广西植物 Guihaia Jan. 2026, 46(1): 28-38 http://www.guihaia-journal.com

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw202505038
韦伶芝, 蔡欣茹, 杨一山, 等, 2026. 凹脉金花茶的遗传多样性和群体遗传结构分析 [J]. 广西植物, 46(1): 28-38.
WEI L Z, CAI X R, YANG Y S, et al., 2026. Analysis of genetic diversity and population genetic structure of *Camellia impressinervis* [J]. Guihaia, 46(1): 28-38.

凹脉金花茶的遗传多样性和群体遗传结构分析

韦伶芝[1,2], 蔡欣茹[3], 杨一山[2], 江海都[2], 彭丽辉[2], 刘晟源[4], 韦　霄[2], 柴胜丰[1,2*]

(1. 桂林理工大学 旅游与风景园林学院, 广西 桂林 541006; 2. 广西壮族自治区 中国科学院 广西植物研究所, 广西植物功能物质与资源持续利用重点实验室, 广西 桂林 541006; 3. 桂林医科大学 药学院, 广西 桂林 541004; 4. 广西弄岗国家级自然保护区管理中心, 广西 崇左 532499)

摘　要: 为进一步了解极小种群物种凹脉金花茶(*Camellia impressinervis*)的遗传多样性和群体遗传结构,该研究采用基因分型测序技术(GBS)对广西分布的4个居群56份凹脉金花茶样品进行简化基因组测序,并对其遗传多样性和群体遗传结构等进行分析。结果表明:(1)从56份凹脉金花茶样本中获得高质量单核苷酸多样性(SNP)位点4 014 956个,Q20和Q30的平均值分别为98.74%和95.35%,GC含量分布范围为41.70%~45.67%。(2)下雷陇恒居群(CI-LH)的期望杂合度(H_e=0.201 4)、核苷酸多样性(P_i=0.211 7)、近交系数(F_{is}=0.126 1)最高,弄岗卜那居群(CI-BN)的观测杂合度(H_o=0.171 6)、核苷酸多样性(P_i=0.180 3)、近交系数(F_{is}=-0.023 0)最低,群体间基因流强度(N_m)的范围为1.151 3~4.557 7,平均值为2.212 2。(3)聚类分析、主成分分析与居群遗传结构分析表明,56份凹脉金花茶可被分为4个类群。综上认为,凹脉金花茶具有中等程度的遗传多样性和遗传分化水平,建议加强对CI-BN居群的就地保护,在条件成熟的情况下实施回归引种,以实现其居群恢复和扩大。此外,加强栖息地保护以及禁止人工挖掘对于保持其遗传多样性至关重要。该研究结果为凹脉金花茶的遗传保育和有效保护提供科学依据。

关键词: 凹脉金花茶, 基因分型测序技术, 极小种群物种, 遗传多样性, 群体遗传结构
中图分类号: Q948.1　　**文献标识码:** A　　**文章编号:** 1000-3142(2026)01-0028-11

Analysis of genetic diversity and population genetic structure of *Camellia impressinervis*

WEI Lingzhi[1,2], CAI Xinru[3], YANG Yishan[2], JIANG Haidu[2], PENG Lihui[2], LIU Shengyuan[4], WEI Xiao[2], CHAI Shengfeng[1,2*]

(1. *College of Tourism and Landscape Architecture*, *Guilin University of Technology*, Guilin 541006, Guangxi, China; 2. *Guangxi Key Laboratory of Functional Phytochemicals and Sustainable Utilization*, *Guangxi Institute of Botany*, *Guangxi Zhuang Autonomous Region and Chinese Academy of Sciences*, Guilin 541006, Guangxi, China; 3. *College of Pharmacy*, *Guilin Medical University*, Guilin 541004, Guangxi, China; 4. *Management Center of Guangxi Nonggang National Nature Reserve*, Chongzuo 532499, Guangxi, China)

收稿日期: 2025-10-21　**接受日期:** 2025-11-20
基金项目: 国家自然科学基金(32460103, 32160091); 国家重点研发计划项目(2022YFF1300700); 广西植物功能物质与资源持续利用重点实验室项目(ZRJJ2024-12)。
第一作者: 韦伶芝(2002—),硕士研究生,研究方向为珍稀植物保育及其园林应用,(E-mail)3207722798@qq.com。
[*] **通信作者:** 柴胜丰,博士,研究员,研究方向为珍稀濒危植物保育及可持续利用,(E-mail)sfchai@163.com。

Abstract: This study aimed to further elucidate the genetic diversity and population genetic structure of *Camellia impressinervis*, a species with extremely small populations, through the application of genotyping-by-sequencing (GBS). A total of 56 individuals from four populations distributed across two nature reserves in Guangxi, China, were subjected to reduced-representation genome sequencing, and comprehensive analyses of genetic diversity and population genetic structure were conducted. To provide a scientific basis for the genetic conservation and effective protection of this species. The results were as follows: (1) A total of 4 014 956 high-quality single-nucleotide polymorphism (SNP) loci were identified across the 56 individuals, with mean Q20 and Q30 values of 98.74% and 95.35%, respectively, and GC content ranging from 41.70% to 45.67%. (2) The Xialei Longheng population (CI-LH) exhibited the highest expected heterozygosity (H_e = 0.201 4), nucleotide diversity (P_i = 0.211 7) and inbreeding coefficient (F_{is} = 0.126 1). In contrast, the Nonggang Buna population (CI-BN) demonstrated the lowest observed heterozygosity (H_o = 0.171 6), nucleotide diversity (P_i = 0.180 3), and inbreeding coefficient (F_{is} = −0.023 0). Estimates of gene flow intensity (N_m) among populations varied between 1.151 3 and 4.557 7, with an average of 2.212 2. (3) Cluster analysis, principal component analysis, and population genetic structure analysis collectively indicated that the 56 samples of *C. impressinervis* could be grouped into four distinct clusters. In conclusion, *C. impressinervis* exhibits moderate levels of genetic diversity and genetic differentiation. It is recommended to strengthen *in-situ* conservation for the CI-BN population, and when feasible, implement reintroduction to promote population recovery and expansion. Additionally, enhancing habitat protection and prohibiting on artificial excavation are crucial for maintaining its genetic diversity. The research results provide a scientific basis for the genetic conservation and effective protection of *C. impressinervis*.

Key words: *Camellia impressinervis*, genotyping-by-sequencing (GBS), extremely small population species, genetic diversity, population genetic structure

生物多样性正面临着严峻的危机，目前有超过100万个物种受到威胁，物种和种群数量持续下降，在全球生物多样性丧失期间保护受威胁物种至关重要；濒危物种，尤其是那些种群较少的物种，由于气候波动和人为干扰而面临很高的灭绝风险（Wariss et al., 2025）。物种的遗传结构和多样性在其承受恶劣环境并随着时间推移而进化的能力中起着关键作用（Zhang et al., 2024）。利用分子标记分析物种的遗传多样性与遗传结构可以明确居群内及居群间的亲缘关系，了解物种的适应能力和进化潜力，特别是对于极小种群物种和稀有、濒危物种，有助于分析其濒危的原因，为其保护策略的制定提供科学依据（Wang et al., 2024）。

凹脉金花茶（*Camellia impressinervis*）属于山茶科（Theaceae）山茶属金花茶组（*Camellia* sect. *Chrysantha*），是广西岩溶地区的特有物种（文和群等，1993），仅分布于广西崇左市的龙州县和大新县，其花色金黄，叶片大，椭圆形，叶脉多且凹陷明显，其枝条长度较短，分枝较多，是金花茶中具有很高观赏价值的种类（梁盛业，1997；黄展文等，2021）。凹脉金花茶的黄色花瓣富含黄酮类化合物，兼具药用潜力与观赏价值，被称为“植物界大熊猫”。近些年来，随着金花茶的价值被不断挖掘，凹脉金花茶野生资源被挖掘破坏十分严重，有濒临灭绝的风险。凹脉金花茶已被世界自然保护联盟（IUCN）列为濒危物种（覃海宁等，2017；赖彦池，2021；陈莹等，2022），同时列入了《国家重点保护野生植物名录》（国家林业和草原局 农业农村部，2021），也是《全国极小种群野生植物保护工程规划（2011—2015）》（国家林业局 国家发展改革委，2012）中优先保护的极小种群目标种之一，亟须对其开展有效保护。

近年来，新一代测序技术（next-generation sequencing, NGS）的快速发展提高了单核苷酸多态性（single-nucleotide polymorphism, SNP）的发现效率，基因分型测序技术（genotyping-by-sequencing, GBS）是一种基于NGS技术的SNP基因分型方法（张序等，2021）。GBS技术可以迅速鉴定出大量的高密度SNP标记，无需预先知道物种基因组序列，成本较低、灵活简单，已经被广泛用于遗传图谱的构建和分析、全基因组关联分析、系统发育分析和遗传多样性分析等（Xiong et al., 2020；Chen et al., 2022）。目前，GBS技术已应用于多种濒危植物遗传多样性分析中。例如，周鑫

洋等(2023)对堇叶紫金牛(*Ardisia violacea*)的研究结果表明,堇叶紫金牛 13 个居群的整体遗传多样性偏低,但居群间的遗传分化程度较高,建议优先保护 3 个遗传多样性较高的居群,并开展相关繁育工作维持和扩大居群数量;Ryu 等(2019)对石斛(*Dendrobium nobile*)的遗传多样性分析研究结果表明,该物种不同基因型之间存在明显差异,共有 18 个 SNP 用于开发 KASP(Kompetitive Allele-Specific PCR)检测集,其中 10 个成功用于区分石斛基因型;Chen 等(2022)对坡垒(*Hopea hainanensis*)的遗传多样性分析结果表明,7 个居群的平均杂合度为 19.77%,表明坡垒的遗传多样性较低;Hu 等(2022)对三棱栎(*Trigonobalanus doichangensis*)遗传多样性分析结果表明,6 个三棱栎居群存在较高的遗传多样性和中等程度遗传分化,大部分遗传变异发生在居群之间,基于这些结果,提出了基于遗传多样性高的三棱栎的居群就地保护策略,并提出了种质收集和人工育苗的相关策略。

目前,凹脉金花茶的研究主要集中在繁育技术(潘文等,2025)、光合特性(陈妮等,2024)、化学成分(程金生等,2020)等方面,关于凹脉金花茶居群的遗传多样性和遗传结构研究较少,仅赖彦池(2021)运用一个叶绿体小单拷贝区(small single copy,SSC)的片段(包括 4 个基因,即 *ndhF*、*rpl32*、*trnL-UAG*、*CCSA*)和简单重复序列(simple sequence repeat,SSR)分子标记联合的方法,对凹脉金花茶进行遗传多样性和遗传结构分析。但是,此方法受限于标记数量和基因组覆盖度,需依赖同源物种引物跨物种扩增,可能因引物不匹配导致数据缺失或偏差,因此,无法准确评估凹脉金花茶的遗传多样性和遗传结构。为此,本研究利用 GBS 技术,对广西区内采集的 4 个居群 56 份凹脉金花茶样品进行简化基因组测序,旨在更精准评估凹脉金花茶的遗传多样性,计算居群遗传结构,为制定凹脉金花茶的遗传保育和有效保护策略提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

在广泛调查凹脉金花茶现存野生资源的基础上,在广西弄岗国家级自然保护区(以下简称弄岗保护区)和广西下雷自治区级自然保护区(以下简称下雷保护区)采集了 4 个居群(居群分布的最高海拔 865 m,最低海拔 77 m),共计 56 份凹脉金花茶样品,详情见表 1。为探究凹脉金花茶的系统发育关系,在弄岗保护区采集了 3 份淡黄金花茶(*Camellia flavida*)样品作为外类群。根据居群大小,采用随机抽样的方法,每个居群采集 10~16 个体,采样植株间隔 10 m 以上,每株采集 2 片健康且幼嫩的新鲜叶片,放入茶叶袋并编号,将其放入装有变色硅胶的封口袋中干燥保存。样品送至上海凌恩生物科技有限公司进行简化基因组测序。根据经纬度计算各居群间的空间距离,弄岗保护区三联站卜那(CI-BN)和弄岗保护区三联站陇米督(CI-LM)居群之间的距离为 4.34 km;CI-BN 和下雷保护区板六村陇恒(CI-LH)居群之间的距离为 20.45 km;CI-BN 和下雷保护区板六村陇位(CI-LW)居群之间的距离为 20.21 km;CI-LM 和 CI-LH 居群之间的距离为 23.58 km;CI-LM 和 CI-LW 居群之间的距离为 23.03 km;CI-LH 和 CI-LW 居群之间的距离为 0.47 km。

1.2 DNA 提取及文库构建

使用 E. Z. N. A. Tissue DNA kit (Omega Bio-Tek)提取 56 份凹脉金花茶样本和 3 份淡黄金花茶样本的 DNA,并利用 1%琼脂糖电泳进行质检。选择 EcoR Ⅰ酶 NlaⅢ的酶组合对质量经过检查的 DNA 进行双酶解,对获得的酶切片段一端连接标签接头 P1,随即将其混合,通过物理方法将混合片段随机打断至 300~500 bp 范围内,以满足后续测序文库构建的需求。在打断后的片段两端连接 P2 通用接头,再进行 PCR 扩增,最后通过 Illumina HiSeq PE150(Paired-End 150 bp)测序。

1.3 质量测序及 SNP 过滤

通过 Illumina HiSeq PE150 进行测序获得原始图像数据,利用 FastQC 工具对数据质量进行评估。使用 Trimmomatic v0.36 (Bolger et al.,2014),采用默认参数过滤原始序列中适配序列、切割位点(reads 的前 6 个碱基对)和低质量 reads ($Q20<20$,长度<36 bp),再使用 BWA v0.7.12 (Li & Durbin, 2009)将干净的 reads 映射到茶树(*Camellia sinensis*)参考基因组(版本 GCA_013676235.10, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)。使用 GATK v4.1.2.0 (McKenna et al., 2010)检测 SNP,参数为默认参数。使用 stacks 软件包中 cstacks

表 1　凹脉金花茶居群的地理位置和采样数量

Table 1　Geographical locations and sampling quantities of *Camellia impressinervis* populations

序号 No.	居群编号 Population code	采样地点 Sampling site	纬度 Latitude	经度 Longitude	海拔 Altitude (m)	居群大小 Population size	采样数量 Sampling quantity
1	CI-LW	下雷保护区板六村陇位 Longwei, Banliu Village, Xialei Nature Reserve	22°43′33″N	106°50′47″E	251	~150	15
2	CI-LH	下雷保护区板六村陇恒 Longheng, Banliu Village, Xialei Nature Reserve	22°43′48″N	106°49′57″E	245	~200	15
3	CI-LM	弄岗保护区三联站陇米督 Longmidu, Sanlian Station, Nonggang Nature Reserve	22°31′08″N	106°50′22″E	257	~50	16
4	CI-BN	弄岗保护区三联站卜那 Buna, Sanlian Station, Nonggang Nature Reserve	22°32′50″N	106°48′37″E	358	~15	10

程序进行过滤，从而得到高可信度的群体 SNP 分型结果。

1.4 遗传多样性数据分析

基于过滤后的高质量 SNP 数据，利用 Vcftools 计算 Tajima'D 值且对所有 SNP 位点进行了中性检验，基于所有位点，利用 Stacks v2.59（Rochette et al., 2019）的 populations 模块计算遗传多样性参数，包括期望杂合度（expected heterozygosity, H_e）、观测杂合度（observed heterozygosity, H_o）、核苷酸多样性（nucleotide diversity, P_i）和近交系数（inbreeding coefficient, F_{is}）。

1.5 遗传结构数据分析

基于邻接法（neighbor-joining, NJ）构建系统进化树。利用软件 fastSTRUCTURE（Raj et al., 2014）进行居群结构分析，利用 Admixture v1.3.0（Alexander et al., 2009）对所有个体进行贝叶斯聚类，聚类数 K 值设置为 1~9，根据最小的交叉验证误差（cross-validation error, CV error）确定最佳 K 值。使用 Plink v1.07（Chang et al., 2015）进行主成分分析（principal component analysis, PCA），并计算各成分的特征向量。基于筛选后的标记，使用 GCTA 软件进行亲缘关系分析，获得两两样本间的 G 矩阵。使用 VCFtools 计算 4 个居群之间的遗传分化系数（genetic differentiation coefficient, F_{st}），然后计算基因流强度（gene flow intensity, N_m）$=\frac{(1-F_{st})}{4\times F_{st}}$。将过滤后的 SNP 位点标记结果，使用 R 中'vegan'包对所有居群样本进行 Mantel 检验，使用 Spearman 方法计算相关系数，并进行置换以检验显著性，得到同源一致性（identity by descent, IBD），用于分析遗传距离与地理距离的相关性。

2　结果与分析

2.1 测序数据质控

2.1.1 测序数据统计　利用 Illumina NovaseqTM 测序平台对 56 份凹脉金花茶及 3 份淡黄金花茶外类群样本进行测序，结果显示高质量的 Clean reads 共有 1 117 487 878 条，单个样本总碱基数为 1.64×10^9 ~ 5.90×10^9 bp，测序 GC 含量分布范围为 41.70% ~ 45.67%；测序质量 Q20 和 Q30 的平均值分别为 98.74%和 95.35%，GC 含量低且 Q30 较高，所有样本比对效率≥90%，表明建库成功，样本测序质量较好，错误率低，符合质控要求，可用于后续分析。

2.1.2 测序数据统计与质量评估　通过 DNA 测序得到高可信度的 SNP 位点 4 241 912 个，使用缺失率（miss rate）≤0.5 和 MAF≥0.05 过滤［设定缺失率≤0.5，确保标记在居群中的完整性，计算最小等位基因频率（minimum allele frequency, MAF）≥0.05，去除低频变异位点，减少噪声干扰］，最终获得 4 014 956 个高可信度 SNP。

2.2 居群遗传多样性

凹脉金花茶遗传多样性计算结果（表 2）表明，4 个居群观测等位位点数（number of observed alleles, A_o）在 1.358 9 ~ 2.181 7 之间；有效等位位

点数(number of effective alleles, A_e)在 1.278 9~1.334 3 之间;香农多态性指数(I)变幅在 0.321 5~0.434 4 之间。观测杂合度(H_o)高低顺序依次为 CI-LM>CI-LW>CI-LH>CI-BN;期望杂合度(H_e)高低顺序依次为 CI-LH>CI-LW>CI-LM>CI-BN;居群核苷酸多样性(P_i)高低顺序依次为 CI-LH>CI-LW>CI-LM>CI-BN。CI-LH 的期望杂合度(H_e)和核苷酸多样性(P_i)的值最高,较高的 H_e 值和 P_i 值说明其表型可塑性更强,是适应环境变化的关键居群,需要重点保护。近交系数(F_{is})高低顺序依次为 CI-LH>CI-LW>CI-LM>CI-BN,其中前 3 个居群近交系数均为正值,认为居群中存在一定程度的近交,其中 CI-BN 的近交风险最低,CI-LH 的近交风险最高。

表 2 凹脉金花茶居群遗传多样性水平

Table 2 Genetic diversity level of *Camellia impressinervis* populations

居群 Population	观测等位位点数 Number of observed alleles (A_o)	有效等位位点数 Number of effective alleles (A_e)	香农多态性指数 Shannons' polymorphism index (I)	观测杂合度 Observed heterozygosity (H_o)	期望杂合度 Expected heterozygosity (H_e)	核苷酸多样性 Nucleotide diversity (P_i)	近交系数 Inbreeding coefficient (F_{is})
CI-LW	2.054 9	1.334 3	0.430 7	0.172 5	0.201 0	0.211 0	0.123 3
CI-LH	2.019 1	1.333 1	0.434 4	0.171 8	0.201 4	0.211 7	0.126 1
CI-LM	2.181 7	1.327 2	0.414 6	0.173 1	0.195 9	0.205 2	0.103 7
CI-BN	1.358 9	1.278 9	0.321 5	0.171 6	0.166 9	0.180 3	-0.023 0
CI-Mean	1.903 6	1.318 4	0.400 3	0.172 2	0.191 3	0.202 0	0.082 5

2.3 遗传分化系数和基因流强度

由表 3 可知,居群间的遗传分化系数(F_{st})为 0.052 0~0.178 4,均值为0.113 1,其中下雷陇恒(CI-LH)和弄岗陇米督(CI-LM)之间的 F_{st}(0.052 0)最低,下雷陇位(CI-LW)与弄岗卜那(CI-BN)之间的 F_{st}(0.178 4)最高。居群间的基因流强度(N_m)为 1.151 3~4.557 7,下雷陇恒(CI-LH)和弄岗陇米督(CI-LM)之间的最大,下雷陇位(CI-LW)和弄岗卜那(CI-BN)之间的 N_m 最小。为了解地理距离是不是影响居群之间遗传距离的主要因素,用 Mantel 检验做相关性分析,结果(图 1)显示地理距离与居群之间的遗传距离不存在显著相关性(r=-0.028 57, P=0.625)。

2.4 居群遗传结构

根据最小的交叉验证误差(CV error)确定最佳 K 值,结果(图 2:A)表明 56 份样品分成 4 个类群最佳。系统进化树和 fastSTRUCTURE 结构分析结果(图 2:B)表明,系统进化树以淡黄金花茶作为外类群时,56 份凹脉金花茶自然居群样本被分为 4 大类群。在 fastSTRUCTURE 结构分析中,当 K=4 时,弄岗陇米督(CI-LM)、弄岗卜那(CI-BN)、下雷陇位(CI-LW)、下雷陇恒(CI-LH)都各聚为一类。主成分分析(principal component analysis, PCA)结果与系统进化树和 fastSTRUCTURE 的分析结果一致,在 PCA 三维图中,下雷陇位(CI-LW)和下雷陇恒(CI-LH)的样品在 PC1 和 PC2 方向上存在轻微的重叠,可能与两地同属于下雷保护区,生境连通性较高有关(图 3:A)。根据亲缘关系分析结果(图 3:B)可知,下雷陇位(CI-LW)和下雷陇恒(CI-LH)的凹脉金花茶样品亲缘关系相近,而属于弄岗保护区的弄岗陇米督(CI-LM)与弄岗卜那(CI-BN)的凹脉金花茶样品亲缘关系较远。各类群组内样本的颜色深浅相似,说明组内样本间的亲缘关系相近。

3 讨论与结论

3.1 遗传多样性

遗传多样性是物种内的个体或居群之间存在的遗传变异量。它是遗传物质在遗传过程、突变、基因流动和遗传漂变过程中动态作用的结果(Salgotra & Chauhan, 2023),遗传多样性与物种适应环境的能力之间存在正相关关系,其水平越高,物种应对环境变化的能力及进化潜力通常越强(陈曦,2009;Pan et al., 2024)。本研究通过 GBS 技术分析发现,凹脉金花茶在物种水平上呈现中

表 3　居群间遗传分化系数与基因流强度

Table 3　Genetic differentiation coefficient and gene flow intensities among populations

居群 Population	CI-LW	CI-LH	CI-LM	CI-BN
CI-LW	—	2.458 6	1.521 8	1.151 3
CI-LH	0.092 3	—	4.557 7	1.611 5
CI-LM	0.141 1	0.052 0	—	1.972 2
CI-BN	0.178 4	0.134 3	0.112 5	—

注：— 表示未计算。下三角数据为居群间遗传分化系数（F_{st}）；上三角数值为居群间基因流强度（N_m）。

Note: — indicates not calculated. The values in the lower triangle represent the genetic differentiation coefficients (F_{st}) among populations; the values in the upper triangle represent the gene flow intensities (N_m) among populations.

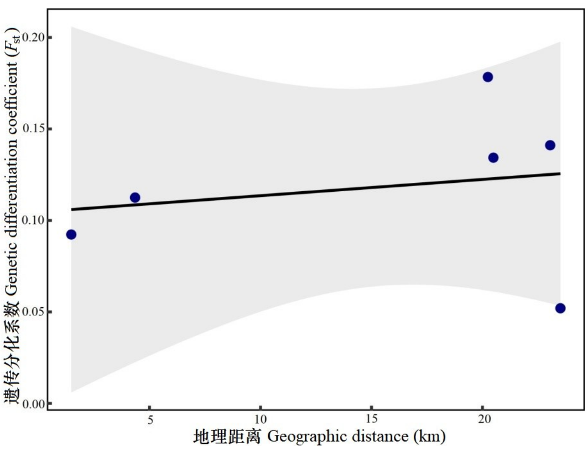
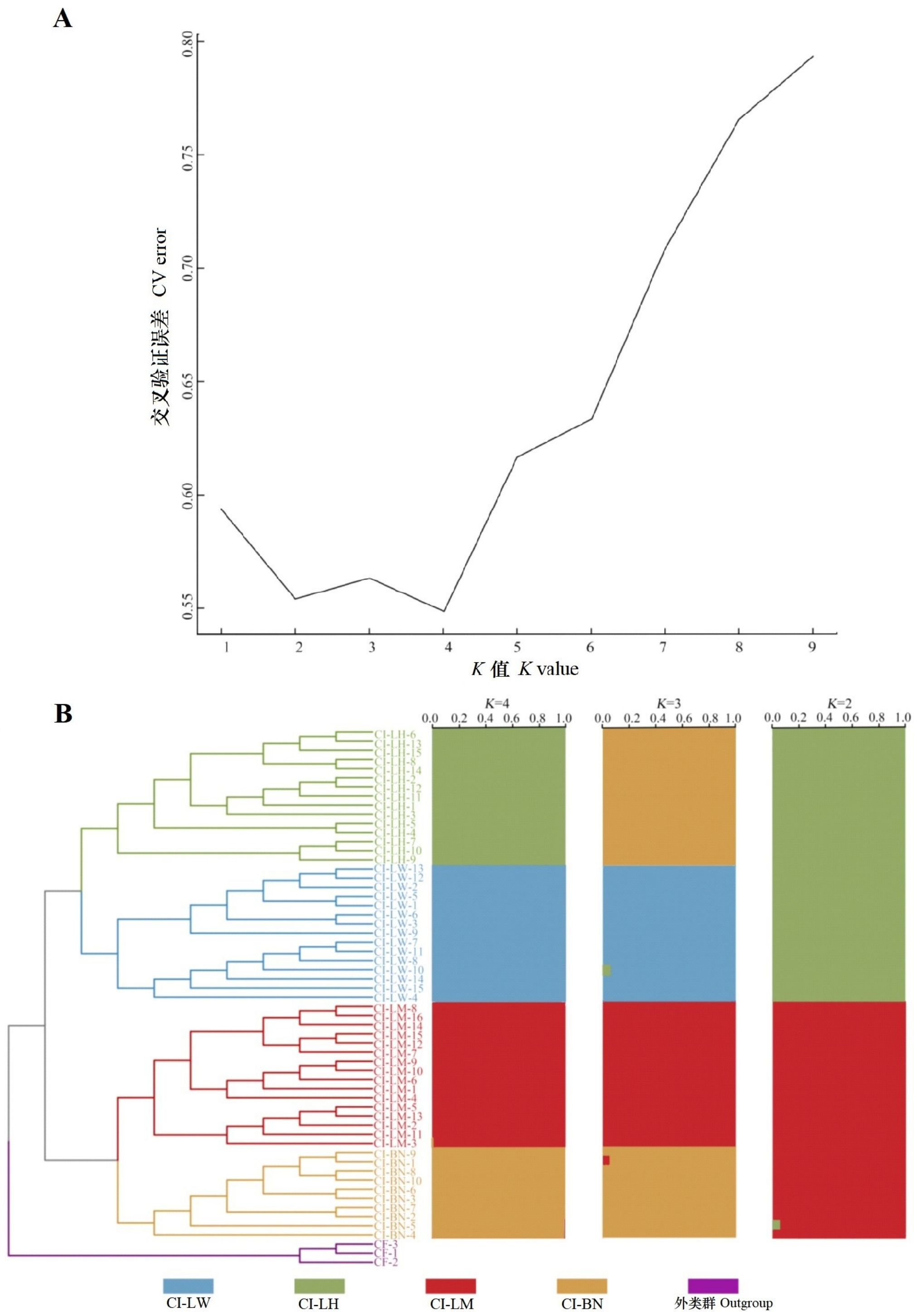


图 1　地理距离与遗传分化系数（F_{st}）的 Mantel 检验相关性分析图

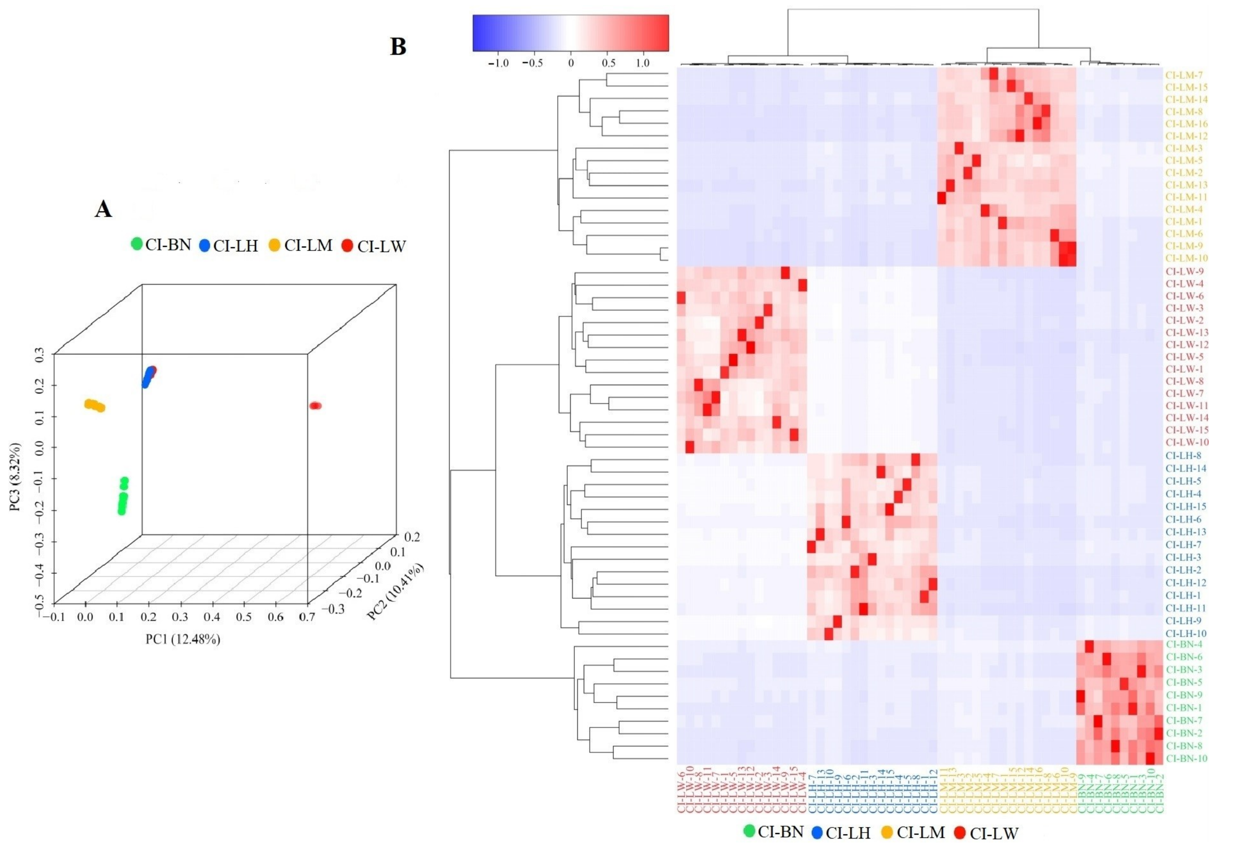
Fig. 1　Mantel test correlation analysis diagram of geographical distance and genetic differentiation coefficient (F_{st})

等遗传多样性（H_e = 0.191 3），这与赖彦池（2021）基于 SSR 标记获得的遗传多样性结果相近（H_e = 0.210）。凹脉金花茶的遗传多样性在金花茶组植物中，较淡黄金花茶（H_e = 0.575）（向盈盈等，2025）、柠檬金花茶（*Camellia indochinensis*：H_e = 0.693）（刘上丽，2020）、平果金花茶（*C. pingguoensis*：H_e = 0.557）（陈莉萍等，2020）、金花茶（*C. petelotii*：H_e = 0.546）（Li，2020）等低，却高于德保金花茶（*C. debaoensis*：H_e = 0.060 7）和富宁金花茶（*C. mingii*：H_e = 0.060 7）（石远婷，2022），略低于同属植物大理茶（*C. taliensis*：H_e = 0.217 0）（罗静，2021）、山茶（*C. japonica*：H_e = 0.239 0）（林立等，2013）、浙江红山茶（*C. chekiangoleosa*：H_e = 0.285 0）（袁月，2023）等的遗传多样性水平。一般而言，珍稀濒危且极小、孤立的植物居群往往具有较低的遗传多样性（李昂和葛颂，2002），然而本研究结果与该观点并不完全一致。事实上，已有研究证实部分濒危物种如东兴金花茶（Zhu et al.，2023）、毛瓣金花茶（柴胜丰等，2014）等仍能维持较高的遗传多样性，表明濒危状态与遗传多样性水平之间并非简单的对应关系。在本研究中，凹脉金花茶居群遗传多样性处于中等水平，可能与其独特的生物学特性及生境变化的时间尺度相关。凹脉金花茶所在群落郁闭度高，植株生长极其缓慢（吴儒华和何进生，2012），而生境破碎化和近十年的人为挖盗破坏引起的遗传侵蚀可能因世代周期长尚未完全显现。在居群水平上，4 个凹脉金花茶居群期望杂合度（H_e）（0.166 9～0.201 4）和观测杂合度（H_o）（0.171 6～0.173 1）呈现 CI-LH>CI-LW>CI-LM>CI-BN 的趋势，其中下雷陇恒（CI-LH）居群遗传多样性最高，弄岗卜那（CI-BN）最低。这一差异很可能与居群规模直接相关，根据调查发现，CI-LH 居群较大，个体数量超过 200 株，而 CI-BN 居群受到山体垮塌影响，仅残存 10 余株凹脉金花茶（含幼苗）。居群规模是遗传多样性的核心决定因素之一，Frankham（1995）指出，小群体因漂变导致杂合度下降的速率是大群体的数倍，CI-BN 居群可能经历了更强的等位基因随机丢失，导致 CI-BN 的 H_e 值（0.166 9）更低。凹脉金花茶的近交系数（F_{is} = −0.023 0～0.126 1）结果显示，CI-LH 居群的 F_{is} 值最大，近交风险最高。凹脉金花茶的居群扩散主要是通过种子的重力作用，相邻植株间具有较高的亲缘关系，因此 CI-LH 居群规模大，植株更为聚集，所以近交风险也更



A. 交叉验证误差值随 *K* 值的变化; B. 凹脉金花茶居群的进化树和 *K* =2、3、4 时凹脉金花茶居群的 fastSTRUCTURE 聚类。
A. Change in CV error value with the change of *K* value; B. Phylogenetic tree of *Camellia impressinervis* populations and fastSTRUCTURE clustering of *C. impressinervis* populations when *K*=2, 3, and 4.

图 2 交叉验证误差值随 *K* 值的变化(A)及进化树和基于 SNP 标记的凹脉金花茶群体 fastSTRUCTURE 结构(B)
Fig. 2 Variation of CV error value with *K* values (**A**) and phylogenetic tree and fastSTRUCTURE population structure of *Camellia impressinervis* populations based on SNP markers (**B**)



A. 基于 SNP 标记的凹脉金花茶居群主成分分析(PCA)图(PC1、PC2 和 PC3 分别解释 12.48%、10.41%和 8.32%的遗传变异);**B**. 基于 SNP 标记的凹脉金花茶群体关系热图及聚类分析。

A. Principal component analysis (PCA) plot of *Camellia impressinervis* populations based on SNP markers (PC1, PC2, and PC3 explain 12.48%, 10.41%, and 8.32% of the genetic variation, respectively); **B**. Relationship heat-map and cluster analysis of *Camellia impressinervis* populations based on SNP markers.

图 3　凹脉金花茶的 PCA 聚类图(A)和亲缘关系热图(B)

Fig. 3　PCA clustering plot (**A**) and genetic relationship heatmap (**B**) of *Camellia impressinervis*

大。CI-BN 居群的 F_{is} 为负值,说明 CI-BN 居群的近交风险低于其他居群,这可能与 CI-BN 居群规模小,植株分布零散有关。

3.2 遗传分化和居群遗传结构

生物群体的进化是群体在遗传结构上持续变化和演变的过程,居群遗传结构是一个物种最基本的特征之一(阙青敏,2019)。遗传结构不仅体现群体进化的历史,还在一定程度上反映了群体未来的进化潜能(高薇等,2023;付曼曼等,2023),其核心是遗传多样性在时空上的分布模式,包括居群内变异与居群间分化(Loveless & Hamrick, 1984)。居群间的遗传分化程度可以通过遗传分化系数(F_{st})的大小进行判断,F_{st} 值越大,说明亲缘关系越远,Wright(1965)根据不同的计值区间划分不同程度的遗传分化程度,即 $0.00 \leqslant F_{st} < 0.05$ 表明居群间的遗传分化程度很小;$0.05 \leqslant F_{st} < 0.15$ 表明居群间的遗传分化水平为中等程度;$0.15 \leqslant F_{st} < 0.25$ 表明居群间存在较大程度的遗传分化;F_{st} 在 0.25 以上,表明居群间存在很大程度的遗传分化。本研究结果表明,凹脉金花茶居群间的 F_{st} 除 CI-LW 与 CI-BN 之间(0.178 4)处于较大分化水平以外,其余均在 0.05~0.15 之间,整体呈现中等分化特征,这与德保金花茶(F_{st}=0.073 9~0.171 3)(石远婷,2022)、白花兜兰(*Paphiopedilum emersonii*)(F_{st} = 0.124 7)(秦惠珍等,2022)、坡垒(F_{st} = 0.106 5)、三棱栎(F_{st}=0.092 1)等濒危植物的研究结果相似。这种共性可能源于这些物种相似的生态与进化背景,作为狭域分布的濒危类群,它们

往往因生境破碎化导致当前基因流受限,但历史上可能存在连续的分布区或频繁的遗传交流,使得现存居群仍保留一定的基因流。凹脉金花茶居群间的基因流强度(N_m)在 1.151 3~4.557 7 之间,根据 Hamrick 等(1987)的研究结果可知,基因流水平(N_m>1)恰好能在一定程度上抵制遗传漂变对分化的加剧作用。此外,Mantel 检验显示地理距离与遗传距离无显著相关性,说明现存居群的基因流更多源于祖先居群的历史交流,居群间遗传分化受生境破碎而非地理距离驱动。主成分分析(PCA)与进化树和 fastSTRUCTURE 聚类结果一致,均将 56 份凹脉金花茶样本分成 4 个类群。PCA 分析结果显示前 3 个主成分累计贡献率达 31.21%,与极小种群物种独龙江空竹(*Cephalostachyum mannii*)(赵虎刚等,2023)(PC1=5.2%、PC2=4.6%、PC3=4.5%)相比,凹脉金花茶的前 3 个主成分累计贡献率较高且相对独立地聚集,空间分化明显。亲缘关系热图结果表明,凹脉金花茶的 4 个居群内的亲缘关系要高于居群间,与凹脉金花茶有限的传播能力与生境的破碎化限制了居群间的基因流有关。

3.3 保护建议

生境的破碎化和人为挖盗造成的严重破坏,长此以往必定会影响极小种群物种凹脉金花茶的遗传多样性和遗传结构,增加遗传漂变的风险。就地保护是保护濒危物种的有效措施(张序等,2021),现存凹脉金花茶野生资源基本上分布于保护区内,应对其实施精准监测和保护;CI-BN 居群个体数量少,对其进行人工辅助授粉等措施扩大其个体数量。迁地保护被广泛用于保护野生植物物种免于灭绝(Wei & Jiang, 2020),迁地收集时应从各原位居群中获取更多等位基因,以充分代表居群遗传多样性,以此缓冲遗传多样性减少的潜在瓶颈影响(Forgiarini et al., 2023),还需兼顾居群代表性,按居群规模比例采样,确保捕获足够的等位基因多样性,降低瓶颈效应的影响(孙卫邦,2025)。凹脉金花茶呈现中等水平遗传分化,每个居群应采集 10~20 株母树的种子及枝条,进行人工繁育,迁地保护于各植物园或研究机构。回归自然作为连接迁地与就地保护的桥梁,可进一步促进遗传资源的有效恢复(丁剑敏等,2018)。因此,可对 CI-BN 居群实施回归引种以达到其居群恢复和扩大的目的。这些策略考虑了凹脉金花茶的遗传多样性和居群结构,确保保留其进化潜力和适应能力。本研究通过 GBS 技术获得的 SNP 数据可靠,构建的进化树、群体 fastSTRUCTURE 图、主成分分析图及聚类图相互验证,不仅明确了凹脉金花茶具有中等遗传多样性和中等遗传分化的核心特征,还揭示了 4 个居群的遗传结构差异,为理解凹脉金花茶的亲缘关系和遗传规律提供了科学依据,也为制定针对性的保护与管理提供了参考。

参考文献:

ALEXANDER D H, NOVEMBRE J, LANGE K, 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals [J]. Genome Research, 19(9): 1655-1664.

BOLGER A M, LOHSE M, USADEL B, 2014. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data [J]. Bioinformatics, 30(15): 2114-2120.

CHAI S F, ZHUANG X Y, ZOU R, et al., 2014. Genetic diversity analysis of endangered plant *Camellia pubipetala* detected by ISSR [J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 34(1): 93-98. [柴胜丰, 庄雪影, 邹蓉, 等, 2014. 濒危植物毛瓣金花茶遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 西北植物学报, 34 (1): 93-98.]

CHANG C C, CHOW C C, TELLIER L C A M, et al., 2015. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets [J]. Gigascience, 4: 7.

CHEN L P, XIE B B, TANG S Q, 2020. Genetic diversity and genetic structure of *Camellia pingguoensis* based on SSR markers [J]. Molecular Plant Breeding, 18 (10): 3288-3293. [陈莉萍, 解兵斌, 唐绍清, 2020. 基于 SSR 标记的平果金花茶的遗传多样性和遗传结构分析 [J]. 分子植物育种, 18(10): 3288-3293.]

CHEN N, JIANG H D, PENG L H, et al., 2024. Comparison of photosynthetic characteristics and leaf microstructure of three species of sect. *Chrysantha* Chang [J/OL]. Molecular Plant Breeding: 1-17 [2025-05-30]. https://link.cnki.net/urlid/46.1068.s.20240812.1627.008. [陈妮, 江海都, 彭丽辉, 等, 2024. 3 种金花茶组植物光合特性及叶片显微结构的比较 [J/OL]. 分子植物育种: 1-17 [2025-05-30]. https://link. cnki. net/urlid/46. 1068. s. 20240812. 1627.008.]

CHEN X, 2009. A study on variation patterns and genetic diversity of *Malus hupehensis* populations abstract [D]. Nanjing: Nanjing Forestry University: 1-162. [陈曦, 2009. 湖北海棠(*Malus hupehensis*)不同居群变异式样及遗传多样性的研究 [D]. 南京: 南京林业大学: 1-162.]

CHEN Y K, ZHANG H L, ZHANG L, et al., 2022. Genetic diversity assessment of *Hopea hainanensis* in Hainan Island [J]. Frontiers in Plant Science, 13: 1075102.

CHEN Y, ZENG J J, LÜ Z L, et al., 2022. TrnL-F and ISSR primer-based molecular identification and genetic diversity determination on *Camellia impressinervis* and three closely related species [J]. Acta Agriculturae Fujianensis, 37 (10):

1298-1304.［陈莹，曾菁菁，吕祉龙，等，2022. 基于 TrnL-F 与 ISSR 的凹脉金花茶与 3 种近缘种的分子鉴别及其遗传多样性［J］. 福建农业学报，37（10）：1298-1304.］

CHENG J S，LI S Y，WAN W H，et al.，2020. Study on antioxidant activity of *Camellia chrysantha* granules［J］. Guangzhou Chemical Industry，48（14）：94-96.［程金生，李舒雅，万维宏，等，2020. 凹脉金花茶冲剂抗氧化活性研究［J］. 广州化工，48（14）：94-96.］

DING J M，ZHANG X D，LI G L，et al.，2018. Genetic considerations in recovery of endangered plants［J］. Journal of Plant Science，36（3）：452-458.［丁剑敏，张向东，李国梁，等，2018. 濒危植物居群恢复的遗传学考量［J］. 植物科学学报，36（3）：452-458.］

FORGIARINI C，PARZEFALL F，REISCH C，2023. The impact of *ex situ* cultivation on the genetic variation of endangered plant species — Implications for restoration［J］. Biological Conservation，284：110221.

FRANKHAM R，1995. Effective population size/adult population size ratios in wildlife：a review［J］. Genetical Research，66(2)：95-107.

FU M M，YE Q M，WU C，et al.，2023. Genetic structure analysis of *Chrysanthemum* germplasm from different sources based on GBS sequencing［J］. Molecular Plant Breeding，21（1）：67-79.［付曼曼，叶琪明，吴超，等，2023. 基于 GBS 测序的不同来源菊花种质遗传结构分析［J］. 分子植物育种，21(1)：67-79.］

GAO W，SHI Y C，XIONG Z C，et al.，2023. Genetic structure analysis of germplasm populations of *Ficus hirta* vahl woolly walnut based on GBS technology［J/OL］. Molecular Plant Breeding：1-15［2025-05-30］. https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20230615.1304.004.［高薇，史艳财，熊忠臣，等，2023. 基于 GBS 技术的五指毛桃种质群体遗传结构分析［J/OL］. 分子植物育种：1-15［2025-05-30］. https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20230615.1304.004.］

HAMRICK J L，1987. Gene flow and distribution of genetic variation in plant populations［J］. Differentiation Patterns in Higher Plants：63-67.

HUANG Z W，LI C N，HUANG C Y，et al.，2021. Study on whole-branch cutting propagation technology of *Camellia impressinervis*［J］. Bulletin of Agricultural Science and Technology(2)：143-146.［黄展文，李春牛，黄昌艳，等，2021. 凹脉金花茶整枝扦插繁育技术研究［J］. 农业科技通讯(2)：143-146.］

HU L，LE X G，ZHOU S S，et al.，2022. Conservation significance of the rare and endangered tree species，*Trigonobalanus doichangensis*（Fagaceae）［J］. Diversity，14(8)：666.

LAI Y C，2021. Conservation genetic of *Camellia impressinervis*［D］. Guilin：Guangxi Normal University：1-64.［赖彦池，2021. 凹脉金花茶的保护遗传学研究［D］. 桂林：广西师范大学：1-64.］

LI A，GE S，2002. Advances in plant conservation genetics［J］. Biodiversity Science，10(1)：61-71.［李昂，葛颂，2002. 植物保护遗传学研究进展［J］. 生物多样性，10(1)：61-71.］

LI H，DURBIN R，2009. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform［J］. Bioinformatics，25(14)：1754-1760.

LI X L，WANG J，FAN Z Q，et al.，2020. Genetic diversity in the endangered *Camellia nitidissima* assessed using transcriptome-based SSR markers［J］. Trees，34(2)：543-552.

LIANG S Y，1997. Golden Camellia — A rare ornamental plant in the world［J］. China Flower & Bonsai(3)：4-5，2.［梁盛业，1997. 金花茶—— 世界珍稀观赏植物［J］. 中国花卉盆景(3)：4-5，2.］

LIN L，HU Z Y，WANG G M，2013. Analysis on genetic diversity of *Camellia japonica* in Zhoushan Archipelago by ISSR markers［J］. Journal of Plant Genetic Resources，14（4）：594-599.［林立，胡仲义，王国明，等，2013. 舟山群岛野生山茶种群遗传多样性的 ISSR 分析［J］. 植物遗传资源学报，14（4）：594-599.］

LIU S L，2020. Studies on conservation genetics of *Camellia indochinenis*［D］. Guilin：Guangxi Normal University：1-52.［刘上丽，2020. 柠檬金花茶的保护遗传学研究［D］. 桂林：广西师范大学：1-52.］

LOVELESS M D，HAMRICK J L，1984. Ecological determinants of genetic structure in plant populations［J］. Annual Review of Ecology and Systematics，15(1)：65-95.

LUO J，2021. Genetic diversity and drought resistance analysis of wild tea tree（*Camellia sinensis*）germplasm resources in Guizhou［D］. Guiyang：Guizhou University：1-72.［罗静，2021. 贵州野生型茶树种质资源的遗传多样性和抗旱性分析［D］. 贵阳：贵州大学：1-72.］

MCKENNA A，HANNA M，BANKS E，et al.，2010. The genome analysis toolkit：a mapreduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data［J］. Genome Research，20：1297-1303.

National Forestry Administration，National Development and Reform Commission，2012. Comprehensive plan of rescuing and conserving China's wild plants with extremely small populations（2011—2015）［EB/OL］.［2012-04-18］. http://www.gov.cn/gzdt/2012-04/18/content_2116204.htm.［国家林业局 国家发展改革委，2012. 全国极小种群野生植物拯救保护工程规划（2011—2015）［EB/OL］.［2012-04-18］. http://www.gov.cn/gzdt/2012-04/18/content_2116204.htm.］

National Forestry and Grassland Administration，Ministry of Agriculture and Rural Affairs，2021. Announcement of National Forestry and Grassland Administration，Ministry of Agriculture and Rural Affairs（No. 15，2021）（List of National Key Protected Wild Plants）［EB/OL］.［2021-09-08］. https://www.forestry.gov.cn/c/www/lczc/10746.jhtml.［国家林业和草原局 农业农村部，2021. 国家林业和草原局 农业农村部公告(2021 年第 15 号)（国家重点保护野生植物名录）［EB/OL］.［2021-09-08］. https://www.forestry.gov.cn/c/www/lczc/10746.jhtml.］

PAN W，WANG H X，DU L，et al.，2025. Container cutting and seedling cultivation experiments with *Camellia impressinervis*［J］. Chinese Journal of Tropical Agriculture，45(4)：55-59.［潘文，王华新，杜铃，等，2025. 凹脉金花茶的容器扦插育苗试验［J］. 热带农业科学，45(4)：55-59.］

PAN X F，QIN H Z，JIANG H D，et al.，2024. Analysis of the genetic diversity and mating system of the endangered plant *Keteleeria davidiana* var. *calcarea* [J]. Forests, 15(5): 793.

QUE Q M, OUYANG K X, LI P, et al., 2019. Application of genome-wide association analysis (GWAS) in forest tree breeding [J]. Journal of Plant Physiology, 55 (11): 1555-1562. [阙青敏, 欧阳昆唏, 李培, 等, 2019. 全基因组关联分析(GWAS)在林木育种中的应用 [J]. 植物生理学报, 55(11): 1555-1562.]

QIN H N, YANG Y, DONG S Y, et al., 2017. Threatened species list of China's higher plants [J]. Biodiversity Science, 25(7): 696-744. [覃海宁, 杨永, 董仕勇, 等, 2017. 中国高等植物受威胁物种名录 [J]. 生物多样性, 25(7): 696-744.]

QIN H Z, PAN B, ZHAO J, et al., 2022. Genetic diversity analysis by ISSR of *Paphiopedilum emersonii*, a plant species with extremely small populations [J]. Guangxi Sciences, 29 (6): 1134-1140. [秦惠珍, 盘波, 赵健, 等, 2022. 极小种群野生植物白花兜兰 ISSR 遗传多样性分析 [J]. 广西科学, 29(6): 1134-1140.]

RAJ A, STEPHENS M, PRITCHARD J K, 2014. fastSTRUCTURE: variational inference of population structure in large SNP data sets [J]. Genetics, 197(2): 573-589.

ROCHETTE N C, RIVERA-COLÓN A G, CATCHEN J M, 2019. Stacks 2: Analytical methods for paired-end sequencing improve RADseq-based population genomics [J]. Molecular Ecology, 28: 4737-4754.

RYU J H, KIM W J, IM J H, et al., 2019. Single nucleotide polymorphism (SNP) discovery through genotyping-by-sequencing (GBS) and genetic characterization of *Dendrobium* mutants and cultivars [J]. Scientia Horticulturae, 244: 225-233.

SALGOTRA R K, CHAUHAN B S, 2023. Genetic diversity, conservation, and utilization of plant genetic resources [J]. Genes, 14(1): 174.

SHI Y T, 2022. Research on conservation genetic of *Camellia debaoensis* and *Camellia mingii* based on ddRAD-seq [D]. Guilin: Guangxi Normal University: 1-43. [石远婷, 2022. 基于简化基因组测序技术的德保金花茶和富宁金花茶的保护遗传学研究 [D]. 桂林: 广西师范大学: 1-43.]

SUN W B, 2025. Thoughts on *ex situ* conservation of plants in China [J]. Guihaia, 45 (3): 406-412. [孙卫邦, 2025. 关于我国植物迁地保护的思考 [J]. 广西植物, 45 (3): 406-412.]

WARISS H M, LIU T, ZHANG H, et al., 2025. Genetic diversity and population structure of the endangered medicinal plant *Ferula sinkiangensis* [J]. Global Ecology and Conservation, 58: e03437.

WANG Y P, LI H H, YANG Z J, et al., 2024. Genotyping-by-sequencing study of the genetic diversity and population structure of the endangered plant *Tsoongiodendron odorum* chun in China [J]. Forests, 15(6): 910.

WEN H Q, XU Z R, VILLA-LOBOS J, et al., 1993. Checklist of rare and endangered limestone plants in southern China [J]. Guihaia, 13(2): 110-127. [文和群, 许兆然, VILLA-LOBOS J, 等, 1993. 中国南部石灰岩稀有濒危植物名录 [J]. 广西植物, 13(2): 110-127.]

WEI X Z, JIANG M X, 2020. Meta-analysis of genetic representativeness of plant populations under *ex situ* conservation in contrast to wild source populations [J]. Conservation Biology, 35(1): 12-23.

WRIGHT S, 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating [J]. Evolution, 19(3): 395-420.

WU R H, HE J S, 2012. Endangered causes and protection strategies of *Camellia* section plants in Fangchenggang City [J]. Green Science and Technology(10): 73-74, 77. [吴儒华, 何进生, 2012. 防城港市金花茶组植物濒危原因及其保护对策 [J]. 绿色科技(10): 73-74, 77.]

XIANG Y Y, TANG S Q, LU Y B, 2025. Genetic diversity and genetic structure of *Camellia flavida* based on SSR markers [J]. Guihaia, 45(4): 654-666. [向盈盈, 唐绍清, 卢永彬, 2025. 基于 SSR 标记淡黄金花茶的遗传多样性和遗传结构研究 [J]. 广西植物, 45 (4): 654-666.]

XIONG S F, ZHAO Y X, CHEN Y C, et al., 2020. Genetic diversity and population structure of *Quercus fabri* hance in China revealed by genotyping-by-sequencing [J]. Ecology and Evolution, 10(16): 8949-8958.

YUAN Y, 2023. Fine scale genetic structures and gene flow of *Camellia chekiangoleosa* of Laohunao Nature Reserve in Jiangxi Province [D]. Nanchang: Nanchang University: 1-61. [袁月, 2023. 江西老虎脑自然保护区浙江红山茶小尺度遗传结构与基因流研究 [D]. 南昌: 南昌大学: 1-61.]

ZHAO H G, ZHANG R L, XIONG Y, et al., 2023. Genetic diversity of *Cephalostachyum mannii*: an endangered species with extremely small populations [J]. Chinese Wild Plant Resources, 42 (5): 112-120. [赵虎刚, 张如礼, 熊云, 等, 2023. 极小种群野生植物独龙江空竹遗传多样性研究 [J]. 中国野生植物资源, 42 (5): 112-120.]

ZHANG L, ZHANG H L, CHEN Y K, et al., 2024. Assessing genetic diversity in critically endangered *Chieniodendron hainanense* populations within fragmented habitats in Hainan [J]. Scientific Reports, 14: 6988.

ZHANG X, ZHANG X J, MA Y P, et al., 2021. Genetic diversity assessment of *Rhododendron sinofalconeri* with genotyping by sequencing(GBS) [J]. Bulletin of Botanical Research, 41 (3): 429-435. [张序, 张秀姣, 马永鹏, 等, 2021. 基于 GBS 简化基因组技术的宽杯杜鹃遗传多样性分析 [J]. 植物研究, 41 (3): 429-435.]

ZHOU X Y, RAO Y, XIA G H, et al., 2023. Genetic structure analysis of *Ardisia violacea* based on genotyping by sequencing (GBS) technology [J]. Journal of Plant Resources and Environment, 32(6): 11-21. [周鑫洋, 饶盈, 夏国华, 等, 2023. 基于基因分型测序(GBS)技术的堇叶紫金牛遗传结构分析 [J]. 植物资源与环境学报, 32(6): 11-21.]

ZHU X L, ZOU R, QIN H Z, et al., 2023. Genome-wide diversity evaluation and core germplasm extraction in *ex situ* conservation: A case of golden *Camellia tunghinensis* [J]. Evolutionary Applications, 16(9): 1519-1530.

(责任编辑 周翠鸣 王登惠)