广西植物 Guihaia Jan. 2026, 46(1): 65-74 http://www.guihaia-journal.com

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw202411024

王小国, 张晶, 齐天锋, 等, 2026. 秦岭蕙兰种群遗传结构与基因流研究 [J]. 广西植物, 46(1): 65-74.
WANG X G, ZHANG J, QI T F, et al., 2026. Population genetic structure and gene flow of *Cymbidium faberi* in the Qinling Mountains [J]. Guihaia, 46(1): 65-74.

秦岭蕙兰种群遗传结构与基因流研究

王小国[1,2], 张　晶[1,2], 齐天锋[1,2], 陈　玮[1,2], 梁红艳[1,2], 孔玉华[3*]

(1. 三门峡职业技术学院, 河南 三门峡 472000; 2. 河南科技大学 应用工程学院, 河南 三门峡 472000; 3. 河南农业大学 林学院, 郑州 450002)

摘　要: 蕙兰(*Cymbidium faberi*)属兰科兰属植物,野生蕙兰被列入联合国《濒危野生动植物种国际贸易公约》附录Ⅱ和中国珍稀濒危植物信息系统保护范围。秦岭是我国南北气候的地理分界线和重要的生态安全屏障。为了解秦岭野生蕙兰的遗传背景,该研究利用筛选出的2对叶绿体DNA引物*psb*A-*trn*H和*rpl*14-*rpl*36,对秦岭蕙兰15个种群271个个体进行序列扩增和测序,分析其遗传多样性,检测遗传结构并估算种群间基因流。结果表明:(1)秦岭蕙兰种群平均单倍型多样性为0.725,平均核苷酸多态性为3.1×10^{-3},具有较高遗传多样性水平。(2)分子方差分析(AMOVA)结果表明,秦岭蕙兰遗传变异主要发生在种群内(88.84%),种群间遗传变异仅占11.16%,种群间遗传分化水平较低($\Phi_{ST}=0.112$, $P<0.01$),没有形成明显谱系地理结构。(3)基因流估算结果显示,除3个种群存在不对称双向基因流(迁出的基因流较强,迁入的基因流较弱)以外,其余种群间基因流强度(N_m)均大于1,表明秦岭蕙兰种群间种子介导的基因交流频繁。综上认为,蕙兰种子长距离传播和扩散能力可能是该遗传结构形成的原因,建议就地保护时优先保护单倍型多样性较高的LSZ和NCZ种群。该研究可为该物种种质资源保护提供理论依据。

关键词: 蕙兰, 遗传多样性, 种群遗传结构, 基因流, 秦岭

中图分类号: Q948　　**文献标识码:** A　　**文章编号:** 1000-3142(2026)01-0065-10

Population genetic structure and gene flow of *Cymbidium faberi* in the Qinling Mountains

WANG Xiaoguo[1,2], ZHANG Jing[1,2], QI Tianfeng[1,2], CHEN Wei[1,2], LIANG Hongyan[1,2], KONG Yuhua[3*]

(1. *Sanmenxia Polytechnic*, Sanmenxia 472000, Henan, China; 2. *College of Applied Engineering*, *Henan University of Science and Technology*, Sanmenxia 472000, Henan, China; 3. *College of Forestry*, *Henan Agricultural University*, Zhengzhou 450002, China)

Abstract: *Cymbidium faberi* is a species of the genus *Cymbidium* in Orchidaceae. It is listed in Appendix Ⅱ of the *Convention on International Trade in Endangered Species* (CITES) and Information System of Chinese Rare and

收稿日期: 2025-04-15　**接受日期:** 2025-05-15

基金项目: 河南省重点研发与推广专项(科技攻关)项目(232102110061, 242102320326); 三门峡市软科学计划项目(2022003031, 2024L03030); 三门峡市科技攻关计划项目(2022002097); 三门峡市社科联项目(SSK-2024-230)。

第一作者: 王小国(1977—),硕士,主要从事群体遗传研究,(E-mail)wangxiaoguo@smxpt.edu.cn。

*通信作者: 孔玉华,博士,副教授,主要从事生态环境研究,(E-mail)kyh034@163.com。

Endangered Plants (ISCREP). The Qinling Mountains are a geographically north-south climate boundary and an important ecological barrier in China. To understand the genetic background of wild *C. faberi* in this region, 271 samples from 15 populations were subjected to sequence amplification and sequencing, and were analyzed to evaluate the genetic diversity, genetic structure and gene flow among populations based on *psb*A-*trn*H and *rpl*14-*rpl*36 intergenic spacers of chloroplast DNA. The results were as follows: (1) The mean haplotype diversity was 0.725 and nucleotide diversity was 3.1×10^{-3}, indicating a high level of genetic diversity. (2) The results of analysis of molecular variance (AMOVA) revealed that as much as 88.84% of molecular variance was distributed within populations, only small percentage of the total genetic variation was attributed to genetic differences among populations (11.16%), and the level of genetic differentiation was low (Φ_{ST} = 0.112, P<0.01), and no obvious phylogeography structure was formed. (3) Estimation results of gene flow indicated that unidirectional gene flow moving from these populations to other populations was stronger than that from other populations. However, gene flow intensity (N_m) was superior to 1.0 in most cases, suggesting the presence of frequent seed-mediated gene flow between populations. In conclusion, long-distance dispersal and spread capabilities of *C. faberi* seeds may result in the lack of population genetic structure. It is recommend that LSZ and NCZ populations should be given priority for *in-situ* conservation because these two populations have much higher haplotype diversity. This study provides a theoretical basis for the conservation of germplasm resources of this species.

Key words: *Cymbidium faberi*, genetic diversity, population genetic structure, gene flow, Qinling Mountains

秦岭山脉是南北气候的地理分界线和重要的生态安全屏障,具有调节气候、保持水土、涵养水源等诸多功能,其复杂的地形特征与多样化的生境为众多珍稀物种提供了独特的生存环境,是全球生物多样性最为丰富的地区之一。Yuan 等(2012)利用 14 对微卫星分子标记,研究了秦岭牡丹种群遗传结构,结果表明秦岭牡丹种群间存在有限的基因流,遗传分化程度较高(F_{ST} = 0.302),这可能是因其受到生境片段化和人为干扰的影响。Zhao 等(2013)对秦岭和长白山柴胡的研究表明,柴胡种群间存在显著遗传分化,其可能原因为第四纪冰期气候变化。Liu 等(2014)对秦岭桃儿七的研究也表明,63.27%的遗传变异存在于种群间,种群间基因流有限(N_m = 0.358),种子的短距离传播可能限制了基因流。Wang 等(2018)对秦岭中华猕猴桃的研究则表明,有 25.97%的遗传变异发生在种群间,74.03%的遗传变异发生在种群内,部分种群间存在高水平基因流。由此可见,物种扩散机制、地形隔离、历史气候变化以及人类活动等因素对秦岭种群遗传格局具有重要影响。

蕙兰(*Cymbidium faberi*)又名九子兰,属兰科(Orchidaceae)兰属(*Cymbidium*)植物,野生蕙兰已被列入联合国《濒危野生动植物种国际贸易公约》附录Ⅱ和中国珍稀濒危植物信息系统保护范围。蕙兰产中国陕西南部、安徽、浙江、江西、河南南部、四川、云南、贵州等地,尼泊尔、印度北部也有分布(中国科学院中国植物志编辑委员会,1999)。目前,学者对蕙兰开展的研究主要集中在花的挥发性成分和形态多样性、光合特性、染色体核型、微卫星分子标记群体遗传和根际土壤微生物多样性等方面(陈君梅等,2016,2017;Song & Zhang, 2018;费昭雪等,2020;Liang et al., 2021;Lv et al., 2023)。此外,也有研究者对江西蕙兰的群体遗传结构进行了研究。例如,汤秀菲(2012)采用 ISSR 分子标记,对江西省野生蕙兰进行群体遗传分析,发现蕙兰种群间遗传分化水平较高,基因流为 0.936;龚黄莎(2013)对江西省野生蕙兰种群 ITS 和叶绿体 DNA 基因间隔区进行了分析,ITS 序列分子方差分析结果表明,种群间的遗传变异为 18.22%,种群内的遗传变异为 67.87%,叶绿体 DNA 分析结果表明,种群间遗传变异占 50.03%;谢慧敏(2020)对江西主要山脉的 3 种兰属植物蕙兰、建兰和寒兰景观遗传学进行研究,*pet*B-*pet*D 序列分析结果表明,蕙兰 17 个种群共 168 个个体,共有 11 种单倍型,部分种群之间通过山脉形成的自然生态廊道进行遗传交流。

植物基因流包括花粉介导的基因流和种子介导的基因流,仅种子介导的基因流能够建立新的种群。叶绿体 DNA(chloroplast DNA, cpDNA)结构简单、分子量小,在大多数被子植物中是母系遗传(吴诗琪等,2023),被广泛应用于植物谱系地理学和种群间种子介导的基因流研究中。例如,Fay

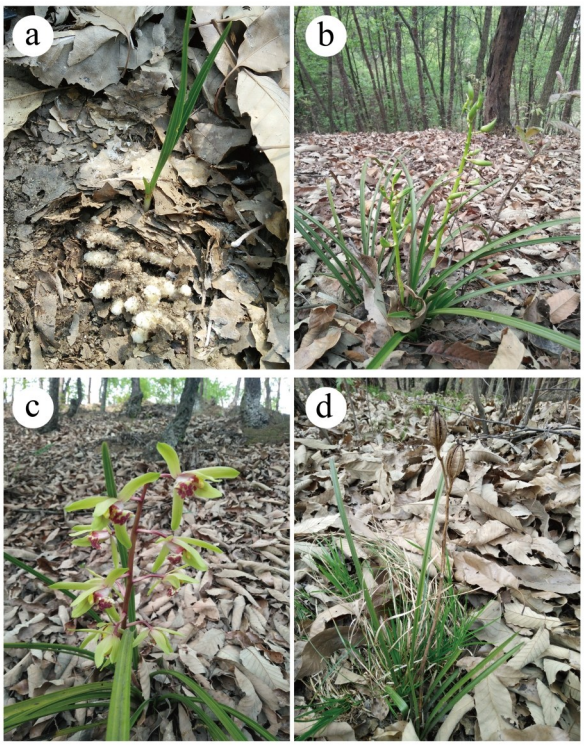
等(2009)对杓兰开展了遗传学研究,认为 cpDNA 非编码区 *rps*16 和 *acc*D-*psa*I 可作为研究种子基因流的分子标记;Jermakowicz 等(2015)基于 cpDNA 片段 *trn*L、*rps*16、*trn*L-*trn*F 和 *acc*D-*psa*I 对欧亚沼兰种群开展研究,发现单倍型 H1 在大部分欧洲种群中均存在,即没有形成明显的谱系地理结构;Pérez-Escobar 等(2017)利用内转录间隔区 ITS、*ycf*1 和 *trn*S-*trn*G 序列,对兰科植物 *Cycnoches* 进行了遗传学研究,发现安第斯山脉不会成为该兰科植物种子传播的障碍。

秦岭是野生蕙兰分布的最北端,秦岭蕙兰叶形优美、花香浓郁、花大且瓣型独特,受到人们的喜爱。近年来由于过度采挖、生境破碎化和气候变化等因素,野生蕙兰种群的分布范围和个体数量显著缩减,其遗传多样性维持与种群续存面临严峻挑战。在此背景下,做好野生蕙兰资源收集和遗传背景分析工作,对制定科学保护策略具有重要理论和实践意义。尽管近年来学者对兰科植物的研究不断深入,在群体遗传学方面取得显著进展,但是针对秦岭蕙兰的遗传多样性现状、遗传结构和种群间种子介导的基因流研究仍较为匮乏。本研究以秦岭野生蕙兰 15 个种群 271 个个体为研究对象,通过 cpDNA 中 *psb*A-*trn*H 和 *rpl*14-*rpl*36 的测序分析,旨在探究秦岭蕙兰种群的遗传结构及其可能影响因素,为秦岭蕙兰的就地保护提供科学依据。

1　材料与方法

1.1 材料

采集秦岭蕙兰 15 个种群 271 个样本的叶片。采集样本时,每个种群采集 15~21 个样本,每个个体采集 2~3 个幼嫩叶片,硅胶干燥后室温保存,用于基因组总 DNA 提取。部分种群蕙兰的形态特征如图 1 所示。在 15 个种群中,河南崔庄种群(NCZ)和陕西西乡种群(SXX)地理距离最远(463 km)。NCZ 种群位于秦岭东麓坡地,该区年平均气温为 14.8 ℃,年降水量 800~1 000 mm,植被类型为落叶阔叶林,林冠层透光率较好,乔灌木有栓皮栎(*Quercus variabilis*)、黄栌(*Cotinus coggygria*)和大花溲疏(*Deutzia grandiflora*)等;SXX 种群位于秦岭腹地村庄附近;河南淅川种群(NXC)伴生种有栓皮栎、有柄石韦(*Pyrrosia petiolosa*)和蕨类植物,土壤腐殖质丰富;河南薛家沟种群(LXG)伴生有杜鹃(*Rhododendron simsii*);河南狮子坪乡种群(LSZ)位于海拔 1 261 m 的坡地。



a. 河南崔庄(NCZ)种群蕙兰幼苗; **b**. 河南淅川(NXC)种群蕙兰花序; **c**. 陕西丹凤种群(SDF)花形态特征; **d**. NCZ 种群蕙兰蒴果。

a. Seedling of *Cymbidium faberi* in Cuizhuang, Henan (NCZ) population; **b**. Peduncles of *C. faberi* in Xichuan, Henan (NXC) population; **c**. Flowers of *C. faberi* in Danfeng, Shaanxi (SDF) population; **d**. Capsules containing seeds of *C. faberi* in NCZ population.

图 1　秦岭蕙兰形态特征

Fig. 1　Morphological characteristics of *Cymbidium faberi* in the Qinling Mountains

1.2 仪器与试剂

制冰机(SIM-F140 型)、超纯水机(AKJY-20 型)、PCR 仪(德国 Biometra)、涡旋混匀仪(XK96-B 型)、高压灭菌锅(SANYO MLS-3750 型)、高速冷冻离心机(HITACHI CF16RX Ⅱ型)、凝胶成像分析系统(Alpha Innotech)、植物基因组 DNA 提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]等。

1.3 基因组总 DNA 提取和序列扩增

使用天根试剂盒提取蕙兰基因组总 DNA。利用筛选出的 *psb*A-*trn*H (F: GTTATGCATGAACGTAATGCTC, R: CGCGCATGGTGGATTCACAAATC)

(Sang et al., 1997)和 *rpl*14-*rpl*36 (F: AAGGAAATCCAAAAGGAACTCG,R: GGRTTGGAACAAATTACTATAATTCG) (Shaw et al., 2007)两对叶绿体 DNA 引物,对所有蕙兰样本进行 PCR 扩增,PCR 反应总体系 20 μL,10×buffer 2 μL,dNTPmix 0.2 mmol·L^{-1},Taq 酶 0.5 U,上、下游引物均为 0.2 μmol·L^{-1},DNA 模板 50~100 ng。扩增程序:94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 35 s,56 ℃退火 45 s,72 ℃延伸 90 s,35 个循环;72 ℃延伸 10 min,4 ℃保存。扩增产物送北京六合华大基因科技有限公司进行测序。

1.4 序列分析

根据测序峰图对序列进行人工校正,拼接后在 ClustalX2.1 软件(Thompson et al., 1997)中进行序列比对;由于插入缺失位点(insertion/deletion sites, InDels)也包含有遗传信息,因此使用 SeqState 软件(Müller, 2005)中“simple indel-coding”方法(Simmons & Ochoterena, 2000)对其进行编码;利用 DnaSP 5.10 软件(Rozas & Rozas, 1995)统计单倍型多样性(haplotype diversity,H_d)和核苷酸多态性(nucleotide diversity, π);利用 Network 软件构建单倍型网络图(Bandelt et al., 1999);在 ArcGIS 中绘制单倍型地理分布图;从 NCBI 网站(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)下载兰科兰属植物墨兰(*Cymbidium sinense*)叶绿体全基因组序列(ON969301.1),以墨兰作为外类群,利用 MEGA 7.0 软件中“Kimura's two-parameter model”计算种群间遗传距离并构建邻接树(Kumar et al., 2016),1 000 次重复;用 Arlequin 3.5.2 软件(Excoffier & Lischer, 2010)对 DNA 序列进行分子方差分析(analysis of molecular variance, AMOVA);利用 Migrate 5.0.4 软件(Beerli, 2006)估算种群间基因流强度(gene flow intensity,N_m),其中遗传参数的估计采用 Bayesian 方法,步长设置为10 000,burn-in 设置为 1 000。基因流强度为 $xN_m=M\times\theta$,其中 M 为迁移率估计值,θ 表示有效种群大小,单倍型 $x=1$。

2 结果与分析

2.1 单倍型多态性

叶绿体 DNA *psb*A-*trn*H 和 *rpl*14-*rpl*36 序列拼接后总长 1 344 bp,共检出 29 个 InDels, 49 种单倍型,将序列提交至 NCBI 网站,获得 GenBank 登录号为 PQ199406-PQ199503,如表 1 所示。

15 个种群单倍型多样性(H_d)范围为 0.324~0.924,均值为 0.725(表 2)。其中,LSZ 和 NCZ 种群的 H_d 最高(0.924),SXX 种群的 H_d 最低(0.324)。15 个种群的核苷酸多态性(π)范围为 1.3×10^{-3}(SDF)~5.6×10^{-3}(LSZ)。总体而言,秦岭蕙兰具有较高的单倍型多样性。

利用 DnaSP 5.10 软件分析得到的 49 种单倍型中,27 种单倍型是单个蕙兰种群特有单倍型,22 种单倍型分布在 2 个或多个种群中。其中,单倍型 H2 出现频率最高,在 13 个种群中均有分布,包括 SYX 和 LSX(2 个种群地理距离为 434 km)。单倍型 H10 在 11 个种群中均有分布,H7 在 10 个种群中均有分布(图 2)。

2.2 分子方差分析结果

以墨兰作为外类群,利用 MEGA 软件构建秦岭野生蕙兰 15 个种群的邻接树。由图 2:c 可知,秦岭野生蕙兰大部分种群聚为一类。分子方差分析(AMOVA)结果表明,88.84%的遗传变异发生在蕙兰种群内,种群间的遗传变异仅占 11.16%($P<0.01$)(表 3),表明秦岭蕙兰种群间遗传分化水平较低,没有形成明显的谱系地理结构。

2.3 基因流

由 Migrate 软件估算结果(表 4)可知,除 SFS、SXX 和 SZA 种群存在不对称双向基因流(迁出的基因流较强,迁入的基因流较弱)以外,蕙兰大部分种群间的双向基因流强度(N_m)均大于 1,表明秦岭蕙兰种群间种子介导的基因交流频繁,种子在蕙兰物种扩散中起着重要作用。

3 讨论与结论

3.1 遗传多样性

生物多样性保护是生态系统保护的重要组成部分,了解遗传变异信息是制定遗传多样性保护策略的前提。通过对秦岭蕙兰 15 个种群 271 个个体的 2 个 cpDNA 序列分析,结果显示秦岭蕙兰种群平均单倍型多样性为 0.725,平均核苷酸多态性 π 为 3.1×10^{-3},高于兰科植物 *Epidendrum fulgens*(H_d: 0~0.508)(Pinheiro et al., 2011)、*Vexillabium yakushimense*(π: 1.30×10^{-3})(Saeki et al., 2014)、*Malaxis monophyllos*(H_d: 0.702; π: 1.96×10^{-3})(Jermakowicz et al., 2015)、*Liparis*

表 1　49 种单倍型 GenBank 登录号

Table 1　GenBank accession number of 49 haplotypes

叶绿体 DNA Chloroplast DNA	单倍型 Haplotype	GenBank 登录号 GenBank accession number	单倍型 Haplotype	GenBank 登录号 GenBank accession number	单倍型 Haplotype	GenBank 登录号 GenBank accession number	单倍型 Haplotype	GenBank 登录号 GenBank accession number
*psb*A-*trn*H	H1	PQ199406	H14	PQ199419	H27	PQ199432	H40	PQ199445
	H2	PQ199407	H15	PQ199420	H28	PQ199433	H41	PQ199446
	H3	PQ199408	H16	PQ199421	H29	PQ199434	H42	PQ199447
	H4	PQ199409	H17	PQ199422	H30	PQ199435	H43	PQ199448
	H5	PQ199410	H18	PQ199423	H31	PQ199436	H44	PQ199449
	H6	PQ199411	H19	PQ199424	H32	PQ199437	H45	PQ199450
	H7	PQ199412	H20	PQ199425	H33	PQ199438	H46	PQ199451
	H8	PQ199413	H21	PQ199426	H34	PQ199439	H47	PQ199452
	H9	PQ199414	H22	PQ199427	H35	PQ199440	H48	PQ199453
	H10	PQ199415	H23	PQ199428	H36	PQ199441	H49	PQ199454
	H11	PQ199416	H24	PQ199429	H37	PQ199442	—	—
	H12	PQ199417	H25	PQ199430	H38	PQ199443	—	—
	H13	PQ199418	H26	PQ199431	H39	PQ199444	—	—
*rpl*14-*rpl*36	H1	PQ199455	H14	PQ199468	H27	PQ199481	H40	PQ199494
	H2	PQ199456	H15	PQ199469	H28	PQ199482	H41	PQ199495
	H3	PQ199457	H16	PQ199470	H29	PQ199483	H42	PQ199496
	H4	PQ199458	H17	PQ199471	H30	PQ199484	H43	PQ199497
	H5	PQ199459	H18	PQ199472	H31	PQ199485	H44	PQ199498
	H6	PQ199460	H19	PQ199473	H32	PQ199486	H45	PQ199499
	H7	PQ199461	H20	PQ199474	H33	PQ199487	H46	PQ199500
	H8	PQ199462	H21	PQ199475	H34	PQ199488	H47	PQ199501
	H9	PQ199463	H22	PQ199476	H35	PQ199489	H48	PQ199502
	H10	PQ199464	H23	PQ199477	H36	PQ199490	H49	PQ199503
	H11	PQ199465	H24	PQ199478	H37	PQ199491	—	—
	H12	PQ199466	H25	PQ199479	H38	PQ199492	—	—
	H13	PQ199467	H26	PQ199480	H39	PQ199493	—	—

loeselii（H_T = 0.356）（Wiland-Szymańska et al., 2016）、*E. atrorubens*（H_d：0.292～0.686；π：0.50 × 10^{-3}～1.50 × 10^{-3}）（Hens et al., 2017）、*Cypripedium calceolus*（H_d：0～0.689）（Minasiewicz et al., 2018）和 *Pelatantheria scolopendrifolia*（π：1.88 × 10^{-3}）（Yun et al., 2020），但略低于 *Phalaenopsis amabilis*（H_d=0.758）（Tsai et al., 2015）。

由此可见，秦岭蕙兰种群保持有较高的单倍型多样性水平。一方面，推测与秦岭作为第四纪冰期避难所（Qiu et al., 2011），其生境异质性和连续的山地森林可能为蕙兰提供了长期稳定的进化环境，使其形成一定的种群规模有关。另一方面，植物叶绿体基因组大小为 148～163 kb（刘浩宇等，2023），叶绿体平均同义核苷酸替代率每年每位点为 1.0×10^{-9}～3.0×10^{-9}，高于线粒体同义核苷酸替代率（0.2×10^{-9}～1.0×10^{-9}）（Wolfe et al., 1987），叶绿体平均同义核苷酸替代率约为线粒体的 3 倍（Drouin et al., 2008），并且叶绿体基因组

表 2 蕙兰种群单倍型多态性

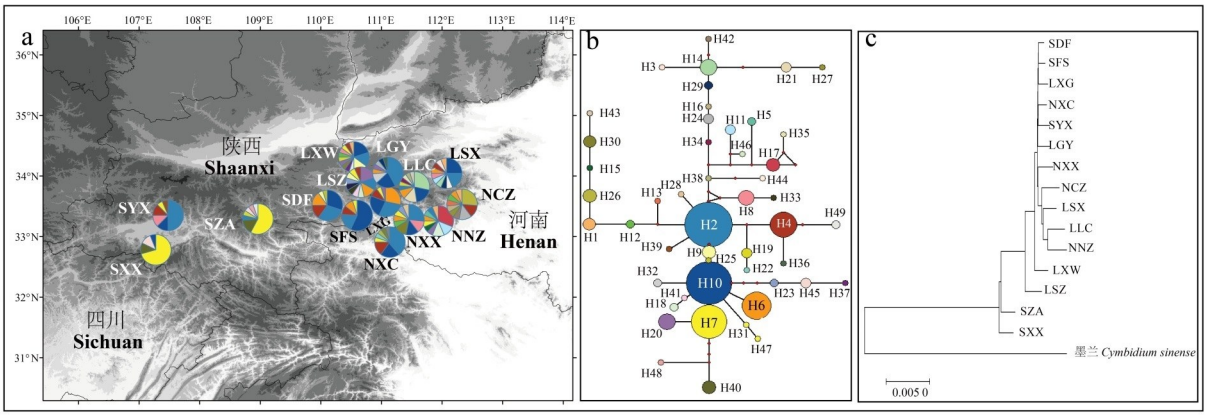
Table 2 Haplotype diversity for *Cymbidium faberi* populations

序号 No.	种群 Population	采集地 Collecting location	经纬度 Longitude and latitude	海拔 Altitude (m)	单倍型(个体数) Haplotype (No. of individuals)	单倍型多样性 Haplotype diversity (H_d)	核苷酸多态性 π ($\times10^{-3}$)
1	LGY	河南古墓窑 Gumuyao, Henan	110°58′44.84″E, 33°47′48.11″N	756	H2(8)、H6(1)、H10(4)、H20(1)、H24(1)、H29(1)、H32(2)、H36(1)	0.795	3.1
2	LLC	河南栾川 Luanchuan, Henan	111°49′34.37″E, 33°49′41.50″N	878	H2(1)、H6(2)、H10(4)、H14(6)、H19(1)、H21(3)、H34(1)、H35(1)、H38(1)、H43(1)	0.867	3.6
3	LSX	河南嵩县 Songxian, Henan	112°07′02.72″E, 34°04′35.18″N	500	H1(1)、H2(3)、H3(1)、H4(1)、H6(1)、H8(1)、H10(4)、H11(1)、H14(1)、H29(1)、H44(1)	0.842	3.3
4	LSZ	河南狮子坪乡 Shiziping, Henan	110°53′21.00″E, 33°47′39.40″N	1 261	H2(2)、H4(1)、H6(2)、H7(1)、H9(1)、H20(3)、H23(1)、H31(1)、H33(1)、H41(1)、H46(1)	0.924	5.6
5	LXG	河南薛家沟 Xuejiagou, Henan	111°02′43.76″E, 33°37′13.07″N	696	H2(6)、H4(2)、H6(6)、H7(1)、H10(5)、H20(1)	0.748	2.2
6	LXW	河南徐家湾 Xujiawan, Henan	110°48′45.75″E, 33°57′45.69″N	892	H1(1)、H2(3)、H4(1)、H7(1)、H8(1)、H9(3)、H10(4)、H12(1)、H19(1)、H20(1)、H30(1)、H37(1)、H49(1)	0.895	3.4
7	NCZ	河南崔庄 Cuizhuang, Henan	112°29′13.98″E, 33°35′02.24″N	226	H1(1)、H4(2)、H6(1)、H12(1)、H13(1)、H16(1)、H24(2)、H26(4)、H27(1)、H42(1)	0.924	4.7
8	NNZ	河南南召 Nanzhao, Henan	112°13′10.84″E, 33°31′43.74″N	220	H1(1)、H2(1)、H5(1)、H6(1)、H7(1)、H11(2)、H15(1)、H17(5)、H18(2)、H20(1)	0.758	5.3
9	NXC	河南淅川 Xichuan, Henan	111°24′07.45″E, 33°14′11.60″N	298	H2(8)、H4(3)、H7(1)、H10(4)、H22(1)、H26(1)、H30(1)、H47(1)	0.679	1.4
10	NXX	河南西峡 Xixia, Henan	111°31′15.54″E, 33°25′48.30″N	363	H2(4)、H5(1)、H6(1)、H7(1)、H8(2)、H10(2)、H23(1)、H28(1)、H30(2)	0.762	3.6
11	SDF	陕西丹凤 Danfeng, Shaanxi	110°29′09.11″E, 33°38′17.52″N	701	H2(6)、H4(3)、H6(3)、H9(1)、H10(6)、H25(1)	0.716	1.3
12	SFS	陕西富水 Fushui, Shaanxi	111°01′05.18″E, 33°29′05.93″N	560	H2(4)、H4(2)、H6(2)、H7(1)、H10(12)	0.610	1.4
13	SXX	陕西西乡 Xixia, Shaanxi	107°41′14.50″E, 32°59′11.00″N	510	H7(12)、H10(1)、H40(2)、H45(2)	0.324	1.8
14	SYX	陕西洋县 Yangxian, Shaanxi	107°50′37.32″E, 33°16′37.18″N	479	H2(8)、H4(2)、H7(1)、H8(2)、H10(2)、H39(1)	0.442	2.5
15	SZA	陕西镇安 Zhen'an, Shaanxi	109°08′24.79″E, 33°11′10.55″N	921	H2(1)、H7(11)、H19(1)、H40(3)、H45(1)、H48(1)、H49(1)	0.596	3.6
总体/平均值 Total/Mean	—	—	—	—	49 (271)	0.725	3.1

非编码区序列因其功能上的限制较少,缺乏选择压力,往往比编码区表现出更快的核苷酸变异速率(Gielly & Taberlet,1994),这些因素导致蕙兰种群具有较高的单倍型多样性。值得注意的是,人类活动导致的生境破碎化会对蕙兰种群遗传多样性造成影响,如 SXX 种群 H_d 仅为 0.324。

3.2 遗传结构和基因流

种群遗传结构受历史气候、生境和种子特性等多种因素的影响。本研究发现,秦岭没有形成蕙兰种群基因交流的屏障,种群间种子介导的基因交流频繁,大部分种群间的双向基因流强度(N_m)均大于 1,这可能与兰科植物种子结构特性



a. 单倍型地理分布；**b**. 单倍型网络图；**c**. 种群邻接树。不同颜色代表不同单倍型，圆圈大小代表各单倍型频率。

a. Haplotype geographical distribution; **b**. Haplotype network diagram; **c**. Neighbor-joining (NJ) tree of population. Haplotypes are represented in different colors, and the area of circles in the network corresponds to the frequency of each haplotype.

图 2　秦岭蕙兰单倍型地理分布

Fig. 2　Haplotype geographical distribution of *Cymbidium faberi* in the Qinling Mountains

表 3　蕙兰种群分子方差分析

Table 3　Analysis of molecular variance (AMOVA) of *Cymbidium faberi* populations

变异来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom	变异占比 Percentage of variation (%)	固定系数 Fixation index (Φ_{ST})	*P* 值 *P* value
种群间 Between populations	14	11.16	0.112	<0.01
种群内 Within populations	256	88.84		

有关。大部分兰科植物种子细小如粉末，根据 Arditti 和 Ghani(2000)的研究可知，兰科植物每个蒴果能产生大约 150 万粒种子，每粒种子的平均长度为(0.94 ± 0.33) mm，平均宽度为(0.22 ± 0.08) mm，每粒种子的平均重量仅为(3.2 ± 1.63) μg。兰科植物的种子不仅细小，而且有些兰科植物种子中的气腔占到种子总体积的 79.26%以上，这些特征使得兰科植物种子能够随风或水等媒介进行长距离传播和扩散，秦岭地区频繁的谷地环流与山脊强风可以为蕙兰种子扩散提供载体。

本研究结果与 Phillips 等(2012)、Vanden Broeck 等(2014)和 Hedrén 等(2018)的研究结果一致，但显著不同于依赖专一性传粉或菌根共生导致扩散受限的物种，如 *Cypripedium japonicum* 的 Φ_{ST}在 0.3 以上(Li et al., 2016)。此外，帖聪晓等(2023)以江西省 5 个山脉和福建省 1 个山脉共 17 个蕙兰种群为材料，利用 ISSR 分子标记对其进行群体遗传结构分析，发现各山脉蕙兰种群基因流大于 1，而总体基因流强度(N_m)较低，为0.936 6。蕙兰传粉者中华蜜蜂(*Apis cerana*)有限的飞行能力及江西省年均高降水量对传粉者活动的影响(He et al., 2013; 杨静秋，2017；杨美华，2023)，可能会导致这些山脉蕙兰种群总基因流水平较低。该研究与本文研究结果有明显差异，这可能与所采用的分子标记类型不同以及气候对传粉者传粉能力的影响有关。

此外，本研究还发现，位于秦岭腹地的 SXX、SZA 和 SFS 种群存在不对称双向基因流，迁出的基因流较强而迁入的基因流较弱，这可能与西南地区是我国野生兰科分布中心有关。石昌魁(2008)对标本馆4 000余份兰科植物馆藏标本进行了文献整理，认为我国横断山区是兰科植物的分布中心；此外，张晓龙(2014)研究表明，中国野生兰科植物集中分布在我国的西南地区和台湾省；Wu 等(2023)利用单核苷酸多态分子标记(SNPs)和叶绿体基因组，对兰科独蒜兰属(*Pleione*)的物种起源和演化进行了分析，发现我国独蒜兰属起源于西南地区的横断山脉，之后向我国南部和东南部扩散。推测我国西南或南部地

表 4 蕙兰种群间种子介导的基因流

Table 4 Seed-mediated gene flow between *Cymbidium faberi* populations

种群 Population [x]	有效种群大小 θ	基因流强度 [x=迁入种群] N_m[x=receiving population]														
		NCZ →x	NNZ →x	NXC →x	NXX →x	LLC →x	LSX →x	LXW →x	SDF →x	SFS →x	LXG →x	LGY →x	LSZ →x	SXX →x	SYX →x	SZA →x
NCZ	0.044 60	—	17.48	12.15	31.72	17.04	18.95	11.03	13.84	30.23	8.42	8.30	8.75	14.75	16.63	21.73
NNZ	0.005 08	1.42	—	0.94	1.60	2.88	0.91	0.88	1.52	1.85	1.45	1.91	1.30	2.08	1.46	2.12
NXC	0.031 22	12.69	13.91	—	16.00	8.42	23.05	7.11	4.75	13.26	10.71	20.48	13.66	19.84	18.97	20.14
NXX	0.007 29	1.41	4.65	1.59	—	2.58	3.32	1.97	0.93	2.27	2.53	2.03	1.24	2.19	3.14	3.14
LLC	0.008 15	1.73	1.74	2.12	1.01	—	1.71	0.88	1.69	3.35	1.05	1.43	1.63	3.66	0.61	3.33
LSX	0.038 61	11.26	11.63	9.67	18.05	26.12	—	13.92	15.08	12.68	16.72	19.56	8.57	23.09	11.61	13.21
LXW	0.038 34	13.66	14.15	20.10	20.76	20.6	13.96	—	15.97	16.68	15.43	18.96	11.63	15.78	16.99	30.40
SDF	0.039 24	16.88	11.27	18.57	10.57	13.18	13.59	7.45	—	28.07	14.81	9.72	7.26	18.79	22.25	25.97
SFS	0.004 61	0.55	0.93	0.70	0.81	1.02	0.55	0.50	0.47	—	1.16	0.48	0.77	0.59	0.50	2.13
LXG	0.026 51	6.34	13.49	5.65	15.93	17.78	14.57	10.96	5.18	11.47	—	7.58	8.12	14.03	6.87	18.50
LGY	0.014 71	9.72	7.66	5.06	7.47	6.16	3.98	4.69	5.51	7.49	5.26	—	4.35	4.24	3.44	9.39
LSZ	0.061 48	13.13	24.87	20.51	20.86	40.03	11.92	16.46	38.69	25.03	12.63	32.87	—	40.15	14.3	22.64
SXX	0.002 64	0.60	0.59	0.31	0.92	0.50	0.82	0.29	0.95	0.59	1.05	0.71	0.72	—	0.64	1.17
SYX	0.030 40	9.09	9.06	7.56	15.67	7.68	9.66	11.24	5.18	18.65	11.10	12.59	16.84	8.11	—	13.60
SZA	0.003 64	0.31	0.68	0.35	0.30	0.21	0.67	0.44	0.31	0.45	0.45	0.33	0.55	0.59	0.27	—

注：箭头表示基因流的方向。

Note: The arrows indicate the direction of gene flow.

区的蕙兰种子扩散到秦岭后，SXX 和 SFS 种群由于人类活动的干扰，缺乏种子萌发所需环境，导致有效迁入率降低，而 SZA 种群所处海拔较高，高海拔种子可能被强风带至低海拔区域，但逆风向的种子回迁因风力减弱而受限。

3.3 保护建议

种子扩散后，由于兰科植物种子胚发育不完全，没有胚乳。因此，大部分兰科植物，特别是地生兰种类，在种子萌发初期，需要土壤中共生真菌为其提供养分（王美娜等，2021）；Li 等（2021）从野生蕙兰根际土壤中分离得到共生真菌 *Hyphomycete* sp.、*Umbelopsis* sp. 和 *Ceratorhiza* sp.，这些共生真菌能够促进蕙兰种子的萌发及种苗生长；此外，Lv 等（2023）研究发现，子囊菌门（Ascomycota）是秦岭蕙兰土壤中的一种共生真菌。所以，蕙兰种子萌发需要特殊的土壤环境。

兰科植物作为最进化的物种之一，对环境的依赖性很强。因此，蕙兰种群的保护应从以下几个方面进行。首先，要从保护生境开始，减少植被破坏，以维持土壤共生真菌群落多样性。其次，应减少化肥农药的使用，以维护对传粉昆虫友好的生态环境，如前所述，蕙兰依赖于昆虫授粉且种子萌发依赖于土壤中的共生真菌，一旦生存环境受到破坏，传粉昆虫和共生真菌的生存就会受到影响，进而影响蕙兰的传粉、结实和种子萌发。最后，强化市场监管，禁止野生蕙兰市场贸易，禁止其在电商平台和线下市场的非法流通；同时加强宣传，组织开展“世界野生动植物日”主题宣传活动，不断提高原住居民保护野生蕙兰的意识，营造人与自然和谐共生的良好氛围。高遗传多样性种群是物种适应性进化的“基因库”，对维持种群进化潜力非常重要。因此，开展就地保护工作时，建议优先保护单倍型多样性较高的秦岭 LSZ 和 NCZ 种群。

参考文献：

ARDITTI J, GHANI A K A, 2000. Tansley Review No. 110. Numerical and physical properties of orchid seeds and their biological implications [J]. The New Phytologist, 145(3): 367-421.

BANDELT H J, FORSTER P, ROHL A, 1999. Median-joining

networks for inferring intraspecific phylogenies [J]. Molecular Biology and Evolution, 16(1): 37-48.

BEERLI P, 2006. Comparison of Bayesian and maximum-likelihood inference of population genetic parameters [J]. Bioinformatics, 22(3): 341-345.

CHEN J M, SONG J Y, HAN W Y, et al., 2017. Morphological diversity of wild *Cymbidium goeringii* and *Cymbidium faberi* in the Qinling Mountains [J]. Journal of Northwest A & F University (Natural Science Edition), 45(2): 143-150. [陈君梅, 宋军阳, 韩王亚, 等, 2017. 秦岭野生春兰和蕙兰的形态多样性研究 [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 45(2): 143-150.]

CHEN J M, SONG J Y, HE J, et al., 2016. Studies on volatile components in the flowers of *Cymbidium goeringii* and *Cymbidium faberi* from Qinling Mountains [J]. Acta Horticulturae Sinica, 43(12): 2461-2472. [陈君梅, 宋军阳, 何洁, 等, 2016. 秦岭地区春兰和蕙兰的花挥发性成分研究 [J]. 园艺学报, 43(12): 2461-2472.]

DROUIN G, DAOUD H, XIA J, 2008. Relative rates of synonymous substitutions in the mitochondrial, chloroplast and nuclear genomes of seed plants [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 49(3): 827-831.

EXCOFFIER L, LISCHER H E, 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows [J]. Molecular Ecology Resources, 10(3): 564-567.

FAY M F, BONE R, COOK P, et al., 2009. Genetic diversity in *Cypripedium calceolus* (Orchidaceae) with a focus on north-western Europe, as revealed by plastid DNA length polymorphisms [J]. Annals of Botany, 104(3): 517-525.

FEI Z X, LEI S, CUI M M, et al., 2020. Karyotype analysis of wild *Cymbidium goeringii* and *Cymbidium faberi* from Qinling [J]. Forest Science and Technology (5): 24-27. [费昭雪, 雷珊, 崔苗苗, 等, 2020. 秦岭野生春兰和蕙兰染色体核型分析 [J]. 林业科技通讯 (5): 24-27.]

Flora of China Editorial Committee, 1999. Flora Reipublicae Popularis Sinicae: Vol. 18 [M]. Beijing: Science Press: 219-220. [中国科学院中国植物志编辑委员会, 1999. 中国植物志: 第十八卷 [M]. 北京: 科学出版社: 219-220.]

GIELLY L, TABERLET P, 1994. The use of chloroplast DNA to resolve plant phylogenies: noncoding versus *rbc*L sequences [J]. Molecular Biology and Evolution, 11(5): 769-777.

GONG H S, 2013. Population genetic structure of *Cymbidium faberi* Rolfe from Jiangxi based on internal transcribed spacers (ITS) and cpDNA [D]. Nanchang: Nanchang University. [龚黄莎, 2013. 基于 ITS 和 cpDNA 江西蕙兰野生居群遗传结构研究 [D]. 南昌: 南昌大学.]

HE X J, WANG W X, QIN Q H, et al., 2013. Assessment of flight activity and homing ability in Asian and European honey bee species, *Apis cerana* and *Apis mellifera*, measured with radio frequency tags [J]. Apidologie, 44(1): 38-51.

HEDRÉN M, OLOFSSON S N, PAUN O, 2018. Orchid colonization: multiple parallel dispersal events and mosaic genetic structure in *Dactylorhiza majalis* ssp. *lapponica* on the Baltic island of Gotland [J]. Annals of Botany, 122(6): 1019-1032.

HENS H, JÄKÄLÄNIEMI A, TALI K, et al., 2017. Genetic structure of a regionally endangered orchid, the dark red helleborine (*Epipactis atrorubens*) at the edge of its distribution [J]. Genetica, 145(2): 209-221.

JERMAKOWICZ E, WRÓBLEWSKA A, BRZOSKO E, et al., 2015. Phylogeographical structure of the boreal-montane orchid *Malaxis monophyllos* as a result of multi-directional gene flow [J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 178(1): 138-154.

KUMAR S, STECHER G, TAMURA K, 2016. MEGA 7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets [J]. Molecular Biology and Evolution, 33(7): 1870-1874.

LI X, DING X, LI J, et al., 2016. Strong genetic differentiation among populations of *Cypripedium japonicum* (Orchidaceae) driven by limited seed dispersal and pollinator specificity [J]. Conservation Genetics, 17(3): 589-601.

LI Y L, KANG Z H, ZHANG X, et al., 2021. The mycorrhizal fungi of *Cymbidium* promote the growth of *Dendrobium officinale* by increasing environmental stress tolerance [J]. PeerJ, 9: e12555.

LIANG H Y, WANG X G, CHEN W, et al., 2021. Spatial genetic structure of terrestrial orchid *Cymbidium faberi* in the Qinling Mountains revealed by microsatellite loci [J]. Plant Systematics and Evolution, 307(1): 5.

LIU H Y, LIU L K, WANG Z L, et al., 2023. Research progress on chloroplast genome of Orchidaceae [J]. Chinese Wild Plant Resources, 42(7): 73-79. [刘浩宇, 刘力宽, 王郑雷, 等, 2023. 兰科植物叶绿体基因组研究进展 [J]. 中国野生植物资源, 42(7): 73-79.]

LIU W, YIN D W, LIU J J, et al., 2014. Genetic diversity and structure of *Sinopodophyllum hexandrum* (Royle) Ying in the Qinling Mountains, China [J]. PLoS ONE, 9(10): e110500.

LV R X, ZHANG J, LIAO H M, et al., 2023. Study on the soil microbial diversity of *Cymbidium goeringii* and *Cymbidium faberi* in the Qinling Mountains after introduction and domestication [J]. Diversity, 15(9): 951.

MINASIEWICZ J, ZNANIECKA J M, GÓRNIAK M, et al., 2018. Spatial genetic structure of an endangered orchid *Cypripedium calceolus* (Orchidaceae) at a regional scale: limited gene flow in a fragmented landscape [J]. Conservation Genetics, 19(6): 1449-1460.

MÜLLER K, 2005. SeqState: primer design and sequence statistics for phylogenetic DNA datasets [J]. Applied Bioinformatics, 4(1): 65-69.

PÉREZ-ESCOBAR O A, GOTTSCHLING M, CHOMICKI G, et al., 2017. Andean Mountain building did not preclude dispersal of lowland epiphytic orchids in the Neotropics [J]. Scientific Reports, 7(1): 4919.

PHILLIPS R D, DIXON K W, PEAKALL R, 2012. Low population genetic differentiation in the Orchidaceae: implications for the diversification of the family [J]. Molecular Ecology, 21(21): 5208-5220.

PINHEIRO F, DE BARROS F, PALMA-SILVA C, et al., 2011. Phylogeography and genetic differentiation along the distributional range of the orchid *Epidendrum fulgens*: a

Neotropical coastal species not restricted to glacial refugia [J]. Journal of Biogeography, 38(10): 1923-1935.

QIU Y X, FU C X, COMES H P, 2011. Plant molecular phylogeography in China and adjacent regions: tracing the genetic imprints of Quaternary climate and environmental change in the world's most diverse temperate flora [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 59(1): 225-244.

ROZAS J, ROZAS R, 1995. DnaSP, DNA sequence polymorphism: an interactive program for estimating population genetics parameters from DNA sequence data [J]. Bioinformatics,11(6): 621-625.

SAEKI I, KITAZAWA A, ABE A, et al., 2014. Phylogeography of a rare orchid, *Vexillabium yakushimense*: comparison of populations in central Honshu and the Nansei Island chain, Japan [J]. Plant Systematics and Evolution, 300(1): 1-12.

SANG T, CRAWFORD D J, STUESSY T F, 1997. Chloroplast DNA phylogeny, reticulate evolution, and biogeography of *Paeonia* (Paeoniaceae) [J]. American Journal of Botany, 84(8): 1120-1136.

SHAW J, LICKEY E B, SCHILLING E E, et al., 2007. Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: the tortoise and the hare Ⅲ [J]. American Journal of Botany, 94(3): 275-288.

SHI C K, 2008. The systematic classification and floristic geography of orchids in Gansu Province [D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University. [石昌魁, 2008. 甘肃省兰科植物系统分类与区系地理 [D]. 兰州: 甘肃农业大学.]

SIMMONS M P, OCHOTERENA H, 2000. Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses [J]. Systematic Biology, 49(2): 369-381.

SONG J Y, ZHANG N, 2018. The photosynthetic characteristics of wild *Cymbidium faberi* rolfe in the Qinling Mountains, China [J]. Bangladesh Journal of Botany, 47(3): 805-813.

TANG X F, 2012. Genetic diversity of *Cymbidium faberi* Rolfe from Jiangxi Province revealed by inter simple sequence repeats [D]. Nanchang: Nanchang University. [汤秀菲, 2012. 江西省野生蕙兰遗传多样性的 ISSR 分析 [D]. 南昌: 南昌大学.]

THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAK F, et al., 1997. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. Nucleic Acids Research, 25(24): 4876-4882.

TIE C X, TANG X F, XIE H M, et al., 2023. Genetic diversity and differentiation of wild *Cymbidium faberi* Rolfe in the main mountain range of Jiangxi Province [J]. Molecular Plant Breeding, 21(11): 3669-3680. [帖聪晓, 汤秀菲, 谢慧敏, 等, 2023. 江西主要山脉野生蕙兰的遗传结构与分化 [J]. 分子植物育种, 21(11): 3669-3680.]

TSAI C C, CHOU C H, WANG H V, et al., 2015. Biogeography of the *Phalaenopsis amabilis* species complex inferred from nuclear and plastid DNAs [J]. BMC Plant Biology, 15: 202.

VANDEN BROECK A, VAN LANDUYT W, COX K, et al., 2014. High levels of effective long-distance dispersal may blur ecotypic divergence in a rare terrestrial orchid [J]. BMC Ecology, 14: 1-15.

WANG M N, HU Y, LI H J, et al., 2021. New insights into Orchid mycorrhizal fungi research [J]. Guihaia, 41(4): 487-502. [王美娜, 胡玥, 李鹤娟, 等, 2021. 兰科植物菌根真菌研究新见解 [J]. 广西植物, 41(4): 487-502.]

WANG Y C, LIAO L, LI Z Z, 2018. Genetic differentiation of *Actinidia chinensis* and analysis of gene flow barriers in the Qinling Mountains, the species' northern distribution boundary [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 65: 881-895.

WILAND-SZYMAŃSKA J, BUCZKOWSKA K, DRAPIKOWSKA M, et al., 2016.Genetic structure and barcode identification of an endangered orchid species, *Liparis loeselii*, in Poland [J]. Systematics and Biodiversity, 14(4): 345-354.

WOLFE K H, LI W H, SHARP P M, 1987. Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 84(24): 9054-9058.

WU S Q, PAN F, ZHAO C, 2023. Genetic diversity and structure of wild *Rosa roxburghii* in Southwest China [J]. Guihaia, 43(11): 2065-2077. [吴诗琪, 潘凤, 赵财, 2023. 西南地区野生刺梨的遗传多样性和遗传结构研究 [J]. 广西植物, 43(11): 2065-2077.]

WU S S, JIANG M T, MIAO J L, et al., 2023. Origin and diversification of a Himalayan orchid genus *Pleione* [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 184: 107797.

XIE H M, 2020. Landscape genetics of three *Cymbidium* species from the mountain regions of Jiangxi Province [D]. Nanchang: Nanchang University. [谢慧敏, 2020. 江西主要山脉兰属 3 个代表性物种的景观遗传学研究 [D]. 南昌: 南昌大学.]

YANG J Q, 2017. Pollination of wild *Cymbidium faberi* [J]. South China Agriculture, 11(18): 38-39. [杨静秋, 2017. 野生蕙兰传粉观察 [J]. 南方农业, 11(18): 38-39.]

YANG M H, 2023. Study on reproductive biology of *Cymbidium cymbidium* [D]. Nanchang: Nanchang University. [杨美华, 2023. 蕙兰繁殖生物学的研究 [D]. 南昌: 南昌大学.]

YUAN J, CHENG F Y, ZHOU S L, 2012. Genetic structure of the tree peony (*Paeonia rockii*) and the Qinling Mountains as a geographic barrier driving the fragmentation of a large population [J]. PLoS ONE, 7(4): e34955.

YUN S A, SON H D, IM H T, et al., 2020. Genetic diversity and population structure of the endangered orchid *Pelatantheria scolopendrifolia* (Orchidaceae) in Korea [J]. PLoS ONE, 15(8): e0237546.

ZHANG X L, 2014. Study on geographic distribution pattern of the wild Orchidaceae plants in China [D]. Taiyuan: Shanxi University. [张晓龙, 2014. 中国野生兰科植物地理分布格局研究 [D]. 太原: 山西大学.]

ZHAO C, WANG C, MA X, et al., 2013. Phylogeographic analysis of a temperate-deciduous forest restricted plant (*Bupleurum longiradiatum* Turcz.) reveals two refuge areas in China with subsequent refugial isolation promoting speciation [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 68(3): 628-643.

(责任编辑 周翠鸣)