

1 Diversity and conservation of Chinese wild begonias

Daike Tian, Yan Xiao, Yi Tong, Naifeng Fu, Qingqing Liu, Chun Li

近日，上海辰山植物园/中国科学院上海辰山植物科学研究中心“观赏植物资源及创新利用研究组”在 *Plant Diversity* 期刊上发表题为 *Diversity and conservation of Chinese wild begonias*（中国野生秋海棠属植物的多样性与保育）综述文章，对我国秋海棠属的物种分类、多样性、种类濒危状况、迁地保护等进行了全面论述，分析了当今物种保护面临的挑战，提出了一个科学有效的秋海棠野生植物保护策略。

秋海棠属是多样性最为丰富的类群之一，为世界第五或第六大被子植物属，目前已接受的物种近 1900 种。近 20 年，该属的种类数量急速增长，仅我国就从原有的 80 种上升到目前的 200 种。根据近几年的野外调查发现，中国秋海棠属物种数量估计有 250-300 种。秋海棠属是一个快速辐射进化的类群，形态变异极为多样，加上存在较多的自然杂交和多倍化现象，一些种类需要被重新修订，很多新种有待考察和描述发表，使得该类群的分类研究颇具挑战性和迫切性。

中国秋海棠种类在生境、习性、植株大小、叶型叶色、花和果实等形态均极具多样性。由于该属的大多数物种狭域分布，且分布往往孤立或碎片化，很容易气候变化和工农业活动的干扰。此前，虽然我国学者根据 IUCN（国际自然保护联盟）的标准对中国秋海棠属大多数物种的保护状态开展了评估，但对于很多种类来说，其评估结果并不符合实际情况，而且还有 1/10（不含已知尚为发表的新种）的种类缺乏评估数据，因此需要根据更全面的野外调查和标本信息重新评估。此外，由于网络和交通运输的快速发展，针对一些具有观赏或药用价值的野生秋海棠资源的非法采集和过度收集与日剧增。因此，远超原来的濒危状况评价结果，我国秋海棠属的更多种类应该被作为珍稀濒危物种加以保护。中国秋海棠属植物的迁地保护始于 1995 年，目前超过 60% 的种类被国内的几个主要植物园引种栽培。然而，仅有少数的研究机构、人员和少量的资金投入到了秋海棠属植物的保育，因此，还有更多的工作还要开展。更科学有效地保护中国秋海棠属植物必须依赖于更全面的野外调查，更深入的居群多样性理解和综合方法的利用，包括原地和迁地保护、种子库建设、物种回归等。文章呼吁应该在现有自然保护区的基础上建立以物种为保护目标的自然保护小区。同时，国家应该出台植物保护相关法规，

禁止野生植物的非法采集和交易，尤其是那些生境特殊和狭域分布的小种群物种。若您对此感兴趣，请关注田代科等作者在《Plant Diversity》2018年第3期上发表的文章“Diversity and conservation of Chinese wild begonias”，您会有更多收获。

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468265917300896>

2 Securing a future for China's plant biodiversity through an integrated conservation approach

Sergei Volis

受到严重威胁的中国濒危植物迫切需要制定一种新的、适合中国的保护战略。这篇文章提供了详细的保护方法，并对先前描述的中国极小种群植物物种保护指南进行了补充。Sergei Volis 多方面对上述概念进行了补充，使之涵盖了所有濒危中国植物物种保护。提出的综合保护战略包括以下关键组成部分：1) 生态区域保护规划和实施基础；2) 一个统一的评分系统，用于区域系统规划，用于规划保存、监测和评估保护系统的效率，以及建立种子库和活体收藏；3) 重点关注种群数量和自然再生，这是确定物种保护状况的关键标准和物种恢复计划的重点聚焦；4) 创建多物种生物活体收集，保存物种遗传变异并为原位保育提供材料；5) 濒危物种在已知栖息地外进行迁地保护试验。

要想在中国更充分地实施这些战略，就需要对国家的相关法规和相应的管理进行调整，并得到国家自然科学基金的研究经费支持，并且要求本地科研人员对信息共享有更积极的态度。敬请关注 Sergei Volis 在《Plant Diversity》2018年第3期上发表的文章“Securing a future for China's plant biodiversity through an integrated conservation approach”，您一定会感趣。

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468265917301762>

3 A comparison of different methods for preserving plant molecular materials and the effect of degraded DNA on ddRAD sequencing

Ying Guo, Guoqian Yang, Yunmei Chen, Dezhu Li, Zhenhua Guo

在植物学研究中，跋山涉水甚至跨越不同国家采集实验材料是常有之事。面对得来不易的分子材料，如何有效的保存和利用显得尤为重要。虽然已有多位学者对该问题进行过研究，但这些研究大多是针对特定种设计，普适性低，且观察

时间较短（从几个小时到几个月），这对于大多数植物分子材料的保存而言是远远不够的。另外，从植物分子材料中提取的 DNA 常有不同程度的降解，虽然已有研究表明降解 DNA 对传统分子标记如微卫星等的影响不大，但关于 DNA 质量对 ddRAD-seq (常用的简化基因组测序技术) 的影响却鲜有报导，尤其在植物界，尚无相关研究。为此，郭英等作者设置了 4 种保存方法和 2 种常见的 DNA 提取方法，对 6 种木本竹类进行了长达 3 年的检测观察，以探索提取和保存植物分子材料的合适方法。随后以 *MiddRAD-seq* 方法为代表，对以不同方式保存的 21 个木本竹类的测序数据进行了比较分析，用以探索 DNA 质量对 ddRAD-seq 的影响。研究结果表明：(1) 对于保存时间较短的分子材料，改良的 CTAB 法提取的 DNA 得率比试剂盒法高，是更为适合的 DNA 提取方法。(2) 4 种不同保存方式中，干粉状 DNA 的保存效果最好，其次为 TE 溶解状 DNA，而常温硅胶干燥保存与低温保存的分子材料在 3 年时间内无明显差异。(3) *MiddRAD-seq* 方法比较稳定，只有严重降解或完全降解的 DNA 才会对其产生影响，中等降解程度的 DNA 对其影响不大。相关内容敬请关注郭英等作者在《*Plant Diversity*》2018 年第 3 期上发表的文章 “A comparison of different methods for preserving plant molecular materials and the effect of degraded DNA on ddRAD sequencing”，更详细的内容等着您哦。

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468265918300477>

4 N-P fertilization did not reduce AMF abundance or diversity but alter AMF composition in an alpine grassland infested by a root hemiparasitic plant

Xuezhao Wang, Xiaolin Sui, Yanyan Liu, Lei Xiang, Ting Zhang, Juanjuan Fu, Airong Li, Peizhi Yang

之前的大量研究表明施肥处理会抑制丛枝菌根真菌 (AMF) 丰富度和根部半寄生植物生长状况，但是其并没有在有根部半寄生植物时，施肥处理对丛枝菌根真菌丰富度和群落组成进行研究。鉴于 AM 真菌和根部半寄生植物对寄主植物相反的营养作用，假设在有大量根部半寄生植物时，施肥处理对 AM 真菌的抑制效应降低。Xuezhao Wang 等作者从课题组前期连续开展三年的施肥试验样地取样，采用传统的根部定殖率观察、土壤中孢子和菌丝计数等方法测定丛枝菌根 (AM) 真菌的丰富度，用 18S rRNA 测序法分析 AM 真菌群落组成和多样性

水平。结果表明：施肥处理对 AM 真菌根内定殖率以及多样性没有显著影响，但是显著增加土壤中孢子丰富度和菌丝长度。此外，施肥处理一定程度改变了 AM 真菌群落组成和物种相对丰富度。若您对话题有兴趣，敬请关注 Xuezhao Wang 等作者在《Plant Diversity》2018 年第 3 期上发表的文章“N-P fertilization did not reduce AMF abundance or diversity but alter AMF composition in an alpine grassland infested by a root hemiparasitic plant”，您一定会有更多收获。

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468265918300519>

5 Plastome characteristics of Cannabaceae

Huanlei Zhang, Jianjun Jin, Michael J. Moore, Tingshuang Yi, Dezhu Li

大麻科包括 10 属约 117 个种，广泛分布于世界热带到温带的地区，很多种具有重要的经济价值。此外，*Parasponia* Miq. 是自然界除豆科 Leguminosae sp. 以外唯一可以根瘤菌共生固氮的类群，因此具有重要的生态价值。随着分子系统学的发展，大麻科被支持为单系类群，大部分科下属间的系统发育关系获得解析。但白颜树属 (*Gironniera* Gaud.) 和 *Lozanella* Donn.Sm. 系统发育位置还不确定。朴属 (*Celtis* L.) 和 *Cannabis-Humulus*, *Chaetachme-Pteroceltis* 和 *Trema-Parasponia* 之间的系统关系还未被很好解析。基于叶绿体系统发育基因组学方法，很多困难系统发育关系被解析，并在系统发育框架下揭示了植物的叶绿体基因组结构特征、变异和演化。但是关于大麻科叶绿体基因组的报道很少，并且只是对大麻属和葎草属有过零星结构研究。大麻科各属植物的叶绿体基因组是否存在显著的结构变异？利用叶绿体系统发育基因组学的方法能否解决大麻科长期存在的属间系统发育问题？为探讨以上科学问题，我们新测序了大麻科所有属 10 个代表种的叶绿体基因组，来分析大麻科叶绿体基因组的大小和结构变异，并基于叶绿体基因组序列解析了大麻科属间系统发育关系。主要结果如下：

1. 大麻科叶绿体基因组的结构特征和变异

同绝大多数被子植物一样，大麻科完整叶绿体基因组具有典型的四分体结构，总共包含 128 个基因。其中有 5 个种的反向重复区发生了向大单拷贝区 (LSC) 的扩张 (330 – 983 bp)，而 *Chaetachme aristata* Planch. 则发生了 942 bp 的 IR 的

收缩, 丢失了 *rpl22* 并使得 *rps19* 的基因顺序发生了改变。由于 IR 扩张使得 *rps19* 和 *rpl22* 由 LSC 进入了 IR, 造成两基因的替换速率降低。我们还发现在 *Parasponia rugosa* Miq. 的叶绿体基因组中 *petN* 和 *psbM* 之间存在一个 270 bp 的短的序列反转, 可能是由两端的 18 bp 的反向重复序列的介导的。我们统计分析了 10 个种叶绿体基因组的重复序列、SSR 以及序列分化程度, 选择进化速率较高的序列, 也就是变异位点的比例高于 13% 和简约性信息位点的比例高于 5% 的区段。这些分子标记可以用于大麻科系统发育重建, 物种鉴定和种下遗传多样性分析。

2. 基于叶绿体基因组的大麻科系统发育重建

利用完整的叶绿体基因组数据, RaxML 初步构建了大麻科属间系统发育树, 很好地解决了之前用多个分子片段所不能解决的系统关系问题。结果强烈支持白颜树属和 *Lozanella* 为姐妹群 (BS = 100), *Celtis* 和 *Cannabis-Humulus*, *Chaetachme-Pteroceltis*, *Trema-Parasponia* 等四大分支的系统关系也得到了很好的解析并获得较高的支持率 (BS \geq 80)。如果您对系统发育的话题比较感兴趣, 请您关注 Huanlei Zhang 等作者在《Plant Diversity》2018 年第 3 期上发表的文章 “Plastome characteristics of Cannabaceae”。

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468265918300532>