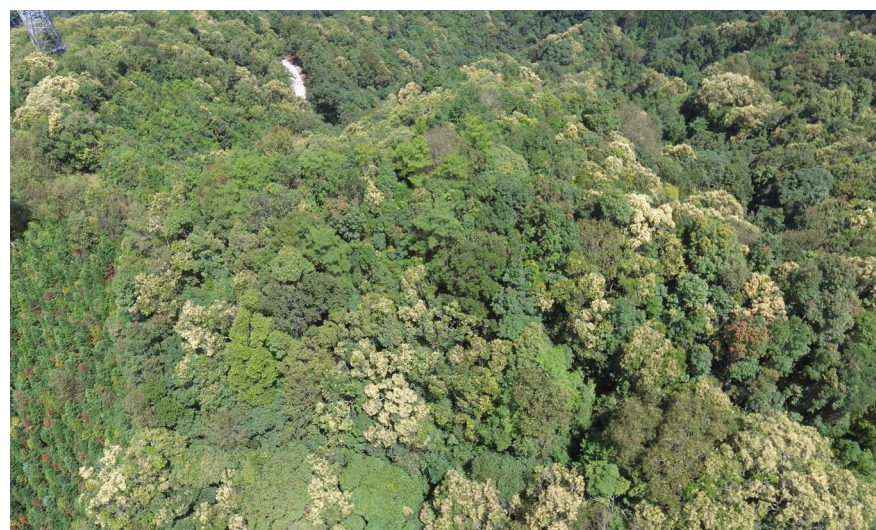
研究表明，云南、贵州和西藏的各个种群已产生了较大的遗传分化，现在的小种群状态是近期人为因素所致。这意味着，在保护滇桐时，要尽可能保存每个点多样的基因资源，不能相互混杂。研究团队建议当地政府专门设立保护小区，至此成功了保护

了63%的野生成年植株，实现了就地保护。同时，研究团队开展了三次种质采集和人工繁育，分别繁育了6个点2000余株的遗传资源，并在昆明植物园内的极小种群野生植物专类园建立了滇桐迁地保护种群，其中两棵于2015年开花结实，标志着“种子到种子”迁地保护取得初步成功需要8年时间。

最终，研究团队实现了滇桐小苗从哪里来回到哪里去的保护目标，在多个点的保护小区开展了种群数量增强和野外回归的工作，并在德宏傣族自治州盈江县江东乡实施了村民领养

保护滇桐的创新措施，村民可将领养的滇桐种植于自家屋旁或林地周围闲置地段作为风景树。这一研究机构-政府部门-社区公众联动的系统的物种保护模式开启了国际国内物种保护案例的先河，充分调动了当地居民参与保护的自主性，也提升了本地社区居民的自豪感。

我们相信，通过科学家和社会公众的不懈努力，滇桐一定可以实现种族延续的梦想，而我们也可以拯救更多像滇桐这样极小种群野生生物种，为中国生物多样性保护和生态文明建设添砖加瓦。



极小种群野生植物资源冷杉在广西 开启首次野外回归

胡兴华，邓涛，丁涛，黄仕训

(广西壮族自治区中国科学院广西植物研究所)

2021年3月31日，极小种群野生植物资源冷杉(*Abies ziyuanensis*)第一期野外回归启动仪式在广西银竹老山资源冷杉国家级自然保护区举行。83株由广西壮族自治区中国科学院广西植物研究所极小种群野生植物研究团队通过授粉育种繁殖的6龄和3龄实生苗实现野外回归，这是全世界首次开展资源冷杉野外回归。

资源冷杉是我国南方著名的孑遗濒危植物，1977年首先发现于广西资源县银竹老山并因此命名，分布范围狭窄，种群数量少，生境脆弱，被列入国家林业局颁布的《全国极小种群野生植物名录》、《国家重点保护野生植物名录》(1999年和2021年版)Ⅰ级重点保护植物、《中国物种红色名录》极危种(CR)、《世界自然保护联盟(IUCN)濒危物种红色名录》濒危种(EN)。IUCN在1998年颁布的“针叶树行动计划”中将其列为全球重点保护的旗舰树种，其濒危与受保护状况受到国内外的重要关注。

资源冷杉属于环境敏感型树种，是第四纪冰川在我国南方周期性进退的“活证据”，也是探索全球气候周期性变化的重要实验材料。由于人为干扰及树种自身特性等原因，资源冷杉野外种群出现快速衰退的现象，银竹老山的种群规模从刚发现时的1000多株骤减至仅残存86株，急需开展



拯救性保护工作。

长期以来，广西植物研究所积极开展资源冷杉监测和保护工作，对资

源冷杉的资源分布、群落演替、种群衰退机制、种子败育机理、人工授粉育种以及种苗培育等进行系统研究。研究发现，银竹老山的资源冷杉种群种子败育十分严重，导致该地资源冷杉幼苗更新长期中断，对其种群恢复极度不利。该所胡兴华等科研人员经过长期研究，先后攻克资源冷杉的授粉育种和幼苗抚育等技术难题，在银竹老山自然保护区成功培育出资源冷杉种苗，目前保存的冷杉幼苗数量有400多株。

资源冷杉野外回归(第一期)基地的建设，将有效增加资源冷杉野外植株数量，是资源冷杉迈入种群恢复进程的第一步，具有十分重要的意义。



昆明植物园壮丽含笑成功扩繁

尹擎, 孔繁才, 李从仁

(中国科学院昆明植物研究所 昆明植物园)

壮丽含笑 (*Michelia lacei* W. W. Smith) 分布于云南东南部(河口、金平、马关、麻栗坡)和西南部(芒市), 缅甸、越南也有分布。生于海拔 590—1500 米的石山林中。它四季常青, 树形优美, 是亚热带温暖地区很好的园林观赏乔木树种。它 2 月开花, 果实 9 月底至 10 月份成熟。根据 2016 年野外调查, 壮丽含笑在云南文山州、红河州仅发现成熟个体 10 株, 是极度濒危的物种。被列入云南省极小种群野生植物保护名录(2010 版、2021 版), 对它进行扩繁, 扩大种群数量是拯救该物种的最基本条件。只有培育出一定量的植株才能对其进行保护生物学、环境生物学等的研究, 最终为该物种回归自然, 实现种群重建提供物质基础、科学依据与技术支持。

2017 年 2 月种植在昆明植物园科普馆入口旁, 株高 11.5 米, 胸径 35 厘米的一株壮丽含笑首次开花。2020 年 10 月 12 日在该植株采集到少量果实, 壮丽含笑每个果序有 9-15 个骨果, 以 11-13 居多, 每个骨果内常有种子 2-6 粒, 含种皮的新鲜种子千粒重 318 克, 搓去内种皮晾干后种子千粒重 98 克。采收果实放苗圃工作间阴干; 19 日部分果实开裂, 及时取出种子, 没开裂的人工取出种子, 将取出的种子浸泡水中, 第二天种皮泡软后, 用适度力道搓揉种子, 用水选法除去种皮以及空粒杂质后加入洗衣粉清洗种子, 除去种子上的油脂; 这一步非常重要, 否则种子在湿藏过程中极易发霉、皂化变质而失活。净

种后用 80% 的代森猛锌可湿性粉剂拌种, 再用珍珠岩湿藏于塑料盆中, 置放在苗圃种子处理间常温保存。每两周检查一次基质的含水量, 若干了补充一点水后拌匀。

2021 年 2 月 9 日, 将种子播在 34×25×8cm 塑料筐中, 播种基质为: 泥炭: 珍珠岩: 腐叶土: 生红壤 = 1 : 1 : 1 : 0.5 (容积比)。具体方法为: 筐底垫一过滤层后填入播种基质, 基质层高度离筐沿约 1 厘米, 基质表面扒平后进行播种。每筐播 300 粒左右种子, 种子撒完后, 轻轻将种子压入播种基质中, 然后盖 0.5 厘米厚的基质; 用细喷头浇透水, 盖上塑料膜后, 再盖一层 75% 遮光网。每周检查一次水分情况以及种子是否萌发, 一发现子叶出土要及时揭去覆盖的塑料膜以及遮光网进行练苗。出苗后每周喷一次保护性杀菌剂代森锌

或代森猛锌, 浓度用 800 倍液。这样可以避免猝倒病等病害发生, 提高育苗成苗率。5 月初种子陆续萌发。

6 月 29 日, 幼苗已经全部长出真叶, 我们进行了移栽工作。基质为: 珍珠岩: 腐叶土: 生红壤 = 1 : 2 : 0.5; 容器是 16 × 16 厘米的塑料软盆。成功扩繁壮丽含笑 631 株。12 月份我们对苗木随机抽取 20 株进行观测, 平均高度是 34.2 厘米; 最高 52 厘米, 最低 25 厘米。

昆明植物园科普馆旁的这株壮丽含笑 1987 年从金平引进种子, 2017 年首次开花, 2020 年 10 月 12 日采集到种子, 2021 年成功扩繁 631 株幼苗, 历时 34 年, 历经两代植物园工作者的精心保育, 它完成了从种子—幼苗—种子—幼苗的世代交替轮回, 这标志着壮丽含笑在昆明植物园迁地保护取得成功。



漾濞槭群体基因组学分析揭示其种群历史动态和受威胁因素

原文: 马永鹏¹, 刘德团¹, Hafiz Muhammad Wariss¹, 张仁纲², 陶丽丹¹, Richard I. Milne³, 孙卫邦¹; 翻译: 林烈文¹

(1 中国科学院昆明植物研究所; 2 北京源宜基因科技有限公司; 3 爱丁堡大学)

本文以“Demographic history and identification of threats revealed by population genomic analysis provide insights into conservation for an endangered maple”为名, 发表于国际期刊 *Molecular Evolution* 上。

摘要

新的全基因组测序技术可检测到基因组内几乎全部的核苷酸变异, 使得在基因组层面为受威胁植物物种制定保护计划成为可能。漾濞槭 (*Acer yangbiense*) 局限分布于中国云南, 生境碎片化, 属濒危野生植物物种。我们利用了来自 10 个已知种群的 105 个漾濞槭个体开展基因组重测序。根据基因组研究的结果, 我们分析了漾濞槭极小种群的成因和目前面临的威胁, 从而指导有意义的保护行动。研究发现漾濞槭的遗传多样性较低; 根据中性或被选择的基因位点, 分别可分为 7 个或 13 个遗传单元; 各地种群间基因流较频繁。漾濞槭的碎片化分布和濒危状态主要成因包括: 反复的遗传瓶颈事件(尤其是发生在约一万年前的最近一起事件导致有效种群 N_e 小于 200); 人类活动导致严重的生境碎片化; 以及成熟个体的性别比例失衡。漾濞槭种群内存在近交和有害突变积累, 具体程度在各种群间略有不同; 整体上具较高近交程度的种群具较多纯合有害突变。另外, 根据遗传差异和个体有害纯合突变的分布模式, 我们建议了一系列的保护行动, 从而在遗传层面拯救漾濞槭。本研究对漾濞槭的保护遗传学进行了深入的探索, 并对其未来的保护框架提供了有力的支持。

1. 引言

种群的灭绝风险随着种群大小的下降而增加(Lynch 等, 1995)。长期的种群历史事件(包括遗传瓶颈)及短期的人为活动(如生境干扰)均可能影响种群大小, 尤其是无法移动的植物(Mustajärvi 等, 2001)。由于遗传漂变和有限的基因流, 彼此孤立的小种群内遗传多样性往往较低, 这可能会进一步降低物种应对未来生境/气候剧烈变化时得以生存的潜在适应性(Rodger 等, 2021)。而且, 极小种群导致的近交也会进一步降低物种适合度。近交一般发生于近缘亲本的后代之中, 增加后代为纯合体的

概率(García-Dorado, 2008; Hedrick 和 García-Dorado, 2016)。虽然一般认为突变、漂变和清除有害突变等演化事件在短中期时间尺度上可某程度地减轻近交衰退(Hedrick 和 García-

Dorado, 2016), 但长期来看最大程度地增加有效种群大小似乎是避免小种群灭亡的唯一有效途径(Lynch 等, 1995)。

不同于以往局限于少数近中性

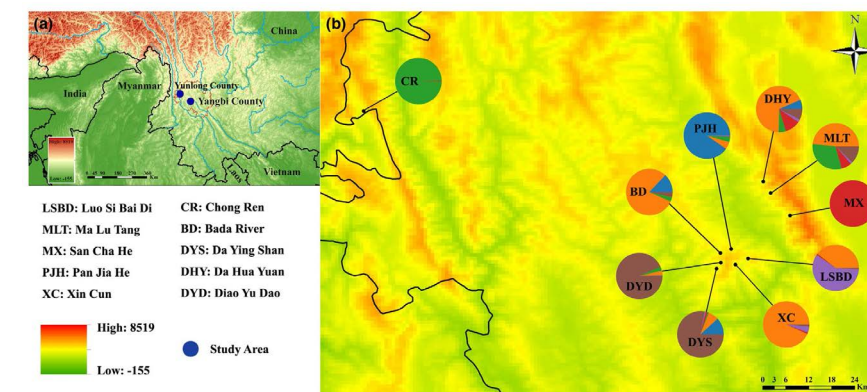


图 1. 漾濞槭的地理分布以及各分布点的遗传组分

分子标记的保护遗传学研究,最新的测序技术可以实现基于全基因组研究制订保护框架。全基因组测序技术可覆盖基因组内几乎全部的核苷酸变异(Hohenlohe et al.,2021)。全基因组学数据促进了以下几个方面的研究进展:(1)改善了不同类型单核苷酸多态性(SNP)的种群遗传参数的估计(包括中性或受选择)(Kumar等,2020);(2)提供更多分析途径和更多的SNP信息,从而更准确、清楚地描述物种/种群的起源、分化和有效种群规模的历史变化;(3)通过分析突变的积累,特别是有害突变的积累,在基因组层面上测量近亲繁殖并评估小种群的灭绝风险;(4)追踪有害突变基因在种群和个体间的分布格局,从而指导濒危物种的保护和引种工作。

漾濞槭(*Acer yangbiense* Y. S. Chen & Q. E. Yang)是近期发表的一种槭树,特产云南西北部(Chen等,2003)(图1)。漾濞槭天然更新能力较弱,分布区域狭窄且生境面临退化。首次发现时只有5株成熟个体,被认为正处于灭绝边缘。最初在在槭树红色名录(The Red List of Maples)中被评为极危(CR; Douglas和Chen,2009),并列入云南省极小种群植物物种拯救保护紧急行动计划中(Ma等,2013;Yang等,2020)。随着进一步的野外调查,已发现10个种群共703个个体,其保护状态现已调整为濒危(EN; Tao et al.,2020)。漾濞槭产生3种花:雄花、雌花和不育的两性花。我们观测发现野外植株产生的花的类型因个体和年份而异。野外调查发现单株漾濞槭可能只长雄花,也可能同时长出3种花。未有漾濞槭存在种间杂交的证据;2015、2016及2019野外调查了全部已知分布区,亦未发现同域分布有疑似杂交的中间表型个体。已知的主要成分昆虫为蜜蜂(Tao等,2020)。Yang等(2015)基于简单重复序列标记(SSR)的研究

指出漾濞槭的近交程度高于近缘的意大利槭(*Acer opalus*)和色木槭(*A. mono*)。

近期发表的漾濞槭染色体层面的基因组组装帮助我们开展对其的保护基因组研究(Yang等,2019)。本次研究以漾濞槭的保护基因组学为主,探索了其极小种群的成因、其遗传影响与正在面临的威胁。为此,我们利用全基因组测序技术,分析了来自10个已知种群的105个个体,取得了漾濞槭的全基因组数据。本研究的主要目标为:(1)测算该物种的种群遗传参数和结构;(2)通过多种分析手法研究和描述该物种的种群历史,即种群遗传差异、有效种群变化及其与气候波动的潜在关联;(3)基于对有害突变积累的功能注释评估漾濞槭的近交程度和灭绝风险;(4)基于以上研究提出有针对性的保护措施。

2. 材料和方法

2.1 样本采集与测序

我们从漾濞槭的整个自然分布区,即云南西北部的漾濞县和云龙县采集了来自10个已知种群的105个个体(图1;表S1)。每个种群采集5到17个个体的叶片;个体数少于10的种群,则采集全部个体的叶片。每个样本均在干燥硅胶中保存。以标准的十六烷基三甲基溴化铵法(CTAB)从硅胶干燥样品中提取基因组DNA(Doyle和Doyle,1987)。使用NanoDrop2000光谱仪(Thermo Fisher Scientific)测定总基因组DNA的浓度和质量。根据制造商的说明书为每个样本构建用于Illumina测序的DNA文库,送交北京源宜基因科技(Beijing Ori-Gene)在具300-500bp读取长度的Illumina HiSeq平台上测序。

2.2 序列比对和SNP检测

使用FASTP作质量控制和参数修整以获得高质量的序列(Chen等,2018)。使用具有默认参数的BWA-

MEM(Li,2013)将末端配对的纯净序列比对漾濞槭的参考基因组(Yang等人,2019)。使用SAMTOOLS标记和删除重复的序列(Li等,2009)。只采用质量评分 ≥ 20 且比对评分 ≥ 30 的序列供后续分析。为了尽量减少比对偏差,我们进一步舍弃了以下基因位点:(1)覆盖率极高(在所有样本中 >2000)或覆盖率极低(平均每个样本中 <3);(2)属于细胞器基因组的位点,或未锚定在13条染色体上的序列重叠群。最终获得总共534169849个位点,其中9985846个存在变异(数据集1,图S14)。每个个体的杂合率计算方式为杂合位点数除以位点总数。

为确保SNP的高质量,我们进一步使用FREEBAYES(Garrison和Marth,2012)优化数据集1,具体步骤为:(1)移除质量评分 <20 的SNP;(2)移除非双等位基因SNP和非SNP(如插入缺失和多核苷酸多态);(3)将测序深度 <5 的基因型视为丢失。移除丢失率 $>20\%$ 的SNP后获得了5002621个SNP(数据集2);又移除了最小等位基因频率小于0.05的SNP,最终有3,223,418 SNP(数据集3)供下一步分析,并使用了ANNOVAR(Wang等,2010)注释SNP。

2.3 LD衰减和种群遗传参数估计

为检测全基因组连锁不平衡(LD)在群体间是否不一致,我们使用POPLDDECAY基于任意两个基因座之间的系数(r^2)计算LD衰减(Zhang等,2018)。使用在数据集1上重叠10kb的LD衰减计算结果(图S1),使用ANGSD软件(Korneliussen等,2014)中超过20kb移动读取窗口计算样本等位基因频率可能性,得出群体遗传参数,包括核苷酸多样性(π),沃森评估量(θ_w),Tajima's D中性检测和种群间分化指数 F_{ST} 。在计算中这些遗传多样性参数时使用了可信度的非变异位点。此外,为观察两

个遗传多样性参数 π 和 θ_w 在基因组区域之间是否不同,我们将基因组分为非基因区和基因区,并进一步分为10个小亚组(fold0和fold4;密码子1、2和3;内含子;utr3和utr5;上游和下游)。

为得到近交程度,我们使用VCFTOOLS 0.1.17(Danecek等,2011),设置默认参数来处理SNP数据集2,检查纯合性片段(ROH)并保留 >100 kb的ROH(MA, Liu等,2021; Yang等,2018)。之后计算FROH,一般即覆盖整个基因组的纯合性片段的频率($FROH=ROH>100kb$ 的长度之和/基因组有效长度)(Yang等,2018)。

2.4 种群遗传结构和基因流

我们利用PLINK软件(Purcell等,2007),参数设置为“indep-pairwise 50 5 0.35”,移除数据集3中的连锁位点,取得共222,881个独立的SNP(数据集4)。之后使用了Rödin-Mörch等(2019年)所提出的两种不同的离群点检测方法,基于歧化选择的假设来识别SNP。使用R软件包LEA 3.2.0(Frichot和François,2015)中的SNMF函数处理SNP数据集3,基于交叉熵标准(图S2)重复运行10次,估计最可能的祖先种群数(K值)。错误发现率(FDR)设置为0.01以减少p.adjust函数中误报。使用R软件包PCadapt 4.3.3(Luu等,2017)做主成分分析(PCA),检测可能涉及局域适应的离群SNP。该方法将遗传变异分解为K个主成分(PC),并估计SNP在种群结构中与前K个PC之间的关系。观察到在分化形成中具有高度影响力的SNP被认为正经历歧化选择。我们在PCadapt中以20个主成分来运行PCA。根据scree plot(图S3)和得分图中个体聚类(图S4和S5)的结果,保留了7个主成分供测算统计。FDR值设置为0.01以减少测试错误误报。最后,我们综合使用上述两种方法检测出两组离群基因座。其他假定不受

选择作用的SNP归入中性数据集。

使用ADMIXTURE软件,分布基于中性选择和假定的受选择的离群位点,分析在不同可能的祖先种群数(K值)时种群间的遗传混杂现象;并以10倍交叉验证误差(CV)计算最可能的K值。又利用全基因组复杂性状分析工具(GCTA)(Yang等,2011),将以上两类位点做主成分分析,检视各种群的相关性和聚集性。

采用TREEMIX(Pickrell & Pritchard,2012)推测漾濞槭各种群间的基因流:基于数据集4的SNP分别测算1至15个迁移事件(m),各进行20次迭代计算,以软件内的“-global” and “-se”选项计算迁移可能性的标准差并设置“-noss”参数避免重复计算。将TREEMIX输出的文件导入OPTM 0.1.5(<https://cran.r-project.org/web/packages/OptM/index.html>)以确认最佳的迁移边际值。我们同时参考了模型解释度达99.8%方差的点,以及使adhoc统计值 Δm 达最大值的点。

2.5 祖先序列重建

我们使用BWA-MEM(Li,2013),参数设置为默认,将采集的漾濞槭个体重测序结果分别比重大叶槭(*A. macrophyllum*,来源为<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/?term=PRJNA521870>)以及漾濞槭的参考基因组(Yang等,2019)。我们使用FREEBAYES(Garrison和Marth,2012)寻找基因型,参数设置与上文所述的SNP calling时一样,但允许单态基因型输出(--report-monomorphic)。共取得10276665个丢失率 $<20\%$ 的高质量SNP,用于以最大似然法(ML)构建系统树。建树软件为IQ-TREE(Nguyen等,2015),以大叶槭(*A. macrophyllum*)为外类群(图S16)。在IQ-TREE中运用经验贝叶斯方法,沿着漾濞槭染色体的每个位点,估计其的祖先状态(Nguyen等,2015)。基于检测基因组的祖先状态位点,估计未折叠位点频谱(SFS)并极化

SNP。

2.6 种群历史推测

为了过滤估计的祖先状态位点,排除了位于5kb基因区域内的位点;得到的中性位点(数据集5)导入在ANGSD软件中实现的REALSFS程序,计算样本等位基因频率的后验概率(Korneliussen等,2014),从而构建未折叠的SFS(1D-SFS)图。我们使用了三种方法来推断和交叉验证漾濞槭的种群历史。第一种方法为具有200次自举迭代的无模型方法STAIRWAY PLOT 2(Liu & Fu,2020),使用数据集5分析推断漾濞槭的种群变化历程。第二种方法为使用fastsimcoal2(Excoffier等,2021)分析数据集5,推断漾濞槭的种群动态。基于Akaike信息标准(AIC)和Akaike权重的最大可能值来比较不同的推测模型,并选择Akaike权重值最高的模型作为最佳模型(表S2;图S15)。第三,使用SMC++ 1.11.1.DEV0(Terhorst等,2017)分析数据集2,推断种群大小历史和漾濞槭不同种群的分化时间。

每一种种群统计分析手法均分布采取以下两种方法处理:将所有10个漾濞槭种群合并为一个整体,以及分为两组处理。选择划分两组的原因是遗传分化、种群结构(见下文)和地理隔离分析(图1)均强烈支持将崇仁(CR)种群与位于漾濞县的其他九个种群分开。

突变率(u)的计算公式为 $u=Ks/2T$ 。漾濞槭与龙眼(*Dimocarpus longan*)的分化时间(T)约为3100万年前(Ma)(Yang等,2019年)。同源基因的同义替代率Ks峰值约为0.31(Yang等,2019),因此每年每个位点的突变率 $u=0.31/(2 \times 31e6)=5.0 \times 10^{-9}$ 。根据我们对生长在昆明植物园和崇仁种群附近的种植的漾濞槭个体的观察,将世代时间设定为10年。

由于这三个种群分析模型无法反映最近期的种群规模变化,需进一步

估算了漾濞槭当代有效种群 N_e 。为此采用了一种在 NEESTIMATOR 2.1 中实现的基于 LD 的算法,使用随机交配模型,临界值设为 0.02 (Do 等, 2014)。使用“最大缺失率”设为 0.95 进行过滤后的数据集 4 进行分析。

2.7 有害突变鉴定和基因注释

使用 SIFT (Sim 等, 2012) 识别所有漾濞槭个体的有害突变。与其他有害等位基因分类软件相比, SIFT (Sim 等, 2012) 应用广泛, 具有相似的敏感性、特异性和准确性, 且速度更快 (Choi 等, 2012; Zhang 等, 2016)。使用祖先染色体序列 (见上文) 构建了 SIFT 预测数据库, 因此仅祖先和衍生等位基因之间存在差异, 从而避免了参考偏差 (Simons 等, 2014)。在 TrEMBL 植物数据库 (Boeckmann 等, 2003) 中搜索同源基因。对照祖先等位基因处理数据集 2 的 SNP 极性, 编码蛋白质的变异被归类为有害突变 (SIFT 评分 <0.05)、可耐受突变 (评分 ≥ 0.05) 或同义突变。

假定纯合状态下的有害突变对特定物种的存活有害 (如 Ma, Wariss 等, 2021; Yang 等, 2018)。为了给漾濞槭的遗传拯救提供直接的保护指导, 我们根据种群结构分析结果, 选择了 5 遗传背景“单纯”的代表性种群, 包括 CR, MX, PJH (但不包括 PJH3,6), LSBSD (包括 LSBSD7-12) 和 DYS (包括 DYS1,3,4,8,13)。用维恩图表示纯合状态下共有或独特有害突变在五个种群中的分布。

最后, 我们根据先前研究的基因注释结果 (Yang 等, 2019) 通过进行基因本体 (GO) 分析来验证已检测到的有害等位基因。对候选基因进行 GO 富集分析时, 我们重点关注 GO 项显著的基因 ($p < 0.05$)。

3. 结果

3.1 全基因组重测序

105 个个体的重测序共产生约 1.16 Tb 的数据, 平均测序深度

为 $15\times$ (表 S3)。漾濞槭的平均杂合度为 0.0037 ± 0.0007 。在 10 个样本种群中, BD (0.0042 ± 0.0007) 和 PJH (0.0041 ± 0.0008) 的杂合度高于其他群体, 而杂合度最低的为 MLT (0.0030 ± 0.0004) 和 LSBSD (0.0030 ± 0.0009) (图 S6; 表 S4)。对最终获得的 5002621 个 SNP 的调查显示, 约 75.03% 的单核苷酸多态性位于基因间区域, 其余约 24.07% 位于基因区域 (表 S5)。

3.2 种群遗传结构

全基因组 LD 衰变的分析结果在种群间差异显著: PJH 种群的 LD 衰变达到最大平均 r^2 的一半, 最大值约为 1617.9kb; 最小值见于 DYS 种群, 约为 139.7kb (图 S1a; 表 S6); 这反映了漾濞槭种群间的遗传历史差异。遗传多样性方面, 成对核苷酸差异的平均数 (π) 为 $3.13 \pm 0.79 \times 10^{-3}$, Watterson 估计量 (θ_w) 为 $2.62 \pm 0.58 \times 10^{-3}$ 。我们发现 DHY 种群具有最高的遗传多样性 ($\pi = 3.41 \pm 0.85 \times 10^{-3}$; $\theta_w = 3.00 \pm 0.67 \times 10^{-3}$); 而 MLT 种群的遗传多样性最低 ($\pi = 2.54 \pm 0.76 \times 10^{-3}$; $\theta_w = 2.32 \pm 0.60 \times 10^{-3}$) (表 1)。基因组的所有 11 个区域内核苷酸多样性分布格局基本相同, 即 π 和 θ_w 在基因间区域中始终最高, 在 codon2 区

表 1. 漾濞槭居群的样本量和遗传多样性

Population	N	No. of SNPs	$\pi \times 10^{-3}$	$\pi_0 \times 10^{-3}$	$\pi_4 \times 10^{-3}$	π_0/π_4	$\theta_w \times 10^{-3}$
BD	9	2,513,897	3.31	1.63	2.88	0.57	2.94
CR	9	2,260,909	3.09	1.44	2.42	0.59	2.64
DHY	9	2,567,251	3.41	1.68	2.99	0.56	3.00
DYD	14	2,617,481	3.37	1.70	2.99	0.57	2.78
DYS	17	2,755,154	3.40	1.75	3.10	0.56	2.93
LSBSD	15	2,351,358	3.16	1.62	2.87	0.57	2.49
MLT	5	1,798,618	2.54	1.31	2.32	0.56	2.32
MX	9	1,827,101	2.61	1.24	2.12	0.58	1.83
PJH	9	2,448,228	3.29	1.49	2.60	0.57	2.69
XC	9	2,250,662	3.13	1.63	2.88	0.57	2.62

Note: N, sample size; π , average number of pairwise nucleotide differences per site; θ_w , Watterson's estimator of θ per base pair; π_0 , 0-fold degenerate site nucleotide diversity; π_4 , 4-fold degenerate site nucleotide diversity. Yangbi maple populations are defined as BD = Bada River, CR = Chongren, DHY = Dahuayuan, DYD = Diaoyudao, DYS = Dayingshan, LSBSD = Luosibaidi, MLT = Malutang, MX = Sanchahe, PJH = Panjiahe, XC = Xincun.

域中最低。各区域的核苷酸多样性由高到低排列为: 基因间 > 上游 > 下游 > fold4 > 内含子 > 密码子 3 > utr3 > utr5 > 密码子 1 > fold0 > 密码子 2 (表 S7)。 π_0 (0 倍简并位点核苷酸多样性, 非同义) 和 π_4 (4 倍简并位点核苷酸多样性, 同义) 两个值最高均见于 DYS, 最低均为 MX。各种群的 π_0/π_4 比值非常接近 (0.56 至 0.59), 支持由 π_0/π_4 比值预测的稳定假设 (Chen 等, 2017)。与其他种群相比, CR 的 π_0/π_4 比值较高, 反映其历史动态可能异于其他地区的种群。

使用 PLINK 排除连锁的 SNP 后, 我们获得 222671 个中性 SNP 和 210 个离群 SNP。中性 SNP 分析结果表明漾濞槭包含七个遗传谱系 ($K=7$) (图 S7), 漾濞县的几个种群间存在遗传混合 (图 2a)。值得注意的是, CR 和 MX 种群的遗传背景相对纯净, 不与其他种群发生遗传混合。主成分分析也得到相似的结果, CR 和 MX 种群与所有其他种群显著分离, 分别占总方差的 8.6% 和 6.0% (图 2b); 所有其他谱系和种群均具不同程度的遗传混合。我们还分析受选择作用的 SNP, 结果显示最佳 K 值为 13 (图 S8a), 超过了抽样种群的数量 (10); 惟 CR 和 MX 群体的遗传背景仍较纯净 (图 S8b, c)。

正如我们的预期, CR 种群和其他种群之间遗传分化 (F_{ST}) 程度较高 (所有 F_{ST} 均大于 0.3)。分析两种种群间的 F_{ST} 值, 发现邻近种群之间的基因流动一般更频繁, 反映遗传距离与地理距离显著相关 (Pearson's $R=0.742$, $p < 0.01$) (图 S9; 表 S8)。

TREEMIX 分析显示最佳迁移边缘值为 10。以此构建的模型的可能性 (Δm 分数) 最高, 并能解释了数据中 99.17% 的方差 (表 S9; 图 S10)。TREEMIX 在 20 次迭代分析中生成了一个相当稳定的拓扑结构 (图 S11)。我们选择了残余误差值最小的迭代 16 供下一步分析 (表 S10)。该模型显示在大多数漾濞槭种群中, 基因流和遗传混合事件频繁发生 (图 2c)。据预测, 最强烈的迁移事件是 DYD 和 DYS 谱系的祖先迁移到 LSBSD。值得注意的是, 所有推测的流入 CR 种群的基因流均较弱 (0.06–0.15), 可能反映了 CR 种群与其他种群间的隔离程度更高。TREEMIX 分析也显示 CR 和 MLT 种群的漂变参数较大, 与其他种群的遗传差异较大 (图 2c)。

3.3 漾濞槭的种群动态历史

共获得 580255429 个后验概率 ≥ 0.99 的高质量 SNP 位点 (占整体 87.1%); 过滤后保留了 428310095 个中性位点 (数据集 5)。基于所有 10 个种群的分析, 估计最低有效种群规模为 188 (95% 置信区间为 43–2412), 发生在 1ka (约一千年前); SMC++ 分析结果为 733, 发生于 8ka (图 3a, c; 表 S11 和 S12)。STAIRWAY PLOT 2 推测在此次瓶颈效应后, 现在的有效种群 N_e 显著恢复为约 210618 (置信区间为 119150–680255)。SMC++ 分析推测现在的 N_e 约为 2256。STAIRWAY PLOT 和 SMC++ 分别推测更早的一次瓶颈事件大约发生在 105ka 或 20ka (图 3a, c)。针对 N_e 的变化, 两种分析手段的结果存在差异: SMC++ 推测 N_e 在两次瓶颈事件之间持续下降,

而 STAIRWAY PLOT 显示 N_e 在最近一次瓶颈事件后的一段内快速恢复 (图 3a, c)。若将 CR 种群与其他种群分开来独立分析, SMC++ 分析推测两者约在 17 万年前 (0.17 Ma) 分化, 两者的种群历史变化模式大致相同, 其 N_e 在最近的瓶颈事件前均一直下降。相对于此, STAIRWAY PLOT 2 分析虽也支持两者的种群历史变化模式有相似之处, 两者的 N_e 均经历两次快速下降, 但其他种群 N_e 整体保持下降, 而 CR 种群的 N_e 在瓶颈事件后回升 (图 3b, d)。

虽然 FASTSIMCOAL 2 不能反映最近期的种群变化, 但以此法综合分析 CR 种群与其他种群时, 推测出瓶颈事件发生于约 35–34ka, 与上述两个分析手法的结果大概相符 (图 3e)。FASTSIMCOAL 2 还推测在约 0.9–0.7Ma 时发生了另一起瓶颈事件 (置信区间为 3071353–681502 年前), 当时的 N_e 由 >400000 (置信区间为 4604–2138053) 下降到不足 500 (置信区间为 328–1495), 详见图 3e 和表 S13。在约 52ka (置信区间为 58077–35892 年前) 的瓶颈事件后,

CR 和其他种群发生分化。其 N_e 恢复了一段时间后, 两者在约 35–34ka (置信区间为 34150–35260 年前) 各种经历了一次瓶颈事件, 两者的 N_e 均降低到不足 200 (置信区间为 162–218) (图 3e; 表 S13–S15)。之后, CR 和其他种群的 N_e 有所恢复。我们使用 NEESTIMATOR 2.1 分析 57873 个经过滤的位点, 估计漾濞槭现在的 N_e 为 23.9 (置信区间为 20.3–28.2)。当代 N_e (23.9) 与普查所得全部个体数 (703) 的比率约为 0.03。

3.4 ROH 的范围判断、积累与有害突变的注释

MLT 种群的纯合性片段的频率 FROH (0.38 ± 0.13) 显著高于除了 LSBSD 和 MX 的其他种群, 反映其近交程度较高。相比之下, FROH 值低的种群有: CR (0.17 ± 0.05), BD (0.19 ± 0.06), PJH (0.18 ± 0.07) 和 DYD (0.20 ± 0.07), 反映其近交程度较低 (表 S16, 图 4a; Turkey's HSD post-hoc test)。

经 SIFT 分析获取了与 9757 个基因相关的 227294 个突变位点 (表 S17)。排除掉低质量突变位点和停止

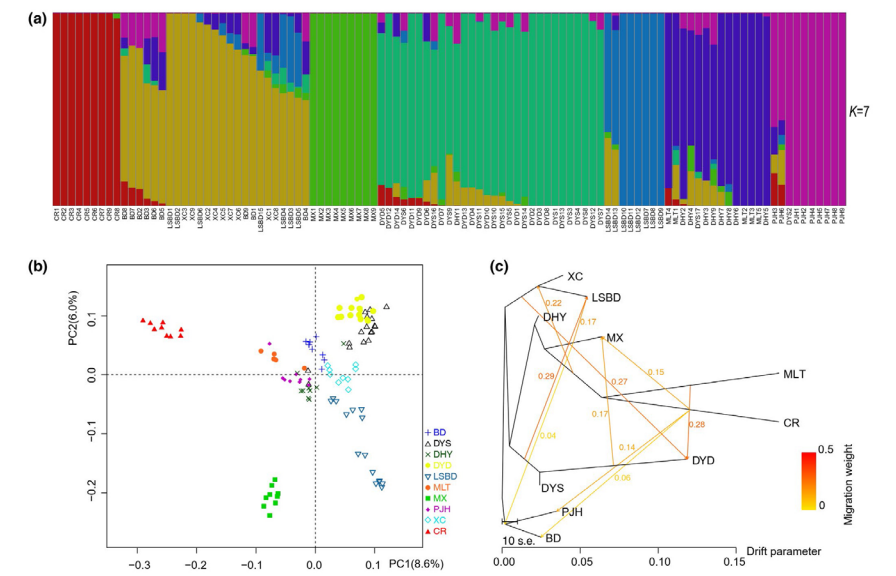


FIGURE 2 Relationships between populations of *Acer yangbiense*. (a) Genetic structure output from ADMIXTURE based on neutral loci. The length of each coloured segment represents the proportion of the individual's genome from $K = 7$ ancestral genetic groups. The populations are grouped by location and are depicted with different colours representing different genetic components. (b) PCA plot of *A. yangbiense* based on neutral loci. (c) Relationships and gene flow between *A. yangbiense* populations, depicted as the maximum-likelihood tree produced in TREEMIX. The direction of gene flow is indicated by an arrow. The scale bar (drift parameter from the assumed common ancestral population, 10 times the average standard error of the entries in the sample covariance matrix) reflects the amount of genetic drift that has occurred among populations of *A. yangbiense* [Colour figure can be viewed at wileyonlinelibrary.com]

图 2. 漾濞槭居群关系。a: 中性位点遗传结构; b: 中性位点 PCA 分析; c: 漾濞槭种群间基因流

密码子等, 剩余的 155422 个位点被分成 3 类: 其中 21128 个 (13%) 为有害突变 (DEL), 59964 个 (38%) 可耐受突变 (TOL), 以及 74330 个 (47%) 同义突变 (SYN) (表 S17)。纯合状态的有害突变的数量可作为物种适合度的指标。LSBD 种群的有害突变最多, 显著高于 XC、DHY、DYS 和 BD 种群 (图 4b; 表 S18, Turkey's HSD post-hoc test)。而且与这些种群相比, 多数纯合有害突变 (786 个, 占整体约 64%) 是 LSBD 种群独有的 (图 4c; 表 S18)。并未发现此 5 个种群共有的纯合有害突变, 且大部分纯合有害突变是各种群独有的, 只有少部分为种群间共有的。这为漾濞槭的遗传拯救提供了宝贵的参考。

我们确认了共 327 个基因本体 (GO), 其中生物学过程相关的有 174 个, 分子功能相关的 129 个, 细胞成分相关的 24 个 (表 S19)。生物学过程相关的 GO 中, 与蛋白质自磷酸化相关的 GO:0046777 最为富集, 对应 368 个基因; 其次为防御反应相关的 GO:0006952 和类黄酮合成相关的 GO:0009813。

4. 讨论

本研究采集了全部已知的 703 株漾濞槭之中的 105 个个体, 以全基因组分析手段探讨了漾濞槭的保护生物学问题。我们根据分析数据推测了漾濞槭极小种群现状、碎片化分布及遗传多样性低的原因。我们希望利用所得的知识, 加强与不同相关方的合作, 实现有意义的保护行动。

现存漾濞槭种群的遗传多样性低于其他一些已研究乔木物种 (图 S12; 表 S20), 主要原因: (1) 多次遗传瓶颈事件, 尤其是发生在约一万年前的最近一起瓶颈事件导致有效种群 N_e 小于 200, 整个物种濒临灭绝。尽管有效种群之后有所恢复, 但瓶颈事件无疑造成了深远的影响。特别是对漾濞槭这种长寿的木本植物, 物种繁殖总体时间周期较长, 天然更新能力较

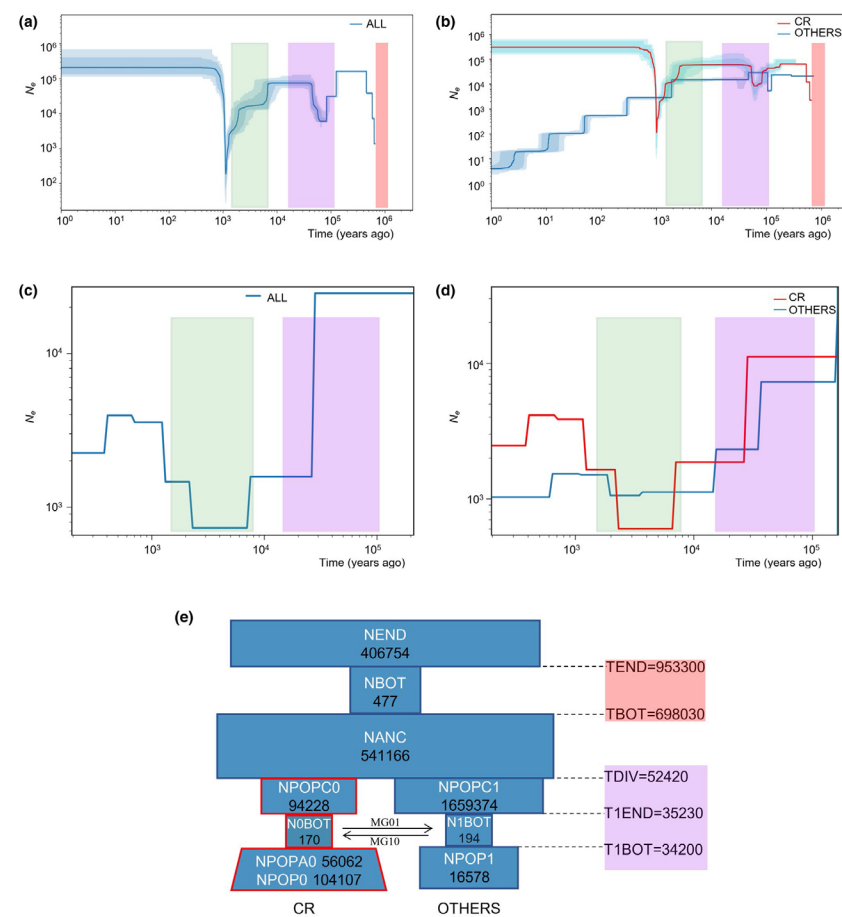


FIGURE 3 Demographic history of *Acer yangbiense*. (a, b) STAIRWAY PLOT 2 results showing historical changes in effective population size (N_e) for *A. yangbiense* populations, with a generation time of 10 years under the conditions (a) all populations considered as one group, and (b) two groups, CR and the other nine populations (OTHERS). The light blue lines correspond to the upper and lower bounds of the 95% confidence intervals. (c, d) Demographic history modelled using SMC++, as one group (c) and two groups (d). (e) Demographic history modelled using FASTSIMCOAL2, with column width representing the relative effective population size. The numbers on the bar represent N_e , the numbers behind the dotted lines show the estimated time (years ago), and the trapezoid bar represents exponential change in N_e . MG indicates gene flow, MG10 = 0.000100366, MG01 = 0.000124732. The orange red vertical bar corresponds to the Middle Pleistocene Transition (-1.2–0.7 Ma), and the purple vertical bar corresponds to the Dali Glaciation occurring at -73–12.5 ka [Colour figure can be viewed at wileyonlinelibrary.com]

图 3. 漾濞槭种群历史动态

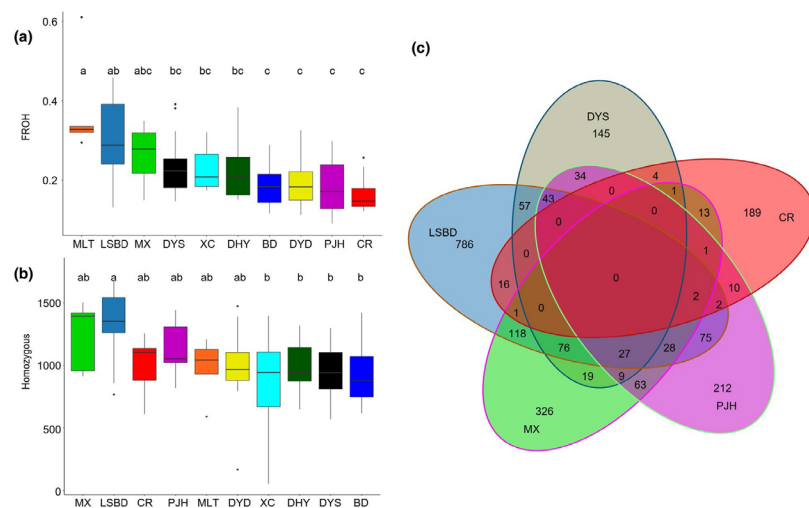


FIGURE 4 Homozygous deleterious mutation and FROH (frequency of runs of homozygosity). (a) Distribution of FROH and (b) homozygous deleterious mutations in 10 populations of *Acer yangbiense*. Populations with the same letter are not significantly different. The line in the centre of the box represents the median values, the edges of the box represent the first and third quartiles, and the whiskers above and below the box show the range of values. (c) Venn diagram showing private or shared homozygous deleterious mutations among selected populations/individuals [Colour figure can be viewed at wileyonlinelibrary.com]

图 4. 纯和有害突变和 FROH

低, 我们认为区区数千年内不足以产生大量突变, 故不足以增加遗传多样性; (2) 我们测算出漾濞槭现在的有效种群 N_e 仅为 23.9, 与普查所得全部个体数 (703) 的比率低至约 0.03, 两组数字表示漾濞槭种群近期正不断减少 (Turner 等, 2006)。人类活动干扰和生境碎片化进一步加速了遗传漂变, 导致遗传多样性下降。漾濞槭分布区内人类活动频繁, 包括农业活动、伐木、水利工程、植被清除、毁林、山火、放牧等等, 导致严重的生境碎片化问题 (Tao 等, 2020)。我们实地踏查发现部分漾濞槭种群因被农田和道路分割包围, 天然更新困难。更值得注意的是 10 个已知种群中只有 4 个种群的个体数大于 100 (Tao 等, 2020); (3) 漾濞槭成熟个体性比例失衡, 阻碍了有效异交和形成异交后代这一增加种群遗传多样性的主要途径。Tao 等人在 2020 年的野外调查中发现仅有 5.37% 的个体能产生成熟果实, 雄花个体为主的现状加剧了这种问题。

我们以三种手法分析了漾濞槭的种群动态历史, 探究其有效种群的保护及种群分化历史。多个历史事件可能共同塑造了其目前的种群结构: 首先, 根据 FASTSIMCOAL2 的分析结果 (图 3e), CR 与其他种群约在 52ka 分化, 这与大理冰期深海氧同位素 3b 阶段 (MIS3b of Dali Glaciation, 54–44ka) 的时间吻合 (Cui 等, 2011); FASTSIMCOAL2 分析发现漾濞槭经历的首次遗传瓶颈与 1.2–0.7Ma 的中更新世气候转型时间吻合, 这场全球气候变化事件造成了持续且严重的寒冷期, 导致亚洲地区的干旱和季风强度的增加 (Clark 等, 2006; Head 和 Gibbard, 2005)。STAIRWAY PLOT 2 的分析结果同样支持这次遗传瓶颈的发生 (图 3a, b)。

约 8000 至 1500 年前, 漾濞槭种群再次收缩 (图 3a–d, 原因可能是人类的活动。古代花粉记录表明苍山地区早在约 6370 年前就已受人类干扰

影响, 原有的森林被开发成农田 (Shen 等, 2006)。Wan 等人 (2011) 证实了该地区在之后的历史阶段也同样存在明显的人为干扰, 包括在新石器时代 (约 3100 年前) 和青铜时代 (>2000 年前); Dearing 等 (2008) 发现约 2300–1700 年前有外来人口移居当地, 包括汉族移民。这些历史事件可能共同塑造了漾濞槭目前的种群结构, 尤其是最近一次遗传瓶颈导致了有效种群下降以及碎片化的小种群。我们注意到不同的分析方法所产生的结果并不一致。这是因为 SMC++ 使用马可夫溯祖分析来解释遗传结构及连锁, 并用 SFS 方法分析历史种群动态, 两种方法均不考虑位点之间的连锁和连续性, 在计算种群大小和历史事件的时间时可能得到不同的结果 (Patton 等, 2019)。此外, FASTSIMCOAL2 的参数主要取决于假设的模型 (这些模型有时是随意设置的), 这也可能导致与其他方法不一致的结果 (Excoffier 等, 2021 年)。另一个问题是, 我们所估计的世代时间的微小误差可能会影响种群历史的推断。我们试图根据个人观察, 对世代时间进行较合理的估计, 即植物园和野外种植的漾濞槭需要 8 到 10 年的时间才能开花结果。

除此之外, 我们的保护基因组分析还表明该物种各孤立小种群中存在严重的遗传威胁。MLT 和 LSBD 群体的 FROH 值显著高于 CR、PJH、DYS 和 BD 群体 (图 4a)。MLT 种群的出现近交是我们意料之中的, 因为该种群野外只有 5 个个体; 且 MLT 种群最初有可能发展自少数甚至单个遗传背景相同的祖先个体。LSBD 种群个体数为 77, 但在 2016 年进行野外调查时仅发现其中 1 株结实。此外, LSBD 的纯合有害突变数量最多 (图 4b, c), 大多数为该种群独有。这可能是由于: (1) 产生的幼苗太少, 受自然选择的机会有限 (如清除严重有害的纯合变体的选择) (Glémin,

2003), 所以纯合突变尤其是纯合有害突变的清除过程缓慢; (2) 无法从其他种群获得足够的基因流。我们的 TREEMIX 分析支持此推测, 分析结果表明基因流只发生在遥远的过去 (如 DYS 和 DYS 的祖先种群之间), 并且没有检测到 LSBD 和任何其他种群之间的当代基因流。相对地, 我们发现 CR 种群虽然没有从其他种群获得基因流 (图 2c), 但其近亲繁殖水平最低, 例如其 FROH 最低 (图 4a)。这可能是由于其种群规模较大, 具 126 株个体, 异交的机会较大。总体而言, 异花授粉的机会和生境碎片化限制基因流的程度不同, 可能导致不同的遗传重组机会, 最终造成目前观察到的漾濞槭种群间遗传负荷模式的差异。

我们研究了有害突变的 GO 注释, 发现大多数的富集 GO 与植物防御相关 (表 S19)。例如, 其中一项最为富集的 GO:0009813 与类黄酮生物合成过程相关, 在植物防御反应中起主要作用, 涉及次级代谢物如羟肉桂酸, 芪类, 木脂素和木质素的生物合成和代谢过程 (Ogo 等, 2015; Quideau, 2006)。此外, 类黄酮类具保护植物免受紫外线 (UV) 辐射的潜在危害的重要功能 (Koes 等, 1994)。注释最多的 GO ($p < 0.05$) 中的一些基因在植物防御反应中也很重要, 例如关联“防御反应” (GO:0006952) 和“萜类生物合成” (GO:0016114) 的 Acyan01G0206700。GO 注释还表明, 与“响应共生真菌”, “防御昆虫”和“响应有毒物质”相关基因发生了有害突变, 这可能会降低漾濞槭适应恶劣环境的能力, 也是大部分幼苗、幼树和成年个体都易感染真菌的可能原因 (图 S13)。我们对比 Zhou 等人 (2020) 对另外两个无患子科的物种的研究, 发现免疫信号传导相关的结构完整核苷酸结合位点 (NBS) 编码基因的数量在漾濞槭中非常低。此外,

与“花粉识别”(GO:0048544)、“自交不亲和”(GO:0060320)、“花器官发育”(GO:0048437)和“花粉-精子细胞分化”(GO:0048235)相关的有害突变也比较丰富,或可解释漾濞槭不同的性别的花,以及性别比例失衡现象。但确切的关系还需要进一步的研究。

我们全面的保护基因组研究结果是漾濞槭下一步的保护行动的坚实基础:(1)MX和MLT种群的核苷酸多样性水平最低(表1),FROH较高,纯合有害突变较多(图4a)。由于地理距离较近(图1)且遗传背景相似(与MLT形成谱系6,与MX遗传差异最小)DHY应为补充MX和MLT种群的理想来源。我们建议为DHY种群的个体人工授粉,并将所产生的实生苗引入到MX和MLT种群中以增加其遗传多样性;(2)LSBD种群的FROH值较高,拥有高达786个独有的纯合有害突变,同样需要保护。但LSBD种群的遗传成分的保护可能不是最迫切的,我们建议使用来自DYS的花粉为LSBD种群的雌花授粉。首先因为DYS纯合有害突变数量最少(145个,见图4c),故最可能为LSBD解除有害突变的纯合状态,同时不带来更多纯合有害突变。其次,该两个种群遗传背景相似, F_{ST} 值较低(0.137)。也可以考虑引入CR种群的遗传资料,因为其遗传背景单纯,FROH和纯合有害突变均较低。但由于CR种群与其他种群间的FST值较高,必须注意潜在的远交衰退风险,需谨慎评估野外回归行动。未来应进一步加强研究漾濞槭的性别差异现象,以减少野生个体性别数量差距,最终改善漾濞槭在自然生境的正常天然更新。

参考文献

Boeckmann B, Bairoch A, Apweiler R, Blatter MC, Estreicher A, Gasteiger E, Martin MJ, Michoud K, O'Donovan C, Phan I, Pilboud S, Schneider M. The SWISS-PROT protein knowledgebase and its supplement TrEMBL in 2003. *Nucleic Acids Research*. 2003, 31(1): 365–370.

Chen J, Glémin S, Lascoux M. Genetic diversity and the efficacy of purifying selection

across plant and animal species. *Molecular Biology and Evolution*. 2017, 34(6): 1417–1428.

Chen SF, Zhou YQ, Chen YR, Gu J. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*. 2018, 34(17): 884–890.

Chen YS, Yang QE, Zhu GH. *Acer yangbiense* (Aceraceae), a new species from Yunnan, China. *Novon*. 2003, 13(3): 296–299.

Choi Y, Sims GE, Murphy S, Miller JR, Chan AP. Predicting the functional effect of amino acid substitutions and indels. *PLoS One*. 2012, 7(10): e46688.

Clark PU, Archer D, Pollard D, Blum JD, Rial JA, Brovkin V, Mix AC, Pisias NG, Roy M. The middle Pleistocene transition: Characteristics, mechanisms, and implications for long-term changes in atmospheric pCO₂. *Quaternary Science Reviews*. 2006, 25(23): 3150–3184.

Cui ZJ, Chen YX, Zhang W, Zhou SZ, Zhou LP, Zhang M, Li CC. Research history, glacial chronology and origins of Quaternary glaciations in china. *Quaternary Sciences*. 2011, 31(5): 749–764.

Danecek P, Auton A, Abecasis G, Albers CA, Banks E, DePristo MA, Handsaker RE, Lunter G, Marth GT, Sherry ST, McVean G, Durbin R. The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics*. 2011, 27(15): 2156–2158.

Dearing JA, Jones R, Shen J, Yang X, Boyle J, Foster G, Crook D, Elvin M. Using multiple archives to understand past and present climate-human-environment interactions: The lake Erhai catchment, Yunnan Province, China. *Journal of Paleolimnology*. 2008, 40(1): 3–31.

Do C, Waples RS, Peel D, Macbeth G, Tillett BJ, Ovenden JR. NeEstimator v2: Re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (Ne) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*. 2014, 14(1), 209–214.

Douglas G, Chen YS. The red list of maples. *Botanic Gardens Conservation International*. 2009.

Doyle JJ, Doyle JL. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*. 1987, 19(1), 11–15.

Excoffier L, Marchi N, Marques DA, Matthey-Doret R, Gouy A, Sousa VC. Fastsimcoal2: Demographic inference under complex evolutionary scenarios. *Bioinformatics*. 2021, 37, btab468.

Frichot E, François O. LEA: An R package for landscape and ecological association studies. *Methods in Ecology and Evolution*. 2015, 6(8), 925–929.

García-Dorado A. A simple method to account for natural selection when predicting inbreeding depression. *Genetics*. 2008, 180(3), 1559–1566.

Garrison E, Marth G. Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. arXiv. 2012, 1207.3907.

Glémin S. How are deleterious mutations purged? Drift versus nonrandom mating. *Evolution*. 2003, 57(12), 2678–2687.

Head MJ, Gibbard PL. Early-Middle Pleistocene transitions: An overview and recommendation for the defining boundary. *Geological Society, London, Special*

Publications. 2005, 247(1), 1–18.

Hedrick PW, García-Dorado A. Understanding inbreeding depression, purging, and genetic rescue. *Trends in Ecology and Evolution*. 2016, 31(12), 940–952.

Hohenlohe PA, Funk WC, Rajora OP. Population genomics for wildlife conservation and management. *Molecular Ecology*. 2021, 30(1), 62–82.

Koes R E, Quattrocchio F, Mol JNM. The flavonoid biosynthetic pathway in plants: Function and evolution. *BioEssays*. 1994, 16(2), 123–132.

Korneliusen TS, Albrechtsen A, Nielsen R. ANGSD: Analysis of next generation sequencing data. *BMC Bioinformatics*. 2014, 15(1), 356.

Kumar R, Janila P, Vishwakarma MK, Khan AW, Manohar SS, Gangurde SS, Variath MT, Shasidhar Y, Pandey MK, Varshney RK. Whole-genome resequencing-based QTLseq identified candidate genes and molecular markers for fresh seed dormancy in groundnut. *Plant Biotechnology Journal*. 2020, 18(4), 992–1003.

Li H. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. arXiv. 2013, 1303.3997.

Li H, Handsaker B, Wysoker A, Fennell T, Ruan J, Homer N, Marth G, Abecasis G, Durbin R. The sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics*. 2009, 25(16), 2078–2079.

Liu XM, Fu YX. Stairway Plot 2: Demographic history inference with folded SNP frequency spectra. *Genome Biology*. 2020, 21(1), 280.

Luu K, Bazin E, Blum MGB. Pcadapt: An R package to perform genome scans for selection based on principal component analysis. *Molecular Ecology Resources*. 2017, 17(1), 67–77.

Lynch M, Conery J, Burger R. Mutation accumulation and the extinction of small populations. *The American Naturalist*. 2015, 146(4), 489–518.

Ma H, Liu YB, Liu DT, Sun WB, Liu XF, Wan YM, Zhang XJ, Zhang RG, Yun QZ, Wang JH, Li ZH, Ma YP. Chromosome-level genome assembly and population genomic analysis of a critically endangered rhododendron provides insights into its conservation. *The Plant Journal*. 2021, 107, 1533–1545.

Ma YP, Chen G, Grumbine RE, Dao ZL, Sun WB, Guo HJ. Conserving plant species with extremely small populations (PSESP) in China. *Biodiversity and Conservation*. 2013, 22(3), 803–809.

Ma YP, Wariss HM, Liao RL, Zhang RG, Yun QZ, Olmstead RG, Chau JH, Milne RI, Van de Peer Y, Sun WB. Genome-wide analysis of butterfly bush (*Buddleja alternifolia*) in three uplands provides insights into biogeography, demography and speciation. *New Phytologist*. 2021, 232(3), 1463–1476.

Mustajärvi K, Siikamäki P, Rytönen S, Lammi A. Consequences of plant population size and density for plant-pollinator interactions and plant performance. *Journal of Ecology*. 2001, 89(1), 80–87.

Nguyen LT, Schmidt HA, von Haeseler

A, Minh BQ. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 2015, 32(1), 268–274.

Ogo Y, Mori T, Nakabayashi R, Saito K, Takaiwa F. Transgenic rice seed expressing flavonoid biosynthetic genes accumulate glycosylated and/or acylated flavonoids in protein bodies. *Journal of Experimental Botany*. 2015, 67(1), 95–106.

Patton AH, Margres MJ, Stahlke AR, Hendricks S, Lewallen K, Hamede RK, Ruiz-Aravena M, Ryder O, McCallum HI, Jones ME, Hohenlohe PA, Storz A. Contemporary demographic reconstruction methods are robust to genome assembly quality: A case study in Tasmanian devils. *Molecular Biology and Evolution*. 2019, 36(12), 2906–2921.

Pickrell JK, Pritchard JK. Inference of population splits and mixtures from genome-wide allele frequency data. *PLoS Genetics*. 2012, 8(11), e1002967.

Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, Sklar P, de Bakker PIW, Daly MJ, Sham PC. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*. 2017, 81(3), 559–575.

Quideau S. Flavonoids. Chemistry, biochemistry and applications. Edited by Øyvind M. Andersen and Kenneth R. Markham. *Angewandte Chemie International Edition*. 2006, 45(41), 6786–6787.

Rodger YS, Pavlova A, Sinclair S, Pickup M, Sunnucks P. Evolutionary history and genetic connectivity across highly fragmented populations of an endangered daisy. *Heredity*. 2021, 126(5), 846–858.

Rödin-Mörch P, Luquet E, Meyer-Lucht Y, Richter-Boix A, Höglund J, Laurila A. Latitudinal divergence in a widespread

amphibian: Contrasting patterns of neutral and adaptive genomic variation. *Molecular Ecology*. 2019, 28(12), 2996–3011.

Shen J, Jones RT, Yang XD, Dearing JA, Wang SM. The Holocene vegetation history of Lake Erhai, Yunnan province southwestern China: The role of climate and human forcings. *The Holocene*. 2006, 16(2), 265–276.

Sim N-L, Kumar P, Hu J, Henikoff S, Schneider G, Ng PC. SIFT web server: Predicting effects of amino acid substitutions on proteins. *Nucleic Acids Research*. 2012, 40(W1), 452–457.

Simons YB, Turchin MC, Pritchard JK, Sella G. The deleterious mutation load is insensitive to recent population history. *Nature Genetics*. 2014, 46(3), 220–224.

Tao LD, Han CY, Song K, Sun WB. A tree species with an extremely small population: Recategorizing the Critically Endangered *Acer yangbiense*. *Oryx*. 2020, 54(4), 474–477.

Terhorst J, Kamm JA, Song YS. Robust and scalable inference of population history from hundreds of unphased whole genomes. *Nature Genetics*. 2017, 49(2), 303–309.

Turner TF, Osborne MJ, Moyer GR, Benavides MA, Alò D. Life history and environmental variation interact to determine effective population to census size ratio. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2006, 273(1605), 3065–3073.

Wan Y, Fu KD, Liu Y, Shi ZT. Geomorphologic structure, characteristics and processes in the Cangshan mountains: Explanations for the formation and development of the Dali Glaciation. *International Journal of Geosciences*. 2011, 2(2), 155–163.

Wang K, Li MY, Hakonarson H. ANNOVAR: functional annotation of genetic variants from high-throughput sequencing data. *Nucleic Acids Research*. 2010, 38(16), e164.

Yang J, Cai L, Liu DT, Chen G, Gratzfeld

J, Sun WB. China's conservation program on Plant Species with Extremely Small Populations (PSESP): Progress and perspectives. *Biological Conservation*. 2020, 244, 108535.

Yang J, Lee SH, Goddard ME, Visscher PM. GCTA: A tool for genome-wide complex trait analysis. *American Journal of Human Genetics*. 2011, 88(1), 76–82.

Yang J, Wariss HM, Tao LD, Zhang RG, Yun QZ, Hollingsworth P, Dao ZL, Luo GF, Guo HJ, Ma YP, Sun WB. De novo genome assembly of the endangered *Acer yangbiense*, a plant species with extremely small populations endemic to Yunnan Province, China. *Gigascience*. 2019, 8(7), giz085.

Yang J, Zhao LL, Yang JB, Sun WB. Genetic diversity and conservation evaluation of a critically endangered endemic maple, *Acer yangbiense*, analyzed using microsatellite markers. *Biochemical Systematics and Ecology*. 2015, 60, 193–198.

Yang YZ, Ma T, Wang ZF, Lu ZQ, Li Y, Fu CX, Chen XY, Zhao MS, Olson MS, Liu JQ. Genomic effects of population collapse in a critically endangered ironwood tree *Ostrya rehderiana*. *Nature Communications*. 2018, 9(1), 5449.

Zhang C, Dong SS, Xu JY, He WM, Yang TL. PopLDdecay: A fast and effective tool for linkage disequilibrium decay analysis based on variant call format files. *Bioinformatics*. 2018, 35(10), 1786–1788.

Zhang M, Zhou L, Bawa R, Suren H, Holliday JA. Recombination rate variation, hitchhiking, and demographic history shape deleterious load in poplar. *Molecular Biology and Evolution*. 2016, 33(11), 2899–2910.

Zhou GC, Li W, Zhang YM, Liu Y, Zhang M, Meng GQ, Li M, Wang YL. Distinct evolutionary patterns of NBS-Encoding genes in three soapberry family (Sapindaceae) species. *Frontiers in Genetics*. 2020, 11, 737.

华盖木种子休眠萌发与储藏特性

胡泉剑

(中国科学院昆明植物研究所 中国西南野生生物种质资源库)

华盖木 (*Magnolia sinica*) 是木兰科受威胁最严重的物种之一。中国科学院昆明植物研究所针对其种子的休眠与萌发特性、脱水耐性、低温及超低温储藏特性开展了研究。

结果显示: 1) 华盖木种子具有浅度简单形态生理休眠 (Nondeep Simple Morphophysiological Dormancy), 在胚根突破种皮之前, 胚 (Embryo) 需要在种子内部生长到约 0.60 的胚种比 (胚与种子长度的比值)。2) 种子在 20℃、25℃、20℃/10℃、25℃/15℃ 及 30℃/20℃ (每日光照 12 小时, 变温循环 12 小时/12 小时, 高温时光照) 条件下萌发较好,

赤霉素 (浓度 200mg/L) 仅在 20℃ 对萌发有显著的促进作用; 30℃ 常温下种子萌发率及活力显著降低。3) 华盖木种子耐脱水, 水分含量干燥至 4.9% (鲜重基础, Fresh basis), 萌发率未见显著下降; 且在 -20℃ 保存 6 个月, 萌发率与新鲜种子相比没有显著差异, 因此其储藏特性属于正常型种子 (Orthodox seeds)。4) 超低温保存 (Cryopreservation, 将活的细胞、组织或器官等置于液氮中保存, 解冻后仍能存活的技术) 6 个月的效果不及 -20℃ 低温保存, 但萌发率也大于 60%。另外, 利用组织培养技术

对分离出的胚进行单独培养, 低温及超低温保存 6 个月后的萌发率都超过 70%。我们认为利用低温及超低温保存技术对华盖木种子进行长期保存都是可行的。

该研究成果发表在 *Plant Diversity* 杂志上 (Lin, L., Cai, L., Fan, L., Ma, J.-C., Yang, X.-Y., Hu, X.-J., 2022. Seed dormancy, germination and storage behavior of *Magnolia sinica*, a plant species with extremely small populations of Magnoliaceae. *Plant Diversity*. 2022, 44, : 94–100. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2021.06.009>)。



12 个极小种群物种的种子储藏特性判断

杨娟

(中国科学院昆明植物研究所 中国西南野生生物种质资源库)

中国科学院昆明植物研究所中国西南野生生物种质资源库对来自于 9 个科的 12 个极小种群物种的种子进行了萌发实验和储藏特性判断研究。

1 实验材料

具体信息见表 1。

表 1: 物种信息表

序号	采集地	科名	拉丁科名	中文名	拉丁名
1	云南省红河州金平县	伯乐树科	Bretschneideraceae	伯乐树	<i>Bretschneidera sinensis</i>
2	广西防城港市东兴市	卫矛科	Celastraceae	膝柄木	<i>Bhesa robusta</i>
3	云南省楚雄彝族自治州	苏铁科	Cycadaceae	滇南苏铁	<i>Cycas diannanensis</i>
4	广西壮族自治区桂林市雁山区	苏铁科	Cycadaceae	叉叶苏铁	<i>Cycas micholitzii</i>
5	云南省西双版纳州勐腊县	苏铁科	Cycadaceae	篦齿苏铁	<i>Cycas pectinata</i>
6	云南省文山马关县	胡桃科	Juglandaceae	喙核桃	<i>Annamocarya sinensis</i>
7	重庆市北碚区	樟科	Lauraceae	雅安琼楠	<i>Beilschmiedia yaanica</i>
8	四川省宜宾市筠连县	樟科	Lauraceae	岩桂	<i>Cinnamomum petrophilum</i>
9	广西壮族自治区桂林市灵川县	木兰科	Magnoliaceae	观光木	<i>Tsoongiodendron odorum</i>
10	云南省西双版纳勐腊县	肉豆蔻科	Myristicaceae	云南肉豆蔻	<i>Myristica yunnanensis</i>
11	云南省丽江市大东县	梧桐科	Sterculiaceae	云南梧桐	<i>Firmiana major</i>
12	贵州省黔南独山县	椴树科	Tiliaceae	滇桐	<i>Craigia yunnanensis</i>

2 实验方法

所有物种取新鲜种子、双 15 干燥间平衡 (干燥) 种子进行含水量和萌发实验, 其中云南梧桐和滇桐种子平衡后放入冷库 3 个月后进行萌发实验。

含水量测定: 每份种子设置 10 个重复, 1 粒为一个重复, 于 103℃ 烘 17 小时后, 以鲜重为基础计算含水量, 使用精度为 0.00001 g 的电子天平称重。新鲜种子, 在 15℃, 平衡相对湿度为 15% 左右 (干燥) 各测一次含水量。

萌发实验: 将清理后的种子播种于琼脂培养基上, 置于设定温度下, 12 小时光照/12 小时黑暗的培养间内发芽。除喙核桃和云南梧桐为每皿 10 粒, 3 个重复外, 其他物种均每皿播种 13 粒种子, 共计 2 个重复。具体实验方法见表 2

表 2: 不同物种的萌发方法

序号	中文种名	拉丁种名	温度 /℃	基质	其它
1	伯乐树	<i>Bretschneidera sinensis</i>	20	1% 琼脂	
2	膝柄木	<i>Bhesa robusta</i>	25	1% 琼脂 +GA3	
3	篦齿苏铁	<i>Cycas pectinata</i>	25	1% 琼脂 +GA3	
4	叉叶苏铁	<i>Cycas micholitzii</i>	25	1% 琼脂 +GA3	
5	滇南苏铁	<i>Cycas diannanensis</i>	25	1% 琼脂	
6	喙核桃	<i>Annamocarya sinensis</i>	25/15	1% 琼脂	
7	雅安琼楠	<i>Beilschmiedia yaanica</i>	20	1% 琼脂	
8	岩桂	<i>Cinnamomum petrophilum</i>	25	1% 琼脂	
9	观光木	<i>Tsoongiodendron odorum</i>	20	1% 琼脂 +GA3	
10	云南肉豆蔻	<i>Myristica yunnanensis</i>	25	1% 琼脂	
11	云南梧桐	<i>Firmiana major</i>	20	1% 琼脂	剥去种皮
12	滇桐	<i>Craigia yunnanensis</i>	20	1% 琼脂	

备注: 1% 琼脂 +GA3; 含 200mg/L 赤霉素 (GA3) 的 1% 琼脂
含水量 (%) = (烘干前重量 - 烘干后重量) / 烘干前重量 × 100%
萌发率 (%) = 萌发总粒数 / 播种粒数 × 100%

3 实验结果

3.1 含水量结果

每个物种新鲜种子和干燥种子的含水量，见表3。

表3：不同状态下种子的含水量（%）

序号	中文种名	拉丁种名	新鲜	干燥
1	伯乐树	<i>Bretschneidera sinensis</i>	44.95	4.61
2	膝柄木	<i>Bhesa robusta</i>	51.93	4.24
3	篦齿苏铁	<i>Cycas pectinata</i>	44.99	18.41
4	叉叶苏铁	<i>Cycas micholitzii</i>	41.88	18.47
5	滇南苏铁	<i>Cycas diannanensis</i>	42.18	18.65
6	喙核桃	<i>Annamocarya sinensis</i>	50.19	6.23
7	雅安琼楠	<i>Beilschmiedia yaanica</i>	50.57	7.49
8	岩桂	<i>Cinnamomum petrophilum</i>	58.57	2.58
9	观光木	<i>Tsoongiodendron odorum</i>	21.02	4.5
10	云南肉豆蔻	<i>Myristica yunnanensis</i>	49.72	5.61
11	云南梧桐	<i>Firmiana major</i>	59.3	5.31
12	滇桐	<i>Craigia yunnanensis</i>	10.63	5.5

3.2 萌发实验结果

每个物种新鲜种子和干燥种子的萌发率，见表4。

表4：不同含水量对种子萌发的影响（%）

序号	中文种名	拉丁种名	新鲜	干燥	入库后
1	伯乐树	<i>Bretschneidera sinensis</i>	65	0	-
2	膝柄木	<i>Bhesa robusta</i>	75	0	-
3	篦齿苏铁	<i>Cycas pectinata</i>	88.46	0	-
4	叉叶苏铁	<i>Cycas micholitzii</i>	92.31	0	-
5	滇南苏铁	<i>Cycas diannanensis</i>	84.62	0	-
6	喙核桃	<i>Annamocarya sinensis</i>	93.33	0	-
7	雅安琼楠	<i>Beilschmiedia yaanica</i>	92.31	0	-
8	岩桂	<i>Cinnamomum petrophilum</i>	50	0	-
9	观光木	<i>Tsoongiodendron odorum</i>	45.83	0	-
10	云南肉豆蔻	<i>Myristica yunnanensis</i>	96.15	0	-
11	云南梧桐	<i>Firmiana major</i>	90	80	83.33
12	滇桐	<i>Craigia yunnanensis</i>	96.15	34.61	42.31

由表4可以看出，伯乐树、膝柄木、篦齿苏铁、叉叶苏铁、滇南苏铁、喙核桃、雅安琼楠、岩桂、观光木和云南肉豆蔻10个物种在新鲜状态是均有较高萌发率，大于等于50%（除观光木），但随着含水量下降，篦齿苏铁，叉叶苏铁，滇南苏铁降至18%，其余物种降至5%左右时，萌发率为0。Roberts J根据种子的贮藏特性将种子分成两大类，即正常型种子(Orthodox seeds)和顽拗型种子(Recalcitrant seeds)，正常性种子是在发育过程中就能获得脱水耐性，能脱水到很低的含水量、而且能在脱水过程中保持活力的种子；顽拗性种子是在散落时仍具有很高的含水量，对脱水反应敏感而且在散落时还保持着代谢活性的种子，这类植物的种子对脱水反应敏感，而且对低温反应也敏感。根据实验结果表明这10种物种种子应属于顽拗型，不能干燥低温保存，需要进一步探索合适的保存方法，如离体，超低温等。

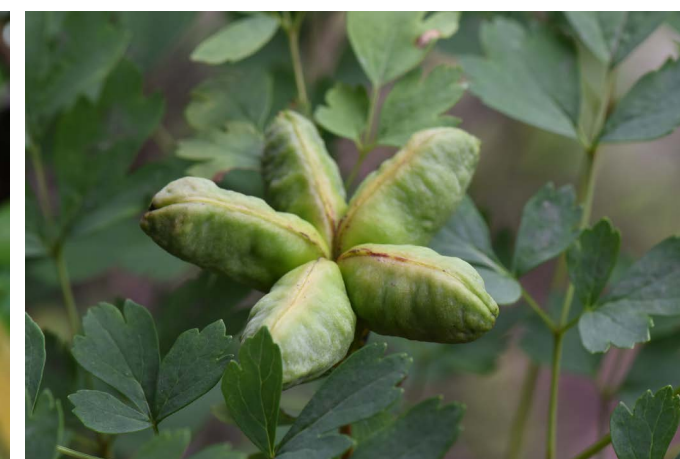
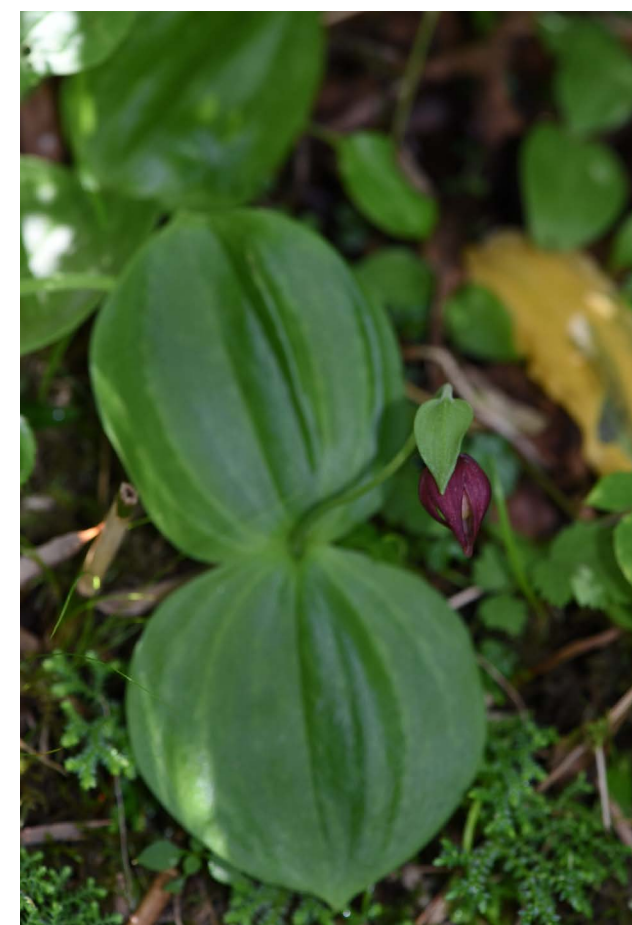
云南梧桐在干燥和入库三个月后仍能保持较高的活力，应为正常型种子。滇桐在干燥后萌发率有个显著地下降，但入库三个月后的萌发率和干燥种子萌发率并无显著差异，因此判断应为正常型种子，但新鲜种子和干燥种子萌发率的变化原因仍不明确。

4 实验结论

表5：不同物种的储藏特性

序号	中文科名	拉丁科名	中文种名	拉丁种名	储藏特性
1	伯乐树科	Bretschneideraceae	伯乐树	<i>Bretschneidera sinensis</i>	顽拗型
2	卫矛科	Celastraceae	膝柄木	<i>Bhesa robusta</i>	顽拗型
3	苏铁科	Cycadaceae	篦齿苏铁	<i>Cycas pectinata</i>	顽拗型
4	苏铁科	Cycadaceae	叉叶苏铁	<i>Cycas micholitzii</i>	顽拗型
5	苏铁科	Cycadaceae	滇南苏铁	<i>Cycas diannanensis</i>	顽拗型
6	胡桃科	Juglandaceae	喙核桃	<i>Annamocarya sinensis</i>	顽拗型
7	樟科	Lauraceae	雅安琼楠	<i>Beilschmiedia yaanica</i>	顽拗型
8	樟科	Lauraceae	岩桂	<i>Cinnamomum petrophilum</i>	顽拗型
9	木兰科	Magnoliaceae	观光木	<i>Tsoongiodendron odorum</i>	顽拗型
10	肉豆蔻科	Myristicaceae	云南肉豆蔻	<i>Myristica yunnanensis</i>	顽拗型
11	梧桐科	Sterculiaceae	云南梧桐	<i>Firmiana major</i>	正常型
12	椴树科	Tiliaceae	滇桐	<i>Craigia yunnanensis</i>	正常型

种子的萌发和储藏特性是指导种子保存的重要基础，因此找到适合的萌发条件，准确判断种子储藏特性对于种子长期保存是非常必要的。



“一种用于墨脱百合组培快繁的培养基组合、组培快繁方法及应用”专利介绍

发明人：罗桂芬，孙卫邦，申建勇

申请单位：中国科学院昆明植物研究所

摘要：本发明提供了一种用于墨脱百合组培快繁的培养基组合、组培快繁方法和应用，属于植物组织快繁技术领域。本发明通过对培养基各组分的优化，将诱导与分化培养基合二为一、增殖与继代培养基合二为一，壮苗与生根培养基合二为一，简化了墨脱百合组织培养的步骤，实现了墨脱百合的快速繁殖，解决了墨脱百合野外分布零星、种群数量稀少、濒临绝灭的问题，为墨脱百合全面的保护、开发和持续利用、种质资源保存奠定了基础，填补了墨脱百合在生物技术上的研发空白。

技术领域

本发明属于植物组织快繁技术领域，具体涉及一种用于墨脱百合组培快繁的培养基组合、组培快繁方法和应用。

背景技术

墨脱百合 (*Lilium medogense*) 是梁松筠先生 1985 年发表的百合属新物种，模式标本是一份陈伟烈先生 1980 年采自西藏墨脱县的标本。目前墨脱百合已处于濒临绝灭的境地，是一种典型的极小种群野生植物，扩大繁殖与保护意义重大。目前还没有针对墨脱百合的组培快繁方法，因此，迫切需要一种针对墨脱百合的组培快繁方法。

发明内容

为了解决上述问题，本发明提供了一种用于墨脱百合组培快繁的培养基组合、组培快繁方法和应用。本发明提供的用于墨脱百合组培快繁的培养基组合可实现墨脱百合的快速繁殖，为墨脱百合全面保护和开发、利用奠定基础。

为了实现上述目的，本发明提供

如下技术方案：

本发明提供了一种用于墨脱百合组培快繁的培养基组合，包括诱导与分化培养基、增殖与继代培养基和壮苗与生根培养基；

所述诱导与分化培养基以改良 MS 培养基为基础培养基，还包括如下浓度的组分：0.5~1.0mg/L 6 BA、0.5~1.0mg/L NAA、40~50g/L 蔗糖和 4.5~5.5g/L 琼脂；所述诱导与分化培养基的 pH 为 5.8~6.4；

所述增殖与继代培养基以改良 MS 培养基为基础培养基，还包括如下浓度的组分：0.5~1.5mg/L 6 BA、0.5~1.0mg/L NAA、40~50g/L 蔗糖和 4.5~5.5g/L 琼脂；所述增殖与继代培养基的 pH 为 5.8~6.4；

所述壮苗与生根培养基以改良 MS 培养基为基础培养基，还包括如下浓度的组分：0.5~1.0mg/L 6 BA、0.5~1.0mg/L NAA、40~50g/L 蔗糖和 4.5~5.5g/L 琼脂；所述壮苗与生根培养基的 pH 为 5.8~6.4；

所述改良 MS 培养基中的微量元素浓度如下：KI 1.66mg/L、H₃BO₃ 12.40mg/L、MnSO₄·4H₂O

44.6mg/L、ZnSO₄·7H₂O 17.20mg/L、Na₂MoO₄·2H₂O 0.50mg/L、CuSO₄·5H₂O 0.05mg/L 和 CoCl₂·6H₂O 0.05mg/L。

优选的，还包括移栽培养基，所述移栽培养基包括珍珠岩、腐殖土和生红木；所述珍珠岩、腐殖土和生红木的体积比为 (1:2)：(1~2)：(1~2)。

本发明提供了上述技术方案中所述的培养基组合在墨脱百合组培快繁中的应用。

本发明提供了一种墨脱百合组培快繁的方法，包括如下步骤：

将消毒后的外植体在上述技术方案中所述的诱导与分化培养基中进行诱导与分化培养，长出不定芽；

将不定芽在上述技术方案中所述的增殖与继代培养基中进行增殖与继代培养，得到无根丛苗；

将无根丛苗在上述技术方案中所述的壮苗与生根培养基中进行壮苗与生根培养，得到墨脱百合无菌苗。

优选的，所述外植体的种类包括墨脱百合的鳞片、叶片、花瓣、雌蕊或雄蕊。

优选的，所述外植体的消毒方法

包括如下步骤：将外植体用体积百分数为 10% 的万金牌喷雾消毒液浸泡 3~10min，浸泡后用过滤水冲洗 3 次；用 75% 的酒精将冲洗后的外植体消毒 10s，用无菌水冲洗 3 次；用 0.1% 升汞溶液将无菌水冲洗后的外植体消毒 5~8min，用无菌水冲洗 3~5 次。

优选的，所述诱导与分化培养的培养条件为：温度 23~25℃，光照强度 1500~2000LUX，光照周期 (10~12)L：(12~14)D，培养时间 45~60d；

所述增殖与继代培养的培养条件为：温度 23~25℃，光照强度 1500~2000LUX，光照周期 (10~12)L：(12~14)D，培养时间 45~60d；

所述壮苗与生根培养的培养条件为：温度 23~25℃，光照强度 1500~2000LUX，光照周期 (5~6)L：(18~19)D，培养时间 45~60d。

优选的，得到无菌苗后还包括移栽；所述移栽的基质为上述技术方案中所述的移栽培养基；所述移栽后的培养条件为：温度 23~25℃，空气相对湿度为 40%~50%，基质相对湿度为 40%~50%。

优选的，所述移栽前还包括将无菌苗进行炼苗；所述炼苗的条件为：遮光率 70%~85%，温度 23~25℃，相对湿度 40%~50%，炼苗时间 7~10d。

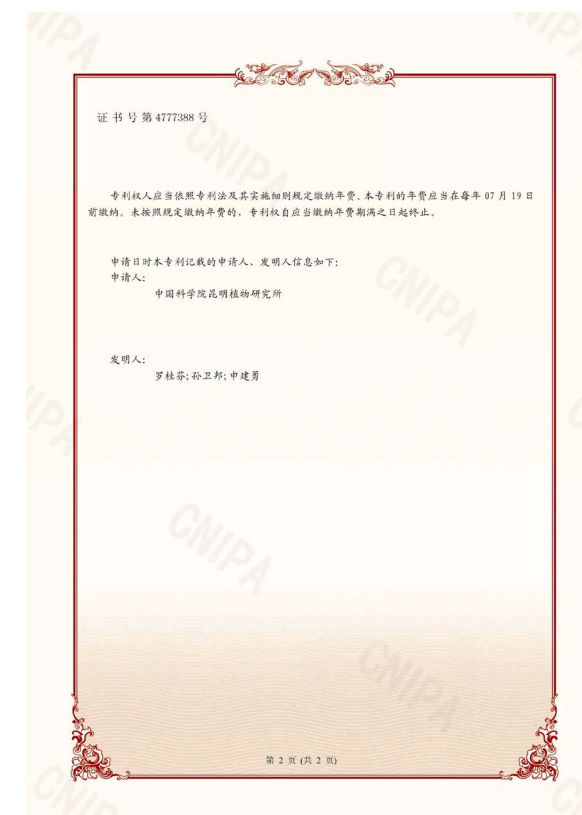
本发明提供了上述技术方案中所述的方法在墨脱百合组培快繁中的应用。

有益效果：

本发明提供了一种用于墨脱百合组培快繁的培养基组合，包括诱导与分化培养基、增殖与继代培养基和壮苗与生根培养基；所述诱导与分化培养基以改良 MS 培养基为基础培养基，还包括如下浓度的组分：0.1~1.0mg/L 6 BA、0.1~1.0mg/L NAA、40~50g/L 蔗糖和 4.5 5.5g/L 琼脂；所述诱导与分化培养基的 pH 为 5.8~6.4；所述增殖与继代培养基以改良 MS 培养基为基础培养基，还包括如下浓度的组分：0.1~2.0mg/L 6 BA、0.5~1.0mg/L NAA、40~50g/L 蔗糖和 4.5 5.5g/L 琼脂；所述增殖与继代培养基的 pH 为 5.8~6.4；所述壮苗与生根培养基

以改良 MS 培养基为基础培养基，还包括如下浓度的组分：0.5~1.0mg/L 6 BA、0.5~1.0mg/L NAA、40~50g/L 蔗糖和 4.5~5.5g/L 琼脂；所述壮苗与生根培养基的 pH 为 5.8~6.4。本发明通过对培养基各组分的优化，将诱导与分化培养基合二为一、增殖与继代培养基合二为一，壮苗与生根培养基合二为一，简化了墨脱百合组织培养的步骤，实现了墨脱百合的快速繁殖，解决了墨脱百合野外分布零星、种群数量稀少、濒临绝灭的问题，为墨脱百合全面的保护、开发和持续利用、种质资源保存奠定了基础，填补了墨脱百合在生物技术上的研发空白。

进一步的，本发明提供了墨脱百合的组培快繁的方法，采用上述技术方案中的培养基组合对墨脱百合进行组织培养。本发明提供的方法诱导分化率和生根率高，繁殖周期仅为 45~60d，极大地提高了墨脱百合的繁殖速率，为该物种的保护与繁育、引种驯化、保存和规模化生产供了技术支持。



贯叶马兜铃的遗传多样性和遗传结构研究

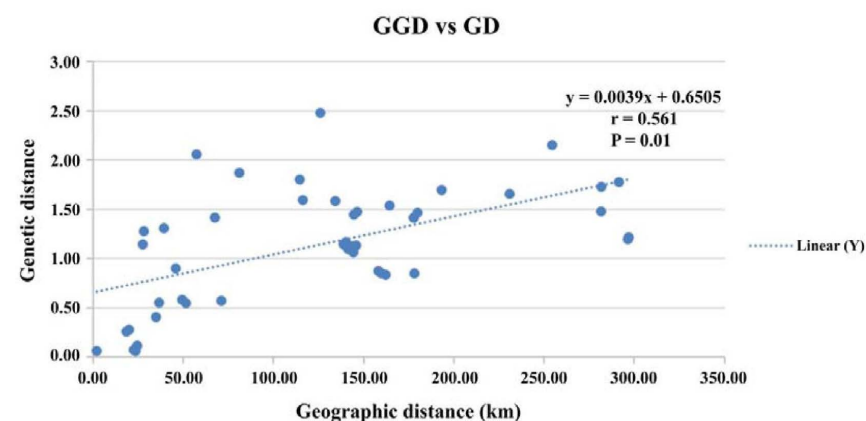
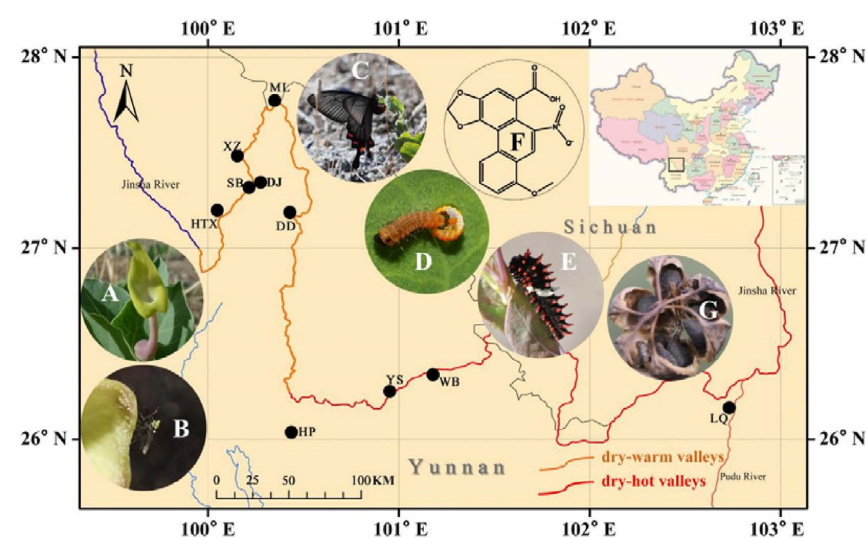
于玉龙^{1,2}, 王慧纯^{2,3}, 余志祥⁴, Johann Schinnerl⁵, 唐荣^{2,3}, 耿宇鹏¹, 陈高^{2,6}

(1 云南大学; 2 中国科学院昆明植物研究所极小种群野生植物综合保护重点实验室; 3 中国科学院大学; 4 四川攀枝花苏铁国家级自然保护区管理局; 5 维也纳大学; 6 中国科学院昆明植物研究所中国科学院东亚植物多样性与生物地理学重点实验室)

贯叶马兜铃 (*Aristolochia Delavayi*) 是一种金沙江干热河谷特有的马兜铃科植物, 被 IUCN 红色名录评为濒危物种 (EN), 同时也是一种极小种群野生植物。为了指导贯叶马兜铃保护单元的划分以及综合保护过程中的遗传管理, 本研究利用简单重复序列 (SSR) 分子标记研究了该物种的居群内和居群间遗传结构和遗传分化。

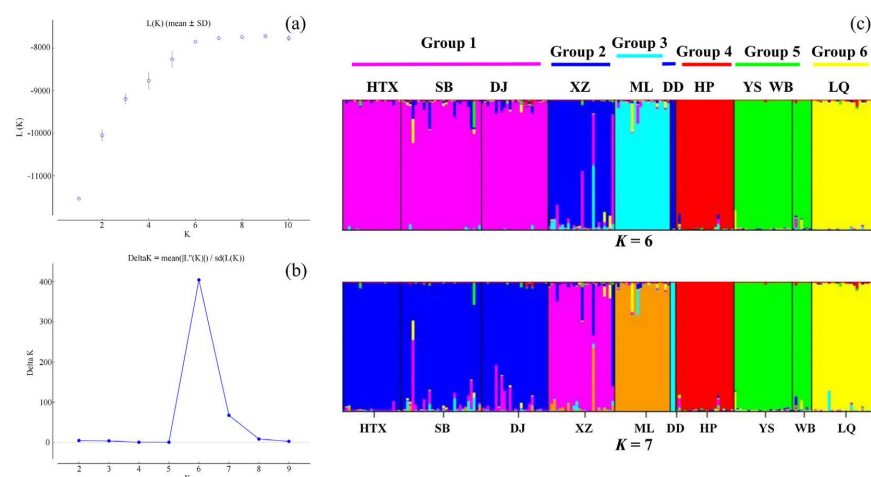
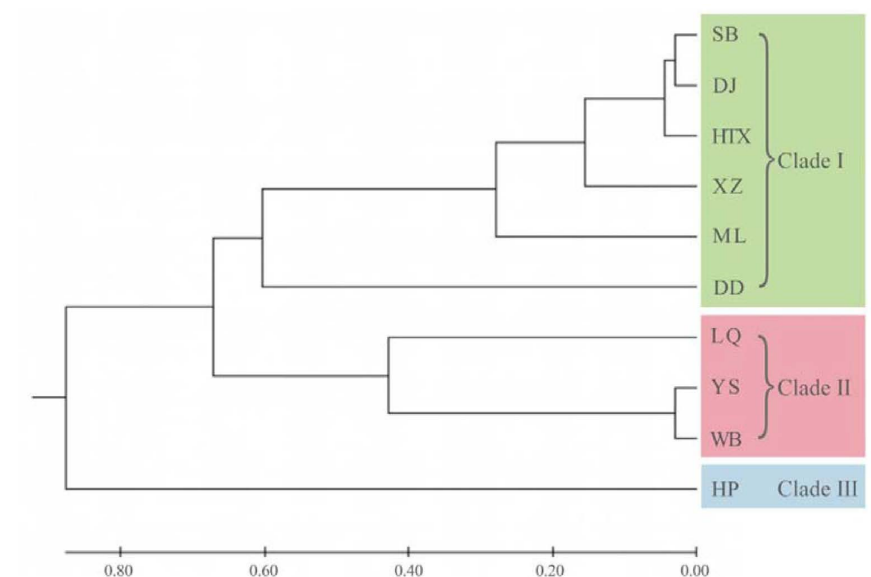
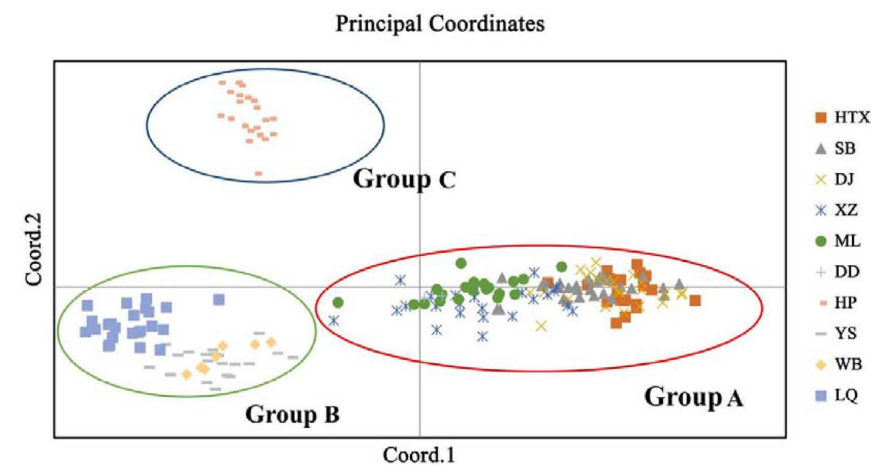
本研究基于浅层测序技术, 针对贯叶马兜铃开发了 15 对 SSR 引物, 对金沙江干热河谷分布的 10 个贯叶马兜铃野生居群, 共 193 株个体进行了遗传多样性分析。

结果显示: 贯叶马兜铃野生种群的期望杂合度 (H_e) 为 0.550, 显著高于该地区其他特有种和濒危种的遗传多样性水平, 说明贯叶马兜铃的濒危现状可能是由于近期种群衰退导致的, 小种群带来的遗传漂变尚未积累, 因此该物种尚保留着较高的遗传多样性水平。AMOVA 分析显示, 68.4% 的遗传多样性在种群内, 31.6% 的遗传多样性在种群间。自然种群间具有明显的遗传分化, 种群间基因流比较低 ($N_m=0.591$), 这可能是由传粉和种子扩散限制共同导致的: 在野外调查过程中, 我们发现该物种的有性繁殖依赖传粉者授粉, 其主要传粉者是体型较小、飞行能力弱、传粉效率低的蠓 (Ceratopogonidae) 和摇蚊 (Chironomidae), 而贯叶马兜铃的种子扩散方式主要为重力扩散, 由于



当地地形崎岖复杂, 形成了许多地理障碍, 限制了种子扩散。Mantel 分析表明遗传距离和地理距离之间有显著相关性。贝叶斯遗传聚类分析和主成分分析显示, 不同地理分布的种群聚成了 3 个分支: 滇西北的 6 个居群聚

成一支、滇中的 3 个居群聚成一支、黄坪居群独自聚成一支。黄坪居群的个体同其他居群的个体在主要分类特征上没有明显区别, 但是其在植株大小、叶片气味和遗传分化上有些不同, 这个居群可能是贯叶马兜铃的亚种或



变种, 但是这尚需更多研究支持。

我们推测生境破碎化和居群间的低基因流塑造了贯叶马兜铃如今的群体遗传结构。

贯叶马兜铃是传统中药材和重要香料植物, 具有较高的经济价值。同时该物种也是一种麝凤蝶属昆虫 (*Byasa daemonius*) 幼虫的特异寄主, 其灭绝将导致这种受威胁蝴蝶的灭绝。过去数十年间, 由于生境退化、过度利用等人为干扰, 该物种的种群规模发生了快速下降, 我们调查到的 10 个野生居群中, 大部分只有几个个体。其有效保护刻不容缓, 基于本研究, 建议将贯叶马兜铃划分成 3 个保护管理单元, 保护过程中应当注意避免对 3 个保护管理单元分别进行综合保护, 避免远交衰退。保护中应重点关注经历过严重瓶颈效应的永胜和禄劝居群。由于黄坪居群在遗传上较为独特, 建议对其进行就地保护。大东居群种群数量非常小, 建议对其进行充分调查以评估其现有居群的规模。同时建议对贯叶马兜铃进行人工繁育, 并进行迁地保护, 在迁地保护过程中, 需要考虑传粉和种子扩散。需要注意的是, 本研究中发现中甸马兜铃 (*Aristolochia zhongdianensis*) 同贯叶马兜铃有大量的分布重叠, 且发现了一些疑似两者的杂交后代, 这可能会导致濒危的贯叶马兜铃受到中甸马兜铃的遗传渐渗, 加速其灭绝, 然而目前尚须通过基因流方向等更多研究才能支持这一观点。

该研究成果发表在 *Plant Diversity* 杂志上 (Yu YL, Wang HC, Yu ZX, Schinnerl J, Tang R, Geng YP, Chen G. Genetic diversity and structure of the endemic and endangered species *Aristolochia delavayi* growing along the Jinsha River. *Plant Diversity*. 2021, 43: 225–233)。

昆明植物园极小种群野生植物专类园基本情况

高富, 朱亚杰

(中国科学院昆明植物研究所 昆明植物园)

极小种群野生植物保护实践, 已逐渐从云南地方层面上升到国家保护行动中, 成为国家生态红线划定的评价指标之一。植物园显然是开展迁地保护的有效场所, 具有 80 多年历史的昆明植物园率先于 2015 年启动了占地面积 20 多亩的极小种群野生植物专类园的建设工作, 开展收集、保育和栽培展示。截止 2021 年 12 月, 先后收集、保育并开展室外科普教育展示的该类群野生植物种类达到 30 余种。

下面从三个方面, 向关心极小种群野生植物迁地保护工作进展的读者简要介绍昆明植物园极小种群野生植物专类园和目前已定植植物的基本情况。

一、专类园选址、改造与定植林斑设置

昆明植物园适应时代发展和科研需求, 在不影响历史传承的基础上, 搭建新的科研平台, 满足开展极小种群野生植物迁地保育、科学研究和科普展示的需要, 需要新的专类园空间, 开展该类群植物的引种栽培。针对昆明植物园园区内部元宝山自然地貌特点, 结合已有地面植被的物种组合特征, 植物园的建设者们把目光投向了位于元宝山顶“一环路”范围内的部分区域。如果以山顶为圆心, 一环路沿线看作“圆周”, 正北方向 0° 为起点, 顺时针方向约 50-200° 范围

内的空间区域内成为拟建的极小种群野生植物专类园的候选地。

极小种群野生植物园专类园的规划工作约始于昆明植物园园区“十一五”时期, 园区“十二五”时期完成空间整理并初具轮廓, 园区“十三五”期间完成目标物种定植并初具科普展示和科研基本功能, 今后将成为极小种群野生植物研究领域系列科研产出的依托平台之一。

在专类园植株定植空间规划过程中, 依据错落有致、乔灌木结合

的自然群落结构特征, 在有限空间范围内(实测面积 23.4 亩, 2022 年 3 月), 从适合物种自然成长、便于科普参观的需求出发, 规划出 675 米长的专类园内的人行步道, 并依据步道分割出 30 个目标植物种类的栽培片区(图 1), 进而构成了以明星物种漾濞槭(*Acer yangbiense*)、滇桐(*Craigia yunnanensis*)、毛枝五针松(*Pinus wangii*)、显脉木兰(*Liriodendron fistulosum*)和被誉地球独子的普陀鹅耳枥(*Carpinus putoensis*)等为代



图 1 昆明植物园极小种群野生植物专类园目标物种定植片区空间位置示意图

表的 35 个极小种群野生植物种类的栽培林斑。另外, 还定植了以天目铁木(*Ostrya rehderiana*) 等为代表的部分国家重点保护野生植物种类。该专类园内定植了除表 1 中所列植物种类外, 林下还定植了草本花卉朱顶红(*Hippeastrum sp.*) 系列、花叶野芝麻(*Lamium galeobdolon*)、千叶兰(*Muehlenbeckia complexa*)、早花百子莲(*Agapanthus praecox*)、紫娇花(*Tulbaghia violacea*)和丛生福禄考(又称芝樱, *Phlox subulata*) 等种类。这些植物种类的成功定植, 构成了一个多冠层结构、乔灌木搭配、季相有序交替的特定专类园景观, 有效提升了该专类园的保育和科研价值, 成为昆明植物园新的“打卡点”。

二、目标物种定植和日常管护

实践证明, 正向人为干扰措施下, 应用已研发出的极小种群野生植物种类的个体扩繁、种群复壮和野外回归等创新技术体系, 能有效改善个体数量极少植物种类的种群大小。比如, 有地球独子之称的普陀鹅耳枥在植物保育工作者的努力下, 新增植株量得到有效增加, 在全国多个省区市的植物园、苗圃或园林绿化实践中得到扩

增和栽培展示, 满足了更多民众零距离接触这一珍稀植物种类的愿望。目前在昆明植物园极小种群野生植物专类园内定植了该物种 56 株。在实践中, 运用中国科学院昆明植物研究所极小种群野生植物综合保护团队研发的理论和专业技术方法, 昆明植物园园区建设团队经多年筹备, 于 2015 年启动了极小种群野生植物专类园的工程建设、引种定植等相关工作, 表 1 显示了已经初步适应昆明植物园室外自然环境的部分极小种群野生植物种类。

考虑到极小种群野生植物种类大多属于首次在人工环境中定植、驯化的现实情况, 在极小种群野生植物专类园建设过程中, 采取了审慎的分批定植、专人管护、加强监测、适当调整的日常管护措施。从表 1 中也可以看到, 首次定植的该类群植物种类为来自云南西畴县的西畴青冈(*Cyclobalanopsis sichouensis*), 事实上, 该物种最初定植时, 极小种群野生植物专类园还未正式启动建设; 随后, 优先定植了来自云南南部的毛枝五针松、云南金钱槭(*Dipteronia dyeriana*)、滇桐等首批被列入极小种群野生植物名录的植物物种; 2016-

2019 年期间, 是物种引入和定植的高峰期, 超过 90% 的种类在这段时期内引入, 引种范围则包括了我国东部、西北等省区, 甚至还有来自海外的活植株, 主要物种来自云南省内地区。为了使定植植株能适应专类园生境条件, 植物园对最初定植点长势不佳个体进行了适当的位置调整, 如瑞丽茜树(*Fosbergia shweliensis*)、土沉香(*Aquilaria sinensis*)和蒜头果(*Malania oleifera*)等。特别值得提出的是, 正是由于该专类园保育了以巧家五针松(*Pinus squamata*) 等为代表的稀有植物种类, 在筹备 2021 年度的 COP15 会议过程中, 为相关专类园景观营造提升建设, 提供了充足的活植物植株的支撑, 实现了景观改造提升的目标。规范、标准的园艺管理是实现目标植株健康成长的前提和保障。考虑到部分极小种群野生植物种类还不能很好的适应昆明植物园的室外自然环境, 为此增加了室内保育设施, 除在现有温室设施内保育包括兰科(*Orchidaceae*)、苦苣苔科(*Gesneriaceae*)类群的极小种群野生植物种类外, 在该专类园内又新建占地面积达到 243.6 平方米的温室设施,

表 1 昆明植物园极小种群野生植物专类园内极小种群野生植物名录及物种基本情况表

科名	植物名	株数	株高 (cm)		基径 (cm)		冠幅 (cm×cm)		引种来源	定植年月
			均值	标准差	均值	标准差	均值	标准差		
夹竹桃科 (Apocynaceae)	富宁藤 (<i>Parepigynum funingense</i>)	1	Na	Na	Na	Na	Na	Na	云南富宁	2019.03
桦木科 (Betulaceae)	普陀鹅耳枥 (<i>Carpinus putoensis</i>)	56	387.38	12.94	4.12	0.20	196×160	8×5	浙江舟山	2016.04
伯乐树科 (Bretschneideraceae)	伯乐树 (<i>Bretschneidera sinensis</i>)	3	77.33	8.76	1.50	0.12	60×58	15×15	云南景东	2019.03
连香树科 (Cercidiphyllaceae)	连香树 (<i>Cercidiphyllum japonicum</i>)	12	323.92	26.26	11.35	2.57	144×122	12×11	浙江	2017.06
使君子科 (Combretaceae)	粤翅藤 (<i>Getonia floribunda</i>)	3	93.00	7.23	Na	Na	45×45	3×3	云南德宏	2016.09
豆科 (Fabaceae)	任豆 (<i>Zenia insignis</i>)	6	932.33	73.49	13.67	1.51	419×336	30×36	引自海外	2018.06
壳斗科 (Fagaceae)	西畴青冈 (<i>Cyclobalanopsis sichouensis</i>)	47	458.45	23.27	9.27	0.68	297×257	18×15	云南西畴	2012.06
金缕梅科 (Hamamelidaceae)	银缕梅 (<i>Parrotia subaequalis</i>)	23	307.43	9.54	3.94	0.16	265×211	11×11	江苏宜兴	2018.11
八角科 (Illiciaceae)	红茴香 (<i>Illicium henryi</i>)	3	150.33	45.83	2.57	0.50	79×70	14×11	浙江舟山	2019.04

科名	植物名	株数	株高 (cm)		基径 (cm)		冠幅 (cm×cm)		引种来源	定植年月
			均值	标准差	均值	标准差	均值	标准差		
樟科 (Lauraceae)	普陀樟 (<i>Cinnamomum japonicum</i> 'Chenii')	8	183.13	21.35	2.08	0.15	101×89	7×4	浙江舟山	2016.04
	浙江楠 (<i>Phoebe chekiangensis</i>)	7	226.43	13.13	5.33	0.46	215×187	17×12	杭州植物园	2016.04
木兰科 (Magnoliaceae)	舟山新木姜子 (<i>Neolitsea sericea</i>)	9	242.56	20.45	4.32	0.47	143×124	6×4	浙江舟山	2016.04
	大叶木莲 (<i>Manglietia dandyi</i>)	17	496.94	28.40	8.43	0.60	328×296	15×14	苗圃自繁	2017.06
	单性木兰 (<i>Kmeria duperreana</i>)	29	436.10	14.35	6.27	0.19	235×206	7×6	云南河口	2016.06
	峨眉拟单性木兰 (<i>Parakmeria omeiensis</i>)	45	272.16	12.61	3.26	0.21	88×77	4×4	四川峨眉山	2016.04
	华盖木 (<i>Pachylarnax sinica</i>)	4	360.00	77.67	4.25	0.81	159×124	23×24	云南屏边	2018.06
	毛果木莲 (<i>Manglietia ventii</i>)	25	743.88	32.32	13.02	0.80	325×285	21×19	苗圃自繁	2016.09
	显脉木兰 (<i>Lirianthe fistulosa</i>)	5	202.20	20.16	2.88	0.39	79×74	7×6	苗圃自繁	2016.09
铁青树科 (Olacaceae)	蒜头果 (<i>Malania oleifera</i>)	48	94.29	8.68	0.72	0.08	60×47	5×4	云南广南	2016.06
松科 (Pinaceae)	毛枝五针松 (<i>Pinus wangii</i>)	25	179.28	6.44	2.53	0.14	139×120	6×6	云南屏边	2015.06
	巧家五针松 (<i>Pinus squamata</i>)	47	458.64	12.82	7.21	0.27	288×258	8×7	云南巧家	2015.10
蔷薇科 (Rosaceae)	新疆野苹果 (<i>Malus sieversii</i>)	2	Na	Na	Na	Na	Na	Na	新疆	2019.03
茜草科 (Rubiaceae)	瑞丽茜树 (<i>Fosbergia shweliensis</i>)	14	93.07	9.04	1.53	0.16	42×37	4×3	云南保山	2020.04
芸香科 (Rutaceae)	富民枳 (<i>Poncirus polyandra</i>)	23	136.09	8.22	1.71	0.14	57×50	2×2	苗圃自繁	2016.09
无患子科 (Sapindaceae)	漾濞槭 (<i>Acer yangbiense</i>)	26	483.69	24.76	8.81	0.63	301×246	20×16	云南大理	2016.09
梧桐科 (Sterculiaceae)	云南金钱槭 (<i>Dipteronia dyeriana</i>)	18	228.72	16.58	2.15	0.26	97×78	11×9	云南屏边	2015.06
	广西火桐 (<i>Firmiana kwangsiensis</i>)	7	129.14	12.36	7.20	1.25	74×72	14×13	广西桂林	2016.09
红豆杉科 (Taxaceae)	平当树 (<i>Paradombeya sinensis</i>)	4	261.50	18.96	5.40	1.24	201×172	25×22	种质库育苗试验	2019.02
	云南穗花杉 (<i>Amentotaxus yunnanensis</i>)	2	Na	Na	Na	Na	Na	Na	云南西畴	2020.04
杉科 (Taxodiaceae)	水松 (<i>Glyptostrobus pensilis</i>)	4	186.00	40.24	3.40	0.96	77×73	15×14	苗圃自繁	2017.06
山茶科 (Theaceae)	杜鹃红山茶 (<i>Camellia azalea</i>)	43	98.26	2.71	3.15	0.20	53×42	2×1	南京	2019.04
瑞香科 (Thymelaeaceae)	土沉香 (<i>Aquilaria sinensis</i>)	1	Na	Na	Na	Na	Na	Na	中国海南	2017.06
椴树科 (Tiliaceae)	滇桐 (<i>Craigia yunnanensis</i>)	26	409.77	39.18	11.75	1.51	250×216	28×25	云南文山	2015.06
榆科 (Ulmaceae)	长序榆 (<i>Ulmus elongata</i>)	14	224.14	18.50	3.33	0.28	177×155	17×15	安徽	2018.06

用于极小种群野生植物种类的室内、室外同步栽培展示，提高科研、保育和知识传播工作效率。其具体位置请参考图 1、图 2 中的标注信息。

三、目标物种常规监测

以极小种群野生植物类群为对象的科研、引种保育和知识传播活动为未来的潜在开发利用提供有效的种质

资源供给。为此，需要对极小种群野生植物类群开展全方位和多角度的探索、观察和总结。基于具体研究对象，特定研究课题或研究生培养训练的科

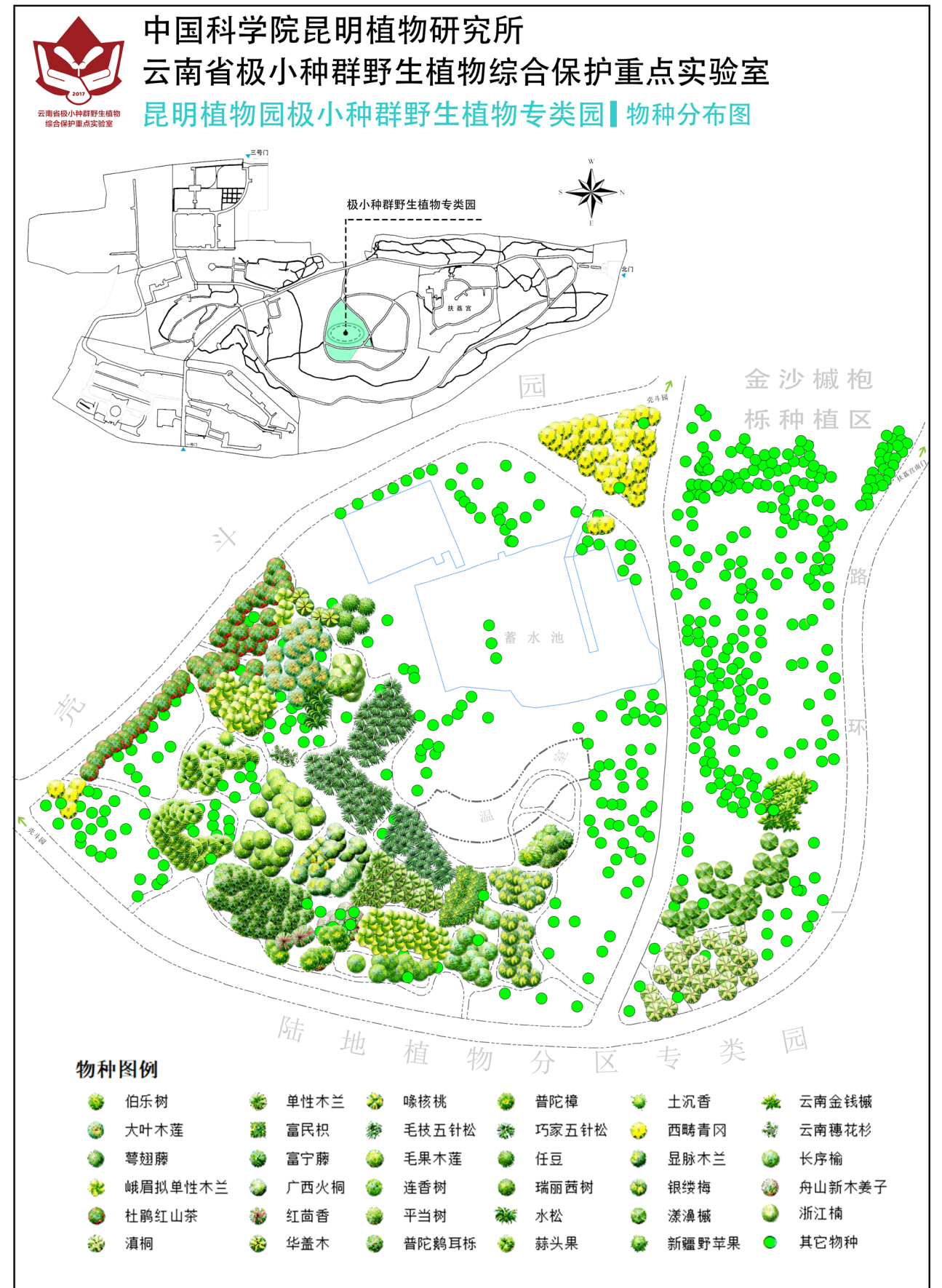


图 2 昆明植物园极小种群野生植物专类园部分目标物种园区定植图

研观测、栽培驯化、园艺开发等各项工作，正在被一个综合保护研究团队从不同角度执行。比如，专注于植物科学知识传播的团队，对于目标物种的代表性物候事件、特定的植物器官影像记录和即时在线发布最新拥有浓厚兴趣；关注目标物种园林应用和潜在开发利用的团队，则更多关注植株拓朴结构的发育、植株塑形和季相更替等方面的内容；关注目标物种生物学特性的团队，则不仅从植株形态上着手，更关注分子生物学、基因组学等微观尺度的信息载有量，采用合理的科学推断，反演和推算目标物种的历史变迁过程，讲述一个物种历史变迁的故事，激发公众开展物种保育的激情和动力。

不仅如此，通过对园区基础数据采集和管理任务的开展，从专类园空间数据、目标物种个体形态建成、园区引种栽培等多角度收集、记录和存储目标物种在专类园内的存留信息，服务于目标物种全方位的研发、保育和知识传播需求。目前，正基于园区活植物信息管理系统（PIMS）、载波相位差分测量技术（RTK）对该专类园内引种保育的目标物种，采用每株定位标记方法，详细记录目标物种在专类园内的空间散布、景观建成等方面的信息，用图形化和数据库的方式有效存储，满足今后多角度应用时的快速检索和查询需求。从表1可知，在23.4亩的专类园空间内，正生活着610株极小种群野生植物，它们也许是今后满足特定需求的有用植物资源。

从已有的园区同质化栽培的异源极小种群野生植物初步监测数据来看，至少可从以下几个方面开展进一步的深入研究和探索工作：一是探讨异源物种在同质化栽培环境下的种间暨种内对环境适应性机制。从表1中简单的描述性统计结果可知，生长在极小种群专类园内的35种植物植株外观、季相更替和适应性均存在种间、种内个体间的不同，相关数据值

得深入分析和探讨；如初步分析13种植株数量超过20株的目标物种的株高数据表明，灌木状的杜鹃红山茶（*Camellia azalea*）株高最为均匀一致，而早期定植的滇桐植株间的高度差异最为明显。二是评估植物引种成功的有效指标和方法，探讨引种地和原产地物种生物学特性差异的机制。如引自广西的广西火桐（*Firmiana kwangsiensis*），其在原产地人工栽培环境下能够生长的很好，因其鲜艳、火红的花瓣夺目色彩成为原产地城镇行道树目标物种；2016年引入本园栽培后，植株低矮情况下，冬季防寒措施较为有效，一度长势良好，也顺利开花，显示能适应本园环境的假象；随着时间推移，植株高生长显著，一般的防寒设施，难以有效协助其抵御冬季低温伤害，部分植株出现冻害后而干枯现象。这表明，广西火桐并没有因为其到达引种地后出现过开花现象，就判断其已能适应新地域的生境条件；三是从宏观和微观尺度研究目标植物种类的环境抗逆性机制和人工干预措施的有效性。如定植在专类园内毛果木莲（*Manglietia ventii*）、单性木兰（*Kmeria duperreana*），在株高低于2米的时候，冬季防寒措施有效防止了冬季低温伤害，随着植株长高，似乎显示它们能有效抵御冬季低温伤害。这两个物种虽然在抵御冬季低温伤害方面具有共性，但植株高生长方面却显示出差异，每株测量数据表明，毛果木莲平均株高达743cm，而单性木兰的平均株高为436cm；与毛果木莲植株间高度差异显著不同，单性木兰则表现为株高较为均匀。

图2中用不同的图标，直观展示了各个物种在极小种群专类园内的位置和冠层覆盖面积差异情况。这将为将来开展专类园景观价值评估和构建提供第一手的图文资料。

以上是对昆明植物园极小种群野生植物专类园的简单介绍，向感兴趣

的读者从极小种群野生植物专类园的规划、建设、目标物种定植、日常管护和科研监测等几个方面做简单的汇总。围绕该类群植物种类同质化栽培下的园艺生态学方面的工作还有待于深入开展。

如果读者想了解详细信息，欢迎通过合适途径与昆明植物园取得联系，就极小种群野生植物迁地保护相关事宜开展深入交流和探讨，共同推动极小种群野生植物研究和保护领域相关工作顺利前进。

致谢！

极小种群野生植物专类园内定植的野生植物来源、定植年月信息得到孔繁才、李函润两位老师的交叉检查确认；文稿完成后，马永鹏研究员和牛洋研究员分别进行了审阅，并提出了中肯的修改意见；李亚梅和孙阳在极小种群野生植物专类园活植物植株调查工作中，付出了时间和精力，在此一并表示感谢！

参考文献

- 孙卫邦. 云南省极小种群野生植物保护实践与探索. 2013, 昆明: 云南科技出版社
- 孙卫邦, 杨静, 刀志灵. 云南省极小种群野生植物研究与保护. 2019, 北京: 科学出版社
- 孙卫邦. 云南省极小种群野生植物保护名录 2021 版. 2021, 昆明: 云南科技出版社
- Ma YP, Chen G, Grumbine RE, Dao ZL, Sun WB, Guo HJ. Conserving plant species with extremely small populations (PSESP) in China. *Biodiversity Conservation*. 2013, 22(3): 803
- Volis S. How to conserve threatened Chinese plant species with extremely small populations? *Plant Diversity*. 2016, 38(1): 45-52.
- Chen G, Sun WB. The role of botanical gardens in scientific research, conservation, and citizen science. *Plant Diversity* 2018, 40(4): 181-188.
- Yang J, Cai L, Liu DT, Chen G, Gratzfeld J, Sun WB. China's conservation program on Plant Species with Extremely Small Populations (PSESP): Progress and perspectives. *Biological Conservation*. 2020, 244: 108535.
- Ma YP, Liu DT, Wariss HM, Zhang RG, Tao LD, Milne RI, Sun WB. Demographic history and identification of threats revealed by population genomic analysis provide insights into conservation for an endangered maple. *Molecular Ecology*. 2022, 31(3): 767-779.

记极小种群考察中平凡的一天

海仙

（香格里拉高山植物园）

2020年8月17日平凡的一天，世界上有许多大事发生，但暂时与我们无关。

我们行走于西藏净地的日喀则地区吉隆县吉隆镇乃夏村的后山，专注于野外调查工作，远离了信息的喧嚣，似乎所有的流言都失去了载体，成了一座座无名的孤岛。

处于这样的环境中，我们每天似乎都有很多的话，又似乎每天都在说同样的话。只是随着天气、体力、路途等各种因素变化着心情。

我体力跟不上年轻小伙子们，走的慢些，话也少些，只是看的仔细，听的仔细些。

“说实话，没手机也挺好的，早上起来干活，中午涉野观花，晚上回来倒头就睡，有意境！”

“睡个头！回来还要压标本！”

“你就能不能别哪壶不开提哪壶？我是压标本的人？”

“恩，今晚的采集记录你包了。”

“别啊！突然觉得这样有意境的生活不适合我等凡夫俗子！哎，那个谁别笑！抢救一下！”

...

“你饿不饿？”“有点...”

他们挺吵闹的，除非饿的、累的走不动路了。

说实话，我也有些饿，但这不算什么，没他们消耗的厉害，还能扛得住。只是身体像海绵吸收了山顶雾水，冲锋衣里都是水，湿漉漉的，脱了又像塞在冰箱里面，从脊椎骨直冒嗖嗖的寒气。然后肺里面塞了火炉，冷气



吸进去，肺直疼。脚？我已经对它没多少指望了，只希望回到住所前没罢工就好了...

今天走的太久，又走的太远。

丛海拔2800米拉升到海拔4000米，只为寻找胡黄连，那个向导口中的好东西。

当地人和外界沟通少，汉语说的磕磕巴巴，也不太准确，流利飞起的藏语，我们又听不懂。虽然在毛爷爷的鼓舞下向导吹的天花乱坠，但我们还是没多少底气。

只能说尽力而为，不辜负每一份期待吧！

或者，古人说得好：“来都来了...”幸运的是，我们的坚持有了回报。8点出发到下午2点钟，历时6个小时，终于找到了胡黄连！

似乎还不少！

不幸的是，起了大雾，隔着几米就见不到人，还伴着小雨，冰冷湿漉

的树叶、枝条、灌木丛一不注意就钻到脖子里、裤管里，像是衣服里塞进来一条活蹦乱跳的泥鳅。

我们的热情没有被雨水浇灭，因为它实在太多了！

三个大居群，整整400多株！

这样的喜悦来的简单，却透彻心脾。

我们为生命喝彩，为它们努力活着而高兴！

也为得到了所有苦尽甘来故事里的绝妙一笔的升华而高兴！

想想今天的经历。

活力却有些彷徨的上午，充满喜悦的中午，不断回味的下午。就像人生的小小缩影，当长久的期望成真，当梦想照进现实，会让人合不拢嘴。

当然，在向店家吃晚饭时，我们应该稍微管下嘴的，即使大铁锅炕的荞麦粑粑、当地的小土豆香甜软糯，配特制辣酱，口味一绝，回味无穷。

但高兴嘛，矜持反而是对主人的不礼貌，而我们一直都是很有礼貌的...

在离开那天很久之后，我整理到当天采集的标本，发现收获很多。有许许多多香格里拉未曾生长的植物，如长成灌木状的乌饭树叶蓼；一种很漂亮的马先蒿（后期鉴定时，有专家说可能是一个新种）；叫不上名的垂头菊和全身长满刺的圆萼刺参。

看着这些标本，还有时不时听到同事口中的提及。我有时候也在想是什么多西让人难以忘怀？

我说不出来，也说不详细，但还是挺怀念那一天的。即使回忆起来仍然充满了困苦、饥饿的味道。可每当提及极小种群，或者野外工作，我依然能想起它，并且随时间渐长，愈加有味道。

或许和世界上万千英雄时刻相比，没有激昂的背景音乐，但这一天里撒满了我们的青春和热血，也像极了许许多多同僚为保护工作默默付出的一个简单缩影。倔强和喜悦陪伴，我们都是如此工作生活的——将我们所过的每个平凡的日常，串联成连续发生的奇迹。



木兰科植物和甲虫的亿年故事

文：陶丽丹¹；图：张品¹，郭世伟¹，蔡磊¹，孙卫邦¹，杨丰懋¹，蒋宏²
(1 中国科学院昆明植物研究所 云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室；2 云南省林业和草原科学院)

木末芙蓉花，山中发红萼。
涧户寂无人，纷纷开且落。
——唐·王维《辛夷坞》

这首诗中所说的“芙蓉花”是指“辛夷花”，又叫“木笔花”，一般认为木笔花是“紫玉兰” (*Magnolia liliiflora*)，属于木兰科 (*Magnoliaceae*)。木兰科植物常用于作行道树和庭院植物。每个人或多或少都见过几种木兰科植物，比如说：二乔玉兰 (*Magnolia × soulangeana*)、荷花玉兰 (*Magnolia grandiflora*)、厚朴 (*Houpoa officinalis*)、鹅掌楸 (*Liriodendron chinense*)、黄兰含笑/黄缅桂 (*Michelia champaca*) 等等。我小时候玩过家家，特别喜欢用荷花玉兰毛茸茸的苞片当“碗”、一碰就散落的雄蕊当“饭”。木兰科植物的花简单漂亮，开花时芳香四溢，令人着迷。我总觉得如果将其拟人化，木兰属 (*Magnolia*)、木莲属 (*Manglietia*) 肯定是翩然若仙的高岭之花，她们长得瘦高、身形笔直，花大朵大朵开在枝顶，多为白色和紫色；含笑属 (*Michelia*) 或许是可可爱爱的邻家小妹，身形矮小，伸手就能够到，老远就让人嗅到甜甜的芳香（身边常见的栽培含笑多为灌木，但是含笑属也有大乔木哦！）。

《中国植物志》记载，木兰科现存有 18 个属，约 335 个种，中国有 14 个属，大约 165 个种^[1]，但是大家先别忙着记数字，木兰科的系统分类尚无定论。木兰科算是一个比较大的科，这个科保留了很多原始被子植物

的特征，比如说：花部器官螺旋状排列、花萼和花瓣没有明显分化、多心皮、雄蕊多数等等，因此被认为是较古老的一类植物，分子和化石证据表明，木兰科可能在距今约 1 亿年前就已经出现在地球上^[2,3]。它们见证了一次次沧海桑田，包括始新世末期的全球急速变冷事件。有一些木兰科植物灭绝了，仅存化石昭示它们曾经存在过^[4]，其他的熬过了几次大型灭绝事件，可是它们的生存现状不容乐观。世界自然保护联盟 (IUCN) 于 2007 年出版了全球木兰科植物红色名录^[5]，在已评估的 151 种木兰科植物中，评为极度濒危的有 31 种，濒危 58 种，易危 23 种。也就是说 74% 的木兰科植物是受威胁的。

云南省极小种群野生植物名录 (2021 版) 中，列入了 6 种木兰科植物。未来 5-10 年，云南省将对这 6 种木兰科植物进行抢救性保护：显脉木兰 (*Magnolia phanerophlebia*)、亮叶木莲 (*Manglietia lucida*)、卵果木莲 (*M. ovoidea*)、粉背含笑 (*Michelia glaucophylla*)、鼠刺含笑 (*M. iteophylla*)、壮丽含笑 (*M. lacei*)。

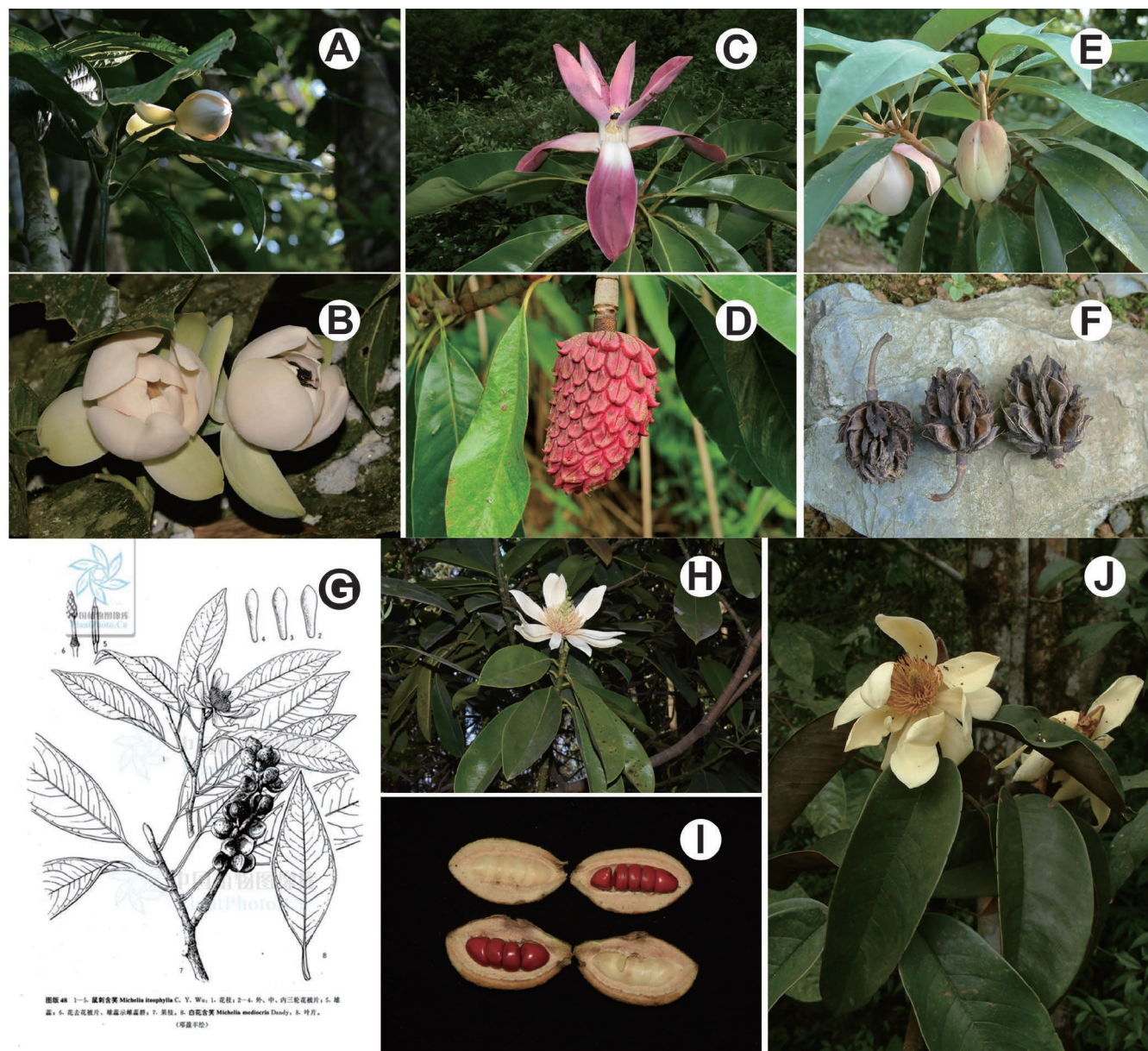
首先，我们要认识这 6 种植物，才能谈保护。说实话，我辨认木兰科植物都是靠“人工辅助精确定点鉴定法”，也就是说先由大佬带我去到树下告诉我那是棵什么树，我把地点记

下来，下次再去同一棵树下就能认出来（换一个地方我就认不得了）。嗯……这种方法有点费大佬。

为了让“脸盲症”患者能快点记住这 6 种木兰科极小种群野生植物，我特地找了植物分类专家要来了独门秘籍（感谢中国科学院昆明植物研究所的蔡磊老师）。

木兰属 (*Magnolia*)、木莲属 (*Manglietia*) 和含笑属 (*Michelia*) 是木兰科的三大属。首先要区分这三个属：木兰属和木莲属的花顶生，开花时间比较晚，一般是 4-5 月开；含笑属的花腋生，花期较早，一般为 2 月份左右开花。这样就包含笑给区分出去了。木兰科植物的果实是蓇葖果，由很多个小蓇葖聚合生成，每个小蓇葖成熟后会开裂，就像张开个口子一样（见下文卵果木莲和壮丽含笑的果），每个小蓇葖里有几颗种子。木兰属和木莲属可以通过蓇葖果来区分：木兰属每个心皮内有 2 个胚珠，每个小蓇葖里的胚珠会发育成 1-2 枚种子；而木莲属每个心皮有 4 个以上胚珠，所以每个小蓇葖里可能包着多枚种子。另外，木莲属全都是常绿乔木（除了落叶木莲），而木兰属有一些种类是灌木，也有些种类是落叶的。

《Flora of China》把木兰属分得很细，按照其分类，显脉木兰属于长喙木兰属 (*Lirianthe*)，但是很多分类学家



A-B: 显脉木兰 (杨丰懋摄); C-D: 亮叶木莲 (蔡磊摄); E-F: 卵果木莲 (孙卫邦摄); G: 鼠刺含笑 [1]; H-I: 壮丽含笑 (蔡磊摄); J: 粉背含笑 (蒋宏摄)

显脉木兰：灌木，叶子很硬，花朝斜下方开，花顶生；容易和馨香玉兰 (*Magnolia odoratissima*)、大叶玉兰 (*M. henryi*) 混淆；生于金平、个旧、河口、马关和越南北部。

亮叶木莲：大乔木，叶子大，花色粉红，花朝上或者朝斜上方开，花顶生；生于河口、金平、马关。

卵果木莲：乔木，花朝下开，花顶生；目前仅见于马关县。

粉背含笑：乔木，花腋生，叶背有很多白粉；目前仅见于麻栗坡县。

鼠刺含笑：这货实在太神秘，连张照片都找不到，我们的外援也束手无策；据说分布在金平、河口、镇沅。

壮丽含笑：大乔木，在含笑中属于果特别大、果皮特别厚的一种植物，花腋生；分布于河口、金平、马关、麻栗坡、芒市，越南、缅甸也有分布。

不承认如此细分的木兰属。

木兰科植物的颜值，大家看图片就能领会，我已经夸腻了。正经事既然已经讲完了，接下来就是八卦时间！给大家介绍一下木兰科不为人知的另一面——作为甲虫召唤师家族的木兰科！

一、被子植物为什么开花？

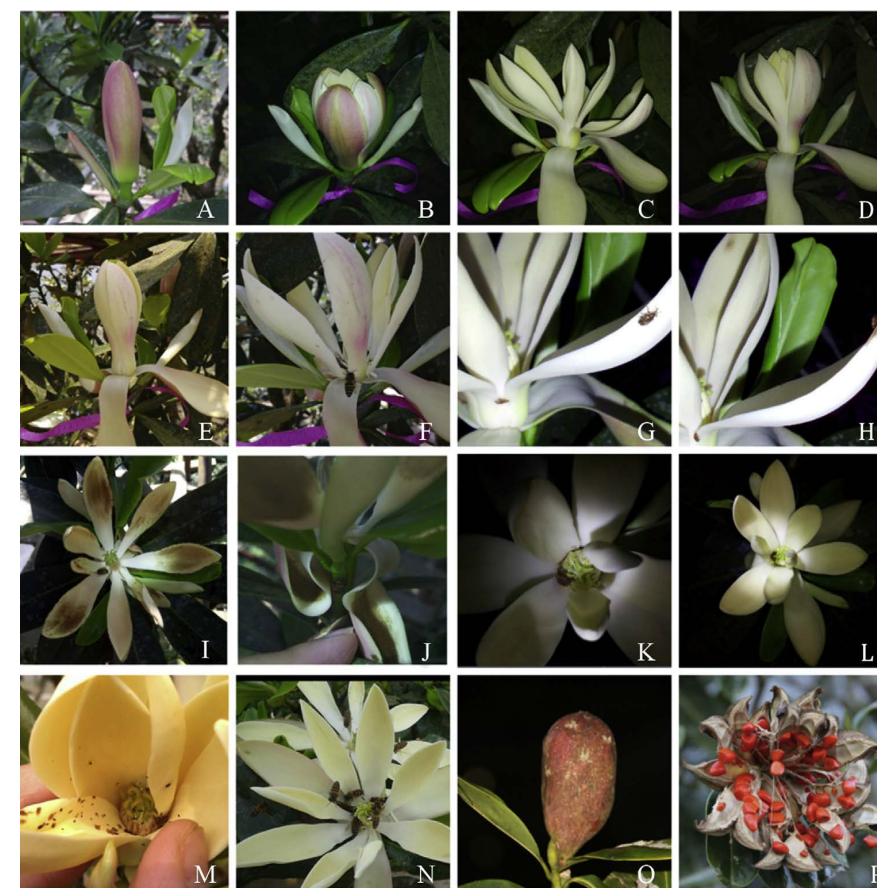
生命靠传承疗愈死亡。

有人说雌雄分化是生物进化中不小心选择的“昏招”。自从不知道多少亿年前的老祖宗选择了雌雄分化，

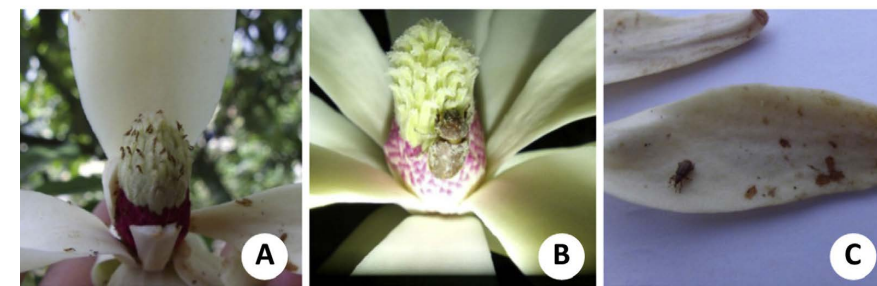
生物开始为找对象而疯狂内卷。但是，植物要怎么找对象呢？俗话说：动物靠自己谈恋爱，植物靠传粉者谈恋爱。一棵植物或许一辈子也没“见过”自己的对象。传粉者是它们寄送“情书”的青鸟。靠传粉者在雌雄蕊之间来回活动，植物接受别的植物的花粉，或传递出自己的花粉。花粉落到柱头上，结出种子延续血脉。说起传粉者，大部分人都会想起蜜蜂，实际上，传粉者的类别非常丰富：昆虫、鸟类、老鼠、蝙蝠等等动物，只要它们因为各种原因来回触碰花粉和柱头，它们就是名

副其实的传粉者；另外有一些植物是靠风、水流等自然力传粉的，有些特别“奇葩”的植物甚至靠自己传粉——它们把自己的雄蕊弯曲一下，主动把花粉撒到自己的柱头上。自然界的多样性超乎想象，任何能让花粉落到柱头上的过程都可能有效传粉。但是“植物婚恋市场”的主流还是动物为媒，全世界 87.5% 的植物依靠动物传粉，其中绝大多数由昆虫传粉^[6,7]。

其实昆虫的起源比被子植物早，甲虫的起源也早于木兰科。最早的种子植物是裸子植物，主要是靠风媒传粉。自从植物同昆虫搭上线后，传粉行为变得越来越多样，植物的婚恋市场越来越卷，植物也开始快速分化。主要靠虫子传粉的被子植物取代了主要靠风传粉的裸子植物，在植物界大放异彩。现在，常见的植物除了苏铁、松杉柏、银杏、红豆杉等少数类群之外，都是被子植物。想想侏罗纪恐龙眼中的世界，满眼都是蕨类植物和苏铁、松柏、银杏等裸子植物；等到白垩纪时，动物界还是恐龙为霸主，此时蜜蜂、蛾子出现了，被子植物也出现了。白垩纪末期发生的灭绝事件是地质史上的一次大型灭绝事件，恐龙突然灭绝，给人们留下了无限猜想，而被子植物却开始繁盛起来，这恐怕有传粉昆虫的一份功劳。



华盖木开花过程^[15]



毛盖木莲传粉昆虫^[14]

二、“铁甲”控

“采得百花成蜜后，为谁辛苦为谁甜？”这是唐代诗人罗隐的两句诗，大家小时候都背过。春夏，在花间忙碌的蜜蜂获得了人们大量的敬意，如果没有这些忙忙碌碌的虫子，大部分花朵只会白白地开放又凋谢，无法结出果实。然而传粉的“工具虫”可不止是蜜蜂。

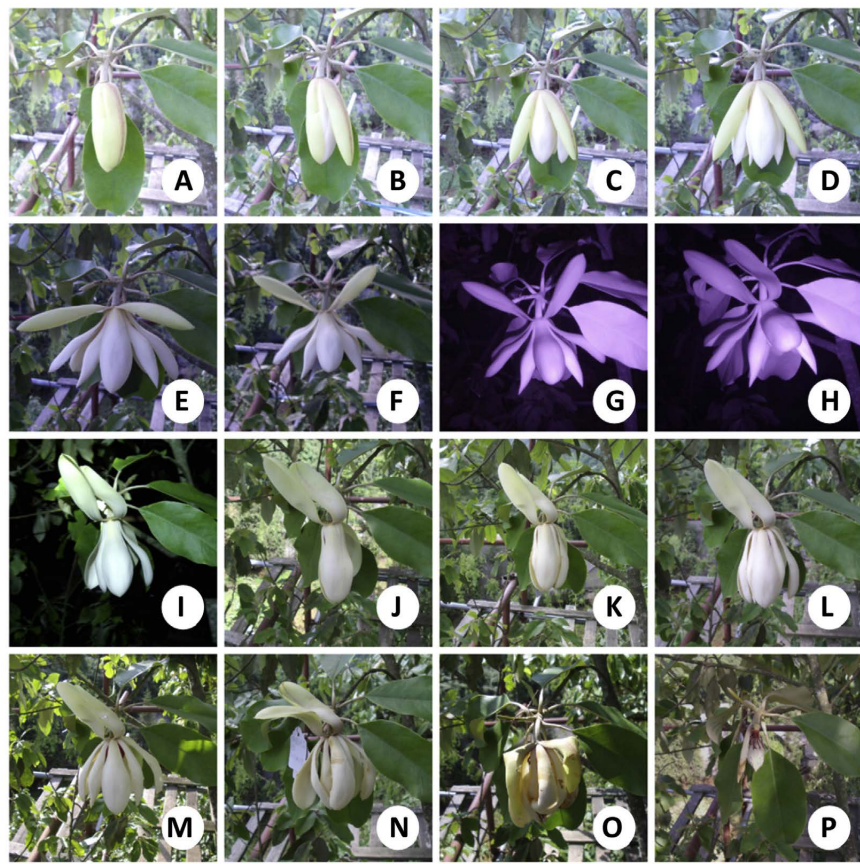
自然界有四大公认的传粉昆虫——鞘翅目（统称为甲虫）、双翅目（比如说苍蝇、蚊子）、鳞翅目（蝴蝶、蛾子）和膜翅目（蜜蜂、熊蜂、蚂蚁等）^[8]。甲虫可能是现存最

古老的传粉昆虫，早在和被子植物搭上线之前，甲虫就已经开始传粉生涯了。2018年，南京古生物所的科学家发现了距今1亿年前白垩纪中期琥珀化石中有甲虫取食苏铁花粉的迹象，随后，他们又发现了携带花粉的原始甲虫以及肚子里装着花粉的二叠啮虫（Permopsocida，已灭绝）^[9,10]。至今，甲虫仍然在给苏铁传粉。

正如植物生存艰难，昆虫的生存状态也不容乐观。有研究预测，未来几十年，世界上40%的昆虫将灭绝，甲虫也不例外，估计约有34%的甲虫正面临着灭绝威胁，是受威胁最严重的昆虫目之一^[11]。然而很少有人注意到它们需要保护。

甲虫主要的传粉对象是早期分化的被子植物分支（如木兰科、睡莲科）、基部单子叶植物（如天南星科、大花草科）、少量真双子叶植物（如莲科等）。这些植物的花有大致相似的特征，比如说：雌雄同花、单花、花比较大、花被多且形成一圈包围着中央的腔室^[12]。拥有这种花的植物往往将宝压在传粉成功率上，也就是说，想尽办法提高自己的口碑，让甲虫宾至如归，下次还来。这样虽然开不了太多花，至少能保证大部分花能成功授粉。木兰科、莲科、天南星科的每朵花里都有很多胚珠，成功受精之后，每朵花都能结出很多种子。

大部分木兰科植物的主要传粉昆虫是甲虫，其中最常见的是露尾甲科（Nitidulidae）和金龟子科（Scarabaeidae），一般是体型较小的甲虫。比如说西畴含笑（*Michelia coriacea*）的主要传粉昆虫是叶甲^[13]；华盖木（*Manglietiastrum sinicum*）的主要传粉昆虫是毛金龟科（Pleocomidae）和象甲科（Curculionidae）；武当玉兰（*Magnolia sprengeri*）的主要传粉昆虫是一种露尾甲（*Eपुरaea* sp.）^[18]；毛果木莲（*Manglietia ventii*）的主要传粉昆虫是象鼻虫（*Sitophilus* sp.）和丽金龟



毛果木莲开花过程^[14]

（*Anomala* sp.）^[14]；卵叶木兰（*Magnolia ovata*）的主要传粉昆虫是一种金龟子（*Cyclocephala literata*）等等。

三、小仙女的小心机——二次开花

木兰科可是精致的小仙女，它们将甲虫来访之后的行为算计得明明白白。

或许很多人听说过，华盖木有二次开花的现象。华盖木的花第一次开放时，雌蕊成熟，雄蕊还未散粉，昆虫被甜甜的花香吸引过来。一个小时后，花开始闭合，把昆虫困在花里。第二天，华盖木的花再次开放，此时雄蕊散粉，而雌蕊柱头活力快速下降。被困花中一晚上的昆虫携带一身花粉被放出去，运气好的话，它们又会投入下一朵华盖木的花中，将身上的花粉蹭到另一朵花的柱头上完成授粉。第二次开花之后，花不再闭合。第三天或第四天花朵凋谢^[19]。

华盖木不是唯一一个具有二次开

花现象的木兰科植物，大部分木兰科植物都有这一特征；不止木兰科有这样的特征，甲虫传粉的其他植物也有这种特征。其他木兰科植物的二次开花过程和华盖木差不多，只不过是开放和闭合的时间点和时长稍有差异。

除了单性木兰属（*Kmeria*）（花单性异株）和拟单性木兰属（*Parakmeria*）（有些种类开两性花，有些种类雄花/两性花异株）之外，其他木兰科植物都开两性花，也就是一朵花里同时有雌雄蕊。二次开花可以将雌雄蕊成熟时间错开，从而避免自交。这种方式可以让一批昆虫干了两批昆虫的事情：第一次开花时甲虫携带其他花的花粉给自己这朵花的雌蕊授粉、第二次开花时甲虫负责将自己这朵花的花粉带出去给别的花授粉。有意思的是，虽然峨眉拟单性木兰雄花和两性花异株，却仍保留着二次开花的现象^[16]；而单性木兰的雌雄花虽然没有二次开花，雄花在开花后

的第二天才散粉^[17]。看来二次开花已经刻进木兰科的DNA，一时半会儿还忘不掉。

四、传粉业内卷实况——高岭之花竟给虫子提供“特殊服务”？

大家或许多少有所耳闻：有些动物为了求偶，卷得离谱。比如说麋鹿夸张的鹿角和孔雀花里胡哨的尾巴。植物的“婚恋市场”也很卷，但是它们不卷在吸引别的植物，而是在吸引“媒人”。

鬼知道两步之外有多少小妖精花枝招展，传粉者就那么点，植物自然要努力将它们吸引到自己的花上。传统做法是长得漂亮（符合传粉者的视觉喜好）、多给点报酬（比如说多给点蜜，或者蜜里多掺点糖）、撒点香水（有时候是臭味，为了满足某些传粉者的特殊喜好），但是这行实在太卷了，正经植物谁不会这些？（没有内涵科植物的意思）你要有点绝活才能不被后浪卷走。有些植物不惜悄悄咪咪地提供一些“特殊服务”来“贿赂”传粉者，比如说提供“暖气房聊天室”服务，这样的作法在植物界不算少见，木兰科就是其中之一，其他甲虫传粉的植物，比如说睡莲科、番荔枝科也有产热的特性。嗨，繁衍后代嘛，不磕碜。

木兰科植物开花的时候尚值早春，天气不太热，这样一个比环境温度高出不少的“暖房”对甲虫而言是个不小的诱惑，而且温度高有利于花气味的扩散，还有利于花粉在柱头上萌发。据说甲虫传粉的花之所以都很大，是为了让更多甲虫能在“暖气房聊天室”里唠嗑，甲虫乐得有机会找对象（顺便吃点花粉之类的小零食），而花也乐得让更多昆虫参与授粉。同时，大花朵相比小花朵，具有更小的表面积体积比，有利于花朵产热和保温^[12]。

上文说到木兰科植物有二次开花的现象，木兰科植物产热的时间也和二次开花的时间吻合——第一次开花（雌蕊柱头有活性）的时候是第一次产热高峰，而第二次开花（雄蕊散粉）的时候是第二次产热高峰^[18]，开花时花的温度可以比环境温度高出1-6℃。这种虽然花器官比环境温度高，但是其温度还是随环境温度变化而变化的生热模式被称为“假生热调控类型”。还有些开花产热的植物通过主动放热，使花部器官维持较恒定的高温，不随环境温度变化，称为“生热调控类型”^[20]。

植物开花产热的机制在系统发育中非常保守，一般同抗氧呼吸过程大量释放热量有关，其调控过程同线粒体膜蛋白有一定关系，但是不同开花产热植物生热调控机制的细节存在不同^[12]。木兰科植物的产热过程可能也是受线粒体膜蛋白（如：交替氧化酶AOX和解偶联蛋白UCP等）调控^[21]，目前虽然找到了一些可能的调控基因，但其调控机制尚未完全解决。

人类谈恋爱的时候，动辄以万年为约，可万年算得了什么呢？木兰科植物和甲虫的友谊已经持续了上亿年。在这个急速变化的时代，它们又双双沦落成难兄难弟，令人唏嘘。

当你们不经意路过一株美丽芬芳的木兰树下时，请别忘了那些为木兰科辛苦工作了上亿年的甲虫们！

参考文献

- [1] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志 30(1) 卷. 北京: 科学出版社, 1996.
- [2] Azuma H, Thien LB, Kawano S. Molecular phylogeny of *Magnolia* (Magnoliaceae) inferred from cpDNA sequences and evolutionary divergence of floral scents. *Journal of Plant Research*. 1999, 112: 291-306.
- [3] Magallón S, Gómez-Acevedo S, Sánchez-Reyes LL, Hernández-Hernández T. A meta-calibrated time-tree documents the early rise of flowering plant phylogenetic diversity. *New Phytologist*. 2015, 207: 437-453.
- [4] 张光富. 木兰科的化石记录. *古生物*

- [5] Cicuzza D, Newton AC, Oldfield S. The Red List of Magnoliaceae. *Flora and Fauna International*, Cambridge, UK. 2007.
- [6] Wardhaugh CW. How many species of arthropods visit flowers? *Arthropod-Plant Interactions*. 2015, 9(6): 547-565.
- [7] Ollerton J, Winfree R, Tarrant S. How many flowering plants are pollinated by animals? *Oikos*. 2011, 120(3): 321-326.
- [8] Potts SG, Biesmeijer JC, Kremen C, Neumann P, Schweiger O, Kunin WE. Global pollinator declines: trends, impacts and drivers. *Trends in Ecology & Evolution*. 2010, 25(6): 345-353.
- [9] Tihelka E, Li LQ, Fu YZ, Su YT, Huang DY, Cai CY. Angiosperm pollinivory in a Cretaceous beetle. *Nature Plants*. 2021, 7(4): 445.
- [10] Cai CY, Escalona HE, Li LQ, Yin ZW, Huang DY, Engel MS. Beetle pollination of cycads in the Mesozoic. *Current Biology*. 2018, 28(17): 2806.
- [11] Sanchez-Bayo F, Wyckhuys KAG. Worldwide decline of the entomofauna: A review of its drivers. *Biological Conservation*. 2019, 232: 8-27.
- [12] Davis CC, Endress PK, Baum DA. The evolution of floral gigantism. *Current Opinion in Plant Biology*. 2008, 11(1): 49-57.
- [13] Zhao XF, Sun WB. Abnormalities in sexual development and pollinator limitation in *Michelia coriacea* (Magnoliaceae), a critically endangered endemic to Southeast Yunnan, China. *Flora*. 2009, 204(6): 463-470.
- [14] Wang B, Chen G, Li CR, Sun WB. Floral characteristics and pollination ecology of *Manglietia ventii* (Magnoliaceae), a plant species with extremely small populations (PSESP) endemic to South Yunnan of China. *Plant Diversity*. 2017, 39(1): 52-59.
- [15] Chen Y, Chen G, Yang J, Sun WB. Reproductive biology of *Magnolia sinica* (Magnoliaceae), a threatened species with extremely small populations in Yunnan, China. *Plant Diversity*. 2016, 38: 253-258.
- [16] 余道平, 李策宏, 文香英, 李小杰, 彭启新, 谢孔平. 峨眉拟单性木兰的开花生物学特性与繁育系统. *广西植物*. 2019, 39(5): 600-607.
- [17] 赖家业, 潘春柳, 覃文更, 韦国富. 珍稀濒危植物单性木兰传粉生态学研究. *广西植物*. 2007, 27(5): 736-740.
- [18] Wang RH, Xu S, Liu XY, Zhang YY, Wang JZ, Zhang ZX. Thermogenesis, Flowering and the Association with Variation in Floral Odour Attractants in *Magnolia sprengeri* (Magnoliaceae). *Plos One*. 2014, 9(6): 1932-6203.
- [19] 陈叶. 极小种群野生植物华盖木的保护生物学研究. 中国科学院大学. 2017.
- [20] 张出兰. 两种植物在开花生热中线粒体炫 (mitoflash) 及其功能的对比研究. 北京林业大学. 2019.
- [21] 刘丽娅. AOX 和 UCP 在植物开花生热中的功能解析. 北京林业大学. 2019.

2021 年极小种群野生植物领域发表文章情况

陶丽丹

(中国科学院昆明植物研究所 云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室)

在 CNKI 和 Web of Science 以主题关键词：“极小种群野生植物”或“PSESP”或“Plant Species with Extremely Small Population”进行文献检索，出版时间选择 2021 年，分别共检索到 78 篇和 46 篇文献，去除重复文献、错误文献之后，剩余 57 篇文献，其中 40 篇是英文文章（其中 SCI 论文 41 篇），17 篇是中文文章（其中中文核心期刊 14 篇）；综述 4 篇，研究论文 53 篇。截至 2022 年 4 月 13 日总被引次数为 44 次，平均引用次数为 0.77 次/篇，其中引用最高的文章为马宏和马永鹏等人发表于 *Plant Journal* 期刊上的朱红大杜鹃保护基因组学研究，题为“Chromosome-level genome assembly and population genetic analysis of a critically endangered rhododendron provide insights into its

conservation”，引用次数 6 次。2021 年发表的极小种群野生植物相关文章，一般发表于分子生物学、生物多样性保护、植物学和生态学类期刊上。发表最多的期刊为：*Mitochondrial DNA Part B*、*Plant Diversity*、*Frontiers in Plant Science*、*Global Ecology and Conservation* 和 *Frontiers in Genetics*，按 Web of Science 提供的 2020 年期刊影响因子，所有 SCI 文章累计影响因子 128.485，平均影响因子 3.29，这些期刊中影响因子最高的为 *New phytologist* (10.152)；将 54 篇研究论文按研究内容进行分类，其中 53 篇为针对某一物种的研究，占 98.15%，为绝对优势。研究物种共 49 个，其中 32 种为木本植物，占 65.31%，草本仅 17 种，其中 6 种为兰科草本。发表文章数量最多的类

群为兰科。值得注意的是，2021 年发表文章中，保护遗传学、保护基因组学和叶绿体基因组相关文章占比达到 46.30%，保护基因组学研究增速显著。2021 年极小种群野生植物领域发表论文的质量和数量较上一年有所提升。同往年相似，极小种群野生植物研究文章主要为中国研究人员或以中国研究人员为主，但是 2021 年出现了两篇由外国同行发表的论文，自发引用了极小种群野生植物概念，并将此概念用于本土物种保护中，一篇为墨西哥研究人员 Clark-Tapia 等人发表在 *Diversity-Basel* 期刊上的文章，另一篇是意大利研究人员 Cogoni 等人发表在 *Plants* 期刊上的文章。这说明极小种群野生植物概念正在被国际社会认可。

COP15 期间极小种群野生植物收获大量关注

陶丽丹

(中国科学院昆明植物研究所 云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室)

“生物多样性公约”缔约方大会第十五次会议（简称 COP15）于 2021 年 10 月 15 日在昆明召开，将全世界人民的目光吸引到了昆明。这不仅是昆明引以骄傲的事件，也是生物多样性保护领域的一次盛会。极小种群野生植物保护领域也趁着这次盛会收获大量宣传。

1、成果发布会及会场布置中的极小种群元素

2021 年 10 月 10 日，为 COP15 热身，生物多样性成果发布会和成果展在昆明植物研究所举办。该发布会和成果展由中国科学院生物多样性委员会、中华人民共和国濒危物种科学委员会主办，中国科学院昆明植物研究所承办。展会上，云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室罗桂芬正高级工程师提供的组培瓶成为了一大亮点，其中超过一半是极小种群

野生植物的组培瓶，向媒体和公众宣传了极小种群野生植物人工繁育的成效。

COP15 主会场展厅中陈列了的极小种群野生植物专著《云南省极小种群野生植物研究与保护》；展厅里布置的植物造景里有格力兜兰等极小种群野生植物；2022 年中国邮政还将同中国科学院昆明植物研究所云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室合作发行一套极小种群野生植物主题邮册，将于 2022 年第二阶段会议期间在会场展示、出售。

2、国内外媒体平台的采访和报道

国内报道：10 月 12 日，COP15 新闻中心云采访间，国家林草局珍稀濒危森林植物保护和繁育、云南省森林植物培育与开发利用重点实验室主任杨文忠与香格里拉高山植物园理事长方震东共同分享了云南在极小种群物

种保护方面的经验与模式；10 月 6 日《人民日报》头版头条刊文《云南努力实现人与自然和谐共生》提到了极小种群；10 月 12 日，《人民日报》刊发《云南加大极小种群保护力度、积极抢救基因资源 多样生物多种保护（共建地球生命共同体）》专门介绍了极小种群野生植物种质资源调查、采集、保存、利用的成效；10 月 12 日《云岭先锋》发布漾濞保护成效报道；10 月 15 日人民日报发布华盖木抢救性保护的报道；另有 CCTV3、CCTV13、云南电视台等多家媒体报道了极小种群野生植物，新华社、光明日报、新华网、中国环境报、中国绿色时报、云南网、春城晚报等多家媒体刊文介绍了极小种群野生植物及其保护成效。

国外报道：YouTube“新华社”发布短视频《张扬 Vlog | COP15 开幕！带你去看“扶荔宫”里万物生长》、Xinhua News 发布视频 GLOBALink | Exploring China's biodiversity with Dale Fox、YouTube“New China TV”发布“‘How does China protect plant species with extremely small populations?’”、Global Times 刊文“Progress seen in efforts to save ‘pandas of the plant world’”和“Revival of rare species reflects China's biodiversity conservation”、China Daily 刊文“Yunnan initiative helps preserve rare flora”报道了中国及云南省生物多样性保护（包括极小种群野生植物保护）的成效。

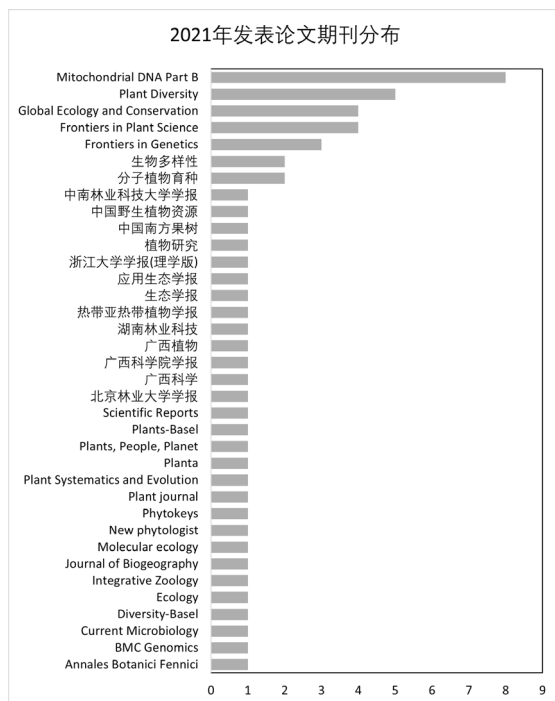


图 1. 2021 年发表极小种群野生植物相关文章期刊分布

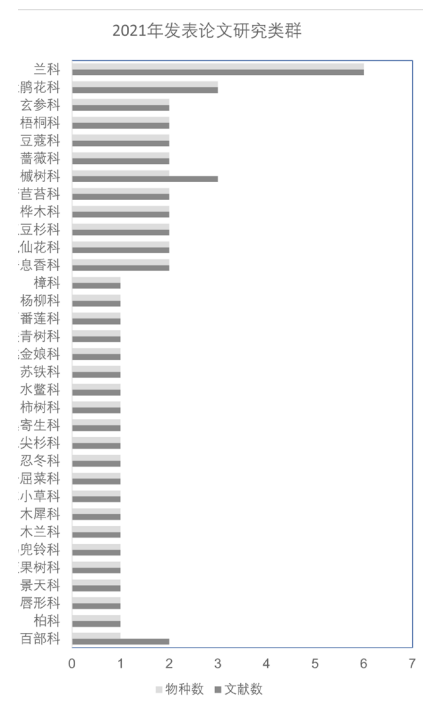


图 2. 2021 年发表极小种群野生植物文章研究类群分布



3、公益广告 / 科普视频

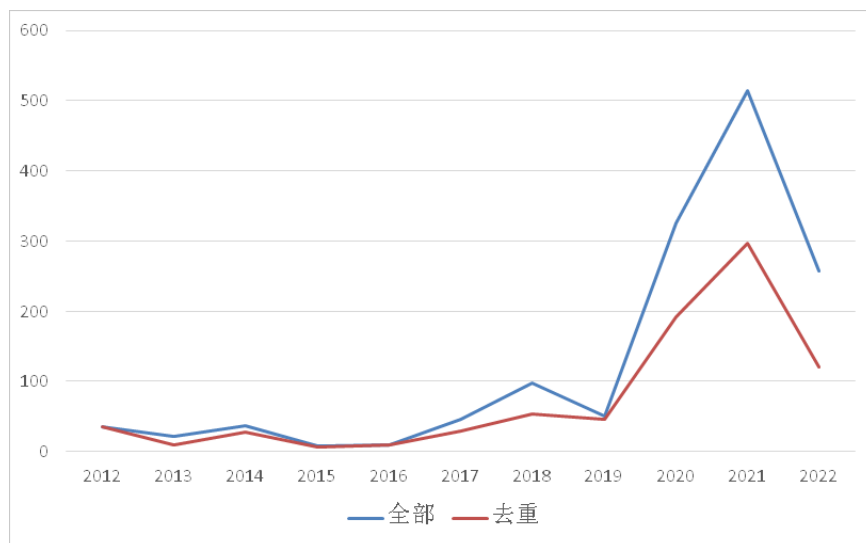
云南广播电视台制作的大型系列纪录片《生命之歌》在央视播出、云南电视台多样星球栏目使用 8K 设备拍摄《绿色诗篇——极小种群野生植物》纪录视频对华盖木等极小种群野生植物进行了介绍。

总结：

2021 年以前，极小种群野生植物的媒体报道较少，零星报道集中在个别物种的发现和保护上。COP15 期间，不仅对典型极小种群野生植物物种进行了特别报道，极小种群野生植物概念、保护体系和保护成效的宣传热度大大上升。

用“极小种群野生植物”为关键词，搜索新浪微博，共获得 1401 条结果（其中 2022 年统计期限是 2022 年 1 月 1 日至 2022 年 4 月 20 日），对结果进行分年度统计，结果显示从 2020 年开始极小种群野生植物热度剧增，2021 年的结果数量是 2020 年的 1.6 倍左右：

极小种群野生植物保护作为云南省生物多样性保护的“特色名片”之一，是云南省生态文明建设成果的重



要证明，受到国家、媒体以及公众的盛赞。一批旗舰物种成为宣传的重心。华盖木、巧家五针松、漾濞槭、富民枳等典型极小种群野生植物作为保护成效显著的代表物种获得了大量宣传，作为旗舰物种成为了名副其实的“大熊猫”，对其他极小种群野生植物的保护具有积极作用。例如，《人民日报》2021 年 10 月 15 日发表《华盖木在抢救性保护中迎来新生》一文，对华盖木抢救性保护的过程进行了全面的介绍，突出了华盖木抢救性保护措施的综合性和科学性。联合国生物

多样性公约秘书处执行秘书穆蕾玛女士和生态环境部部长黄润秋在报道的报纸版面处签名留念。

保护生物学是一门综合性学科，强调学科交叉，这不仅要求自然科学领域诸学科的交叉，也要求自然科学和社会科学的碰撞，应当乘着 COP15 带起的热度，继续推进极小种群野生植物研究和保护的相关宣传。不仅可以促进物种保护工作，提高公众对生物多样性保护的认知和热情，履行科学家的科学普及责任，也是对保护项目资助方以及公众的成果“汇报”。



左：穆蕾玛女士在《人民日报》报纸上签字；右：黄润秋在《人民日报》报纸上签字

云南省极小种群野生植物保护名录（2021 版）

序号	中文名	学名	国家重点保护等级
蕨类植物 Ferns			
	合囊蕨科	Marattiaceae	
1	二回原始观音座莲	<i>Angiopteris bipinnata</i>	II
2	天星蕨	<i>Christensenia aesculifolia</i>	II
	翼囊蕨科	Didymochlaenaceae	
3	翼囊蕨	<i>Didymochlaena truncatula</i>	
	水韭科	Isoetaceae	
4	高寒水韭	<i>Isoetes hypsophila</i>	I
裸子植物 Gymnosperms			
	红豆杉科	Taxaceae	
5	云南穗花杉	<i>Amentotaxus yunnanensis</i>	II
6	贡山三尖杉	<i>Cephalotaxus lanceolata</i>	II
	苏铁科	Cycadaceae	
7	陈氏苏铁	<i>Cycas chenii</i>	I
8	灰干苏铁	<i>Cycas hongheensis</i>	I
9	多歧苏铁	<i>Cycas multipinnata</i>	I
	松科	Pinaceae	
10	蕤衣油杉	<i>Keteleeria evelyniana var. pendula</i>	
11	毛枝五针松	<i>Pinus wangii</i>	I
被子植物 Angiosperms			
	蕹菜科	Cabombaceae	
12	蕹菜	<i>Brasenia schreberi</i>	II
	睡莲科	Nymphaeaceae	
13	此碧莲	<i>Nymphaea tetragona</i>	
	马兜铃科	Aristolochiaceae	
14	囊花马兜铃	<i>Aristolochia utrifomis</i>	II
	肉豆蔻科	Myristicaceae	
15	滇南风吹楠	<i>Horsfieldia tetratepala</i>	II
16	云南肉豆蔻	<i>Myristica yunnanensis</i>	II
	木兰科	Magnoliaceae	

17	显脉木兰	<i>Magnolia phanerophlebia</i>	
18	亮叶木莲	<i>Manglietia lucida</i>	
19	卵果木莲	<i>Manglietia ovoidea</i>	
20	粉背含笑	<i>Michelia glaucophylla</i>	
21	鼠刺含笑	<i>Michelia iteophylla</i>	
22	壮丽含笑	<i>Michelia lacei</i>	
	番荔枝科	Annonaceae	
23	云南澄广花	<i>Orophea yunnanensis</i>	
24	疣叶暗罗	<i>Polyalthia verrucipes</i>	
25	文采木	<i>Wangia saccopetaloides</i>	II
26	征镒木	<i>Wuodendron praecox</i>	
	樟科	Lauraceae	
27	茶果樟	<i>Cinnamomum chago</i>	II
	藜芦科	Melanthiaceae	
28	禄劝花叶重楼	<i>Paris luquanensis</i>	II
29	云龙重楼	<i>Paris yanchii</i>	II
	兰科	Orchidaceae	
30	玉龙杓兰	<i>Cypripedium forrestii</i>	II
31	长瓣杓兰	<i>Cypripedium lentiginosum</i>	II
32	暖地杓兰	<i>Cypripedium subtropicum</i>	I
33	云南杓兰	<i>Cypripedium yunnanense</i>	II
34	格力兜兰	<i>Paphiopedilum gratixianum</i>	I
35	麻栗坡兜兰	<i>Paphiopedilum malipoense</i>	I
36	飘带兜兰	<i>Paphiopedilum parishii</i>	I
37	文山兜兰	<i>Paphiopedilum wenshanense</i>	I
38	文山鹤顶兰	<i>Phaius wenshanensis</i>	II
39	洛氏蝴蝶兰	<i>Phalaenopsis lobbii</i>	II
40	云南火焰兰	<i>Renanthera imschootiana</i>	II
	棕榈科	Arecaceae	
41	贡山棕榈	<i>Trachycarpus princeps</i>	
	兰花蕉科	Lowiaceae	
42	云南兰花蕉	<i>Orchidantha yunnanensis</i>	II
	芭蕉科	Musaceae	
43	瑞丽芭蕉	<i>Musa ruiensis</i>	

	姜科	Zingiberaceae	
44	茴香砂仁	<i>Etilingera yunnanensis</i>	II
45	长果姜	<i>Siliquamomum tonkinense</i>	II
	禾本科	Gramineae	
46	独龙江空竹	<i>Cephalostachyum mannii</i>	
47	铁竹	<i>Ferrocalamus strictus</i>	I
	罂粟科	Papaveraceae	
48	贡山绿绒蒿	<i>Meconopsis smithiana</i>	
	毛茛科	Ranunculaceae	
49	五裂黄连	<i>Coptis quinquesecta</i>	II
	豆科	Fabaceae	
50	缅北山黑豆	<i>Dumasia prazeri</i>	
	胡颓子科	Elaeagnaceae	
51	竹生羊奶子	<i>Elaeagnus bambusetorum</i>	
	桑科	Moraceae	
52	贡山菠萝蜜	<i>Artocarpus gongshanensis</i>	
	壳斗科	Fagaceae	
53	毛脉青冈	<i>Cyclobalanopsis tomentosinervis</i>	
54	长果柯	<i>Lithocarpus longinux</i>	
55	麻栗坡栎	<i>Quercus marlipoensis</i>	
	胡桃科	Juglandaceae	
56	喙核桃	<i>Annamocarya sinensis</i>	II
	秋海棠科	Begoniaceae	
57	古林箐秋海棠	<i>Begonia gulinqingensis</i>	II
58	长果秋海棠	<i>Begonia longicarpa</i>	
59	喙果秋海棠	<i>Begonia rhynchocarpa</i>	
	大花草科	Rafflesiaceae	
60	寄生花	<i>Sapria himalayana</i>	II
	大戟科	Euphorbiaceae	
61	希陶木	<i>Tsaiodendron dioicum</i>	
	千屈菜科	Lythraceae	
62	毛紫薇	<i>Lagerstroemia villosa</i>	II
	无患子科	Sapindaceae	
63	三裂槭	<i>Acer calcaratum</i>	

64	厚叶槭	<i>Acer crassum</i>	
65	滇藏槭	<i>Acer wardii</i>	
	芸香科	Rutaceae	
66	红河橙	<i>Citrus hongheensis</i>	II
67	大翼厚皮橙	<i>Citrus macroptera var. kerrii</i>	
68	富民枳	<i>Poncirus polyandra</i>	II
	锦葵科	Malvaceae	
69	大围山梧桐	<i>Firmiana dawuishanensis</i>	II
70	云南梧桐	<i>Firmiana major</i>	II
71	景东翅子树	<i>Pterospermum kingtungense</i>	II
	龙脑香科	Dipterocarpaceae	
72	版纳青梅	<i>Vatica xishuangbannaensis</i>	
	十字花科	Brassicaceae	
73	白马芥	<i>Baimashania pulvinata</i>	
	山柚子科	Opiliaceae	
74	尾球木	<i>Urobotrya latisquama</i>	
	蓝果树科	Nyssaceae	
75	八蕊单室茱萸	<i>Mastixia euonymoides</i>	
	山榄科	Sapotaceae	
76	滇藏榄	<i>Diploknema yunnanensis</i>	I
	柿科	Ebenaceae	
77	小萼柿	<i>Diospyros minutisepala</i>	II
	报春花科	Primulaceae	
78	匍枝粉报春	<i>Primula caldaria</i>	
79	马关报春	<i>Primula chapaensis</i>	
80	总序报春	<i>Primula pauliana</i>	
	山茶科	Theaceae	
81	云南金花茶	<i>Camellia fascicularis</i>	II
82	河口长梗茶	<i>Camellia hekouensis</i>	
83	富宁金花茶	<i>Camellia mingii</i>	II
84	长核果茶	<i>Pyrenaria oblongicarpa</i>	
	野茉莉科	Styracaceae	
85	大叶茉莉果	<i>Rehderodendron macrophyllum</i>	
	杜鹃花科	Ericaceae	

86	钝头杜鹃	<i>Rhododendron farinosum</i>	
87	朱红大杜鹃	<i>Rhododendron griersonianum</i>	II
88	长梗杜鹃	<i>Rhododendron longipedicellatum</i>	
89	羊毛杜鹃	<i>Rhododendron mallotum</i>	
90	阔叶杜鹃	<i>Rhododendron platyphyllum</i>	
91	昭通杜鹃	<i>Rhododendron tsaii</i>	
92	红马银花	<i>Rhododendron vialii</i>	
	木樨科	Oleaceae	
93	红河素馨	<i>Jasminum honghoense</i>	
	苦苣苔科	Gesneriaceae	
94	圆叶马铃苣苔	<i>Oreocharis rotundifolia</i>	
95	大花石蝴蝶	<i>Petrocosmea grandiflora</i>	
	玄参科	Scrophulariaceae	
96	腺叶醉鱼草	<i>Buddleja delavayi</i>	
97	无柄醉鱼草	<i>Buddleja sessilifolia</i>	
98	胡黄连	<i>Neopicrorhiza scrophulariiflora</i>	II
	唇形科	Lamiaceae	
99	短蕊大青	<i>Clerodendrum brachystemon</i>	
	列当科	Orobanchaceae	
100	矮马先蒿	<i>Pedicularis humilis</i>	
	五加科	Araliaceae	
101	姜状三七	<i>Panax zingiberensis</i>	II

封底故事

2021年10月16日，联合国《生物多样性公约》秘书处执行秘书伊丽莎白·马鲁玛·穆雷玛（Elizabeth Maruma MREMA）和副执行秘书哈利·大卫·库珀（Harry David COOPER）一行参观了COP15生物多样性体验园（昆明植物园）内外展区，漫步裸子植物园，穿行枫香大道，体验扶荔宫温室群隐花植物馆、主体温室、草木百兼馆、兰花馆和食虫植物馆，品尝了云南小粒咖啡。来宾一行还在COP15生物多样性体验园草木百兼馆的文创售卖区驻足了解昆明植物园的文创多样性。穆雷玛女士对生物多样性体验园的工作给予了高度肯定和赞赏，体验园丰富多彩的植物展示令整个行程充实精彩。

（文：梁晓霞；图：陈智发）



策划指导：孙卫邦研究员
编辑：陶丽丹 冯石

中国科学院昆明植物研究所
云南省极小种群野生植物综合保护重点实验室
云南省昆明市蓝黑路 132 号，650201
电话：0871-65223814