

DOI:10.12171/j.1000-1522.20230211

仙霞岭保护区伯乐树种群结构及遗传多样性

周可柔¹ 陈卓² 余著成² 钟洋¹ 尚策¹

(1. 北京林业大学生态与自然保护学院, 北京 100083; 2. 江山仙霞岭省级自然保护区管理中心, 浙江 江山 324100)

摘要:【目的】明确珍稀濒危植物伯乐树的种群结构和遗传多样性, 为制定有效的保护措施和管理策略提供科学依据。【方法】根据仙霞岭自然保护区野生伯乐树全面调查数据, 使用静态生命表、存活曲线等对伯乐树径级结构进行分析。对16株伯乐树样品进行全基因组测序, 基于SNP标记计算了仙霞岭伯乐树种群的核苷酸多态性、Tajima's *D*值、观测杂合度和期望杂合度。【结果】(1)根据每木检尺数据对伯乐树种群划分径级, 第I径级株数最多, 种群结构总体呈增长型;(2)仙霞岭伯乐树种群核苷酸多样性为 $0.000\ 155 \pm 0.000\ 112$, 平均观测杂合度为 $0.125\ 021$, 平均期望杂合度为 $0.251\ 483$, 小于其他地区的种群, 种群内遗传多样性处于较低水平;(3)增长型的种群结构与遗传多样性没有显著的相关性。【结论】仙霞岭自然保护区伯乐树种群径级结构完整, 在未来气候变化背景下该地区伯乐树种群数量呈上升趋势, 但遗传多样性水平较低。今后在珍稀濒危物种伯乐树保护工作中, 应该积极开展种质资源保护, 避免因遗传多样性丧失造成种群衰退。

关键词: 伯乐树; 种群结构; SNP; 遗传多样性

中图分类号: Q948 **文献标志码:** A **文章编号:** 1000-1522(2024)11-0076-07

引文格式: 周可柔, 陈卓, 余著成, 等. 仙霞岭保护区伯乐树种群结构及遗传多样性 [J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(11): 76-82. Zhou Kerou, Chen Zhuo, Yu Zhucheng, et al. Population structure and genetic diversity of *Bretschneidera sinensis* in Xianxialing Nature Reserve, Zhejiang Province of eastern China [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(11): 76-82.

Population structure and genetic diversity of *Bretschneidera sinensis* in Xianxialing Nature Reserve, Zhejiang Province of eastern China

Zhou Kerou¹ Chen Zhuo² Yu Zhucheng² Zhong Yang¹ Shang Ce¹

(1. School of Ecology and Nature Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China;

2. Jiangshan Xianxialing Nature Reserve Management Center of Zhejiang, Jiangshan 324100, Zhejiang, China)

Abstract: [Objective] This paper clarifies the population structure and genetic diversity of rare and endangered plant *Bretschneidera sinensis*, so as to provide scientific basis for the formulation of effective conservation measures and management strategies. [Method] According to the comprehensive investigation data of wild *B. sinensis* in Xianxialing Nature Reserve, Zhejiang Province of eastern China, the diameter class structure of *B. sinensis* was analyzed by static life table and survival curve. Sixteen samples were sequenced by gene recombination, and the nucleotide polymorphism, Tajima's *D* value, observed heterozygosity and expected heterozygosity of Xianxialing population were calculated based on SNP markers. [Result] (1) Based on the data of individual tree measurement data, the population of *B. sinensis* was divided into diameter class, the number of trees in diameter class I was the most, and the population structure was generally increasing. (2) The nucleotide diversity of Xianxialing population was $0.000\ 155 \pm 0.000\ 112$, the average observed heterozygosity was $0.125\ 021$, and the average expected heterozygosity was $0.251\ 483$, which was lower than that of populations in other areas, and the genetic diversity within population was at a low level. (3) There was no significant correlation between population structure of

收稿日期: 2023-08-28 修回日期: 2023-10-28

基金项目: 江山仙霞岭自然保护区伯乐树种群结构、遗传多样性研究以及伯乐树核心种质初步构建, 中国西南地区极小种群野生植物资源调查与种质保存(2017FY100100)。

第一作者: 周可柔。主要研究方向: 植物分类学。Email: zkrxx@qq.com 地址: 100083 北京市海淀区清华东路35号。

责任作者: 尚策, 博士, 副教授。主要研究方向: 植物分类与系统学。Email: ce_shang@bjfu.edu.cn 地址: 同上。

本刊网址: <http://j.bjfu.edu.cn>; <http://journal.bjfu.edu.cn>

growth type and genetic diversity. [Conclusion] The diameter class structure of *B. sinensis* population in Xianxialing Nature Reserve is complete, and the number of *B. sinensis* population is increasing under the background of climate change in the future, but the level of genetic diversity is low. In the future, in the protection of rare and endangered species, we will actively carry out germplasm resource conservation to avoid population decline caused by the loss of genetic diversity.

Key words: *Bretschneidera sinensis*; population structure; SNP; genetic diversity

伯乐树 (*Bretschneidera sinensis*) 为叠珠树科 (Akaniaceae) 伯乐树属 (*Bretschneidera*) 落叶乔木, 又名钟萼木或山桃花, 产自中国长江流域以南各省区及东南亚地区, 生长于低海拔至中海拔的山地林中^[1-2]。伯乐树是第三纪孑遗植物, 在被子植物系统发育与古地理、古气候等方面研究中具有重要意义, 具有很高的经济、观赏和研究价值^[3]。长期以来, 由于气候变化、人为干扰、天然更新能力弱等因素, 伯乐树生境片段化严重, 种群数量和个体数目锐减^[4-5]。在 2021 年公布的《国家重点保护野生植物名录》中, 伯乐树被列为国家 II 级保护植物^[6]。

种群结构研究可以揭示植物物种当前的生存状况、判断种群数量动态与发展趋势等, 对珍稀濒危植物的保护有着重要意义。对于乔木树种, 常使用径级结构研究种群结构。对不同地区伯乐树种群的研究结果显示, 多数种群规模小, 径级结构不完整, 呈现衰退趋势^[7-10]。遗传多样性是生物多样性的重要组成部分, 研究群体遗传多样性是管理珍稀濒危物种自然种群的关键步骤之一^[11-12]。一般认为, 由于近交衰退和基因漂变原因, 濒危种、狭域种比广布种的遗传多样性水平低。对濒危物种遗传多样性和种群结构开展研究便于掌握种群现状, 预测种群栖息地丧失和破碎化, 为其保护和种群恢复提供理论依据^[13-14]。

仙霞岭省级自然保护区于 2016 年获批建立, 位于浙江省江山市南部山区。保护区内植物区系古老, 是第三纪时期我国植物重要的“避难所”之一^[15]。仙霞岭自然保护区的伯乐树种群被认为是分布区北缘最大的天然种群之一, 具有重要的研究价值^[16]。本研究以仙霞岭自然保护区内野生伯乐树种群为研究对象, 调查研究其径级结构, 编制静态生命表, 分析其存活曲线、死亡率曲线; 同时, 使用全基因组 SNP 标记, 计算伯乐树种群遗传多样性, 探究遗传多样性与种群结构关系, 旨在为珍稀濒危植物伯乐树的保护提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

仙霞岭自然保护区的伯乐树全域调查统计显

示, 区域内共有 1 754 株伯乐树, 包括幼苗 567 株。遗传多样性分析所用的 16 株伯乐树叶片样品于 2020 年 9 月采自仙霞岭保护区, 采用均匀分布取样的方法, 采样范围涵盖整个保护区。使用变色硅胶干燥保存采样叶片, 并记录所采个体的地理位置。样本具体信息见表 1。

1.2 种群结构

1.2.1 径级结构

采用全面调查法, 对保护区伯乐树全部个体进行定位和每木检尺, 测量并记录其胸径、树高、所处位置、经纬度等。参照曲仲湘等^[17]的分类方法, 将伯乐树种群划分为 13 个径级, 树高小于 1 m 的作为幼苗 (I 级), 树高大于 1 m 的则按照胸径划分径级, 具体划分标准见表 2。

1.2.2 静态生命表及存活、死亡率曲线

为展示种群生长状况, 利用所得数据参照曹广侠等^[18]的方法编制静态生命表, 并绘制存活曲线和死亡率曲线。采用径级结构替代年龄结构的方法, 根据径级将伯乐树种群年龄划分为 13 个龄级。观察调查数据发现, 种群存在高龄级株数大于低龄级株数的情况, 为避免生命表编制中出现死亡率为负值, 需要进行匀滑^[19]。以存活株数 (l) 的对数 ($\lg l$) 为纵坐标, 龄级 (x) 为横坐标, 绘制存活曲线。Deevey 存活曲线有 3 种类型: Deevey-I 型 (凸型)、Deevey-II 型 (直线型/对角型) 和 Deevey-III 型 (凹型)。其中 Deevey-I 型代表物种绝大多数能活到其平均的生理寿命, 初期死亡率低, 但在达到某一特定生理年龄时, 短期内几乎全部死亡。Deevey-II 型代表物种在整个生命过程中其死亡率变动不大。Deevey-III 型代表物种初期具有高死亡率, 成年后死亡率很低且稳定^[20]。以死亡率 (q_x) 为纵坐标, 龄级 (x) 为横坐标绘制死亡率曲线, 展示种群不同龄级的死亡率变化情况。

1.3 遗传多样性

1.3.1 DNA 提取及测序

使用天根公司试剂盒 (TIANGEN Plant Genomic DNA Kit) 提取 16 株伯乐树叶片的全基因组 DNA, 将冷冻保存 ($-20\text{ }^{\circ}\text{C}$) 的样本送至北京贝瑞和康生物技术有限公司进行全基因组重测序。获得的原始数

表1 样品信息

Tab. 1 Sample information

编号 Code	胸径 DBH (<i>D</i>)/cm	树高 Tree height (<i>H</i>)/m	经度 Longitude	纬度 Latitude	海拔 Altitude/m
ENC861975	10.9	10.0	118°36'55"E	28°19'32"N	586
ENC861976	46.5	20.0	118°36'00"E	28°15'58"N	854
ENC861977	9.9	12.0	118°40'10"E	28°16'33"N	954
ENC861978	7.8	7.0	118°36'21"E	28°17'24"N	721
ENC861979	20.2	14.0	118°39'11"E	28°18'59"N	973
ENC861980	13.1	14.0	118°36'57"E	28°19'32"N	565
ENC861982	6.8	7.0	118°38'43"E	28°19'51"N	1 104
ENC861985	21.5	16.0	118°39'46"E	28°18'53"N	1 031
ENC861986	21.4	11.0	118°39'14"E	28°19'11"N	868
ENC861991	4.2	6.0	118°39'24"E	28°16'59"N	1 127
ENC861992	9.8	7.0	118°36'59"E	28°19'01"N	598
ENC861993	9.5	9.0	118°36'57"E	28°19'32"N	576
ENC861999	22.5	12.0	118°39'33"E	28°17'15"N	782
ENC862000	21.3	15.0	118°40'06"E	28°16'40"N	879
ENC862004	35.1	19.0	118°36'06"E	28°16'10"N	792
ENC862005	30.0	19.0	118°36'06"E	28°16'11"N	785

表2 仙霞岭保护区伯乐树种群径级划分标准

Tab. 2 Division standard of diameter class of *B. sinensis* populations in Xianxialing Nature Reserve

径级 Diameter class	划分标准 Division standard
I	$H \leq 1$ m
II	$H > 1$ m, $D \leq 3$ cm
III	$H > 1$ m, 3 cm $< D \leq 5$ cm
IV	$H > 1$ m, 5 cm $< D \leq 7$ cm
V	$H > 1$ m, 7 cm $< D \leq 9$ cm
VI	$H > 1$ m, 9 cm $< D \leq 11$ cm
VII	$H > 1$ m, 11 cm $< D \leq 13$ cm
VIII	$H > 1$ m, 13 cm $< D \leq 15$ cm
IX	$H > 1$ m, 15 cm $< D \leq 17$ cm
X	$H > 1$ m, 17 cm $< D \leq 20$ cm
XI	$H > 1$ m, 20 cm $< D \leq 25$ cm
XII	$H > 1$ m, 25 cm $< D \leq 30$ cm
XIII	$H > 1$ m, $D > 30$ cm

据用 Trimmomatic 软件^[21]质控和过滤,最终得到质量较好的数据用于后续分析。

1.3.2 SNP 挖掘

以 Liu 等^[22]发表的伯乐树基因组(GCA_018105755.1)为参考基因组,使用序列比对软件 BWA (Burrows-Wheeler-Alignment Tool)^[23]构建索引,进行全基因组重测序数据与参考基因组的比对。使用

GATK(<https://gatk.broadinstitute.org/hc/en-us>)^[24]进行群体 SNP 检测并统计变异位点数量。

1.3.3 种群遗传多样性分析

使用 VCFtools^[25]计算种群核苷酸多态性、田岛 *D* 值(Tajima's *D*)、观测杂合度、期望杂合度。为进行对比分析,除仙霞岭保护区伯乐树种群外,使用 Liu 等^[22]的 SNP 数据集计算了其他 13 个伯乐树种群的遗传多样性参数。

2 结果与分析

2.1 径级结构

全面调查共获得保护区 1 754 株伯乐树每木检尺数据,划分为 13 个径级(图 1)。可以看出,仙霞岭自然保护区内野生伯乐树种群径级结构完整,第 I 径级株数最多;随着径级的上升,种群个体数量总

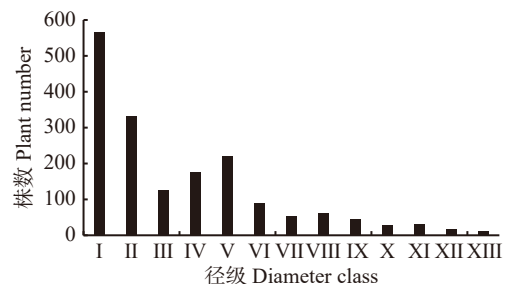


图1 仙霞岭自然保护区伯乐树种群径级结构

Fig. 1 Diameter class of *B. sinensis* populations in Xianxialing Nature Reserve

体上呈下降趋势, 第 III 径级到第 V 径级呈现上升趋势, 随后又下降; 低龄级个体 (I 径级) 占有较高的比例, 种群径级结构总体为增长型。

2.2 静态生命表及存活、死亡率曲线

研究区内伯乐树种群静态生命表见表 3。由静

态生命表可以看出, 个体数量最多的龄级为 I 龄级, 说明该种群拥有丰富的幼苗个体, 具备自我更新和发展的潜力; 随着龄级的增加, 仙霞岭地区伯乐树种群匀滑处理后的株数和标准化存活株数均减少; 种群最大平均期望寿命(e)出现在第 I 龄级。

表 3 仙霞岭自然保护区伯乐树种群静态生命表

Tab. 3 Static life table of *B. sinensis* populations in Xianxialing Nature Reserve

x	n	a	l	d_x	q_x	L_x	T_x	e	$lg l$
I	567	396	1 000	111	0.111	944	4 747	4.747	3.000
II	333	352	889	111	0.125	833	3 803	4.278	2.949
III	127	308	778	111	0.143	722	2 970	3.818	2.891
IV	175	264	667	111	0.167	611	2 247	3.371	2.824
V	220	220	556	111	0.200	500	1 636	2.945	2.745
VI	89	176	444	111	0.250	389	1 136	2.557	2.648
VII	52	132	333	111	0.333	278	747	2.242	2.523
VIII	61	88	222	111	0.500	167	470	2.114	2.347
IX	44	44	111	13	0.114	105	303	2.727	2.046
X	27	39	98	20	0.205	88	198	2.013	1.993
XI	31	31	78	35	0.452	61	110	1.403	1.894
XII	17	17	43	15	0.353	35	49	1.147	1.633
XIII	11	11	28	28	1.000	14	14	0.500	1.444

注: x 为年龄级, 使用径级代替; n 为实际现存株数; a 为匀滑后株数; l 为存活株数; d_x 为从 x 到 $x+1$ 龄级间隔期内标准化死亡数; q_x 为从 x 到 $x+1$ 龄级间隔期间死亡率; L_x 为从 x 到 $x+1$ 龄级间隔期间还存活株数; T_x 为从 x 龄级到超过 x 龄级的总数; e 为平均期望寿命。Notes: x represents age class, and use the term "diameter class" as a substitute; n denotes actual number of existing individuals; a represents number of individuals after smoothing; l is number of surviving individuals; d_x is standardized number of death during the interval from age class x to $x+1$; q_x is mortality rate during interval from age class x to $x+1$; L_x is number of individuals surviving from age class x to the interval of $x+1$; T_x is total number of individuals from age class x to beyond age class x ; e is average expected lifespan of individuals.

图 2 为伯乐树种群存活曲线和死亡率曲线。为了检验种群存活情况符合 Deevey- II 型还是 Deevey- III 型, 根据 Hett 和 Loucks 对于存活曲线进行模拟, 即用指数函数和幂函数分别拟合 Deevey- II 型曲线与 Deevey- III 型曲线。

幂函数模型: $y = 3.647x^{-0.261} + 3.3065 (R^2 = 0.6678)$

指数函数模型: $y = 3.514e^{-0.059x} (R^2 = 0.9165)$

从两个模型的方程可以得出, 幂函数模型的 R^2 (0.6678) 小于指数函数的 R^2 (0.9165), 因此仙霞岭保护区伯乐树种群的存活曲线趋近于 Deevey- II 型。根据死亡率曲线, 种群的死亡率大体上随着年

龄增加而增加, 在第 VIII 龄级前较为稳定, 第 VIII 龄级和第 XI 龄级出现 2 个死亡率高峰 (图 2)。

2.3 重测序与数据处理

测序数据经过滤得到 50.6 Gb 高质量数据, 平均测序深度为 $4.094 \times$ 。群体 SNP 检测共获取 14 516 372 个 SNP 位点。

2.4 种群遗传多样性计算

表 4 列出了伯乐树 14 个种群的遗传多样性计算结果。核苷酸多样性是衡量种群内或种群间遗传多样性的指标, 值越大表明种群遗传多样性越高。仙霞岭保护区伯乐树种群的核苷酸多样性值为 0.000155 ± 0.000112 , 与其他地区的种群相比处于较低水平。仙霞岭地区的伯乐树种群平均观测杂合度为 0.125 021, 平均期望杂合度为 0.251 483, 观测杂合度均值小于期望杂合度均值。同时, 仙霞岭保护区伯乐树种群的平均期望杂合度和平均观测杂合度均低于其他地区伯乐树种群, 表明该种群遗传多样性较低。Tajima's D 是由日本研究员田岛文雄创建的群体基因检验统计数据^[26]。在标准中性进化模型下, Tajima's D 的理论值为 0。仙霞岭种群的 Tajima's D 值为 0.047445 ± 0.671743 , 大于 0, 表明存在较多中等频率位点, 稀有等位基因少。

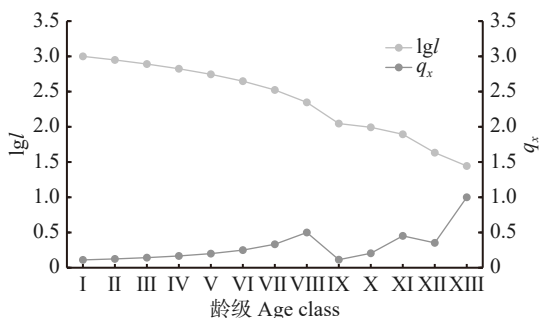


图 2 仙霞岭自然保护区伯乐树的存活曲线和死亡率曲线

Fig. 2 Survival and mortality curves of *B. sinensis* population from Xianxialing Nature Reserve

表4 14个种群伯乐树遗传多样性

Tab. 4 Genetic diversity of *B. sinensis* from 14 populations

种群 Population	样本数 Sample size	核苷酸多样性 Nucleotide diversity	田岛D值 Tajima's <i>D</i> value	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity
仙霞岭 Xianxialing	16	0.000 155 ± 0.000 112	0.047 445 ± 0.671 743	0.125 021	0.251 483
崇义 Chongyi	15	0.000 167 ± 0.000 117	0.552 086 ± 0.950 318	0.300 390	0.286 139
恩施 Enshi	6	0.000 159 ± 0.000 131	0.496 042 ± 0.911 537	0.362 044	0.366 466
徽州 Huizhou	13	0.000 155 ± 0.000 114	0.850 188 ± 1.029 712	0.312 818	0.313 483
景宁 Jingning	15	0.000 155 ± 0.000 112	0.909 770 ± 1.056 234	0.322 549	0.308 749
金秀 Jinxiu	15	0.000 172 ± 0.000 144	0.720 591 ± 1.104 005	0.342 749	0.302 705
黎平 Liping	15	0.000 131 ± 0.000 103	0.850 349 ± 1.040 210	0.326 810	0.300 021
龙泉 Longquan	6	0.000 162 ± 0.000 130	0.536 961 ± 0.932 633	0.363 763	0.370 912
龙胜 Longsheng	15	0.000 128 ± 0.000 100	1.104 442 ± 1.071 649	0.341 603	0.321 872
南平 Nanping	15	0.000 125 ± 0.000 102	1.168 049 ± 1.428 407	0.423 665	0.335 638
屏边 Pingbian	8	0.000 062 ± 0.000 073	1.015 086 ± 1.294 885	0.582 349	0.403 382
台北 Taibei	10	0.000 097 ± 0.000 090	0.617 904 ± 1.480 714	0.328 674	0.307 104
五指山 Wuzhishan	11	0.000 147 ± 0.000 118	1.279 910 ± 1.169 980	0.387 804	0.369 657
张家界 Zhangjiajie	10	0.000 178 ± 0.000 140	0.699 933 ± 1.045 932	0.342 988	0.330 500

3 讨 论

3.1 种群结构与适生分布区

仙霞岭自然保护区是现存数量最多的伯乐树分布区域之一。据已有研究,多地伯乐树种群规模小,呈现衰退型结构,缺乏幼苗幼树,如广东省南昆山、浙江九龙山、贵州南部等^[7-10]。伯乐树幼苗存活率低、自然更新困难是伯乐树濒危的重要原因之一^[27]。仙霞岭保护区伯乐树种群第 I 龄级株数最多,幼苗幼树数量较大,且径级结构完整,总体呈现为增长型趋势。一方面,仙霞岭地区属亚热带湿润季风气候区,位于中亚热带北缘,气候和环境条件均符合伯乐树生长^[28-29];另一方面,仙霞岭自然保护区对伯乐树种群开展了有效的原生境保护,人为干扰降低的同时实施了人工抚育,使幼苗成活率提高^[16]。

随着全球气候变暖的加剧,生物分布发生了明显变化,特定物种的适宜分布区有由低纬度向高纬度移动的趋势^[30-31],针对伯乐树潜在分布区的研究也显示其向北扩张^[5]。仙霞岭位于当前伯乐树种群自然分布区的北缘,相对于较南部地区的衰退型种群,仙霞岭伯乐树种群数量大,径级结构完整,幼苗更新情况好,也显示出该物种适生分布区北移的趋势。

3.2 种群遗传多样性

在进化过程中,遗传变异起到非常重要的作用。物种的遗传多样性水平决定着其对自然或人为干扰的反应能力,遗传多样性的维持是珍稀濒危物种保护工作中的重要内容^[32-33]。对于不同地区的伯乐树种群开展的遗传多样性研究显示,伯乐树在物种水平和种群水平具有较高的遗传多样性,但种群内遗传多样性较低^[34-36]。本研究利用 SNP 标记计算

分析伯乐树遗传多样性,核苷酸多样性值计算结果显示,仙霞岭自然保护区伯乐树种群内遗传多样性处于较低水平;观测杂合度和期望杂合度均小于其他地区种群,也表明种群内部遗传多样性较低。结合种群结构和遗传多样性研究结果,虽然仙霞岭伯乐树种群的为增长型,但是其遗传多样性相对其他地区来说并不显著,说明伯乐树增长型的种群结构和遗传多样性可能没有直接关系。

一般认为,导致植物珍稀濒危的因素有种内遗传变异小、适应性差、繁殖力低,以及人类活动导致的过度采伐、生境破碎化等^[37]。仙霞岭的伯乐树居群可能是在进化过程中受到了瓶颈效应,导致伯乐树种群内的遗传多样性水平低下。Tajima's *D* 值大于 0 这一结果支撑了这种可能性。瓶颈效应指种群大小因气候、地理等条件的影响出现迅速下降,导致遗传多样性水平降低的现象^[38]。伯乐树是典型的孑遗植物,长江以南的山地为其提供了重要的冰期避难所^[39]。仙霞岭种群的瓶颈效应可能是第四纪冰期造成的,现有的数量庞大的种群可能起源于少量个体。另一种推测是以前人为活动导致伯乐树栖息地丧失,生境碎片化严重,种群数量下降,遗传多样性损失严重。近年来,仙霞岭自然保护区对野生伯乐树种群开展就地保护,在保护区范围内最大限度地降低了人为干扰,使种群数量增长到一个较高水平;但种群内部的遗传多样性较低,整个种群可能起源于少数个体。然而,本研究遗传多样性分析仅选取了 16 个个体,后续的研究中可通过增加样品数量和扩大取样范围,来进一步提升对伯乐树种群遗传多样性的认识。

本研究通过分析仙霞岭保护区伯乐树种群结构和遗传多样性进一步揭示了其濒危机制,以及种群

内部遗传多样性较低的现象; 同时结合全球气候变化对生物分布的影响, 展现了伯乐树适生分布区向高纬度移动的趋势。这些发现对于理解伯乐树的濒危状态和制定有效的保护策略至关重要。本研究不仅为伯乐树种质资源的保护和利用提供了科学依据, 也为其他濒危物种的保护工作提供了参考。在实际工作中, 可以通过综合运用就地保护、迁地保护等策略, 更合理有效地保护和恢复珍稀濒危物种的种群, 促进生物多样性的长期维持。

4 结 论

仙霞岭自然保护区伯乐树种群结构完整, 在未来气候变化背景下, 该地区伯乐树种群数量预计呈上升趋势, 与前人的适生区预测研究结果相一致。今后在对以伯乐树为代表的珍稀濒危物种的保护工作中, 我们应该加强对幼树的保育工作, 保持种群增长型结构, 维持种群天然更新能力; 注重原生境保护, 保护其所处的群落和生态系统; 同时积极开展种质资源保护, 提高对于野生种群遗传多样性的重视, 避免因遗传多样性丧失造成的种群衰退。

参 考 文 献

- [1] Chase M W, Christenhusz M J M, Fay M F, et al. An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV[J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 2016, 181(1): 1–20.
- [2] Stevens P F. Angiosperm phylogeny website. version 14[EB/OL]. [2023–07] <http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>.
- [3] 梅中海, 张辉, 徐瑞妙, 等. 景宁县望东垟高山湿地自然保护区伯乐树资源调查与保护[J]. 安徽农学通报, 2021, 27(8): 81–82. Mei Z H, Zhang H, Xu R M, et al. Investigation and conservation of *Bretschneidera sinensis* resources in Wangdongyang Alpine Wetland Nature Reserve, Jingning, Zhejiang[J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2021, 27(8): 81–82.
- [4] 张季, 田华林, 朱雁, 等. 伯乐树致濒机理研究[J]. 现代农业科技, 2019(4): 123–124, 127. Zhang J, Tian H L, Zhu Y, et al. Research on endangered mechanism of *Bretschneidera sinensis*[J]. Modern Agricultural Science and Technology, 2019(4): 123–124, 127.
- [5] 郭飞龙, 徐刚标, 牟虹霖, 等. 伯乐树潜在地理分布时空格局模拟[J]. 植物科学学报, 2020, 38(2): 185–194. Guo F L, Xu G B, Mou H L, et al. Simulation of potential spatiotemporal population dynamics of *Bretschneidera sinensis* Hemsl. based on MaxEnt model[J]. Plant Science Journal, 2020, 38(2): 185–194.
- [6] 国家林业和草原局. 国家重点保护野生植物名录[EB/OL]. (2021–09–09) [2023–08–06]. https://www.gov.cn/zhengce/zhengceku/2021-09/09/content_5636409.htm. National Forestry and Grassland Administration. National key protected wild plant list[EB/OL]. (2021–09–09) [2023–08–06]. https://www.gov.cn/zhengce/zhengceku/2021-09/09/content_5636409.htm.
- [7] 俞筱押, 田华林, 郭治友. 贵州南部伯乐树群落特征及其种间关系研究[J]. 四川农业大学学报, 2016, 34(1): 29–33. Yu X Y, Tian H L, Guo Z Y. Community characteristics and interspecific relationship of *Bretschneidera sinensis* in southern Guizhou, China[J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2016, 34(1): 29–33.
- [8] 王美娜, 乔琦, 张荣京, 等. 广东南昆山与大岭山子遗植物伯乐树群落特征比较与谱系地理学研究[J]. 广西植物, 2011, 31(6): 789–794, 812. Wang M N, Qiao Q, Zhang R J, et al. Studies on the community feature comparison and phylogeography of relic plant *Bretschneidera sinensis* in Nankun and Daling Mountain, Guangdong Province[J]. Guihaia, 2011, 31(6): 789–794.
- [9] 乔琦, 邢福武, 陈红锋, 等. 广东省南昆山伯乐树群落特征及其保护策略[J]. 西北植物学报, 2010, 30(2): 377–384. Qiao Q, Xing F W, Chen H F, et al. Characteristics of community and in situ conservation strategy of *Bretschneidera sinensis* in Nankun Mountain, Guangdong Province[J]. Journal of Northwest Plant Science, 2010, 30(2): 377–384.
- [10] 刘菊莲, 周莹莹, 潘建华, 等. 浙江九龙山国家级自然保护区伯乐树群落特征及种群结构分析[J]. 植物资源与环境学报, 2013, 22(3): 95–99. Liu J L, Zhou Y Y, Pan J H, et al. Analyses on community characteristics and population structure of *Bretschneidera sinensis* in Zhejiang Jiulongshan National Natural Reserve[J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2013, 22(3): 95–99.
- [11] 杨磊, 曹秋梅, 冯纛, 等. 珍稀濒危植物阜康阿魏的遗传多样性及遗传结构[J]. 植物研究, 2023, 43(1): 51–58. Yang L, Cao Q M, Feng Y, et al. Genetic diversity and genetic structure of the rare and endangered plant *Ferula fukanensis*[J]. Bulletin of Botanical Research, 2023, 43(1): 51–58.
- [12] 乔东亚, 王鹏, 王淑安, 等. 基于 SNP 标记的紫薇遗传多样性分析[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2020, 44(4): 18–25. Qiao D Y, Wang P, Wang S A, et al. Genetic diversity analysis of *Lagerstroemia germplasm* resources based on SNP markers[J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Science Edition), 2020, 44(4): 18–25.
- [13] 张大勇, 姜新华. 遗传多样性与濒危植物保护生物学研究进展[J]. 生物多样性, 1999(1): 31–37. Zhang D Y, Jiang X H. Progress in studies of genetic diversity and conservation biology of endangered plant species[J]. Biodiversity Science, 1999(1): 31–37.
- [14] Li Y, Guan S, Yang S, et al. Genetic decline and inbreeding depression in an extremely rare tree[J]. Conservation Genetics, 2012, 13(2): 343–347.
- [15] 余著成, 徐林莉, 罗水根, 等. 基于 MaxEnt 模型的仙霞岭省级自然保护区藏酋猴生境适宜性评价[J]. 林业资源管理, 2023(2): 111–117. Yu Z C, Xu L L, Luo S G, et al. Assessment on habitat suitability of *Macaca thibetana* in Xianxialing Provincial Nature Reserve

- using MaxEnt modeling[J]. *Forest Resources Management*, 2023(2): 111–117.
- [16] 陈卓, 田志辉. 云上仙霞岭珍稀伯乐树[J]. *浙江林业*, 2021(1): 36.
Chen Z, Tian Z H. The rare *Bretschneidera sinensis* amidst the clouds of Xianxialing[J]. *Zhejiang Forestry*, 2021(1): 36.
- [17] 曲仲湘, 文振旺, 朱克贵. 南京灵谷寺森林现状的分析[J]. *植物学报*, 1952, 4(1): 18–49.
Qu Z X, Wen Z W, Zhu K G. Analysis of the current status of the forest in Linggu Temple, Nanjing[J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 1952, 4(1): 18–49.
- [18] 曹广侠, 林璋德, 张联敏. 甘南地区紫果云杉、岷江冷杉生命表[J]. *生态学报*, 1991, 11(3): 286–288.
Cao G X, Lin Z D, Zhang L M. Life table of *Picea purpurea* and *Abies faxoniana* in southern Gansu province[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 1991, 11(3): 286–288.
- [19] 吴承祯, 洪伟, 谢金寿, 等. 珍稀濒危植物长苞铁杉种群生命表分析[J]. *应用生态学报*, 2000, 11(3): 333–336.
Wu C Z, Hong W, Xie J S, et al. Life table analysis of *Tsuga longibracteata* population[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2000, 11(3): 333–336.
- [20] Hett J M, Loucks O L. Age structure models of balsam fir and eastern hemlock[J]. *Journal of Ecology*, 1976, 64(3): 1209–1044.
- [21] Bolger A M, Lohse M, Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data[J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(15): 2114–2120.
- [22] Liu H, Harris A J, Wang Z, et al. The genome of the paleogene relic tree *Bretschneidera sinensis*: insights into trade-offs in gene family evolution, demographic history, and adaptive SNPs[J]. *DNA Research*, 2022, 29(1): 1.
- [23] Li H, Durbin R. Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler transform[J]. *Bioinformatics*, 2010, 26(5): 589–595.
- [24] van der Auwera G A, O'Connor B D. Genomics in the cloud: using Docker, GATK, and WDL in Terra[M]. Sebastopol: O'Reilly Media, 2020.
- [25] Danecek P, Auton A, Abecasis G, et al. The variant call format and VCFtools[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(15): 2156–2158.
- [26] Tajima F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism[J]. *Genetics*, 1989, 123(3): 585–595.
- [27] 张莎, 乔琦, 王美娜, 等. 珍稀濒危植物伯乐树的研究进展[J]. *福建林业科技*, 2016, 43(4): 224–229.
Zhang S, Qiao Q, Wang M N, et al. Research progress in *Bretschneidera sinensis*, a rare and endangered plant in China[J]. *Fujian Forestry Science and Technology*, 2016, 43(4): 224–229.
- [28] 余著成, 金伟, 陈卓, 等. 江山仙霞岭省级自然保护区兽类多样性调查[J]. *浙江林业科技*, 2023, 43(1): 53–60.
Yu Z C, Jin W, Chen Z, et al. Investigation on mammals in Jiangshan Xianxialing Provincial Nature Reserve[J]. *Journal of Zhejiang Forestry Science and Technology*, 2023, 43(1): 53–60.
- [29] 侯丹. 浙江仙霞岭地区同域分布雉类栖息地利用时空格局研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2021.
Hou D. The spatial-temporal patterns of habitat use of sympatric pheasants in Xianxialing region of Zhejiang Province [D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2021.
- [30] 龚维, 夏青, 陈红锋, 等. 珍稀濒危植物伯乐树的潜在适生区预测[J]. *华南农业大学学报*, 2015, 36(4): 98–104.
Gong W, Xia Q, Chen H F, et al. Prediction of potential distributions of *Bretschneidera sinensis*, an rare and endangered plant species in China[J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2015, 36(4): 98–104.
- [31] Lucht W, Prentice I C, Myneni R B, et al. Climatic control of the high-latitude vegetation greening trend and Pinatubo effect[J]. *Science*, 2002, 296: 1687–1689.
- [32] 张浩. 濒危植物胡桃楸山东地区种群结构及遗传分析[D]. 烟台: 鲁东大学, 2021.
Zhang H. Population structure and genetic analysis of the endangered plant *Juglans mandshurica* Maxim. in Shandong Province [D]. Yantai: Ludong University, 2021.
- [33] 周惠娟. 濒危植物白皮松遗传多样性及遗传结构研究[D]. 西安: 西北大学, 2013.
Zhou H J. Genetic diversity and population structure of natural endangered forest tree *Pinus bungeana* in China[D]. Xi'an: Northwest University, 2013.
- [34] 徐刚标, 梁艳, 蒋隼, 等. 伯乐树种群遗传多样性及遗传结构[J]. *生物多样性*, 2013, 21(6): 723–731.
Xu G B, Liang Y, Jiang Y, et al. Genetic diversity and population structure of *Bretschneidera sinensis*, an endangered species[J]. *Biodiversity Science*, 2013, 21(6): 723.
- [35] 梁艳, 徐刚标, 张合平, 等. 南岭山地伯乐树天然种群和人工种群遗传多样性比较[J]. *林业科学*, 2012, 48(12): 45–52.
Liang Y, Xu G B, Zhang H P, et al. Genetic diversity of natural and planted populations of *Bretschneidera sinensis* from Nanling region[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2012, 48(12): 45–52.
- [36] Wang M, Duan L, Qiao Q, et al. Phylogeography and conservation genetics of the rare and relict *Bretschneidera sinensis* (Acanthaceae)[J]. *PLoS One*, 2018, 13(1): e189034.
- [37] 王蕾, 施诗, 廖文波, 等. 井冈山地区珍稀濒危植物及其生存状况[J]. *生物多样性*, 2013, 21(2): 163–177.
Wang L, Shi S, Liao W B, et al. Rare and endangered plants in Mount Jinggangshan region[J]. *Biodiversity Science*, 2013, 21(2): 163–169.
- [38] 杨玉慧, 李义明. 分子生态学研究与动物多样性保护[J]. *生物多样性*, 2001, 9(3): 284–293.
Yang Y H, Li Y M. Molecular ecology and animal biodiversity conservation[J]. *Biodiversity Science*, 2001, 9(3): 284–293.
- [39] Shang C, Li E Z, Yu Z C, et al. Chloroplast genomic resources and genetic divergence of endangered species *Bretschneidera sinensis* (Bretschneideraceae)[J]. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 2022, 10: 873100.

(责任编辑 赵田芸
责任编辑 崔国发)