

申 报	系列：教学系列教 学科研并重型
	专业：植物学
	职称：副教授

业绩成果材料

（申报人的业绩成果材料包括论文、科研项目、获奖以及其他成果等）

单 位（二级单位） 林学与风景园林学院

姓 名 李玉玲

材料核对人：

单位盖章：

核对时间：

华南农业大学制

目 录

一、教学研究业绩

- 1.教学研究项目：关于 2022 年校级教改项目的立项通知及有关佐证材料..... 4
- 2.编写教材：高等学校教材《植物学野外实习手册》 24

二、科研项目

- 1.主持：关于国家自然科学基金青年基金项目的立项通知（A 类） 42
- 2.主持：关于广东省野生动植物保护管理项目的合同书（C 类） 44
- 3.主持：关于广东省兰科植物资源调查和监测项目的合同书（横向）..... 58
- 4.主持：关于广州市从化区野生动植物资源本底调查项目的佐证材料（C 类） 66
- 4.主参：关于国家自然科学基金青年基金项目的结题报告书（A 类） 67
- 5.主参：关于国家自然科学基金项目的计划书（A 类） 93

三、论文、著作等

- 1.检索证明..... 104
- 2.以第一作者发表本专业论文情况
 - 2.1.*Oberonia integrilabris* (Orchidaceae), a new species from China 108
 - 2.2.*Oberonia sinica* and *O. pumilum* var. *rotundum* are new synonyms of *O. insularis* (Orchidaceae, Malaxideae) 115
 - 2.3.Reinstatement of the Sikkim Himalaya species *Oberonia*

<i>orbicularis</i> (Orchidaceae, Malaxideae)	121
2.4.Characterization of the complete plastid genome of <i>Psammosilene tunicoides</i> (Caryophyllaceae), an endangered medical herb endemic to south-western China	130
2.5.中国鸢尾兰属（兰科）植物二新记录种	133
3.以通讯作者发表本专业论文情况	
3.1.Comparative analysis of chloroplast genomes for the genus <i>Manglietia</i> Blume (Magnoliaceae): Molecular structure and phylogenetic evolution.....	141
3.2. <i>Begonia guangdongensis</i> , a new species of <i>Begonia</i> (Begoniaceae) from Guangdong, China	164
3.3.Complete plastid genome sequence of <i>Oberonioides microtatantha</i> (Schltr.) Szlach. (Orchidaceae), an endemic herb in China	172
3.4.广东省特有兰科植物观赏性状综合评价	175
3.5.广东象头山国家级自然保护区兰科植物垂直分布格..	184
3.6.广东省 2 种兰科植物新记录	194

【佐证材料切记与目录页所列页码对应，不要用图片格式的材料进行打印。】

附件2：华南农业大学2022年校级教改项目立项名单

项目编号	项目名称	项目负责人	所属单位	类别
JG22004	新工科背景下风景园林历史与理论课程教学改革研究	夏宇	林学与风景园林学院	重点项目
JG22005	融合“树医生”理念的《园林植物栽植与养护》课程思政与实践教学改革研究	刘天颐	林学与风景园林学院	重点项目
JG22035	农林院校国土空间规划多学科交叉融合教学改革研究	杨文越	林学与风景园林学院	重点项目
JG22049	广东省“一流专业”背景下《森林昆虫学》课程：理论研究与实践探索	马涛	林学与风景园林学院	重点项目
JG22069	植物认知类实验实践课程的“互联网+”教学研究—以微信小程序教学平台为例	张卓欣	林学与风景园林学院	一般项目
JG22070	草地与牧草类课程线上+线下理实一体化教学探索与实践	王晓亚	林学与风景园林学院	一般项目
JG22079	基于智慧课堂的《经济学基础》课程思政改革研究与设计	王雅君	林学与风景园林学院	一般项目
JG22096	基于 OBE 理念的园林专业《文献综述与论文写作》课程教学模式研究	魏倩	林学与风景园林学院	自筹项目
JG22108	“互联网+”背景下公选课混合教学模式的 研究与实践	张俊杰	林学与风景园林学院	自筹项目
JG22116	基于虚拟园林漫游平台的《园林规划与设计》教学改革与实践	徐锐	林学与风景园林学院	自筹项目

项目编号: JG22 _ _ _

华南农业大学教育教学研究和改革项目

申 报 书

项目类别 一般项目

项目名称 植物认知类实验实践课程的“互联网+”
教学研究——以微信小程序教学平台为例

项目负责人 张卓欣

职 称 讲师

手机号码 18664799267

所在单位 林学院风景园林学院
(公章)

申报日期 2022 年 9 月 22 日

华南农业大学 本科生院 制

2022 年 9 月

申请者的承诺与成果使用授权

本人自愿申报华南农业大学教育教学改革项目，承诺对所填写的《申报书》所涉及各项内容的真实性负责，保证没有知识产权争议。课题申请如获准立项，在研究工作中，接受华南农业大学教务处及本人所在单位的管理，并对以下约定信守承诺：

1. 遵守相关法律法规。遵守我国著作权法和专利法等相关法律法规；遵守我国政府签署加入的相关国际知识产权规定。

2. 遵循学术研究的基本规范，恪守学术道德，维护学术尊严。研究过程真实，不得以任何方式抄袭、剽窃或侵吞他人学术成果，杜绝伪注、伪造、篡改文献和数据等学术不端行为；成果真实，不重复发表研究成果；维护社会公共利益，不以项目名义牟取不当利益。

3. 遵守华南农业大学教育教学改革项目有关管理规定以及华南农业大学财务规章制度。

4. 凡因项目内容、成果或研究过程引起的法律、学术、产权或经费使用问题引起的纠纷，责任由相应的项目研究人员承担。

5. 项目获批后务必按项目计划要求及时开展研究工作，确保研究工作如期完成。

6. 同意华南农业大学或其授权（委托）单位有权基于公益需要公布、使用、宣传《项目申请·评审书》内容及相关成果。

项目负责人（签章）： 张卓欣¹

2022年9月22日

¹此页须手写签字后扫描成PDF电子版。

一、项目及项目负责人、项目组简况

项目 简 况	项目名称	植物认知类实验实践课程的“互联网+”教学研究—以微信小程序教学平台为例						
	项目类别	☐ 1. 招标项目 ☐ 2. 重点项目 ☒ 3. 一般项目 ☐ 4. 青年项目 ☐ 5. 自筹项目						
	起止年月	2022 年 10 月-2025 年 10 月						
项目 申 请 人	姓名	张卓欣		性别	女	出生年月	1987 年 4 月	
	专业技术职务/ 行政职务		讲师/无		最终学位/授予国家		博士/英国	
	所在单位 及联系方 式	单位名称	林学与风景园林学院			手机号码	18664799267	
		电子邮箱	zxzhang@scau.edu.cn					
	主要教学 工作简历	时间	课程名称		授课对象	学时	所在单位	
		2022 年 3 月	植物学		21 园林 3	32	林学与风景园林学院	
		2021 年 9 月	植物学实验		21 林学 2	32	林学与风景园林学院	
		2020 年 3 月	园林植物概论课程实验		19 城乡规划 2	16	林学与风景园林学院	
		2020 年 3 月	园林树木学实习		19 园林 2	7.5	林学与风景园林学院	
	主要教学 改革和科 学研究工 作简历	时间	项目名称					获奖情况
		2021 至今	树木学（全英）（华南农业大学全英课程建设项目，第一参与人）					无
		2019-2020	园林专业双语教学体系研究与改革——以《园林植物概论》双语课为例（华南农业大学教育教学研究和改革项目青年项目，第一参与人）					无
		2016-2019	虎耳草科虎耳草属石荷叶组的分类学研究（国家自然科学基金青年项目，主持）					无
	项目 组	总人数	职称			学位		
高级			中级	初级	博士后	博士	硕士	
5		2	3	0	0	5	0	2

		姓名	性别	出生 年月	职称	工作单位	分工	签名 ²
	主要成员 (不含申请者)	施诗	女	1988.03	讲师	学风园学院 林与景林学院	软件开发	施诗
		李玉玲	女	1987.07	讲师	学风园学院 林与景林学院	软件开发	李玉玲
		唐光大	男	1982.09	副教授	学风园学院 林与景林学院	课程建设	唐光大
		羊海军	男	1980.03	高级实验师	基础实验实训中心 基实与实践中心	课程建设	羊海军

²此页须成员手写签字后扫描成 PDF 电子版。

二、立项依据（项目研究的意义、现状分析）¹

“互联网+”是指利用互联网的平台，利用信息通信技术，把互联网和包括传统行业在内的各行各业连接起来。随着李克强总理在 2015 年政府工作报告中首次提出制定“互联网+”行动计划，“互联网+”迅速成为各方面追捧的热词^[1]。教育如何面对和适应“互联网+”，如何促进教育公共服务水平和教育质量的提升，既是深化教育领域综合改革不可回避的问题，也是摆在广大教育工作者面前的现实课题^[1,2]。

与此同时，我国大力开展生态文明建设，深入践行“绿水青山就是金山银山”的绿色发展道路，积极推进碳达峰与碳中和，而这些理念与目标的实现均是以植物相关知识为主要基础。植物相关课程是我国高等院校涉农、林业、草业等相关学科的基础课程，受众人数多^[3]。植物的形态特征和常见植物种类的识别，更是植物相关课程的基础知识，各个高校和科研机构长期开设相关植物认知类实验实践课程。我校开设的相关课程包括：《植物学实验》、《树木学实验》、《林学专业综合实习》、《园林树木学实习》、《花卉学实习》、《园林植物概论实验》、《风景园林植物应用》等课程。

我校植物认知类相关实验实践课程从开设至今，取得了较好的成效，然而在教学实践中，我们发现仍然存在一些问题：

（一）教学方式单一

目前的课程教学主要为传统教学，教师起到的是知识的传递者、搬运工的作用，学生则被动接受。因此，课堂教学过程中有些学生参与度不高、主动性差、兴趣不足。信息技术也未在教学中得到灵活运用。

（二）知识积累不足

植物特征知识和植物识别知识的实践性较强，专业术语较多，较难记忆，有的学生易产生畏难情绪，而有的学生理论知识掌握地不错，但是应用到实践中却效果不好。识别植物能力的提高是一个长期积累的过程，我国著名植物学家吴征镒院士认为植物识别必须过三关，即文献关、标本室工作关和野外工作关^[4]。为了提高农林院校学生识别植物的能力，本教研团队在讲授树木学或植物学及相关课程的时候也非常注意上述三关的灵活穿插运用，课后及时到校园和附近有关专类园考察，制作植物标本^[5]。但是大部分学生主动学习

¹ 表格不够，可自行拓展加页；但不得附其他无关材料。下同。

能力不足，课后缺少反复实践的机会，导致积累不足。

（三）实地学习有场地与人员限制

我校具有广州市内高校少有的优质实习条件，校园内有“五湖四海一片林”，为我校植物认知相关课程带来很大的便利。但其他部分开设类似课程的学校不一定具有这么好的条件，不便于频繁开展实践教学。另外，花卉学实习等一些课程在我校不便开展，因为校内没有多样的花卉或特定类型的植物。因为实习经费的限制，相关课程如果要去校外进行实地教学，只能去 3-5 天，大大限制了学生实践的时间。同时，一般实习实践课参与的学生人数在 10-30 人左右，如果超出数量，必会有学生排在人群后面而听不清或看不清教师讲授的植物，严重影响他们的学习体验。如果学生群体在户外过于拥挤，可能堵塞交通道路，甚至带来很大的安全隐患。

（四）讲授的植物种类受到地点、季节、教师等因素影响

在实习讲授过程中，我们发现课程中介绍的植物特征和种类是随着实习场地、行进路线、季节和不同教师的现场发挥而变化的。有时去同一个场地实习，不同班的学生提交的课程报告差别不小。这为考试的公平性和教学内容的一致性带来挑战。

“互联网+教育”可以使学习过程更为简单、便捷、有趣，帮助学习者深度参与其中^[1]。随着信息技术的发展，当今学生学习的空间、机会、方式多种多样，课堂不再是唯一获取知识的场所^[2]。大量植物学相关知识不再需要课堂就能获取，只要连上互联网，学生获取知识的渠道更加自由、更加个性、更加便捷。以微信小程序为例，小程序以目前最大的社交媒体“微信”为载体，使用方便快捷，是目前知识分享的重要媒介之一。

因此，为了增加植物识别教学过程的趣味性，增加学生主动性，锻炼学生在植物学方面的双创能力，本教研团队以“植物鉴定趣味教学 APP 的开发”为题，成功申请 2019 年度大学生创新创业训练计划项目之创业实践项目校级立项并结题，之后成功申请 2021 年度大创之创业训练项目校级立项。在大创项目研究过程中，我们结合 AI 识图、微信小程序功能，成功开发出一款微信小程序用于植物识别类教学活动，并已经获得软件著作权，已申请专利。该小程序目前可以取代教师的传统课后检测方法，即提问检查学生是否正确学会植物特征、是否正确识别相关植物，并已在《园林植物概论》课程实践中进行了初步检验。我们在实地教学结束后要求学生使用这款“学园植物猎人”微信小程序作为随堂测试，在圈

定的场地范围内完成小程序中按顺序发出的“寻宝”任务。任务会显示某种植物的形态特征术语和图示，学生需要在场中找到符合这些特征的具体植株并用小程序拍照“打卡”，如果程序后台 AI 识图返回的植物名称与任务答案一致，则小程序自动判断该学生已成功识别了该任务植物，而在规定的时间内完成大部分任务的学生能获得平时分奖励，找到错的植物也会反馈名字进行学习。据学生反映，这种教学方式非常有趣味性和挑战性，能激发学习植物知识的主动性。由于场地中的任务植物是教师实习课程中讲授过的，大部分学生都能在规定时间内识别出约 80% 以上的任务植物，少数学生能快速完成全部识别任务。

目前，小程序主体程序以及后台数据录入平台已经完成建设并成功投入使用。最新增加了组队模式，提高了共同进行任务的人数上限，让小程序能同时容纳 100 人以上在更大的场地中进行类似定向越野的趣味教学活动。而且，小程序可以使用在课程的评价反馈上，教师可以通过平台以下达任务的方式对学生布置随堂测验，学生不受时空限制地完成测试任务，并得到即时的反馈，这是属于“智慧课堂”的一种创新型教学方式^[6]。

为了学生通过该小程序学习的植物种类不受到地域、季节、教师等因素影响，我们计划将小程序作为一个开放的教学平台进行推广，不但本校的课程团队可以使用该小程序，并设计基于特定课程的多种多样的任务活动，而且全国其他院校或公园、机构也可以基于各自的场地来设计植物识别活动。如果能顺利推广，学生去公园休憩时，或无论去全国任何地区游玩，只要小程序有附近的“寻找植物”活动，都能通过参加活动的方式学习识别当地特有的植物。通过这种破除了时空限制的趣味教学形式，学生更能在课后自发进行学习，从而实现翻转课堂的功能，无形中增加了学习时间，在“玩中学”、“用中学”，使学生更好地掌握植物知识。

但是，目前小程序刚刚建设完成，后台的数据内容较少，没有结合课程设计来融入现有的植物相关实验实践课程中，并需要针对性地设计专门的、趣味性的植物识别任务。最大的问题是没有作为一个平台进行推广和开放给本校或其他学校、单位来使用，因此需要本项目进行相应的教学改革研究，将小程序与线下课程有机结合起来。

综上所述，本团队拟使用一款具有自主知识产权的微信小程序作为植物识别教学平台，开发针对性的趣味互动内容，使之与线下的植物认知类实验实践课程相结合，将传统教学

方式与信息化手段融合起来。并计划通过推广和开放该平台，使学生能不受时空限制地进行实地自主学习，实现“智慧课堂”、“翻转课堂”的新式教学途径。

参考文献

- [1] 张岩. “互联网+教育”理念及模式探析[J]. 中国高教研究, 2016(02): 70-73.
- [2] 王竹立, 李小玉, 林津. 智能手机与“互联网+”课堂——信息技术与教学整合的新思维、新路径[J]. 远程教育杂志, 2015, 33(04): 14-21.
- [3] 南文斌. 新时期高校植物学教学改革探讨与实践[J]. 生物学杂志, 2017, 34(01): 110-112.
- [4] 秦新生. 如何提高高等农林院校学生识别植物的能力[J]. 时代教育(教育教学版), 2009(01): 90+4.
- [5] 唐光大, 庄雪影, 黄久香, 姜春宁, 郑明轩, 秦新生. “树木学”课程教学改革的探索[J]. 中国林业教育, 2014, 32(02): 72-75.
- [6] 刘邦奇. “互联网+”时代智慧课堂教学设计与实施策略研究[J]. 中国电化教育, 2016(10): 51-56+73.

三、项目实施方案及实施计划

1. 具体改革内容、改革目标和拟解决的关键问题

1.1 具体改革内容

(1) 教学方式的改革

转变传统实验实践课程教学方式，以“学园植物猎人”微信小程序为载体，采用趣味的移动互联网学习方式，探讨将“互联网+”教学手段嵌入目前植物认知相关实验实践课程建设的方式。

(2) 植物数据内容设计

针对具体课程的要求，设计小程序的任务设置和植物数据，增加与线下教学的结合效果。并建立一套通用的课程任务范式，以便于其他教师使用小程序发布教学内容或进行测验。

(3) 平台推广和开放

将本小程序作为平台进行推广，除了本校其他植物相关实验实践课程，全国其他院校或公园、机构可以基于特定场地自主地设计和发布植物识别活动，从而破除教学的时空限制，实现翻转课堂的功能。

1.2 改革目标

(1) 建立起一套实验实践教学与“互联网+”相结合的创新型教学方式

(2) 打造适于推广“互联网+”植物认知类实验实践教学方式的微信小程序教学平台

1.3 拟解决的关键问题

(1) 建立通用的课程任务范式；

(2) 平台在校内及校外的推广与开放。

2.实施方案、实施方法、具体实施计划（含年度进展情况）及可行性分析

2.1 实施方案

（1）线上教学方式的优化

小程序目前已基本实现了各项具体功能，如任务发布、扫描鉴定、单人模式、多人模式、植物图鉴系统和每日问答，需要研究如何将这此功能融入相关实验实践课程的线上课程建设中。例如已经实验过的方法是课后学生完成单人任务的情况可以作为随堂测试的一种形式。

学生还可通过多人模式进行小组任务，多人模式可以与其他用户共同组队参与植物识别比赛，点击“创建集体活动房间”可以自定义部分比赛规则并邀请其他用户加入比赛，在规定时间内完成更多任务者为优胜方。目前探索的比赛模式为新兴的户外运动——定向越野比赛，学生可参加定向越野比赛，以使用小程序识别相应植物为定点打卡的目标物，完成全程时间最短的队伍获胜，教师可设置平时分或综合测评分加分作为奖励。这种方法利用学生的社交属性，将被动的学习转化为有竞赛性质的主动学习手段。多人模式可以作为一种课程小组作业形式，或者成为科普宣传或科技比赛的一种工具。

植物图鉴系统和每日问答可以增加课程的拓展知识，或者成为复习的一种方法。本项目需要在深入分析各个课程特性和需求的前提下，结合小程序功能进行这些课程线上建设的建议和方案。

（2）线上教学数据设计

教师可以根据不同实验实践课程的大纲要求，并根据实地的植物分布来编写具体的植物识别目标，将植物的形态特征输入到已经完成了的数据后台，并按照特定路线确定任务发布顺序。任务植物的特征文案在保证科学性的同时需要增加趣味性，给学生带来更强的学习动力，也不能太过模棱两可，导致难以找到目标植物。针对具体课程的要求，设计专门的场地、路线、植物任务设置和植物数据，增加与线下教学的结合效果。并建立一套通用的课程任务范式，以便于我校其他课程的主讲教师使用小程序发布教学内容或进行测验。

（3）线上教学平台推广和开放

将本小程序作为植物知识线上教学平台的推广先在校内进行，本教学团队成员的相关植物实验实践课程先进行线上教育尝试，再将小程序的使用方式介绍给其他课程的主讲教师。除了本校其他植物相关课程，全国其他院校或公园、机构可以基于特定场地自主地设计和发布植物识别活动，从而破除教学的时空限制，实现翻转课堂的功能。外单位的推广活动可以通过教师个人关系或校友关系进行，同时通过参加其他校外科技或科普活动、展览和比赛进行推广介绍，打造成为泛农林教育类产品。

2.2 实施计划

2022 年 8 月-2023 年 10 月：筹备并开展林学与风景园林学院植物寻宝主题定向越野大赛，进行小程序平台推广。完成教学方式的优化工作和线上课程建设，开展线上教学数据设计研究。

2023 年 11 月-2024 年 4 月：根据不同课程的使用需求进一步完善数据，拓宽项目合作对象，为校外的风景区、公园等设计相关活动。

2024 年 5 月-2025 年 10 月：打造泛农林移动教育平台并进一步推广到全国其他院校或公园、机构。

2.3 可行性分析

本项目组申请者张卓欣长期从事植物分类与演化研究，具有丰富的植物认知相关教学研究经验。自 2016 年入职华南农业大学林学与风景园林学院后，讲授了《植物学实验》、《树木学实验》、《林学专业综合实习》、《园林树木学实习》、《园林植物概论实验》、《植物学》、《树木学》、《园林植物概论（双语）》、《风景园林植物概论（双语）》等植物相关课程的教学，具有丰富的教学经验，并在多次评教中获得较高的分数。参编植物学相关教材 3 本，包括《植物生物学》、《植物学实验》等。本项目

成员均具备丰富的教学经验，长期负责植物相关实验实践课程，具有丰富的相关植物学专业知识和教学经验，保证了线上教学内容和课程建设的完成，也保证了能进行小程序教学平台的校内推广。

“学园植物猎人”小程序及数据管理后台目前已实现了各项具体功能，已上线且可正常运行。其识别植物的准确性和可靠性高，并探索出植物识别小程序与随堂小测相结合的教学模式，并成功获得软件著作权，可以保证作为线上教育平台的软件基础。

3. 项目预期成果及其实践运用预期（包括成果形式，预期推广、应用范围、受益面等，须详述在我校应用情况）

3.1 预期成果形式与推广

（1）基于微信小程序完成 2-3 门植物认知类实验实践课程的线上教学内容建设。

（2）完成 1-2 篇“互联网+教育”相关教改论文。

（3）将现有小程序推广成一款泛农林类移动教学平台，与 1-2 家外单位相关实验实践课程建立长期合作关系。

3.2 应用范围与受益面

本项目的成果优先应用于华南农业大学校内课程。本教学团队成员负责的相关课程，包括《植物学实验》、《树木学实验》、《林学专业综合实习》、《园林树木学实习》、《树木学》、《园林植物概论（双语）》、《风景园林植物概论（双语）》，可先进行成果应用，再推广给本校其他课程。受益面除本校外，可包括全国其他院校、植物园、公园、自然教育机构等，希望打造成为泛农林类线上教育平台。

4. 本项目的特色与创新点

本项目的特色在于使用自主开发的微信小程序作为“互联网+”教学平台，针对植物认知相关实验实践课程的教学方法，结合课程知识点开发寻找植物任务或比赛，将学生被动的学习转化为有竞赛性质的主动学习，将传统教学方式与信息化手段融合起来。本项目的创新点在于计划推广和开放该平台，让不同学校和机构的教学活动可以共享，使学生能不受时空限制地进行实地自主学习，实现“智慧课堂”、“翻转课堂”的新式教学途径。

四、项目建设基础

1. 与本项目有关的工作积累和已取得的工作成绩

项目成员均具备丰富的教学、研究经验，特别是唐光大老师自 2006 年以来一直从事《树木学》、《园林树木学》等植物认知类课程教学，并发表了教改相关论文，参与了相关教材的编著，2011 年被评为华南农业大学“优秀共产党员·师德标兵”。羊海军老师作为全校植物学实验课程平台实验室负责人，参与的农科特色创新型基础实验教学平台相关教改项目多次获奖，2020 年获广东省教育厅第九届广东省教育教学成果奖（高等教育）一等奖，2021 年获得华南农业大学教育教学成果一等奖。本项目组申请者张卓欣在已讲授《植物学实验》、《树木学实验》、《林学专业综合实习》、《园林树木学实习》、《园林植物概论实验》、《植物学》、《树木学》、《园林植物概论（双语）》等植物认知相关理论、实验实践课程的教学，具有丰富的教学经验，并对教学进行了教案、讲义、PPT 等多方面的改革。

目前“学园植物猎人”微信小程序已上线且可正常运行，已实现了各项具体功能。小程序采用本地 AI 神经网络模型+第三方图像识别服务，以确保植物识别的准确性和可靠性，探索出类似于植物猜谜寻宝类的趣味沉浸式学习模式，并包括种植和图鉴等寓教于乐的趣味教学功能。经实践证明，小程序可应用于线下植物认知类实验实践教学。在

过往教学中，申请人尝试结合《园林植物概论（双语）》教学实践目标，引导 20 级园林专业的学生在华农湿地公园使用了小程序作为随堂测试，既活跃了课堂气氛，又提高了教学效率。

本教研团队以“植物鉴定趣味教学 APP 的开发”为题，成功申请 2019 年度大学生创新创业训练计划项目之创业实践项目校级立项并结题，之后成功申请 2021 年度大学生创新创业训练计划项目之创业训练项目，并获校级立项。

项目成员参与教改项目获奖情况：

1、羊海军（参与），聚焦新农科构建国家级基础实验中心，“一核多维”育人模式的研究与实践. 华南农业大学教育教学成果一等奖. 华南农业大学. 2021.5

2、羊海军（参与），虚实结合建设农科特色创新型基础实验教学平台的探索与实践. 第九届广东省教育教学成果奖（高等教育）一等奖. 广东省教育厅. 2020.3

3、羊海军（参与），农科院校跨学科基础实验教学大平台的功能深化与机制创新. 第八届广东省教育教学成果奖（高等教育）二等奖. 广东省教育厅. 2018.5

项目成员主编或参编的编著：

4、张卓欣(参编)，马三梅，王永飞主编. 植物生理学，科学出版社，北京，2019；
5、张卓欣(参编)，马三梅，王永飞主编. 植物生物学，科学出版社，北京，2017；
6、张卓欣(参编)，马三梅，王永飞，李万昌主编. 植物学实验（第二版），科学出版社，北京，2017；

7、唐光大（副主编），李小川主编. 广东省林下经济植物栽培与利用，中国林业出版社, 北京，2020.

8、唐光大（副主编），周命义主编. 广东石漠化，中国林业出版社，2020.

9、唐光大（共同主编），曾宪锋，庄雪影，刘全儒，邱贺媛主编. 广东东部植物区系与植物群落研究. 科学出版社，北京，2011.

10、唐光大(参编)，陆耀东，赖惠清，李镇魁，邓钊平主编. 观赏珍稀濒危植物. 广东科技出版社，广州，2011.

11、唐光大(参编)，《深圳植物志》编辑委员会. 深圳植物志(第二卷)，中国林业

出版社, 北京, 2010.

12、施诗(参编), 廖文波主编. 中国井冈山地区原色植物图谱(双语). 科学出版社. 2018.

13、李玉玲(参编), 中国热带雨林地区植物图鉴-海南植物. 华中科技大学出版社, 武汉, 2014.

14、李玉玲(参编), 南岭国家级自然保护区植物区系与植被. 华中科技大学出版社, 武汉, 2013.

15、李玉玲(参编), 海南植物物种多样性编目. 华中科技大学出版社, 武汉, 2012.

16、李玉玲(参编), 南岭植物物种多样性编目. 华中科技大学出版社, 武汉, 2011.

项目组成员发表的教改论文及相关研究论文:

1、唐光大, 庄雪影, 黄久香, 姜春宁, 郑明轩, 秦新生. “树木学”课程教学改革的探索. 中国林业教育. 2014, 23(2): 72-75.

2、廖苗, 曾思金, 唐光大. 基于分子证据确认秦岭藤属与驼峰藤属(夹竹桃科)的系统位置. 广西植物. 2022. DOI: 10.11931/guihaia.gxzw202108036.

3、Rui-Zhou Huang; Miao Liao; Wei Han; Yuan-Zhi Yang; Ming-Yi Zhou; Han-Hua Feng, **Guang-Da Tang***. *Lysimachia daqiaoensis* (Primulaceae), a new cave species from Guangdong, China. Phytotaxa 2020, 430 (1): 041-045.

4、**Guang-Da Tang**, Jun-Fang Liu, Lin Huang, Chu-Meng Zhu, Christopher P.RANDLE, Wen-Bin YU. Molecular and morphological analyses support the transfer of *Gleadovia kwangtungensis* to Christisonia (Orobanchaceae) as a separate species *Christisonia kwangtungensis*. Systematic botany 2019, 44(1):74-82.

5、库禾梅, 陈建军, 陈志民, 羊海军, 劳媚媚. 虚实结合推进跨学科公共基础实验教学平台的建设实践. 实验技术与管理, 2019, 36(08): 206-210.

6、方颖, 羊海军, 陈建军. 高校植物学实验教学改革与探索——以农林专业类实践创新人才培养为例. 高教探索, 2018(07): 48-50.

7、崔大方, 羊海军, 喻新华, 徐泓涛, 白建友. 农科植物学精品课程建设的探索与实

践. 高等农业教育, 2008(12): 50-52.

8、Dipak Khadka, Man Kumar Dhamala, Feifei Li, Prakash Chandra Aryal, Pappu Rana Magar, Sijar Bhatta, Manju Shree Thakur, Anup Basnet, Dafang Cui*, **Shi Shi***. (2021). The Use of Medicinal Plants to Prevent COVID-19 in Nepal, Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine, 17(1): 1-17.

9、**Shi Shi**[#], Haijun Yang[#], Xuefen Wei, Qianyu Liang, Xindong Yang, Xianxing Zeng, Chonglin Xie, Liubao Chen, Qinghua Huang, Guohong Zeng, Zhurong Jiang, Han Xu*, Jiuxiang Huang*. (2021). *Gastrodia qingyunshanensis* (Orchidaceae: Epidendroideae)—a new holomycotrophic orchid from Guangdong, China. *Phytotaxa*, 483(2): 177-182.

10、**Yuling Li**, Yi Tong, Deping Ye, Gang Yao & Fuwu Xing*. *Oberonia integrilabris* (Orchidaceae), a new species from China. *Phytotaxa*, 2020, 432(1): 104-110.

11、Wenhui Tu, Bingmou Wang, Yi Huang, Gang Yao, Jiuxiang Huang, **Yuling Li***. *Begonia guangdongensis*, a new species of Begonia(Begoniaceae) from Guangdong, China. *Phytokeys*, 2020, 162: 29-36.

12、**Zhuoxin Zhang**, Shilong Chen, Richard J. Gornall*. Morphology and Anatomy of the Exine in *Saxifraga* (Saxifragaceae), *Phytotaxa*, 2015, 212(2): 105-132.

13、**Zhuoxin Zhang**, Nianhe Xia, Richard J. Gornall*. Leaf Venation Patterns in the Genus *Saxifraga* (Saxifragaceae), *Phytotaxa*, 2015, 221(2): 123-136.

14、**Zhuoxin Zhang**, Richard J. Gornall*. Systematic Significance of Pollen Nucleus Number in the Genus *Saxifraga* (Saxifragaceae), *Plant Systematics and Evolution*, 2011, 295(2): 13-22.

2.单位对项目的支持情况（含有关政策、经费及其使用管理机制、保障条件等，可附有关文件），尚缺少的条件和拟解决的途径

2.1 单位对项目的支持情况

林学与风景园林学院具备良好的教学条件，并出台一系列政策支持教师开展教改工作。经过学院评审，小程序已获得 2021 年度大学生创新创业训练计划项目之创业训练项目的校级立项。项目组成员在单位每年都承担本科生《树木学》、《园林树木学》、《园林植物应用》、《植物学》等植物认知相关课程的教学工作，具备开展本教改项目所需要的研究条件。

2.2 尚缺少的条件和拟解决的途径

目前学校对于教育类科技项目的扶持较少，由于教育属于公益事业，在创新创业比赛活动或立项竞争中商业价值相对较低，导致立项等级较低或难以立项，因此获得资金支持力度不足。后续对项目的推广资金来源拟解决途径包括校企合作，及进行商业化运作，通过前期在校内扩大使用人数来增加商业价值，使项目有更多经济来源以支撑运作。

3. 项目负责人和项目组成员所承担的教学改革和科研项目情况

- （1）施诗（主持），张卓欣（参与），树木学（全英）。华南农业大学全英课程建设项目，2021—至今。
- （2）施诗（主持），张卓欣（参与），园林专业双语教学体系研究与改革——以《园林植物概论》双语课为例。华南农业大学教育教学研究和改革项目青年项目，2019-2020。
- （3）张卓欣（主持），虎耳草科虎耳草属石荷叶组的分类学研究。国家自然科学基金青年项目，2017—2019。
- （4）羊海军（参与），基于新农科人才培养为导向的植物生物学虚拟仿真金课建设实践与评价。中国高等教育学会，2021—2023。
- （5）唐光大（主持），海南尖峰岭、广东南岭资源环境与生物多样性调查。科技部基础资源调查专项子课题，2020—2023。

- (6) 李玉玲（主持），小叶鸛尾兰及其近缘类群的物种划分研究. 国家自然科学基金青年基金，2019—2021.
- (7) 李玉玲（主持），广东省野生兰科植物资源调查. 广东省林业局森林资源管理项目，2019—2020.

五、经费预算

预算经费总额		4000（元）	
序号	支出科目	预算	支出用途
1	出版/文献/信息传播/知识产权事务费	3000	论文版面费、广告推广费
2	数据采集费		
3	设备费及材料费	1000	课程活动所需纸质广告打印，横幅打印，购买遮阳伞等
4	差旅费		
5	咨询费		
6	其他支出		

六、单位意见²

所在单位意见：

该项目计划采用信息技术手段，进行农林学科实验实践教学方法创新，技术路线具有前沿性。其对教学平台的设计和开发具有前瞻性。由于已具备自主知识产权软件作为项目的支撑条件，且项目成员均为农林学科实验实践课程一线教学人员，该项目实施的可行性较大。

(公章)

单位负责人签字



2020年 9月 30日

²此页须签字盖章后扫描成 PDF 电子版。

植物学野外实习手册

主编

张荣京

郝

刚

张永夏



科学出版社
北 京

内 容 简 介

本书是在作者多年的植物学系列课程教学与研究的基础上编写而成的,涉及的植物种类以岭南地区为主,包括广东、广西、海南、香港、澳门、福建等地。本书介绍了野外实习基地的选择、组织纪律、分组与实习工具准备、野外安全与生存技能等准备工作,以及野外实习的方法,其中包括了植物群落调查方法,植物鉴定的方法与技巧,野生植物资源的分类与简易测定方法,并对600多种维管植物的识别要点、分布与功能进行了介绍,其中功能介绍中,重点介绍其药用功能及使用方法,附有图片1000余张。

本书可作为生物学、生态学、药用植物学、农学、林学、园艺、环境科学等相关专业学生的植物学室外实习教材,也可供从事野外调查的专业人员、植物爱好者、科普工作者等参考。

图书在版编目(CIP)数据

植物学野外实习手册 / 张荣京, 郝刚, 张永夏主编. —北京: 科学出版社, 2022.11

ISBN 978-7-03-073779-3

I. ①植… II. ①张… ②郝… ③张… III. ①植物学-教育实习-高等学校-教学参考资料 IV. ①Q94-45

中国版本图书馆CIP数据核字(2022)第217186号

责任编辑: 丛 楠 赵萌萌 / 责任校对: 严 娜

责任印制: 师艳茹 / 封面设计: 迷底书装

科学出版社出版

北京东黄城根北街16号

邮政编码: 100717

<http://www.sciencep.com>

北京九天鸿程印刷有限责任公司印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2022年10月第 一 版 开本: 787×1092 1/16

2022年10月第一次印刷 印张: 9 1/8

字数: 317 000

定价: 59.80元

(如有印装质量问题, 我社负责调换)

《植物学野外实习手册》编委会

主 编：张荣京 郝 刚 张永夏

副 主 编：黎 明 李富强 耿世磊 王永飞 崔晓东

其他编者：（按姓氏汉语拼音排序）

陈玉梅 成夏岚 董安强 龚 维 关瑞爱

何韩军 孔德鑫 李玉玲 刘 波 刘景山

彭 勇 石燕珍 王伟瑶 吴 飞 谢建光

徐晓峰 杨冬梅 羊海军 于立青 曾锦东

张 斌 郑希龙 郑雪萍 钟奇锋 朱文辉

主编单位：华南农业大学、深圳大学

参加单位：广东省林业政务服务中心、暨南大学、广东医科大学、仲恺农业工程学院、岭南师范学院、海南大学、广东龙门南昆山省级自然保护区、广东省东江林场、广州市天河区教师发展中心、广州天省实验学校、深圳市罗湖区滨河实验中学、广东江门幼儿师范高等专科学校、江门市第一中学

序



植物学野外实习是“植物学”系列课程的重要环节，也是生命科学、农林类等各专业本科教学的重要组成部分。野外实习并非单纯的植物识别，也不仅是为验证书本知识的实践，而是对学生动手操作、团队协作、野外生存等综合能力的培养和提升。同时强化学生实践技能训练和对思维能力的培养，对学生拓展生物学视野、活跃思维、激发科研兴趣、提升科研创新能力等都具有重要的作用。植物学系列课程多开设在大学一年级，为其他专业课的学习奠定基础。很多研究生曾跟我聊到，植物学野外实习是大学期间最难忘的活动之一。同时我深深感到，学生在大学期间对“植物学”及“植物学野外实习”等课程相关知识掌握的深度，会对研究生在研期间其学位论文能否顺利开展，并能否获得创新性科研成果产生重要影响。

华南地区地貌复杂，水、热条件优越，植被繁茂，植物资源十分丰富，很早就被记载到各类典籍中。其中永兴元年（304年）嵇含所著的《南方草木状》是我国最早的地方植物志，记载了广东分布的80多种植物；三国时期万震所著的《南州异物志》、晋代徐道覆所著的《罗浮山记》、清代屈大均编撰的《广东新语》、李调元编著的《南越笔记》、民国时期萧步丹编著的《岭南采药录》等均记载了部分华南地区的植物。新中国成立后，中国科学院华南植物园等单位对华南地区的植物进行了大规模的调查和专著的编研工作，出版了一系列具有影响力的专著，包括《广州植物志》《海南植物志》《广东植物志》《中国南海诸岛植物志》《澳门植物志》《中国热带雨林地区植物图鉴》《广东植物图鉴》《广东维管束植物多样性编目》《海南植物物种多样性编目》，以及广西植物研究所等单位编辑出版的《广西植物志》《广西植物名录》等专著，完成了华南地区植物多样性编目工作，为保护和利用华南地区的植物资源提供了宝贵的基础资料。同时也培养了一批从事植物分类学研究的专门人才。然而，目前针对华南地区植物学野外实习的教材却寥寥可数，以致华南地区的一些高校仍采用其他地区的野外



实习教材或沿用老旧且没有彩图的教本。诚然，植物分类学的人才培养必须要从大学开始，但目前该课程在大学的学时安排上却一减再减，且野外实习经费少之又少，严重制约着植物学的优质教学和高质量人才的培养。要改变轻视植物学基础知识教学、忽视学生实践技能训练的做法，首先就要组织编辑出版一系列具有生动形象、通俗易懂的植物学野外实习教材，以激发学生对植物学，尤其是分类学的学习热情和兴趣，从而提高学生的逻辑思维和归纳总结的能力。

华南农业大学早在上世纪初的前身中山大学农学院时，其植物学就成为开设最早、影响最大的课程之一。一代植物学大师陈焕镛、吴印禅、辛树帜、张宏达等教授曾亲自授课。2020年，该校植物学获得首批国家级一流课程建设项目。植物学野外实习一直是该课程建设的重要组成部分。《植物学野外实习手册》一书由华南农业大学和深圳大学的植物学教学团队主编、多家单位参编。该书作者张荣京、张永夏和郝刚等博士长期从事华南植物物种多样性调查研究，多年从事植物学教学工作，植物分类学专业基础扎实，野外工作经验丰富。他们积累了大量图片资料，为该书的出版提供了基本素材。该书系统介绍了植物学野外实习的准备与实施过程，并附有600多种华南地区维管植物的识别要点、分布及用途等，配有1000多幅精美图片。尤其在第五章中，对含羞草属、猴耳环属、金合欢属、崖豆藤属、葛属、榕属等属在华南地区分布种类进行了较全面的收录和识别要点描述，体现了很强的专业性。同时，也收录了部分城市园林中的重要栽培植物，扩大了受益人群。

该书既是教材，又是工具书，比较突出的特色有三个：一是其针对大一学生接受知识的特点，采用简洁、生动、富有趣味性的文字，配以大量彩图，结合课堂上所学的植物学基础知识，重点介绍华南地区主要植被类型中具有代表性的植物，强化学生的感性认识；二是该书对一些在野外容易混淆的物种进行了比较分析，提炼出识别要点，使学生在野外更能抓住各类群的关键特征，从而提高学生对植物分类学的学习兴趣；三是该书文字简明扼要，图片清晰、鉴定准确，是一部集实用性、科学性、艺术性和科普性于一体的著作。希望该书的出版能对我国南方地区的植物学教学与科研工作起到积极的推动作用，同时也为农、林、园艺、药学等从业人员，以及植物爱好者、生物科普工作者等提供重要的参考。

刘福武

中国科学院华南植物园研究员

2022年5月20日于广州

前 言



植物学野外实习是植物学教学中的重要组成部分，是生命科学类等本科生创新能力培养不可替代的环节。不但可以培养学生野外实践综合能力，还能激发学生探索自然奥秘的热情，增强生物多样性与生态环境保护意识和社会责任感。

岭南，即南岭以南，该地区位于热带亚热带，水热条件优越，生境类型多样，生物多样性极为丰富，是高等院校开展生物学野外实践的理想场所。

早在20世纪初时，植物学课程就成为华南农业大学的热门课程。近些年来，随着课程改革和创新人才培养的需要，华南农业大学植物学教学团队主编出版了《植物学》系列教材，并于2020年获得了首批国家级一流课程建设项目资助。为了加强实践教学，推进课程改革和发展，由华南农业大学与深圳大学联合多家兄弟院校长期承担野外实习教学、具有丰富教学经验的教师共同编写本教材，同时鉴于课程特点，也联合林业部门及中学的部分优秀工作者参与编写，以期令该书内容精炼、实用性强，从而扩大受益面。

本书主要由张荣京、郝刚、张永夏负责整体设计和编写组织；照片主要由张荣京拍摄，部分由张永夏、李富强提供。图鉴部分种子植物的编排主要参考哈钦松系统，科内按学名字母顺序排列；图鉴之后配有中文名和拉丁名索引。

本书编写得到华南农业大学《植物学》国家级一流课程建设项目、广东省省级植物学野外实习基地项目、华南农业大学/深圳大学教育教学改革系列项目、国家中医药管理局全国中药资源普查项目（No. GZY-KJS-2018-004）、国家自然科学基金项目（41471046、31870287）等的支持。

鉴于编者水平有限，文中不足与疏漏在所难免，恳请广大读者提出宝贵意见，以便修正。

编 者

2022年4月

目 录



序

前言

第一章 野外实习准备	1
第一节 实习基地的选择	2
第二节 组织纪律和要求	3
第三节 分组与实习工具准备	4
第四节 野外安全与生存技能	5
第二章 野外实习的方法	9
第一节 标本采集与制作方法	10
第二节 标本制作	11
第三节 植物群落调查方法	16
第三章 植物鉴定	19
第一节 常用种子植物形态学术语	20
第二节 鉴定依据与技巧	23
第三节 植物检索表的类型和使用	25
第四节 华南地区部分常见被子植物科的识别要点	26
第四章 野生植物资源的分类与简易测定	33
第五章 华南常见维管植物图鉴	37

蕨类植物

蛇足石杉·····	38	鞭叶铁线蕨·····	44
藤石松·····	38	扇叶铁线蕨·····	44
铺地蜈蚣·····	39	华南毛蕨·····	45
深绿卷柏·····	39	单叶新月蕨·····	45
翠云草·····	39	巢蕨·····	45
笔管草·····	40	乌毛蕨·····	46
华南紫萁·····	40	苏铁蕨·····	46
芒萁·····	40	胎生狗脊·····	46
中华里白·····	41	肾蕨·····	47
曲轴海金沙·····	41	燕尾蕨·····	47
金毛狗·····	41	崖姜·····	48
大叶黑桫欏·····	42	短柄禾叶蕨·····	48
团叶鳞始蕨·····	42	伏石蕨·····	48
乌蕨·····	42	断线蕨·····	49
栗蕨·····	43	江南星蕨·····	49
半边旗·····	43	贴生石韦·····	50
蜈蚣草·····	43	石韦·····	50
卤蕨·····	44	满江红·····	50

裸子植物

苏铁·····	51	池杉·····	54
异叶南洋杉·····	51	福建柏·····	54
广东五针松·····	52	鸡毛松·····	54
马尾松·····	52	长叶竹柏·····	55
杉木·····	53	罗汉松·····	55
落羽杉·····	53	罗浮买麻藤·····	55

被子植物

荷花玉兰·····	56	含笑·····	57
白兰·····	56	野含笑·····	57
黄兰·····	56	二乔玉兰·····	57

异形南五味子·····	58	弯曲碎米荠·····	68
喙果皂帽花·····	58	葶菜·····	68
皂帽花·····	58	堇菜·····	69
假鹰爪·····	59	三色堇·····	69
大花紫玉盘·····	59	黄花倒水莲·····	69
紫玉盘·····	59	圆锥花远志·····	70
无根藤·····	60	齿果草·····	70
阴香·····	60	落地生根·····	70
樟·····	60	洋吊钟·····	71
大萼木姜子·····	61	鸡眼梅花草·····	71
山苍子·····	61	锦地罗·····	71
潺槁木姜子·····	61	荷莲豆·····	72
假柿木姜子·····	62	海马齿·····	72
威灵仙·····	62	松叶牡丹·····	72
禺毛茛·····	62	土人參·····	73
红睡莲·····	63	毛蓼·····	73
齿叶白睡莲·····	63	头花蓼·····	73
王莲·····	63	火炭母·····	74
木防己·····	64	杠板归·····	74
粉叶轮环藤·····	64	美洲商陆·····	74
苍白秤钩风·····	64	蕾芬·····	75
粪基笃·····	65	土荆芥·····	75
烟斗马兜铃·····	65	土牛膝·····	75
海南马兜铃·····	65	空心莲子草·····	76
海南线果兜铃·····	66	刺苋·····	76
猪笼草·····	66	皱果苋·····	76
草胡椒·····	66	青葙·····	77
假蒟·····	67	落葵·····	77
蕞菜·····	67	酢浆草·····	77
草珊瑚·····	67	红花酢浆草·····	78
臭矢菜·····	68	华凤仙·····	78

海南凤仙花·····	78	四季秋海棠·····	88
非洲凤仙花·····	79	量天尺·····	89
香膏萼距花·····	79	杜鹃红山茶·····	89
细叶萼距花·····	79	米碎花·····	89
圆叶节节菜·····	80	大头茶·····	90
无瓣海桑·····	80	大果核果茶·····	90
水龙·····	80	木荷·····	90
草龙·····	81	毛花猕猴桃·····	91
毛草龙·····	81	黄毛猕猴桃·····	91
黄花小二仙草·····	81	水东哥·····	91
大聚藻·····	82	坡垒·····	92
土沉香·····	82	青梅·····	92
毛瑞香·····	82	肖蒲桃·····	92
了哥王·····	83	岗松·····	93
细轴堯花·····	83	红千层·····	93
宝巾·····	83	尾叶桉·····	93
1) 红宝巾·····	84	白千层·····	94
2) 橙宝巾·····	84	桃金娘·····	94
3) 花叶白花簕杜鹃·····	84	海南蒲桃·····	94
锡叶藤·····	84	洋蒲桃·····	95
天料木·····	85	地菰·····	95
红花天料木·····	85	野牡丹·····	95
怪柳·····	85	毛茛·····	96
鸡蛋果·····	86	巴西野牡丹·····	96
龙珠果·····	86	使君子·····	96
细柱西番莲·····	86	木榄·····	97
红瓜·····	87	秋茄·····	97
金瓜·····	87	黄牛木·····	97
绞股蓝·····	87	田基黄·····	98
马脑儿·····	88	多花山竹子·····	98
盾叶秋海棠·····	88	布渣叶·····	98

水石榕·····	99	白饭树·····	109
毛果杜英·····	99	毛果算盘子·····	109
猴欢喜·····	99	血桐·····	109
刺果藤·····	100	白背叶·····	110
山芝麻·····	100	白楸·····	110
雁婆麻·····	100	余甘子·····	110
火索麻·····	101	烂头钵·····	111
翻白叶树·····	101	蓖麻·····	111
窄叶半枫荷·····	101	山乌柏·····	111
两广梭罗·····	102	千年桐·····	112
假苹婆·····	102	牛耳枫·····	112
木棉·····	102	常山·····	112
美丽异木棉·····	103	钟花樱花·····	113
黄葵·····	103	重瓣绯寒樱·····	113
木芙蓉·····	103	广州樱·····	113
朱槿·····	104	蛇莓·····	114
1) 佳丽中玫瑰·····	104	石斑木·····	114
2) 金球朱槿·····	104	金樱子·····	114
3) 粉红朱槿·····	104	高粱泡·····	115
白背黄花稔·····	105	白花悬钩子·····	115
榛叶黄花稔·····	105	锈毛莓·····	115
地桃花·····	105	浅裂锈毛莓·····	116
粘木·····	106	深裂锈毛莓·····	116
红背山麻杆·····	106	大叶相思·····	116
银柴·····	106	台湾相思·····	117
秋枫·····	107	马占相思·····	117
黑面神·····	107	猴耳环·····	117
土蜜树·····	107	亮叶猴耳环·····	118
毛果巴豆·····	108	薄叶猴耳环·····	118
飞扬草·····	108	槭藤·····	118
海漆·····	108	南洋楹·····	119



银合欢·····	119	昆明鸡血藤·····	129
簕仔树·····	119	牛大力·····	130
巴西含羞草·····	120	禾雀花·····	130
含羞草·····	120	海南红豆·····	130
龙须藤·····	120	毛排钱草·····	131
首冠藤·····	121	紫檀·····	131
羊蹄甲·····	121	葛·····	131
宫粉羊蹄甲·····	121	葛麻姆·····	132
红花羊蹄甲·····	122	三裂叶葛藤·····	132
白花洋紫荆·····	122	田菁·····	132
春云实·····	122	圭亚那笔花豆·····	133
腊肠树·····	123	白灰毛豆·····	133
凤凰木·····	123	灰毛豆·····	133
中国无忧树·····	123	猫尾草·····	134
决明·····	124	美花狸尾豆·····	134
广州相思子·····	124	蕈树·····	134
毛相思子·····	124	枫香树·····	135
蔓草虫豆·····	125	红欏木·····	135
小刀豆·····	125	红花荷·····	135
猪屎豆·····	125	黧蒴锥·····	136
钩状猪屎豆·····	126	红锥·····	136
藤黄檀·····	126	印度锥·····	137
香港黄檀·····	126	烟斗柯·····	137
降香黄檀·····	127	紫玉盘柯·····	137
鱼藤·····	127	木麻黄·····	138
大叶山蚂蝗·····	127	朴树·····	138
假地豆·····	128	光叶山黄麻·····	138
刺桐·····	128	山黄麻·····	139
大叶千斤拔·····	128	枸树·····	139
香花崖豆藤·····	129	高山榕·····	139
海南崖豆藤·····	129	大果榕·····	140

天仙果·····	140	佛手柑·····	150
黄毛榕·····	140	楝叶吴茱萸·····	151
台湾榕·····	141	三桠苦·····	151
粗叶榕·····	141	九里香·····	151
对叶榕·····	141	筋椴花椒·····	152
薜荔·····	142	两面针·····	152
舶梨榕·····	142	鸦胆子·····	152
变叶榕·····	142	牛筋果·····	153
牛筋藤·····	143	橄榄·····	153
苎麻·····	143	毛麻楝·····	153
糯米团·····	143	苦楝·····	154
蔓赤车·····	144	倒地铃·····	154
小叶冷水花·····	144	龙眼·····	154
葎草·····	144	复羽叶栾树·····	155
梅叶冬青·····	145	无患子·····	155
铁冬青·····	145	伯乐树·····	155
中华卫矛·····	145	岭南槭·····	156
鞘花寄生·····	146	盐肤木·····	156
小叶梨果寄生·····	146	野漆树·····	156
广寄生·····	146	小叶红叶藤·····	157
枫香槲寄生·····	147	黄杞·····	157
瘤果槲寄生·····	147	黄毛槲木·····	157
寄生藤·····	147	变叶树参·····	158
檀香·····	148	白筋·····	158
多花勾儿茶·····	148	鹅掌柴·····	158
毛叶雀梅藤·····	148	积雪草·····	159
广东蛇葡萄·····	149	刺芹·····	159
角花乌菰莓·····	149	天胡荽·····	159
异叶爬山虎·····	149	吊钟花·····	160
山油柑·····	150	锦绣杜鹃·····	160
香椽·····	150	映山红·····	160

罗浮柿·····	161	黄花夹竹桃·····	171
毛柿·····	161	络石·····	171
蛋黄果·····	161	匙羹藤·····	172
走马胎·····	162	球兰·····	172
矮紫金牛·····	162	石萝藦·····	172
山血丹·····	162	娃儿藤·····	173
虎舌红·····	163	水团花·····	173
莲座紫金牛·····	163	白果香楠·····	173
罗伞树·····	163	猪肚木·····	174
酸藤子·····	164	山石榴·····	174
白花酸藤子·····	164	梔子·····	174
鲫鱼胆·····	164	伞房花耳草·····	175
喙果安息香·····	165	白花蛇舌草·····	175
中华安息香·····	165	牛白藤·····	175
越南山矾·····	165	粗毛耳草·····	176
白背枫·····	166	斜基粗叶木·····	176
灰莉·····	166	鸡眼藤·····	176
断肠草·····	166	玉叶金花·····	177
牛眼马钱·····	167	团花·····	177
扭肚藤·····	167	毛鸡矢藤·····	177
青藤仔·····	167	九节·····	178
茉莉花·····	168	蔓九节·····	178
山指甲·····	168	阔叶丰花草·····	178
软枝黄蝉·····	168	丰花草·····	179
黄蝉·····	169	接骨草·····	179
长春花·····	169	南方莢迷·····	179
海芒果·····	169	珊瑚树·····	180
山橙·····	170	常绿莢莲·····	180
夹竹桃·····	170	藿香蓟·····	180
红鸡蛋花·····	170	青蒿·····	181
羊角拗·····	171	白花鬼针草·····	181

飞机草·····	181	卵叶半边莲·····	192
野菊·····	182	草海桐·····	192
野苘蒿·····	182	小花琉璃草·····	192
鱼眼菊·····	182	大尾摇·····	193
鳢肠·····	183	矮牵牛·····	193
地胆草·····	183	苦蕒·····	193
白花地胆草·····	183	小酸浆·····	194
菊芹·····	184	牛茄子·····	194
薇甘菊·····	184	海南茄·····	194
阔苞菊·····	184	水茄·····	195
翼茎阔苞菊·····	185	南方菟丝子·····	195
假臭草·····	185	蕹菜·····	195
鼠曲草·····	185	五爪金龙·····	196
豨莶·····	186	牵牛·····	196
裸柱菊·····	186	紫心叶薯·····	196
金钮扣·····	186	厚藤·····	197
金腰箭·····	187	三裂叶薯·····	197
蒲公英·····	187	金钟藤·····	197
肿柄菊·····	187	篱栏网·····	198
毒根斑鸠菊·····	188	掌叶鱼黄草·····	198
咸虾花·····	188	毛麝香·····	198
蟛蜞菊·····	188	岭南来江藤·····	199
黄鹌菜·····	189	旱田草·····	199
罗星草·····	189	野甘草·····	199
五岭龙胆·····	189	单色蝴蝶草·····	200
星宿菜·····	190	黄花蝴蝶草·····	200
大车前草·····	190	野菰·····	200
桃叶金钱豹·····	190	黄花狸藻·····	201
半边莲·····	191	圆叶挖耳草·····	201
线萼山梗菜·····	191	红花芒毛苣苔·····	201
铜锤玉带草·····	191	双片苣苔·····	202

冠萼线柱苣荬	202	石芥苳	212
毛黄钟木	202	罗藊	213
蓝花楹	203	丁香罗藊	213
猫尾木	203	水珍珠菜	213
炮仗花	203	血见愁	214
老鼠簕	204	皇冠草	214
假杜鹃	204	冠果草	214
狗肝菜	204	鸭跖草	215
水蓑衣	205	聚花草	215
黄脉爵床	205	野蕉	215
大花山牵牛	205	地涌金莲	216
杜虹花	206	草豆蔻	216
枇杷叶紫珠	206	益智	216
红紫珠	206	黄花大苞姜	217
灰毛大青	207	闭鞘姜	217
臭茉莉	207	白姜花	217
白花灯笼	207	红球姜	218
楨桐	208	尖苞柊叶	218
龙吐珠	208	狐尾天冬	218
假连翘	208	山菅兰	219
马缨丹	209	萱草	219
蔓马缨丹	209	海南七叶一枝花	219
假马鞭	209	凤眼蓝	220
黄荆	210	箭叶雨久花	220
金疮小草	210	剑叶梭鱼草	220
广防风	210	菝葜	221
肾茶	211	土茯苓	221
短柄吊球草	211	粉背菝葜	221
吊球草	211	石菖蒲	222
益母草	212	海芋	222
凉粉草	212	刺芋	222

春羽·····	223	田葱·····	233
石柑子·····	223	多花脆兰·····	233
蜈蚣藤·····	223	花叶开唇兰·····	234
白蝶合果芋·····	224	无叶兰·····	234
犁头尖·····	224	竹叶兰·····	234
狭叶香蒲·····	224	流苏贝母兰·····	235
百子莲·····	225	建兰·····	235
红花文殊兰·····	225	密花石斛·····	235
文殊兰·····	225	美冠兰·····	236
朱顶兰·····	226	地宝兰·····	236
水鬼蕉·····	226	橙黄玉凤花·····	236
韭兰·····	226	鹤顶兰·····	237
射干·····	227	石仙桃·····	237
巴西鸛尾·····	227	火焰兰·····	237
大青薯·····	227	苞舌兰·····	238
黄独·····	228	香港绶草·····	238
红边朱蕉·····	228	纯色万代兰·····	238
海南龙血树·····	228	浆果藁草·····	239
剑叶龙血树·····	229	蕨状藁草·····	239
假槟榔·····	229	扁穗莎草·····	239
槟榔·····	229	异型莎草·····	240
三药槟榔·····	230	碎米莎草·····	240
霸王棕·····	230	纸莎草·····	240
鱼尾葵·····	230	毛轴莎草·····	241
短穗鱼尾葵·····	231	香附子·····	241
散尾葵·····	231	两歧飘拂草·····	241
蒲葵·····	231	黑莎草·····	242
软叶刺葵·····	232	三头水蜈蚣·····	242
露兜树·····	232	鳞籽莎·····	242
分叉露兜·····	232	二花珍珠茅·····	243
茼蒿薯·····	233	凤尾竹·····	243

毛竹·····	243	类芦·····	246
地毯草·····	244	两耳草·····	247
竹节草·····	244	象草·····	247
光头稗·····	244	芦苇·····	247
稗·····	245	斑茅·····	248
牛筋草·····	245	棕叶狗尾草·····	248
牛虱草·····	245	皱叶狗尾草·····	248
红毛草·····	246	粽叶芦·····	249
芒·····	246		
主要参考文献·····		250	
中文名索引·····		251	
学名（拉丁名）索引·····			

关于国家自然科学基金资助项目批准及有关事项的通知

李玉玲 先生/女士：

根据《国家自然科学基金条例》的规定和专家评审意见，国家自然科学基金委员会（以下简称自然科学基金委）决定批准资助您的申请项目。项目批准号：

31800166，项目名称：小叶鸢尾兰及其近缘类群的物种划分研究，直接费用：27.00万元，项目起止年月：2019年01月至2021年12月，有关项目的评审意见及修改意见附后。

请尽早登录科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsf.gov.cn>），获取《国家自然科学基金资助项目计划书》（以下简称计划书）并按要求填写。对于有修改意见的项目，请按修改意见及时调整计划书相关内容；如对修改意见有异议，须在计划书电子版报送截止日期前提出。

计划书电子版通过科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsf.gov.cn>）上传，由依托单位审核后提交至自然科学基金委进行审核。审核未通过者，返回修改后再行提交；审核通过者，打印为计划书纸质版（一式两份，双面打印），由依托单位审核并加盖单位公章后报送至自然科学基金委项目材料接收工作组。计划书电子版和纸质版内容应当保证一致。向自然科学基金委提交和报送计划书截止时间节点如下：

- 1、提交计划书电子版截止时间为**2018年9月11日16点**（视为计划书正式提交时间）；
- 2、提交计划书电子修改版截止时间为**2018年9月18日16点**；
- 3、报送计划书纸质版截止时间为**2018年9月26日16点**。

请按照以上规定及时提交计划书电子版，并报送计划书纸质版，未说明理由且逾期不报计划书者，视为自动放弃接受资助。

附件：项目评审意见及修改意见表

国家自然科学基金委员会
生命科学部
2018年8月16日

附件：项目评审意见及修改意见表

项目批准号	31800166	项目负责人	李玉玲	申请代码1	C020201
项目名称	小叶鸢尾兰及其近缘类群的物种划分研究				
资助类别	青年科学基金项目	亚类说明			
附注说明					
依托单位	华南农业大学				
直接费用	27.00 万元	起止年月	2019年01月 至 2021年12月		
通讯评审意见： <1>兰科是分类尤其困难的一个大类群，本项目以鸢尾兰属中的小叶鸢尾兰复合体为研究对象，通过基因组浅层测序这一主要研究手段，结合形态学数据和生态因子开展该属的系统学研究，最终澄清其物种划分疑难。申请人研究基础扎实，且一直从事兰科植物的分类学研究，对研究类群熟悉，有较好的研究积累，项目组成员较为合理。但有两点建议： 1. 所用基因组数据是叶绿体，线粒体还是核基因都用或是其中某一个？需要交待清楚。尤其要注意具有不同遗传背景分子标记的应用。 2. 鸢尾兰属已获得过一个国家自然科学基金的分类修订资助，本项目中重点对小叶鸢尾兰复合群进行研究，类群相对较小，对于后续持续深入研究可能会受到限制。建议作者以整个属为研究对象，首先明确小叶鸢尾兰复合群是否为一个单系类群？这样才有可能开展后面的相关研究工作。另外，如申请人所说，小叶鸢尾兰复合群在鉴别上存在问题，如何保证实验材料的可靠性（鉴定是否准确）也是在实操过程中需要尤其注意的。 <2>本项目拟在野外考察的基础上，以居群概念和统计学方法对小叶鸢尾兰及其近缘类群开展物种划分开展研究，讨论该复合群的分类问题，有一定的研究价值。 研究内容基本合适，研究重点突出，所选择的关键问题准确。总体研究方案和技术路线合理，可行。 项目主持人在博士学习期间对鸢尾兰属开展了研究，具有较好的积累和研究基础，有较好的研究能力。 <3>该申请书论述比较明确，问题交代相对比较清楚。 请申请人注意：第一，国外相关的类群没有提及如何处理，也没有注意到这些问题类群是否在国外有分布；但是申请书又提出去国外采集材料。第二，申请人列出的标本馆（室）以前都基本研究过，但是这里并没有给出详细研究的具体理由；还有台湾的标本馆，除了台湾大学（TAI）之外，林业试验研究所的标本馆（TAIF）以及日本的其他相关标本馆（如国立科学博物馆等）也要考虑；但是申请书看不到具体要解决的类群，不知何故？第三，申请书看不到具体的困难与难点所在，不知道是有问题还是没有问题？ 修改意见： 生命科学部 2018年8月16日					

广东省野生动植物保护管理项目

合 同 书

项目编号: _____

项目名称: 广东省野生兰科植物资源调查（深圳、惠州、珠海、
东莞、中山、阳江、江门等地区）

项目承担单位: 华南农业大学

项目负责人: 李玉玲 联系电话: 15625052587

项目联系人: 李玉玲 联系电话: 15625052587

项目起止年限: 2019 年 5 月 至 2020 年 4 月

广东省林业局

2019 年 04 月

填写说明

1. 本合同书为广东省野生动植物保护管理项目专用，合同甲方为项目管理部门——广东省林业局野生动植物保护处，乙方为项目承担单位。

2. 合同书由项目承担单位填写，省林业局野生动植物保护处与项目承担单位签订。

3. 项目编号按下达的编号填写。

4. 项目申报时承诺配套或自筹资金的必须按比例落实，否则不予签订合同书。

5. 合同书一律用仿宋体四号字体填写，A4 纸双面打印。

6. 本合同书 1 式 4 份，分别保存于项目管理部门、项目承担单位。

项目信息表

项目编号												
项目名称		广东省野生兰科植物资源调查（深圳、惠州、珠海、东莞、中山、阳江、江门等地区）										
项目承担单位	单位名称	华南农业大学										
	单位负责人	刘雅红		职务		校长		技术职称		教授		
	单位所在地	广东省 广州市 天河 县（市、区）										
	通讯地址	广州市天河区五山路 483 号						邮编		510642		
	单位类别	☒ 事业单位 ☐ 大专院校 ☐ 科研院所 ☐ 企业 ☐ 社会组织 ☐ 其他										
	联系电话	020-38632413				E-mail		kjcgxk@scau.edu.cn				
	归口管理单位	广东省教育厅										
其他主要参加单位	序号	单 位 名 称										
	1	深圳市兰科植物保护研究中心										
项目负责人	姓 名	李玉玲		性 别		☐ 男 ☒ 女		出生年		1987		
	学 历	☒ 研究生 ☐ 大学 ☐ 大专 ☐ 中专 ☐ 其他										
	学 位	☒ 博士 ☐ 硕士 ☐ 学士										
	职 称	☐ 高级 ☒ 中级 ☐ 初级 ☐ 其他										
	联系电话	15625052587				E-mail		ylli@scau.edu.cn				
	联系人	李玉玲				E-mail		ylli@scau.edu.cn				
项目组人数		3 人		高级	2 人		中级	人		初级	人 其他 7 人	
起始时间		2019 年 5 月				终止时间		2020 年 4 月				
项目类型		☐ 基本建设类 ☒ 科学研究类 ☐ 应用开发 ☐ 其它										
主要研究内容 (200 字以内)		本项目拟对广东省的野生兰科植物进行专项调查、监测，调查其分布、生存状况，摸清广东地区野生兰科植物的种类、种群动态、主要受威胁状况和地理分布等，逐步建立和完善资源数据库和信息管理档案，构建广东省兰科植物资源地理信息，为全国有效保护、持续利用、科学管理兰科野生植物资源提供决策依据，为建立全国野生植物资源本底数据库提供数据支持，为珍稀濒危野生植物基因库的保存和目的物种的有效保护提供依据。										
预期成果		☐ 专 利 ☐ 技术标准 ☐ 新产品 ☐ 新工艺 ☐ 新材料 ☐ 计算机软件 ☐ 论文论著 ☒ 研究报告 ☒ 其他										
预期知识产权		获得国家发明专利____项，其他专利____项。										
预期技术标准制定		☐ 国际标准 ☐ 国家标准 ☐ 行业标准 ☐ 地方标准 ☐ 企业标准										
经费 预算	总预算	30 万元，其中省财政资金 30 万元，地方财政__万元，其他__万元。										

一、项目实施内容（1、主要内容；2、要解决的主要技术难点和问题；3、创新点）

1.1 项目实施主要内容

1.1.1 野外调查方法

1.1.1.1 项目调查区域、样方数量和分布

本项目的调查范围覆盖广东省珠三角地区的 7 个城市，拟设 2000 个样方。结合《Flora of China》、《广东植物志》、《广东珍稀濒危植物》等专著和《广东省第二次全国重点保护野生植物资源调查名录》等相关文献资料，对广东省全境的野生兰科植物进行调查。调查内容主要以生境调查和兰科植物调查为主，同时拍摄生境、兰科植物照片。在兰科植物的主要分布区设置监测点，记录其种群动态。

1.1.1.2 调查方法

项目计划 2019 年本底资源调查阶段以专家团队为主，同时进行人工智能识别等技术（AI）开发和使用，完善 AI 技术。2020 年监测阶段，AI 开发逐步完善成熟，以 AI 使用为主，专家为辅。

通过路线法等开展野外工作，记录兰科植物的种类和分布情况，结合已有历史资料，彻底了解和掌握调查区域的兰科植物的种类及其地理分布，初步了解每个物种数量状况；同时设定设置固定样方，开展样方调查，为后期监测工作奠定基础。

1.1.1.3 调查样线规划

1) 准备阶段

在项目起始阶段，搜查调查地区的兰科植物资源调查资料、相关植被、土壤、气候等自然生境资料以及社会经济资料等，了解该地区以前的调查结果以及相关自然地理分布等，为野外实地调查的路线设计提供科学依据。主要包括以下几个方面：

广东省第二次全国重点保护野生植物资源调查成果；

搜集有关野生兰科植物资源调查、利用等现状和历史资料，包括标本信息、数据库、专著、文章及报告等；

广东省各保护区综合科学考察和总体规划的成果资料；

各保护区、森林公园、湿地公园等本底资源调查数据；

广东省地形图（不小于 1:5 万）与广东省行政区划图；高分辨率卫星

遥感图像以及相关的基础地理信息数据。

搜集有关植被、土壤、气候等自然环境条件的文字资料和图件资料，包括植被的分布图，土壤分布图等；

各县（市、区）包括气候、水文、地质、地貌、社会经济等基础资料。

2) 路线规划

在兰科植物适宜生境设置样线；

样线长度为一个工作日内能完成的最大长度，观察范围为行进路线两侧 10 m；

尽量利用已有的保护区监测巡护线路。

1.1.1.4 样方设置和调查

1) 在调查的过程中，设置固定的小样方，样方大小 5m X 5m，需要进行固定标记予以标记；每个样方需要使用 GPS 进行定位和唯一编号，以获取样方所处的地理坐标，精确读取到秒，写作“东经 (E) xx° (度) xx' (分) xx'' (秒)”。每个样方之间的间距不少于 10 米。

2) 每个样方选定时，必须要有兰科植物，保护区内样方的设计，需要和保护区讨论后确定，确保通常沿着护林员的巡护路线设计；保护区外样方的主要依靠专家的意见进行设计，尽量考虑所在林业局的意见。

3) 样方的设计，尽量覆盖调查记载的兰科植物种类；

4) 在样方中，如果有附生兰科植物，还需要统计附生兰科植物。

5) 样方调查的内容包括兰科植物种类、数量、开花和结果植株比例，另外还需包括植被类型、坡向、土壤类型等。

1.1.1.5 数据上传

1) 在有移动网络信号的地方实时上传；

2) 每次样线调查结束回到驻地时，与数据库同步。

1.1.2 内业资料整理

1.1.2.1 资料的整理

外业结束后各调查小队对调查资料进行全面对照、整理和自检等，项目组进行抽检，达到质量要求后方可进行数据统计。

1.1.2.2 统计表

将调查数据等根据要求录入系统，并进行资源统计。

1.1.3 人员培训

国家林草局保护司统一组织培训。培训内容包括野生兰科植物的濒危

状况和保护价值、使用地图软件进行路线规划、基本的兰科植物识别、如何判定一个兰科植物的个体、摄影技术、任务分发和数据提交方法等。用在线课程的方式制作培训课程并向各省分发，专家团队在线答疑。

1.1.4 数据提交和初审

1) 租用阿里云，分省数据上传到云服务器，由该省专家初审后汇总到植物所；

2) 本省专家团队审核数据质量，并及时向调查部门反馈，协助解决调查中出现的问题。

1.2 要解决的主要技术难点和问题

1) 广东省内地形复杂多样，野生兰科植物物种数量多且分布区较为分散，如何设计最佳的调查路线是本项目要解决的技术难点；

2) 本项目计划在1年内完成200多条样线、2000个样方左右的调查任务，工作量稍大，如何合理高效地完成野外资源调查和监测工作也是本项目要解决的问题。

1.3 创新点

1) 首次系统地对广东省野生兰科植物资源进行专项调查，可为全国有效保护、持续利用、科学管理兰科野生植物资源提供决策依据，为珍稀濒危野生植物基因库的保存和目的物种的有效保护提供依据。

2) 首次采用人工智能识别等技术(AI)上传和收集野外调查数据，逐步建立和完善资源数据库和信息管理档案，可为建立全国野生植物资源本底数据库提供数据支持。

二、预期目标及考核指标（1、主要技术指标，如成果报告、技术标准、新技术、论文专著等数量、指标及其水平等；2、主要经济、社会、生态效益；3、其它指标）

2.1 项目实施预期目标及主要技术指标

- 1) 按任务计划完成 2000 个样方左右的调查任务；
- 2) 编写调查点的兰科植物资源调查报告；
- 3) 提交调查点的兰科野生植物资源数据；
- 4) 建立资源调查统计表，提交目的物种照片；
- 5) 发表相关科研论文 1 篇。

2.2 项目实施主要效益分析

所有的野生兰科植物均被列入《野生动植物濒危物种国际贸易公约》的保护范围，是我国的重点保护植物类群。通过本项目的实施，可掌握广东省兰科植物的野外资源状况、主要受威胁状况，逐步建立和完善资源数据库和信息管理档案，为全国有效保护、持续利用、科学管理兰科野生植物资源提供决策依据，为国家宏观决策、履行有关国际公约或义务、开展国际交流与合作等提供服务，为建立全国野生植物资源本底数据库提供数据支持，为珍稀濒危野生植物基因库的保存和目的物种的有效保护提供依据。对广东省以及全国的兰科植物保护与可持续利用具有重要的意义。

2.3 其它

华南农业大学是广东省高水平大学重点建设高校，具有林学和生物学等 40 个硕士和博士学位授权一级学科，项目主要参加单位深圳市兰科植物保护研究中心是博士后创新实践基地、广东省研究生培养示范基地和华南农业大学研究生培养示范基地，借助上述平台，通过项目实施建设一支具有植物分类学、林业生态学、植物保护学、分子生物系统等相关科学技术的科研团队，培养研究生 1-2 名。

三、项目进度和阶段目标		
项目实施时间		2019 年 5 月至 2020 年 4 月
开始日期	结束日期	主要工作内容
2019. 05	2019. 06	总结已有的调查资料, 并广泛收集相关文献资料、调查报告、标本信息和网络资源等, 获取目的调查点兰科植物分布情况、分布范围和分布面积, 确定本项目调查路线。
2019. 06	2020. 03	进行野外调查。调查内容主要以生境调查和目的物种调查为主, 同时拍摄生境、目的物种照片。在目的物种的主要分布区设置监测点。
2020. 03	2020. 4	对形成的成果资料进行全面的检查, 查漏补缺, 必要时抽取一定的外业调查点或调查样地, 到实地检查、核对; 通过 AI 人工智能系统对目的物种进行监测。
2020. 4	2020. 4	总结、分析调查数据, 形成调查报告, 发表相关科研论文 1 篇。

四、经费来源与支出预算

预算总经费	其中	
	申请专项资金经费	自筹或地方配套经费
万元	30 万元	/ 万元
支出科目	金额（万元）	支出说明
基建费	0	
1、直接费用	28.5	
（1）设备费	1	用于购置，数码相机 1 台
（2）材料费	2	用于购置野外调查和实验相关材料，包括硅胶、密封袋、标本夹、PVC 耗材、户外登山服、登山鞋等装备
（3）测试化验加工外协费	3.5	生理指标及部分 DNA 分子鉴定的分析测试费
（4）燃料动力费	0	
（5）差旅费	14	野外调查，样品采集费用
（6）会议费	2	参加相关国内学术会议和培训会议等
（7）对外合作与交流费	0	
（8）出版/文献/信息传播/知识产权事物费用	1	发表科研论文的润色费用和版面费用
（9）租赁费	0	
（10）人员费/劳务费	5	用于支出野外调查、监测点的临时聘用人员的酬劳
（11）专家咨询费	0	
（12）直接费用其他支出	0	
2、间接费用	1.5	项目管理费等支出
合 计	30	

注：各支出科目范围按国家和省财政规定、专项资金管理办法和申报指南执行。

财务部门负责人（签字）：

郑爱月

单位财务专用章： 20 年 月 日



五、实施机制（1、组织管理措施；2、任务分工及省财政专项经费分配；3、成果管理及权益分配）

1. 项目的组织管理措施

项目严格实行广东省专项经费管理试行办法，成立科研协作组，统一制定研究计划和方案，明确分工，权责清楚，形成稳定的研究团队，定期开展课题小结和讨论，确保各项任务按计划完成。

2. 项目参与单位的任务分工及省财政专项经费分配

由于本专项经费为国家林业和草原局全国重点保护野生植物资源调查项目的配套经费，因此本专项经费将与国家林草局全国重点保护野生植物资源调查项目的经费一起进行统筹分配。

省财政专项经费的分配情况如下：

项目参与单位	任务分配	经费分配
华南农业大学	完成东莞、珠海、阳江等地区的样方	约 21 万元
深圳市兰科植物保护研究中心	完成深圳、惠州、中山等地区的样方	约 9 万元

3. 成果管理及权益分配

本项目由华南农业大学和深圳市兰科植物保护研究中心合作完成，研究成果知识产权归双方及项目资助方共有。署名根据贡献大小协商确定。

六、项目承担单位、参加单位及项目负责人、主要参加人员

项目承担单位及总负责人（签章）：

主要参加单位（签章）：

项目负责人

姓 名	性 别	年 龄	职务/职称	从事专业	为本项目 工作时间 (%)	所在单位	签名
李玉玲	女	32	讲师/博士	植物分类	40	华南农业大学	李玉玲
陈利君	女	39	高级工程师	植物研究	40	深圳市兰科植物保护 研究中心	陈利君

主要参加人员

陈建兵	男	54	主任	项目协调统筹	20	深圳市兰科植物保护 研究中心	陈建兵
姚纲	男	34	副教授	系统发育	20	华南农业大学	姚纲
施诗	女	31	讲师/博士	植物分类	30	华南农业大学	施诗
涂文辉	男	23	研究生	植物分类	60	华南农业大学	涂文辉
刘卫荣	男	47	调查队主管	资源调查	50	深圳市兰科植物保护 研究中心	刘卫荣
陈旭辉	男	49	调查队主管	资源调查	50	深圳市兰科植物保护 研究中心	陈旭辉
林颖	女	20	本科生	森林资源保护	40	华南农业大学	林颖
李宇惠	男	19	本科生	林学	40	华南农业大学	李宇惠
郭宝沁	女	19	本科生	林学	40	华南农业大学	郭宝沁
邓斌	男	19	本科生	林学	40	华南农业大学	邓斌

七、共同条款

根据《中华人民共和国合同法》及广东省财政专项资金管理的有关要求，为顺利完成 2019-2020 年的广东省野生兰科植物资源调查项目计划任务，经协商一致，特订立本合同，各方共同遵守。

1. 甲方负责按合同要求做好经费核拨和工作协调，对项目实施、经费使用进行检查、监督和管理，并按动植物保护管理的有关要求组织项目验收鉴定。

2. 乙方负责按合同要求组织项目实施，对专项资金进行单独列账，按开支范围实行专款专用；并于每年 12 月 15 日向甲方提交本年度项目实施情况、经费决算的书面报告；项目完成后的 1 个月内向甲方提交项目实施情况总结报告；项目完成后的 3 个月内向甲方申请进行验收或鉴定材料。

3. 在履行合同过程中，一方发现可能导致项目失败或部分失败的情形时，应及时通知另一方，并采取适当措施减少损失，没有及时通知并采取适当措施，致使损失扩大，应当就扩大的损失承担责任。

4. 在合同执行过程中，乙方如需调整任务，应根据有关规定，向甲方提出变更内容及其理由的申请报告，经甲方审批同意后方可执行。

5. 乙方因某种原因致使计划无法执行，而要求中止合同，应视不同情况，部分、全部退还所拨经费；如乙方没有提出中止合同的要求，甲方可根据调查核实情况有权做出停拨、缓拨项目经费或中止合同、退回所拨经费的决定。

6. 乙方违反规定而造成项目工作停滞、延误或失败，在延期一年后仍不能通过验收的，应解除合同，乙方退还财政已核拨的经费，并自行承担

由此引起的损失。

7. 本项目技术成果的归属、转让和实施技术成果所产生的经济利益的分享，除各方另有约定处，按国家和省的有关法规执行。

8. 根据项目具体情况，经各方协商订立的技术保密条款、附加条款等作为合同文本的一部分。

9. 本合同的争议应由各方本着协商一致的原则解决，当合同需要更改或解除时，双方应订立变更条款或协议，需要仲裁和审理应在甲方所在地进行。

10. 本合同正式文本一式四份，甲方、乙方各二份，自签字之日起生效，有效期至项目验收后一年内。各方均应负合同规定的法律责任，不应受机构、人事变动而影响。

八、合同签约各方

(一) 项目管理部门 (甲方): 广东省林业局野生动植物保护处 (公章)

单位负责人 (签章):



联系人及电话:

年 月 日

(二) 项目承担单位 (乙方): (单位名称及公章)

单位负责人 (签章):



联系人及电话:

年 月 日

合同编号：

技术服务合同

项目名称： 广东省兰科植物资源调查和监测

委 托 方： 深圳市兰科植物保护研究中心

（甲 方）

受 托 方： 华南农业大学

（乙 方）

签订时间： 2018 年 1 月 26 日

签订地点： 深圳市兰科植物保护研究中心

有效期限： 2018 年 1 月 至 2018 年 12 月

中华人民共和国科学技术部印制

填 写 说 明

一、本合同为中华人民共和国科学技术部印制的技术服务合同示范文本，各技术合同认定登记机构可推介技术合同当事人参照使用。

二、本合同书适用于一方当事人（受托方）以技术知识为另一方（委托方）解决特定技术问题所订立的合同。

三、签约一方为多个当事人的，可按各自在合同关系中的作用等，在“委托方”、“受托方”项下（增页）分别排列为共同委托人或共同受托人。

四、本合同书未尽事项，可由当事人附页另行约定，并作为本合同的组成部分。

五、当事人使用本合同书时约定无需填写的条款，应在该条款处注明“无”等字样。

技术服务合同

委托方（甲方）： 深圳市兰科植物保护研究中心

住 所 地： 深圳市罗湖区望桐路 889 号

法定代表人： 刘仲健

项目联系人： 陈利君

联系方式： 13510471787

通讯地址： 深圳市罗湖区望桐路 889 号

电 话： 0755-25714089 传真： 0755-25711928

电子信箱： 76317140@qq.com

受托方（乙方）： 华南农业大学

住 所 地： 广州市天河区五山路 483 号

法定代表人： 陈晓阳

项目联系人： 李玉玲

通讯地址： 广州市天河区华南农业大学林学与风景园林学院

电 话： 15625052587 传真：

电子信箱： ylli@scau.edu.cn

本合同甲方委托乙方就 《广东省兰科植物资源调查和监测》 项目进行的专项技术服务，并支付相应的技术服务报酬。双方经过平等协商，在真实、充分地表达各自意愿的基础上，根据《中华人民共和国合同法》的规定，达成如下协议，并由双方共同恪守。

第一条：甲方委托乙方进行技术服务的内容如下：

1. 技术服务的目标：(1) 编写广东省兰科植物资源调查报告；(2) 提交目的物种照片和资源分布图；(3) 发表相关科研论文 1 篇（第一完成单位为深圳市兰科植物保护研究中心）。

2. 技术服务的内容：(1) 整理广东省兰科植物资源名录；(2) 收集和整理本项目调查的目的物种名录及分布点、分布面积和濒危程度等信息；(3) 对目标物种进行野外调查，获取目的物种照片、采集标本、分子材料和活体材料；(4) 制作目的物种资源分布图，编写广东省兰科植物资源调查报告。

3. 技术服务的方式：野外调查、数据处理，提交报告等。

第二条：乙方应按下列要求完成技术服务工作：

1. 技术服务地点：广东省内

2. 技术服务期限：2018 年 1 月 至 2018 年 12 月

3. 技术服务进度：(1) 2018 年 1 月-3 月，提交广东省兰科植物资源名录和本项目目的物种名录；(2) 2018 年 4 月-8 月：完成目的物种野外调查和采集工作，撰写相关论文 1 篇；(3) 2018 年 9 月-12 月：提交资料和照片，完成目的物种资源分布图的制作。

第三条：为保证乙方有效进行技术服务工作，甲方应当向乙方提供下列工作条件和协作事项：

1. 提供技术资料：

(1) 尽可能地提供已知兰科物种的相关资料信息（如分布点和分布面积等）

2. 提供工作条件：

配备兰科植物鉴定专家和野外考察队员各 1 人

3. 其他: 无。

4. 甲方提供上述工作条件和协作事项的时间及方式: 2018 年 1-12 月, 双方协商。

第四条: 甲方向乙方支付技术服务报酬及支付方式为:

1. 技术服务费总额为: 人民币壹拾玖万元整(190,000.00 元)。

2. 技术服务费由甲方 按以下方式 支付给乙方。

2.1 合同签订后 10 天内甲方通过银行转账支付乙方 80% 项目款, 即 壹拾伍万贰仟元整 (152,000.00 元)。

2.2 项目完成后, 乙方向甲方提交结题报告, 经甲方验收合格后 10 天内甲方通过银行转账支付乙方 20% 项目款, 即 叁万捌仟元整(38,000.00 元)。

2.3 乙方开户银行名称、地址和帐号:

开户银行: 中国工商银行广州五山支行

地 址: 广州市天河区五山路 448 号

帐 号: 3602002609000310520

第五条: 双方确定因履行本合同应遵守的保密义务如下:

甲方:

1. 保密内容 (包括技术信息和经营信息): 所有数据、报告。

2. 涉密人员范围: 与此项目相关的甲方技术人员。

3. 保密期限: 合同生效至本项目验收前。

4. 泄密责任：在保密期限间，不得对第三方公开，如发生涉密问题要立即采取补救措施，并及时向乙方通报。

乙方：

1. 保密内容(包括技术信息和经营信息)：所有数据、报告。

2. 涉密人员范围：与此项目相关的甲方技术人员。

3. 保密期限：合同生效至本项目验收完成后三年内。

4. 泄密责任：在保密期限间，不得对第三方公开，如发生涉密问题，承担一切由此引起的后果，事后应立即采取补救措施，并及时向甲方通报，根据情况承担相应赔偿责任。

第六条：本合同的变更必须由双方协商一致，并以书面形式确定。但有下列情形之一的，一方可以向另一方提出变更合同权利与义务的请求，另一方应当在10日内予以答复；逾期未予答复的，视为同意：

1. 甲方未按照规定时间提供项目开展所必须的资料等。

2. 乙方未按合同约定时间完成相关内容等。

第七条：双方确定以下列标准和方式对乙方的技术服务工作成果进行验收：

1. 乙方完成技术服务工作的形式：数据库资料、调查总结。。

2. 技术服务工作成果的验收标准：按照合同按时提交以下资料(1) 广东省兰科植物资源名录；

(2) 目的物种照片、采集标本、分子材料和活体材料；

(3) 目的物种资源分布图；

(4) 广东省兰科植物资源调查报告。

3. 技术服务工作成果的验收方法: 双方协商认定。

4. 验收的时间和地点: 2018年12月30日之前, 深圳市兰科植物保护研究中心。

第八条: 双方确定:

1. 在本合同有效期内, 甲方利用乙方提交的技术服务工作成果所完成的新的技术成果, 归双 (甲、双) 方所有。

2. 在本合同有效期内, 乙方利用甲方提供的技术资料和工作条件所完成的新的技术成果, 归双 (乙、双) 方所有。

第九条: 双方确定, 按以下约定承担各自的违约责任:

1. 乙 方违反本合同第二条约定, 应当终止合同。

第十条: 双方确定, 在本合同有效期内, 甲方指定陈利君为甲方项目联系人, 乙方指定李玉玲为乙方项目联系人。项目联系人承担以下责任:

1. 项目的开展、进程协调和费用支付等

2. 项目结题评审

一方变更项目联系人的, 应当及时以书面形式通知另一方, 未及时通知并影响本合同履行或造成损失的, 应承担相应的责任。

第十一条: 双方确定, 出现下列情形, 致使本合同的履行成为不必要或不可能的, 可以解除本合同:

1. 发生不可抗力;

第十二条: 双方因履行本合同而发生的争议, 应协商、调解解

保护第九中心
大
转用章
1)

决。协商、调解不成的，确定按以下第 2 种方式处理：

1. 提交_____仲裁委员会仲裁；
2. 依法向人民法院起诉。

第十三条：双方确定：本合同及相关附件中所涉及的有关名词和技术术语，其定义和解释如下：无。

第十四条：与履行本合同有关的下列技术文件，经双方确认后，为本合同的组成部分：无。

第十五条：双方约定本合同其他相关事项为：无。

第十六条：本合同一式 柒 份，具有同等法律效力。

第十七条：本合同经双方签字盖章后生效。

甲方：_____深圳市兰科植物保护研究中心_____（盖章）

法定代表人 / 委托代理人：_____仲佩_____（签名）

年 月 日

乙方：_____华南农业大学 科技合同专用章_____（盖章）

法定代表人 / 委托代理人：_____（签名）

年 月 日

关于“广州市从化区野生动植物资源本底调查项目 H20230760)”等三个科研项目 变更项目负责人的情况说明

科研院、财务处：

林学与风景园林学院唐光大老师因意外医治无效于2024年1月15日离世，为保证相关科研项目的顺利进行，经与项目委托单位沟通，并与项目组成员商议，将“广州市从化区野生动植物资源本底调查项目 H20230760)”等三个科研项目，由原主持人唐光大老师分别变更为科研系统中排序第一的教师，具体如下：

项目原主持人	项目名称	主要参与者（科研系统排名）	变更后项目主持人
唐光大	广州市从化区野生动植物资源本底调查项目（H20230760）	李玉玲,施诗,张卓欣,姜春宁	李玉玲
	华南国家植物园城园融合从化建设方案编制项目（H20230761）	施诗,陈祖静,李玉玲,姜春宁	施诗
	人才公园-广东乡土树种博物馆项目（经费已到校，尚未录入科研系统）	林杰好（唐老师爱人，学校合同制员工）	秦新生

变更后的项目主持人负责相关项目的管理工作包括项目开展、结题、成果申报和财务报账等相关事项。以上已经学院党政联席会审议通过。

特此说明！

林学与风景园林学院

2024年3月25日



项目批准号	31500180
申请代码	C020301
归口管理部门	
收件日期	



20181131500180

国家自然科学基金 资助项目结题/成果报告

资助类别： 青年科学基金项目

亚类说明： _____

附注说明： _____

项目名称： 基于叶绿体基因组的石竹目系统发育基因组学研究

负 责 人： 姚纲 电话： 020-85280767

电子邮件： gyao@scau.edu.cn

依托单位： 华南农业大学

联 系 人： 唐家林 电话： 020-85280070

直接费用： 18.0000（万元） 执行年限： 2016.01-2018.12

填表日期： 2018年12月23日

国家自然科学基金委员会制（2016年）



项目摘要

中文摘要:

石竹目是被子植物中一个既特殊又重要的分支, 包含37科, 超过800属, 约11, 510种, 众多食肉植物、多肉植物以及C4植物都包含在其中。近年来涉及石竹目科间系统发育关系的研究很多, 其结果使得众多曾被认为与狭义石竹目关系较近或远的类群都被归入其中, 狭义石竹目中原有的部分科也被不断拆分。到目前为止, 该目之中众多科间系统关系依然不明, 这在一定程度上阻碍了人们更加深刻、全面的理解石竹目类群的演化历史。系统发育学与基因组学相结合而产生的系统发育基因组学近年来逐渐兴起, 尤其是基于叶绿体基因组的系统发育基因组学, 为众多疑难类群系统关系的解决提供了极大帮助。本项目拟在前期工作的基础上, 进一步完善对石竹目类群在科水平的取样, 通过第二代测序技术(Illumina测序)对取样类群进行叶绿体全基因组测序, 并试图从系统发育基因组学的角度来探讨石竹目科间的系统关系, 以便更加客观、全面的揭示石竹目类群的演化历史。

Abstract:

Caryophyllales s.l. contains 37 families, over 800 genera, and about 11, 510 species. It is a large and attractive order in angiosperm. Many special plant groups, such as carnivorous plants, succulent plants, and C4 plants, are all included in it. A series of molecular phylogenetic studies involved Caryophyllales were conducted recently. As revealed in these studies, some families that had not been included in the traditional Caryophyllales s.s. were transferred into it, such as Droseraceae, Polygonaceae, Rhabdodendraceae. Additionally, some large families included in Caryophyllales s.s. were also disintegrated into many smaller families, such as Molluginaceae, Phytolaccaceae, Portulacaceae. To date, however, phylogenetic relationships among some families included in Caryophyllales s.l. are still unresolved and need to be clarified. The phylogenomic study based on chloroplast genomes is proved to be useful in clarifying some amphibolous phylogenetic relationships among angiosperm groups in recent years. In this study, a comprehensive phylogenomic study of Caryophyllales at the family level will be conducted based on the chloroplast genomic data of representatives within this order. For related genomic data, many of them have been obtained in previous study conducted by our research team and could be analyzed directly in this study, and other data for the supplementary representatives of Caryophyllales will be obtained through the next-generation sequencing technique. Results from this study would be important for people in understanding the evolutionary relationships within Caryophyllales more comprehensively and objectively.

关键词(用分号分开): 双子叶植物; 石竹目; 系统发育; 基因组; 系统与进化



Keywords (separated by;): Dicotyledons; Caryophyllales; Phylogeny;
Genome; Systematics and evolution

NSFC-REPORT-2018



结题摘要

中文摘要（对项目的背景、主要研究内容、重要结果、关键数据及其科学意义等做简单概述）：

石竹目是被子植物中一个起源古老的大分支，包含40科，约12,500种。该目类群几乎存在于所有陆生生境，并占据了众多特殊生境(如高山、干旱荒漠及盐碱地等)，也涉及了众多食肉植物、耐盐植物、多肉植物以及C4植物等特殊类群。然而该目系统发育关系（尤其深层节点）的解决一直以来被认为是一个难题，可能与其经历过快速辐射演化有关。本项目首次完成了对石竹目在科水平的全覆盖取样，并采用叶绿体系统发育基因组学手段获得了一棵系统关系得到高度解析的石竹目系统发育树，澄清了该目之中所存在的众多系统学问题；分化时间估算结果表明石竹目在白垩纪中期约114.4Ma分化出核心类群与非核心类群两个主要分支，并于白垩纪中期阿尔必阶至土伦阶时期（113.0–89.8Ma）与白垩纪/古新世边界附近时期（约66.0Ma）经历过两次明显的快速分化；分子进化分析结果表明该目叶绿体基因组结构变异与其分子进化速率异质性之间存在明显的正相关关系，而部分结构变异可能是某些分支的共衍征；此外，本项目基于广泛的类群取样与分子分化时间估算，进一步揭示出C4植物最早可能在始新世早期至中期就已经出现，这不仅将前人所认为的C4植物最早起源时间提前了至少1千万年，还进一步支持了关于C4植物起源演化与低浓度大气CO₂条件之间关系的“碳饥饿假说”；以番杏科多肉类群为研究对象，并结合前人对其他多肉植物类群研究结果，揭示出位于被子植物系统树不同位置的多肉植物类群在中新世中期聚集式的快速物种分化可能是对同时期全球气候变化（如干旱条件的大范围出现）所作出的集体响应。本项目的开展深化了对石竹目类群起源与演化历史的理解，并为今后在该目之中开展分类学及进化生物学等相关领域的研究打下了坚实基础。

Abstract (Brief description of research background, main methods, contributions, and research data):

The Caryophyllales includes 40 families and ca. 12,500 species, representing a large and diverse clade of angiosperms. Collectively, members of the clade grow on all continents and in all terrestrial biomes and often occupy extreme habitats (e.g., xeric, salty). The order is characterized by many taxa with unusual adaptations including carnivory, halophytism, and multiple origins of C₄ photosynthesis. However, deep phylogenetic relationships within the order have long been problematic due to putative rapid divergence. To resolve the deep-level relationships of Caryophyllales, we performed plastid phylogenomic analyses of all 40 families of the order. We time-calibrated the molecular phylogeny of this clade, and evaluated putative correlations among plastid structural changes and rates of molecular substitution. We recovered a well-resolved and well-supported phylogeny of the Caryophyllales. The crown age of Caryophyllales was estimated at ca. 114.4 Ma, with periods of rapid divergences in the mid-Cretaceous and near the Cretaceous/Paleocene boundary. A strong, positive correlation between nucleotide substitution rate and



plastid structural changes was detected. Our study highlights the importance of broad taxon sampling in phylogenomic inference and provides a firm basis for future investigations of molecular, morphological, and ecophysiological evolution in Caryophyllales. Additionally, our comprehensive age estimation of C4 lineages in Caryophyllales revealed much earlier origination of C4 pathway in the early to middle Eocene, and thus provided a new insight into the timing of C4 pathway origination. Furthermore, molecular dating analysis also suggested that a rapid radiation of the core Ruschioideae (Aizoaceae), which is an important succulent plant group mainly distributed in the Greater Cape Floristic Region (GCFR) in Southern Africa, started at ca. 12.2 Ma (95%HPD = 17.1 - 7.9 Ma) in the mid-Miocene, consistent with the time frame of the establishment of a summer-arid climate in southern Africa in the mid-Miocene (15 - 10Ma). Results from investigation of dating analyses of other succulent plants reported previously further revealed that their rapid radiation started at a time frame similar with that of the core Ruschioideae as revealed here in the mid-Miocene, during 15 - 10Ma. We further suggested that the global climate changes (such as the transition of a warm and wet climate to a cold and dry climate) occurred during the mid-Miocene may have played an important role for the evolution of succulent plants.

关键词（用分号分开）： 石竹目； 系统发育基因组学； 系统与进化； C4植物； 多肉植物

Keywords (separated by;): Caryophyllales; phylogenomics; systmatics and evolution; C4 plant; succulent plant



正文

《结题/成果报告》正文分为两个部分：**结题部分**和**成果部分**。请按照《结题/成果报告》填报说明及撰写要求填写。

(一) 结题部分

1. 研究计划执行情况概述。

(1) 按计划执行情况。

2016 年：1–3 月，进一步整理石竹目系统学及分类学文献并进行总结；查阅并整理石竹目相关标本采集地信息，做好材料收集工作计划；4–8 月，对石竹目中国分布类群进行野外考察并收集实验材料，通过与英国皇家植物园、美国密苏里植物园等同领域科研人员沟通并获取部分国外分布的石竹目类群实验材料，提取相关类群 DNA；9–12 月，完成前期取样类群叶绿体基因组测序实验；

2017 年：1–3 月，完成对叶绿体基因组序列的拼接、基因注释等工作；4–9 月；基于所得序列数据构建石竹目系统发育树，并对石竹目类群进行分化时间估算，对叶绿体基因组结构变异与分子进化速率异质性之间的关系进行分析；10–12 月，完成石竹目叶绿体系统发育基因组学分析文章写作；

2018 年：1–2 月，完成石竹目叶绿体系统发育基因组学分析文章的修改、投稿等工作；3–7 月，完成石竹目所有 C4 植物分支（涉及 8 科）起源与分化时间估算分析，完成番杏科多肉植物类群分化时间估算分析；8–10 月，完成关于 C4 植物起源时间分析的文章；11 月，进行多肉植物快速物种分化文章的写作（还未写完）；12 月，对项目进行全面总结，完成结题验收工作。

(2) 研究目标完成情况。

基本完成项目预期目标与考核指标。

预期目标	完成情况
1) 阐明石竹目科间系统发育关系，解决石竹目所存在的系统学问题；	基于广泛取样构建了到目前为止取样最为全面的石竹目系统发育关系（首次完成对该目在科层面的全覆盖取样；多个狭域分布的小科在前人研究中未能取样），澄清了该目之中遗留的众多系统学问题，获得了一棵得到高度解析的石竹目系统发育树；
2) 弄清石竹目关键性状的演化历程及石竹目类群的分化时间，深化对石竹目中主要类群起源与演化历史的理解；	完成了对石竹目的分化时间估算，深化了对其主要分支及科的起源与演化历史的认识；对石竹目中涉及 C4 植物的 8 科类群进行了系统发育关系重建以及分化时间估算，对其中所涉及的 C4 植物分支起源与进化历史进行了讨论，对 C4 植物最早起源时间形成了新的认识；对番杏科多肉植物类群进行了系统发育关系重建与分化



	时间估算，揭示出多肉植物类群快速物种分化与中新世中期全球气候变化存在紧密关联；
3) 评估叶绿体基因组中不同序列数据对石竹目科间系统关系解决的可用性。	基于叶绿体基因组不同序列数据构建了 7 组序列矩阵，并对其在石竹目系统关系解决上的可用性进行了分析与讨论；对叶绿体基因组结构变异与分子进化速率异质性之间的关系进行了分析与讨论，并揭示出部分基因组结构变异特征可能是石竹目某些分支的共衍征。

2. 研究工作主要进展、结果和影响。

(1) 主要研究内容。

石竹目作为被子植物中一个起源古老的大分支，所包含类群占据了几乎所有陆生生境（众多极端生境中均有，如干旱、高盐碱地等），且涉及了众多特殊植物类群（如 C4 植物、多肉植物、食肉植物、耐盐碱植物等），然而其系统发育关系至今未能得到很好的解决，这可能与其经历过快速辐射演化有关，因此本项目采用了叶绿体系统发育基因组学手段来重建其系统发育关系，并对其进行分化时间估算，以期深化对于该目类群起源与演化历史的理解，并对该目后续的分类学及进化生物学等相关研究提供重要基础。

本项目完成的主要内容包含以下几部分：

a) 石竹目叶绿体系统发育基因组学研究：

在前期基础上，为了尽可能全的获取石竹目实验材料，进一步加强了与国内外多名从事系统发育研究领域的科研人员进行合作，如中国科学院昆明植物研究所李德铎研究员，杨俊波研究员，伊廷双研究员，美国佛罗里达大学 Douglas Soltis 院士及 Pamela Soltis 院士，美国密歇根大学 Stephen Smith 博士，美国欧柏林学院 Michael Moore 博士，英国皇家植物园邱园 Mark Chase 院士，英国剑桥大学 Samuel Brochington 博士等。通过广泛合作，在石竹目系统发育研究中首次实现了对其在科水平全覆盖的取样；完成了对本项目新增的石竹目 95 种 80 属类群的叶绿体全基因组测序（项目申请书中原计划仅新增取样 16 属）；结合从 NCBI 网站下载的序列，本研究最终取样类群涉及石竹目 105 属 141 种，覆盖了该目所有 40 科；基于所得数据提取 83 个叶绿体编码基因并构建序列矩阵。为了检验包含不同程度高变位点对系统发育关系构建的影响、饱和基因的去留对系统发育关系构建的影响以及增加含部分缺失数据的个体对系统发育关系构建的影响，本研究总共构建了 7 组不同的序列矩阵，且均基于 Partitionfinder 1.0.1 软件对其进行分区处理，并进行模型估算；将所有矩阵未进行分区处理以及经过分区处理的矩阵基于让 RAxML 软件进行最大似然法（ML）的系统树构建，并对所得结果进行了比较，对石竹目系统发育关系进行了讨论。

b) 石竹目分化时间估算：基于所得石竹目系统发育树，结合 10 个化石信息（石竹目与菊分支中各 5 个），采用 TreePL 软件对该目进行分化时间估算，探讨该目及其主要分支与科的起源与分化历史。



c) 叶绿体基因组结构变异与分子进化速率异质性成因之间关系的探讨：基于所得石竹目代表类群的叶绿体基因组数据，对相关类群叶绿体基因组结构变异（如基因丢失、内含子丢失、假基因化、IR 去收缩与扩张等）情况进行统计，并将其与相关分支分子进化速率异质性之间的关系进行了探讨；对多个不同分支所具备的叶绿体基因组结构变异共衍征进行了分析与讨论。

d) 石竹目 C4 植物类群起源与演化历史探究：石竹目涉及 C4 植物约 1070 种（超过 20 个独立谱系分支），是被子植物中含 C4 植物第二多的目（仅次于禾本目），该目之中有 8 科（吉粟草科、蓼科、石竹科、苋科、紫茉莉科、粟米草科、番杏科、马齿苋科）类群涉及 C4 植物。本研究从 NCBI 网站下载这 8 科类群 DNA 序列片段用于其系统发育关系构建，结合相关科或其近缘类群中可用的化石信息（若有可信化石），并将在石竹目框架下所得相关科及其近缘类群间的分化时间作为二次校准点，对相关科进行分化时间估算，探讨相关科中 C4 分支起源与分化时间。

e) 多肉植物快速分化分析：多肉植物通常被认为是经历过一系列形态与功能的进化而适应干旱生境演化出的特殊植物类群，众多多肉植物类群经历过较近地质历史中的快速物种分化，番杏科、景天科、仙人掌科等均是典型代表。其中番杏科约 135 属 1830 种，其多肉植物集中于舟叶花亚科核心类群（约 102 属 1563 种），该类群是非洲南部好望角植物区系的重要代表性类群，然而关于其快速辐射演化开始发生的时间至今还存在很大争议，已有的研究支持其发生于中新世约 17.1 Ma 或 7.0 Ma，或中新世至上新世 8.7–3.8 Ma，甚至更新世约 1.5 Ma。本研究基于 *atpB-rbcL*、*rps16*、*psbA-trnH*、*trnL-F* 四个叶绿体序列片段对番杏科进行了系统发育关系重建，并将在石竹目大框架下所得番杏科 4 个亚科之间的分化时间作为二次校准点用于分化时间估算；基于所得结果，对番杏科中多肉植物类群的快速物种分化历史进行了探讨；进一步结合前人研究结果，对被子植物中主要的多肉植物类群快速物种分化历史进行综合分析，揭示出促进多肉植物类群快速物种分化的潜在因素。

(2) 取得的主要研究进展、重要结果、关键数据等及其科学意义或应用前景。

a) 石竹目叶绿体系统发育基因组学研究：基于不同序列矩阵所得石竹目系统发育框架基本一致，且相关节点均获很高的支持率，说明基于叶绿体系统发育基因组学分析手段能很好的解决石竹目系统发育关系；进一步支持前人关于“在系统发育关系构建中增加存在部分缺失数据的个体有助于系统关系更好解决”的观点；对于所构建的 7 组不同矩阵，对其进行分区处理与不分区处理所得系统发育关系及相关节点支持率差别不大。获得了一棵系统关系得到很好解析的石竹目系统发育树（图 1），澄清了该目之中所遗留的众多系统学问题，如该目深层节点系统关系及主要分支间的系统关系，多肉分支、商陆分支及食肉分支各自内部的科间关系，灯粟米科、鬼椒草科、肉叶刺茎藜科、回欢草科等多个科的系统位置；本研究呈现的石竹目系统发育框架深化了对该类群进化关系的理解。

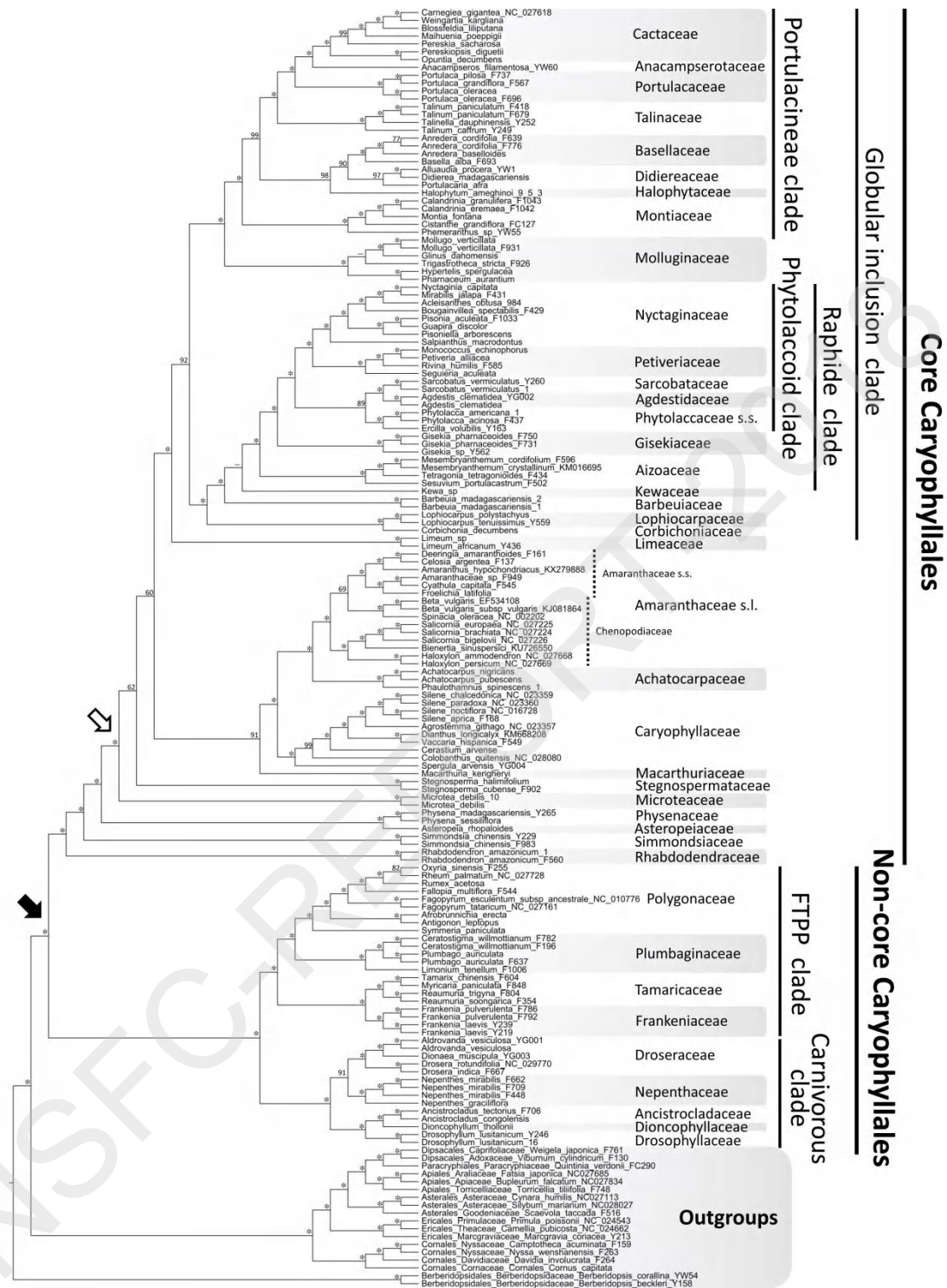


图 1 基于 83 个叶绿体基因并采用最大似然法构建的石竹目所有 40 科类群的系统关系图；相关节点支持率标记在分支上方；星号表示该节点支持率为 100%；黑色实心箭头示石竹目冠群节点，空心箭头示传统界定的狭义石竹目（中子目）冠群节点。

b) 石竹目分化时间估算：研究结果（表 1；图 2）表明石竹目在约 122.4Ma（时间区间：123.1–122.0Ma）与其姐妹群菊分支分开，并在约 114.4Ma（时间区间：115.8–113.2Ma）分化出石竹目核心类群与非核心类群两大分支；石竹目在白垩纪中期阿尔必阶至土伦阶（113.0–89.9Ma）期间以及白垩纪/古新世边界附近时期（约 66.0Ma）曾出现过两次明显的



快速分化, 尤其在白垩纪中期森诺曼阶/土伦阶边界附近约 3.5 百万年期间 (95.5–92.0Ma) 石竹目分化出大量分支或科, 而相关分支或科之间的系统关系正是前人研究中一直未能解决的难题。石竹目经历过快速辐射分化的这两个时期与前人在被子植物其他类群以及基于化石证据所揭示的被子植物早期快速分化时间高度一致。通过与古气候及古环境条件相结合进行分析, 本研究认为白垩纪中期大气 CO₂ 浓度急剧降低以及白垩纪/古新世边界附近时期大量生物类群灭绝所出现的生态位空缺可能是促进大量被子植物类群在这两个时期出现快速分化的重要环境因子。

表 1 基于 PL 分析所得石竹目类群分化时间

Molecular dating results derived from the PL analysis

Clade/lineage	Stem: Mean (age interval) (Ma)	Crown: Mean (age interval)
Caryophyllales	122.4 (123.1–122.0)	114.4 (115.8–113.2)
Core Caryophyllales	114.4 (115.8–113.2)	112.7 (114.4–111.5)
Non-core Caryophyllales	114.4 (115.8–113.2)	112.5 (114.0–111.0)
Carnivorous clade	112.5 (114.0–111.0)	103.6 (106.1–101.5)
Centrospermae	106.3 (108.5–104.2)	95.2 (98.8–91.9)
FTPP clade	112.5 (114.0–111.0)	110.9 (112.7–109.4)
Globular inclusion clade	92.8 (96.4–89.1)	92.1 (95.9–88.4)
Phytolaccoid clade	74.1 (78.4–69.3)	62.4 (67.9–57.3)
Portulacineae clade	85.0 (89.9–79.6)	72.2 (79.5–63.7)
Raphide clade	81.2 (85.2–76.3)	79.7 (83.9–74.9)
Achatocarpaceae	80.4 (82.5–77.9)	1.6 (2.5–0.7)
Agdestidaceae + Sarcobataceae	61.1 (66.7–55.9)	47.1 (51.8–42.3)
Aizoaceae	79.7 (83.9–74.9)	74.6 (78.6–69.2)
Amaranthaceae s.l.	80.4 (82.5–77.9)	66.1 (66.4–66.0)
Asteropeiaceae + Physenaceae	106.3 (108.5–104.2)	62.3 (66.9–58.0)
Barbeulaceae	82.1 (86.5–77.2)	
Basellaceae	69.5 (76.8–60.2)	43.6 (50.5–35.1)
Cactaceae	63.3 (70.8–55.1)	51.5 (58.4–44.1)
Caryophyllaceae	89.0 (92.2–85.7)	57.2 (60.9–52.5)
Corbichoniaceae + Lophiocarpaceae	85.3 (89.3–80.7)	58.9 (63.3–53.6)
Didiereaceae	69.5 (76.8–60.2)	65.1 (73.0–55.9)
Dioncophyllaceae	67.0 (71.7–55.8)	22.6 (28.0–17.5)
Droseraceae	101.9 (104.7–99.7)	63.9 (69.1–59.0)
Drosophyllaceae	81.9 (85.5–73.9)	
Halophytaceae	70.4 (78.3–61.9)	
Kewaceae	81.2 (85.2–76.3)	
Macarthuriaceae	93.4 (96.7–89.9)	
Molluginaceae	85.0 (89.9–79.6)	62.5 (67.4–56.9)
Montiaceae	72.2 (79.5–63.7)	61.5 (69.3–53.2)
Nyctaginaceae	60.4 (66.0–55.2)	45.2 (50.9–41.2)
Petiveriaceae	60.4 (66.0–55.2)	53.9 (59.2–49.1)
Phytolaccaceae s.s.	61.1 (66.7–55.9)	25.7 (30.5–21.2)
Plumbaginaceae	91.8 (93.9–89.7)	63.1 (66.8–60.1)
Polygonaceae	91.8 (93.9–89.7)	75.7 (77.3–74.1)
Portulacaceae	65.7 (72.9–56.9)	
Simmondsiaceae	110.5 (112.3–109.0)	
Stegnospermataceae	94.3 (97.9–91.1)	
Talinaceae	67.2 (74.6–58.5)	59.9 (70.4–48.2)
Tamaricaceae	62.2 (65.7–58.5)	42.6 (47.6–38.6)

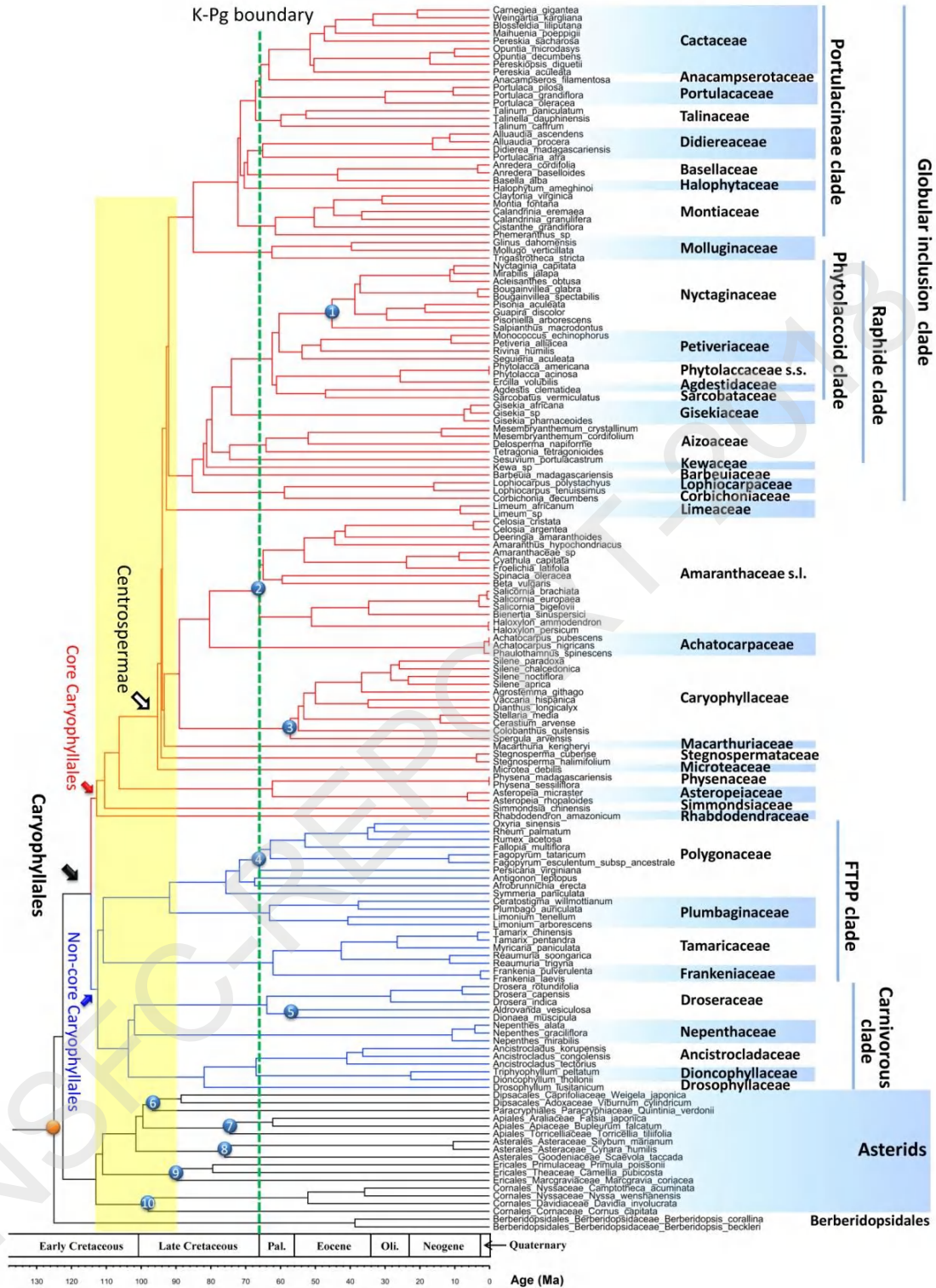


图 2 基于 PL 分析所得石竹目类群分化时间估算结果；带数字的蓝色圆圈代表 10 个化石校准点；黄色区域表示白垩纪中期阿尔必阶至土伦阶时期(113.0–89.8Ma)，绿色虚线代表白垩纪/古新世边界时期(约 66.0Ma)。

c) 石竹目分子进化分析：

基于对石竹目类群的广泛取样并获取其叶绿体全基因组，发现石竹目叶绿体基因组结构变异类型丰富（图 3）；研究结果揭示出叶绿体基因组中较多的结构变异可能是部分分支或

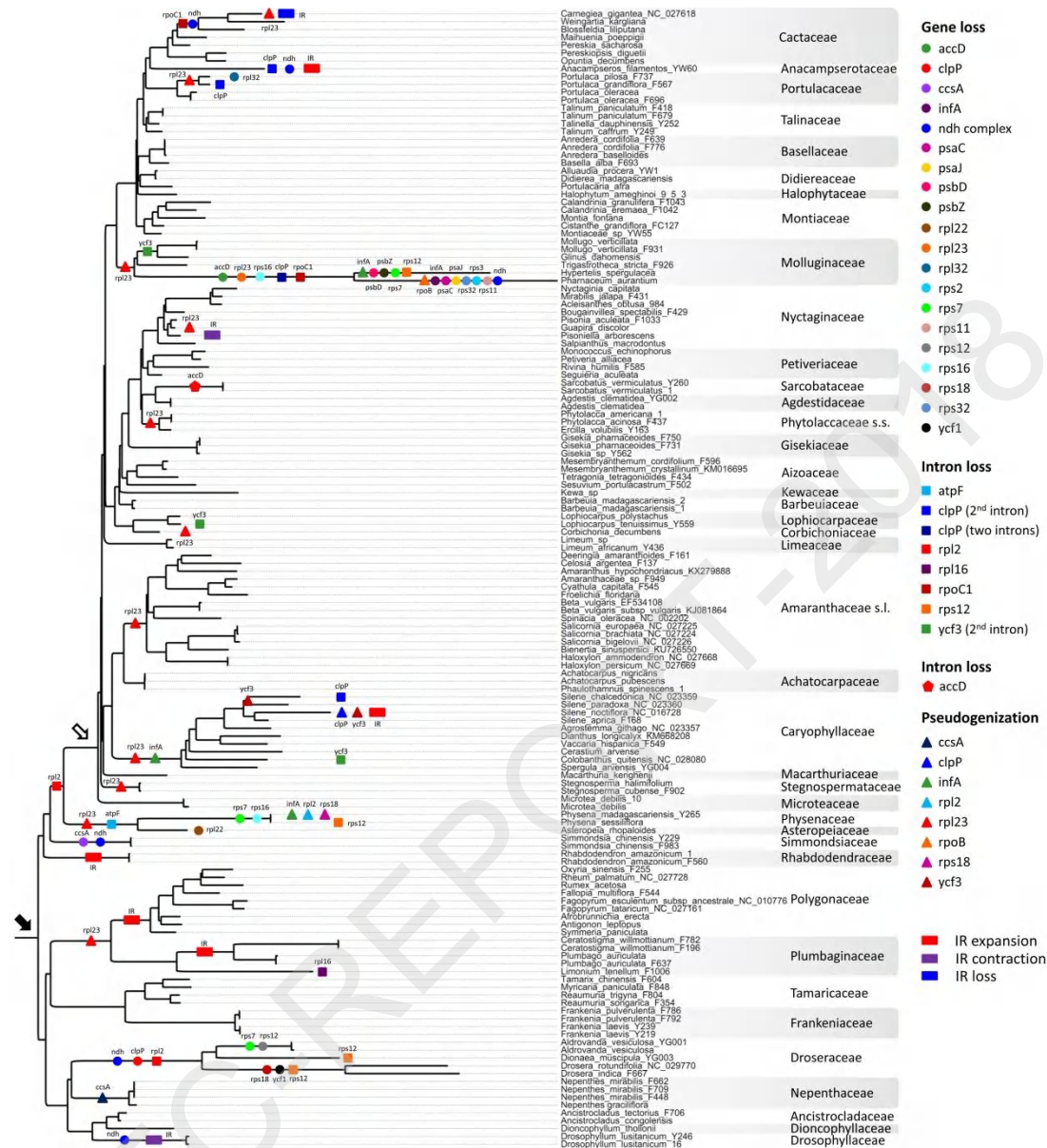


图 3 基于最大似然法分析所得石竹目系统关系图（显示支长），叶绿体基因组结构变异信息标示在相关分支上；黑色实心箭头示石竹目冠群节点，空心箭头示传统界定的狭义石竹目(中子目)冠群节点。

科的共衍征（表 2；图 3）；统计分析结果表明石竹目叶绿体基因组结构变异与该目不同分支间分子进化速率异质性之间存在明显的正相关关系，深化了对于生物类群分子进化速率异质性潜在成因的认识。

d) c4 植物进化历史分析与讨论：

前人研究普遍认为 c4 植物起源是在被子植物中于较近地质历史时期发生的进化事件，其最早出现可能不早于渐新世或是发生在最近 3 千万年之内的事件，而这可能与渐新世时期大气 CO₂ 浓度曾出现过急剧降低的气候变化事件相关联。然而最近有研究认为 c4 植物最早起源可能出现在始新世/渐新世边界附近时期约 35 Ma，但这一时期大气 CO₂ 浓度较高，这



表 2 石竹目部分分支可能的叶绿体基因组结构变异共衍征

Putative plastome synapomorphies for Caryophyllales lineages

Clades/families	Putative synapomorphy/synapomorphies
1) Amaranthaceae s.l.	Pseudogenization of <i>rpl23</i> ;
2) Caryophyllaceae	Pseudogenization of <i>infA</i> and <i>rpl23</i> ;
3) Centrospermae and Asteropeiaceae + Physenaceae	Loss the intron in <i>rpl2</i> ;
4) Droseraceae	Loss of the <i>clpP</i> gene, and all/most of the <i>ndh</i> genes; loss the intron in <i>rpl2</i> ;
5) Molluginaceae	Pseudogenization of <i>rpl23</i> ;
6) Nepenthaceae	Pseudogenization of <i>ccsA</i> ;
7) Phytolaccaceae s.s.	Pseudogenization of <i>rpl23</i> ;
8) Asteropeiaceae + Physenaceae	Loss the intron in <i>atpF</i> ; pseudogenization of <i>rpl23</i> ;
9) <i>Glinus</i> + <i>Mollugo</i> in Molluginaceae	Loss intron in <i>ycf3</i> ;
10) <i>Hypertelis</i> + <i>Pharnaceum</i> in Molluginaceae	Loss of the <i>accD</i> gene, <i>rpl23</i> gene, and <i>rps16</i> gene; loss intron in <i>clpP</i> and <i>rpoC1</i> ;
11) Plumbaginaceae + Polygonaceae	IR region expanded and included the full length of <i>ycf1</i> ; pseudogenization of <i>rpl23</i> ;
12) <i>Portulaca grandiflora</i> + <i>P. pilosa</i> in Portulacaceae	Pseudogenization of <i>rpl23</i> ;
13) Stegnospermataceae	Pseudogenization of <i>rpl23</i> ;
14) Subfamily Cactoideae in Cactaceae	Loss of all/most of the <i>ndh</i> genes and intron in <i>rpoC1</i> ;

同理解 C4 植物起源演化与低浓度大气 CO₂ 条件之间关系的“碳饥饿假说”存在明显冲突。而基于土壤碳酸盐碳同位素检测结果曾认为 C4 植物可能在白垩纪晚期、古新世或始新世早期就已经出现，但相关观点至今未被接受。本研究对石竹目这 8 科类群进行了系统发育关系重建，并结合多个时间校准点信息对其中所涉及的 C4 植物谱系分支起源与分化时间进行了估算。研究表明，石竹目中不同 C4 分支冠群节点分化聚集式出现在中新世中后期（表 3；图 4），这与前人基于化石证据、碳同位素分析及分子分化时间估算所得 C4 植物开始大规模出现的时间高度一致。然而另有 4 个 C4 分支（分别隶属于番杏科、吉粟草科、马齿苋科、苋科）冠群节点分化可能在始新世早期至中期就已经发生（表 3；图 4），这意味着相关分支中 C4 植物至少在这一时期已经出现。通过对前人所得禾本科 C4 植物最早起源时间分析结果的重新评价，以及前人所得始新世早期地层土壤碳酸盐碳同位素检测结果，同样支持 C4 植物在始新世早期至中期就已经存在的可能性，且这一观点进一步获得了曾被广泛认为对 C4 植物起源与演化非常关键的古气候环境条件（如低浓度大气 CO₂ 条件，干旱环境等）等相关证据的有力支持。因此，本研究对 C4 植物可能的最早起源时间形成了新的认识，且相关结果不仅将前人所认为的 C4 植物最早起源时间提前了至少 1 千万年，且进一步支持了关于 C4 植物起源演化与低浓度大气 CO₂ 条件之间关系的“碳饥饿假说”。

**表 3** 基于两种不同模型估算的石竹目中 C4 分支起源时间：“C”表示冠群节点，“S”表示干群节点。

Age estimation of C4 lineages in Caryophyllales. C: crown node; S: stem node.

C4 lineages in Caryophyllales	Birth-Death model Mean (95% HPD) (Ma)	Yule model Mean (95% HPD)
Aizoaceae: Sesuvioideae except <i>Tribulocarpus</i>	C: 47.4 (60.3–34.7) S: 62.0 (74.9–49.3)	48.4 (59.4–36.9) 62.9 (74.4–51.7)
Amaranthaceae s.l.: <i>Aerva javanica</i>	C: 4.6 (8.8–1.3) S: 27.0 (35.6–18.3)	4.5 (8.6–1.6) 27.4 (34.9–19.6)
<i>Alternanthera</i>	C: 10.1 (14.7–5.7) S: 14.4 (19.7–9.4)	10.1 (14.5–5.6) 14.4 (19.4–9.0)
<i>Amaranthus</i>	C: 6.5 (9.6–3.8) S: 27.7 (37.7–17.8)	6.7 (9.5–3.8) 26.5 (36.5–17.8)
Gomphreneae	C: 16.2 (21.4–11.2) S: 20.6 (26.3–15.2)	16.2 (21.5–10.8) 20.7 (26.7–14.8)
<i>Tidestromia</i>	C: 7.2 (12.7–2.8) S: 26.1 (32.5–19.4)	7.4 (12.8–3.1) 26.1 (32.1–19.7)
<i>Atriplex rosea</i>	S: 11.5 (18.5–5.3)	11.5 (18.0–5.9)
<i>Atriplex halimus</i>	S: 7.7 (13.3–2.7)	7.8 (13.7–2.7)
Camphorosmoideae – Salsoloideae clade	C: 43.6 (49.8–37.0) S: 52.5 (54.1–50.8)	43.8 (48.0–38.6) 52.3 (54.1–50.8)
<i>Halosarcia indica</i>	S: 8.6 (13.1–4.6)	11.2 (15.4–6.6)
<i>Bienertia</i>	C: 1.7 (3.1–0.5) S: 33.0 (35.9–29.8)	1.8 (3.7–0.6) 32.9 (35.8–29.7)
<i>Suaeda aralocaspica</i>	C: 0.8 (1.6–0.1) S: 10.0 (14.8–5.5)	0.8 (1.7–0.2) 10.0 (15.2–6.4)
<i>Suaeda</i> sect. <i>Salsina</i>	C: 8.6 (11.7–5.7) S: 15.9 (20.1–12.0)	9.2 (13.2–5.6) 15.8 (19.3–12.2)
<i>Suaeda</i> sect. <i>Schoberia</i>	C: 4.0 (6.0–2.3) S: 5.9 (8.7–3.4)	4.0 (6.1–2.3) 5.9 (8.8–3.4)
Caryophyllaceae: <i>Polycarpaea</i> clade1	C: 8.0 (11.4–4.6) S: 12.7 (17.6–8.1)	8.2 (11.7–4.8) 12.9 (17.9–8.2)
<i>Polycarpaea</i> clade2	C: 9.2 (13.9–4.9) S: 20.5 (28.0–13.4)	9.4 (14.2–5.0) 21.0 (28.3–13.3)
<i>Polycarpaea</i> clade3	C: 11.8 (17.1–6.8) S: 16.0 (22.7–9.5)	12.1 (17.8–6.9) 16.4 (23.3–9.7)
Gisekiaceae: <i>Gisekia</i>	C: 23.8 (42.9–10.0) S: 82.3 (83.3–81.2)	49.8 (68.5–30.4) 82.3 (83.3–81.2)
Molluginaceae: <i>Mollugo cerviana</i> – <i>M. fragilis</i> clade	C: 9.8 (14.0–6.0) S: 17.8 (24.4–11.7)	11.2 (15.9–6.8) 19.8 (27.1–13.1)
<i>Mollugo cerviana</i> clade	C: 8.6 (13.8–4.1) S: 25.4 (34.5–17.1)	9.8 (15.8–4.8) 27.9 (37.7–19.2)
Nyctaginaceae: <i>Allionia</i>	S: 10.8 (12.6–8.9)	11.1 (12.8–9.5)
<i>Boerhavia</i>	C: 5.3 (6.8–3.8) S: 8.4 (10.2–6.6)	5.6 (7.1–4.2) 8.9 (10.6–7.2)
Polygonaceae: <i>Calligonum</i>	C: 16.9 (26.7–8.2) S: 33.4 (48.6–18.5)	17.1 (27.2–8.8) 33.4 (48.1–18.5)
Portulacaceae: <i>Portulaca</i>	C: 42.1 (51.3–32.4) S: 58.9 (62.6–55.7)	45.0 (52.5–37.0) 58.9 (62.6–55.7)

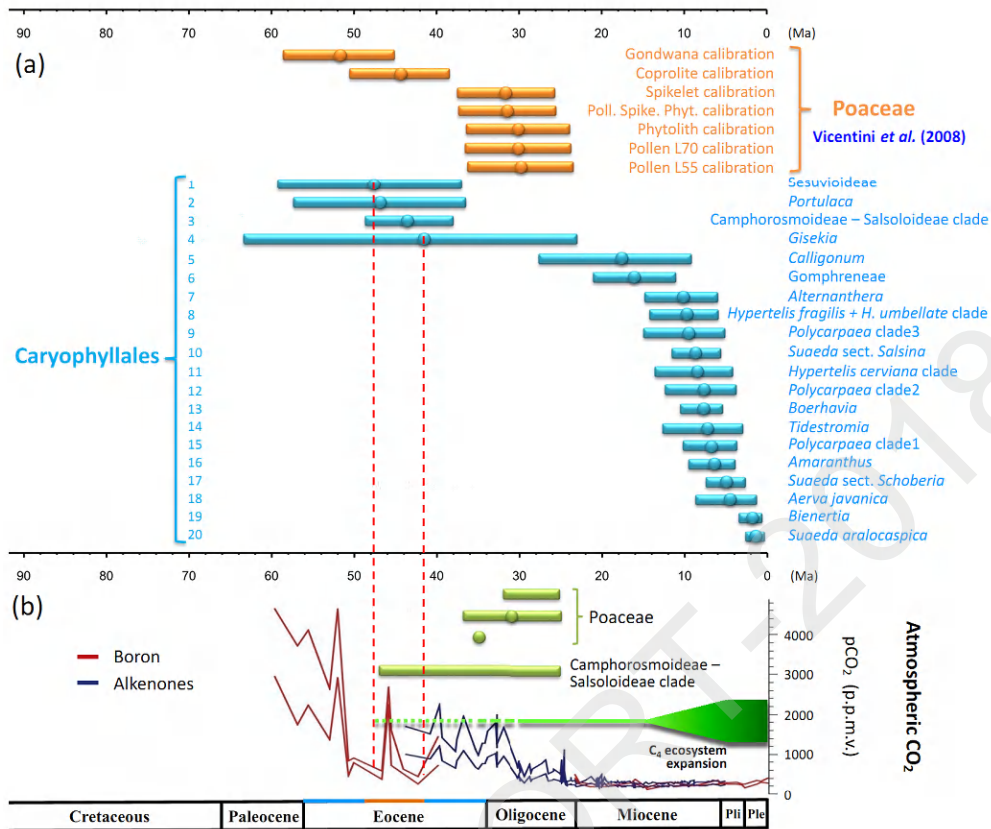


图 4 (a) 禾本科及石竹目 C4 分支冠群节点分化时间估算结果图示, 禾本科数据引自 Vicentini et al. (2008), 石竹目数据为本研究所得; (b) 大气 CO₂ 浓度波动图, 引自 Zachos et al. (2008); 早期不同研究所得禾本科 C4 植物最早起源时间, 从上至下依次引自 Christin et al. (2008), Bouchenak-Khelladi et al. (2009), Bouchenak-Khelladi et al. (2014); 苋科樟味藜亚科-猪毛菜亚科分支(Camphorosmoideae-Salsoloideae clade)数据引自 Kadereit et al. (2012); C4 植物起源与演化历史简图, 修改自 Sage et al. (2012)。

e) 多肉植物快速物种分化分析与讨论:

番杏科舟叶花亚科类群均为多肉植物, 且为非洲南部好望角植物区所特有。本研究基于 4 个序列片段很好的解决了番杏科 4 亚科以及舟叶花亚科 3 个主要分支间的系统关系(图 5), 分化时间估算结果(图 5)表明舟叶花亚科核心类群的快速物种分化始于中新世中期约 12.2 Ma (95% HPD = 17.1–7.9 Ma), 而该亚科其他两个多肉植物分支冠群节点分化分别发生在中新世中期约 14.9Ma (23.4–6.8Ma), 13.4Ma (20.9–7.2Ma), 这一结果与非洲南部好望角植物区在中新世中期(15–10 Ma)夏季干旱气候的建立时间在时间尺度上高度吻合, 因此本研究认为好望角植物区夏季干旱气候的建立可能是促使番杏科舟叶花亚科 3 个多肉植物分支早期物种分化的重要环境因子。结合前人对其他多肉植物类群分化时间估算结果, 发现众多多肉植物类群开始快速物种分化均集中于中新世中期(图 6)。全球气候在中新世中期曾经历过明显变冷的过程并伴随着全球性干旱气候的出现, 因此本研究认为位于被子植物系统树不同位置的多肉植物类群在中新世中期聚集式的快速物种分化可能是对同时期全球性气候变化(尤其是干旱气候的建立)所作出的集体响应(图 6)。

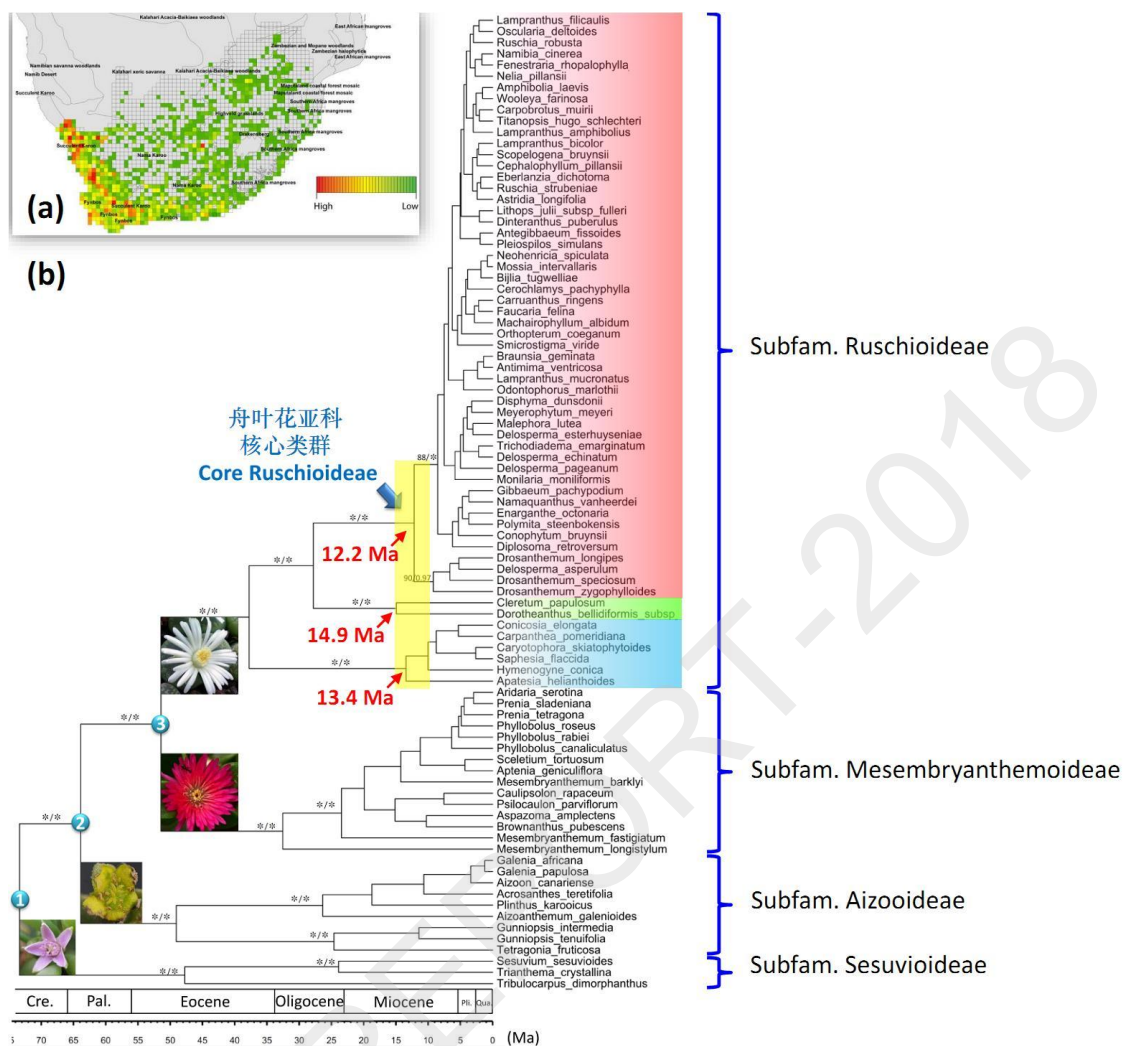


图 5 (a) 番杏科舟叶花亚科类群在非洲南部好望角植物区的地理分布图, 引自 Valente et al. (2014); (b) 番杏科系统发育关系与分化时间估算结果; 支持率标示在分支上方 (MLBS/PP), 星号表示 MLBS = 100% 或 PP = 1.00; 3 个时间校准点用带数字的蓝色圆形图标记; 舟叶花亚科 3 个分支分别用红色、绿色、蓝色标记; 蓝色箭头示舟叶花亚科核心类群冠群节点; 黄色区域对应地质时期为好望角植物区在中新世中期 15–10Ma 夏季干旱气候建立的时间。

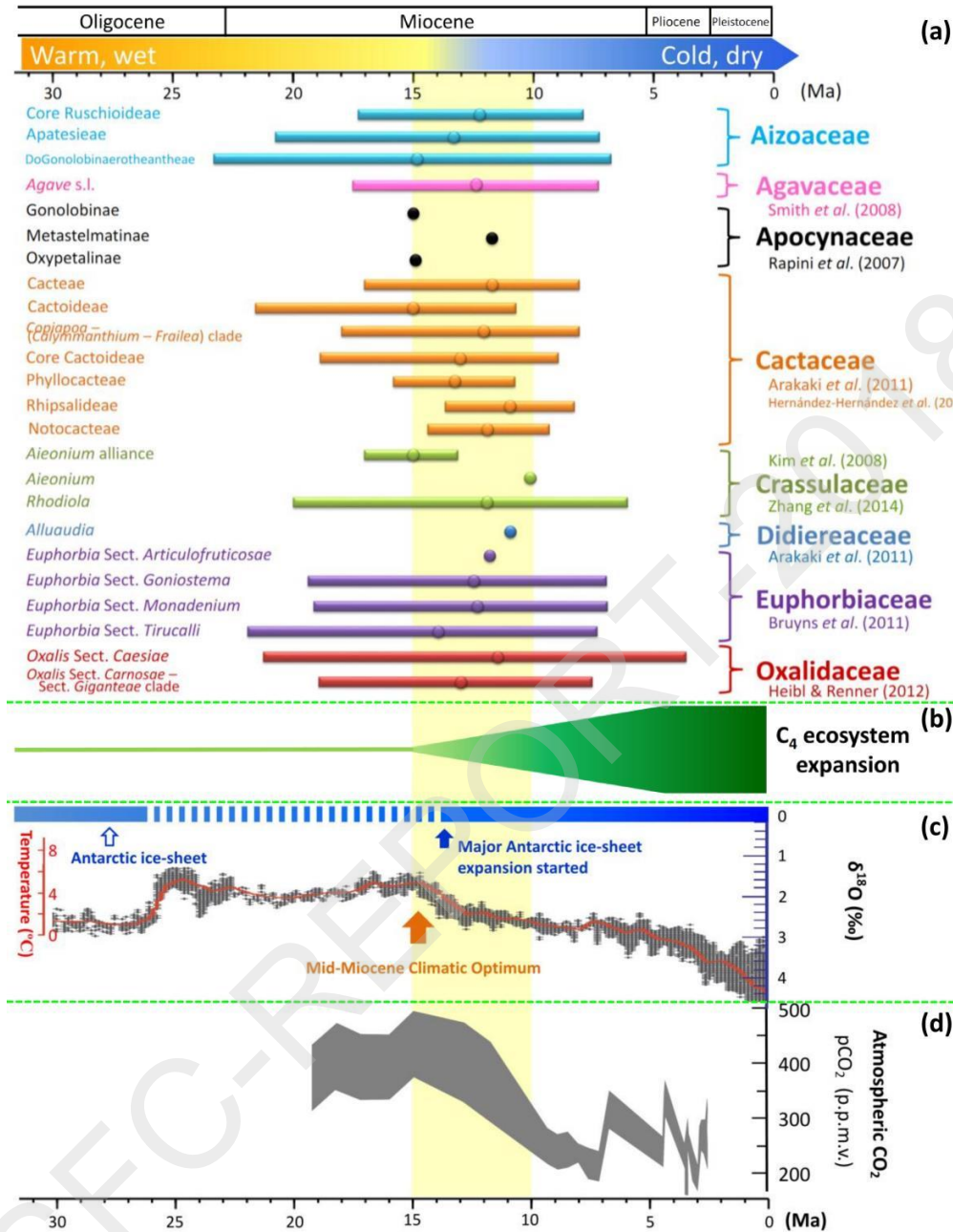


图 6 (a) 不同多肉植物类群冠群分化时间汇总图；横杠表示分化时间的置信区间，圆点代表分化时间的平均值；从上至下依次为：番杏科舟叶花亚科 3 个多肉分支（本研究所得结果），龙舌兰科龙舌兰属引自 Smith et al. (2008)，夹竹桃科萝藦亚科 3 个多肉植物族开始快速物种分化的时间引自 Rapini et al. (2007)，仙人掌科多个分支数据引自 Arakaki et al. (2011) 与 Hernández-Hernández et al. (2014)，景天科 3 个多肉分支数据引自 Kim et al. (2008) 及 Zhang et al. (2014)，龙树科数据引自 Arakaki et al. (2011)，大戟科大戟属数据引自 Bruyns et al. (2012)，酢酱草科肉汁化或半肉汁化植物分支数据引自 Heibl & Renner (2012)；(b) C₄ 植物集中于中新世中期 15-10Ma 开始快速物种分化，数据引自 Saga et al. (2012)；(c) 基于 $\delta^{18}\text{O}$ (‰) 数据推测的自渐新世以来全球气温波动图，引自 Zachos et al. (2008)；南极洲大陆冰盖在约 13.9Ma 重新建立并开始扩张数据引自 Holbourn et al. (2005)；(d) 中新世以来大气 CO₂ 浓度波动图，引自 Tripathi et al. (2009)。（本图呈现出 C₄ 植物及多肉植物类群快速物种分化与中新世中期全球性气候变化之间的关联性）



主要参考文献:

- Arakaki M, Christin PA, Nyffeler R, et al. 2011. Contemporaneous and recent radiations of the world's major succulent plant lineages. *Proc Natl Acad Sci USA* 108(20): 8379–384.
- Bouchenak-Khelladi Y, Verboom GA, Hodkinson TR, et al. 2009. The origins and diversification of C4 grasses and savanna-adapted ungulates. *Global Change Biol* 15(10): 2397–2417.
- Bouchenak-Khelladi Y, Slingsby JA, Verboom GA, et al. 2014. Diversification of C4 grasses (Poaceae) does not coincide with the ecological dominance. *Am J Bot* 101(2): 300–307.
- Bruyns PV, Klak C, Hanáček P. 2011. Age and diversity in Old World succulent species of Euphorbia (Euphorbiaceae). *Taxon* 60(6): 1717–1733.
- Christin PA, Besnard G, Samaritani E, et al. 2008. Oligocene CO2 decline promoted C4 photosynthesis in grasses. *Curr Biol* 18: 37–43.
- Heibl C, Renner SS. 2012. Distribution models and a dated phylogeny for Chilean Oxalis species reveal occupation of new habitats by different lineages, not rapid adaptive radiation. *Syst Biol* 61(5): 823–834.
- Hernández-Hernández T, Brown JW, Schlumberger BO, et al. 2014. Beyond aridification: multiple explanations for the elevated diversification of cacti in the New World Succulent Biome. *New Phytol* 202(4): 1382–1397.
- Kadereit G, Ackerly D, Pirie MD. 2012. A broader model for C4 photosynthesis evolution in plants inferred from the goosefoot family (Chenopodiaceae s.s.). *Proc R Soc B* 279: 3304–3311.
- Kim SC, McGowen MR, Lubinsky P, et al. 2008. Timing and tempo of early and successive adaptive radiations in Macaronesia. *PLoS ONE* 3(5): e2139.
- Holbourn A, Kuhnt W, Schulz M, et al. 2005. Impacts of orbital forcing and atmospheric carbon dioxide on Mienice ice-sheet expansion. *Nature* 438: 483–487.
- Rapini A, van den Berg C, Liede-Schumann S. 2007. Diversification of Asclepiadoideae (Apocynaceae) in the New World. *Ann Miss Bot Gard* 94(2): 407–422.
- Sage RF, Sage TL, Kocacinar F. 2012. Photorespiration and the evolution of C4 photosynthesis. *Ann Rev Plant Biol* 63(1): 19–47.
- Smith CI, Pellmyr O, Althoff DM, et al. 2008. Pattern and timing of diversification in Yucca (Agavaceae): specialized pollination does not escalate rates of diversification. *Proc R Soc B* 275: 249–258.
- Tripathi AK, Roberts CD, Eagle RA. 2009. Coupling of CO2 and ice sheet stability over major climate transitions of the last 20 million years. *Science* 326: 1394–1397.
- Valente LM, Britton AW, Powell MP, et al. 2014. Correlates of hyperdiversity in southern African ice plants (Aizoaceae). *Bot J Linn Soc* 174(1): 110–129.
- Vicentini A, Barber JC, Aliscioni SS, et al. 2008. The age of the grass and clusters of origins of C4 photosynthesis. *Global Change Biol* 14: 1–15.
- Zachos JC, Dickens GR, Zeebe RE. 2008. An early Cenozoic perspective on greenhouse warming and carbon-cycle dynamics. *Nature* 451(7176): 279–283.
- Zhang JQ, Meng SY, Allen GA, et al. 2014. Rapid radiation and dispersal out of the Qinghai-Tibetan Plateau of an alpine plant lineage Rhodiola (Crassulaceae). *Mol Phylogenet Evol* 77: 147–158.



3. 研究人员的合作与分工。

项目包含高级职称 1 人，中级职称 1 人，博士生 2 人，硕士生 1 人，大家齐心协力，团结合作共同完成项目任务，具体分工情况见下表：

姓名	单位	出生年月	职称	项目分工
姚纲	华南农业大学	1984-10	副教授	项目设计和安排具体实施，数据分析， 论文写作
李玉玲	华南农业大学	1987-07	讲师	分子实验及数据分析
刘潼俭	华南农业大学	1988-08	博士研究生	样品采集及数据分析
曾思金	华南农业大学	1989-07	博士研究生	样品采集
韦雪芬	华南农业大学	1993-06	硕士研究生	分子实验及数据分析

4. 国内外学术合作交流等情况。

项目执行期间项目主持人参加国内学术会议 4 次，并积极作口头报告：

1) 2016 全国系统与进化植物学研讨会 – 暨第十二届青年学术研讨会；青海-西宁；2016.09.09–2016.09.15；报告题目：《石竹目深度分支演化关系的解析 – 基于叶绿体系统发育基因组学手段》；报告人：姚纲；

2) 中国西南野生生物种质资源库第九届学术年会；云南-昆明；2017.01.12–2017.01.13 报告题目：《New insight into the origination of C₄ photosynthesis: a case study from Gisekiaceae》；报告人：姚纲；获学术报告一等奖；

(http://www.kib.cas.cn/xwzx/zhxw/201701/t20170116_4737413.html)

3) 第十三届全国生物多样性科学与保护研讨会；2018.08.15–2018.08.17；内蒙古-呼和浩特；报告题目：《多肉植物类群对中新世中期全球气候变化的响应 – 以番杏科为例》；报告人：姚纲；

4) 中国植物学会第十六次全国会员代表大会暨八十五周年学术年会；2018.10.10–2018.10.13；云南-昆明；报告题目：《对 C₄ 植物起源时间的新认识》；报告人：姚纲。

5. 存在的问题、建议及其他需要说明的情况。

无

(二) 成果部分

1. 项目取得成果的总体情况。



在本项目基金的支持下, 相关研究内容部分已整理成文, 部分正在撰写之中, 具体情况如下:

1) Yao G, Jin JJ, Li HT, Yang JB, Mandala VS, Croley M, Mostow R, Douglas NA, Chase MW, Christenhusz MJM, Soltis DE, Soltis PS, Smith SA, Brockington SF, Moore MJ, Yi TS, Li DZ. Plastid phylogenomics insights into the evolution of Caryophyllales. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, Accepted, in press.

2) Yao G. 2017. A contribution to the Flora of China: three new combinations in Solitaria (Caryophyllaceae). *Phytotaxa* 298(2): 195–196.

3) 姚纲. 2017. 石竹科齿瓣无心菜属 2 新组合名称. 热带亚热带植物学报 25(1): 11–12.

4) Yao G. 2016. *Dichodon parvipetalum*, a new combination for the Chinese Caryophyllaceae. *PhytoKeys* 69: 129–130.

5) Yao G, Jin JJ, Yi TS, Li DZ. New insight into the origination of C₄ photosynthesis. (已完稿)

6) Yao G, Jin JJ, Yi TS, Li DZ. The response of succulent plants to the global climate change occurred in the Mid-Miocene: a case study from Aizoaceae. (文章撰写中)

2. 项目成果转化及应用情况。

无

3. 人才培养情况。

依托于本项目的实施, 项目负责人博士后顺利出站; 参与项目的其他人员也进一步掌握了二代测序数据分析及系统发育基因组学研究相关知识, 为今后主持或参与类似项目打下了坚实基础。

4. 其他需要说明的成果。

无

5. 项目成果科普性介绍或展示网站。

暂无



研究成果目录

项目负责人通过ISIS系统，从文献库中检索研究成果或者按要求格式自行填入。请按照期刊论文、会议论文、学术专著、专利、会议报告、标准、软件著作权、科研奖励、人才培养、成果转化的顺序列出，其它重要研究成果如标本库、科研仪器设备、共享数据库、获得领导人批示的重要报告或建议等，应重点说明研究成果的主要内容、学术贡献及应用前景等。

项目负责人不得将非本人或非参与者所取得的科研成果，以及与受资助项目无关的科研成果列入报告中。发表的科研成果，项目负责人和参与者均应如实注明得到国家自然科学基金项目资助和项目批准号，科学基金作为主要资助渠道或者发挥主要资助作用的，应当将自然科学基金作为第一顺序进行标注。

期刊论文

1. 第一作者论文

- (1) **Gang Yao**^{(#)(*)}, *Dichodon parvipetalum*, a new combination for the Chinese Caryophyllaceae, *PhytoKeys*, 2016. 9. 9, 69: 129~130, SCIE, 第一标注
- (2) **姚纲**^{(#)(*)}, 石竹科齿瓣无心菜属2新组合名称, *热带亚热带植物学报*, 2017. 10. 8, 25(1): 11~12, 北大中文核心期刊, 第一标注
- (3) **Gang Yao**^{(#)(*)}, A contribution to the Flora of China: three new combinations in Solitaria (Caryophyllaceae), *Phytotaxa*, 2017. 3. 10, 298(2): 195~196, SCIE, 第一标注



附表：研究成果统计数据表（本表针对各种类型资助项目收集数据以便进行整体资助效果分析使用，并非要求每类项目都具有以下各类成果。）

获奖（项）	国家级						省部级				其他			
	自然科学奖		科技进步奖		发明奖		自然科学奖		科技进步奖					
	一等	二等	一等	二等	一等	二等	一等	二等	一等	二等				
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
学术报告/论文/专著/其他（篇）	特邀学术报告		学术论文						学术专著		其他			
	国际学术会议	国内学术会议	发表论文数		论文检索收录情况									
			期刊论文	会议论文	SCIE/SSCI	EI	北大中文核心期刊	CSSCI	中文	外文	标本库	数据库	科研仪器设备	重要报告
			0	0	3	0	2	0	1	0	0	0	0	0
专利/标准/软著/成果转化	专利（项）				标准					软件著作权	成果转化			
	国内		国外		国际	国内								
	申请	授权	申请	授权		国家	行业	地方	企业		技术转让	技术许可	作价投资	经济效益（万元）
	0	0	0	0		0	0	0	0		0	0	0	0
人才培养及学术交流	人才培养（人）						举办和参加学术会议							
	中青年学术带头人				出站博士后	毕业博士	毕业硕士	举办国际学术会议		举办国内学术会议		参加国际学术会议		
	优青	杰青	创新群体	其他				次数	人数	次数	人数	次数	人数	
	0	0	0	0				0	0	0	0	0	0	0



国家自然科学基金项目资金决算表（定额补助）

项目批准号：31500180

项目负责人：姚纲

金额单位：万元

序号	科目名称	预算数			累计支出数	结余
		批准预算	预算调整数	调整后预算		
		(1)	(2)	(3) = (1) + (2)		
1	合计	18.0000	0.0000	18.0000	13.0431	4.9569
2	1、设备费	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
3	（1）设备购置费	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
4	（2）设备试制费	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
5	（3）设备升级改造与租赁费	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
6	2、材料费	2.6840	0.0000	2.6840	0.3105	2.3735
7	3、测试化验加工费	6.8000	1.6600	8.4600	8.4335	0.0265
8	4、燃料动力费	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
9	5、差旅/会议/国际合作与交流费	3.1560	0.0000	3.1560	2.8338	0.3222
10	6、出版/文献/信息传播/知识产权事务费	1.7000	0.0000	1.7000	0.7453	0.9547
11	7、劳务费	3.6600	-1.6600	2.0000	0.7200	1.2800
12	8、专家咨询费	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
13	9、其他支出	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

注:1. 本表中（1）、（3）、（5）栏为系统自动生成，不需项目负责人填写； 2. 本表中（2）栏填列经批准的预算调整数； 3. 本表中（4）栏填列项目的实际支出数；



决算说明书（定额补助）

（请说明项目预算的调整及执行情况、合作研究外拨资金情况、单笔总额10万元（含）以上的设备名称及使用情况、资金管理和使用过程中遇到的问题及建议，以及其他需要说明的事项。）

项目编号：31500180，总到位经费21.6万元（其中直接经费18.00万元，间接经费3.6万元），截止2018年12月31日执行期累计支出15.8659万元（其中直接经费13.0431万元，间接经费2.8228万元；占总经费的73.45%），结余经费5.7341万元（其中直接经费4.9569万元，间接经费0.7772万元；占总经费的26.55%），项目预算的调整及执行情况如下：

直接经费（批复18.00万元，累计支出13.0431万元，结余4.9569万元）

1. 材料费：批复预算2.6840万元，累计支出0.3105万元，主要用于购买实验材料收集与保存所需变色硅胶、分子袋、保鲜盒及封口袋等材料，野外考察所需野外背包等物品，以及实验记录本、笔、文件盒等办公用品；结余2.3735万元，将用于后续实验所需试剂、野外考察所需用品以及数据存储所需移动硬盘等物品的购置。
2. 测试化验加工费：批复预算6.8万元，本项目最终测序类群数目超过项目最初计划测序的类群数目，因此测序费用超过最初预算，故对此项预算进行了调整，调整增加1.66万元，总预算达8.46万元；此项支出主要用于叶绿体全基因组测序（采用二代测序技术），总共支出8.4335万元；结余0.0265万元。
3. 差旅/会议/国际合作与交流费：批复预算3.156万元，主要用于项目执行期间标本查阅、野外考察及参加学术会议等差旅费支出，总共支出2.8338万元，结余0.3322万元。
4. 出版/文献/信息传播/知识产权事务费：批复预算1.7万元，主要用于资料复印打印、文章发表版面费等支出，总计支出0.7453万元，结余0.9547万元，将用于后续文章发表版面费支出。
5. 劳务费：批复预算3.66万，因参与项目研究生每月劳务费已从其他相关项目支出，因此本项目计划支付给研究生的劳务费有所节省，故减少预算1.66万元并将其调至测试化验加工费项目之中，因此本项最终预算2.0万元，总计支出研究生劳务费0.72万元，结余1.28万元，将用于研究生后续劳务费支出。

间接经费（批复3.6万元，累计支出2.8228万元，结余0.7772万元）

批复预算3.6万元，累计支出2.8228万元，主要用于项目依托单位管理费（按5%收取）及项目组聘用人员绩效支出，结余经费0.7772万元，将继续用于参与项目短期聘用人员的绩效支出。

**签字及审核意见表****项目负责人承诺：**

我所承担的项目（编号：31500180 名称：基于叶绿体基因组的石竹目系统发育基因组学研究）结题报告内容真实，数据准确，未出现《国家科学技术保密规定》中列举的属于国家科学技术秘密范围的内容。在今后的研究工作中，如有与本项目相关的成果，将如实注明得到国家自然科学基金项目资助和项目批准号，并报送国家自然科学基金委员会。

项目负责人（签章）：

日期：

依托单位科研管理部门：

负责人（签章）：

日期：

依托单位财务管理部门：

负责人（签章）：

日期：

依托单位审查意见：

依托单位公章：

科学处审核意见：完成情况
综合评分
(划√)

优

良

中

差

负责人（签章）：

日期：

科学部核准意见（对重点项目等）：

负责人（签章）：

日期：

分管委领导意见（对重大项目等）：

委领导（签章）：

日期：



电子附件目录

序号	附件类型	附件名称	备注
1	论著	论文首页(含基金标注)	
2	论著	论文首页及基金标注	
3	论著	论文首页及基金标注	



项目批准号	32371690
申请代码	C0309
归口管理部门	
依托单位代码	51064208A0499-0932



国家自然科学基金 资助项目计划书 (预算制项目)

资助类别：面上项目

亚类说明：

附注说明：

项目名称：从棕榈科看热带雨林的时空动态演化历史

直接费用：50万元 执行年限：2024.01-2027.12

负责人：姚纲

通讯地址：广州市天河区五山路483号华南农业大学林学与风景园林学院705室

邮政编码：510642 电 话：020-85280767

电子邮件：gyao@scau.edu.cn

依托单位：华南农业大学

联系人：唐家林 电 话：020-85280070

填表日期：2023年08月25日

国家自然科学基金委员会制



国家自然科学基金资助项目计划书填报说明 （预算制项目）

- 一、项目负责人收到《国家自然科学基金资助项目批准通知》（以下简称《批准通知》）后，请认真阅读本填报说明，参照国家自然科学基金相关项目管理办​​法和新修订的《国家自然科学基金资助项目资金管理办法》（以下简称《资金管理办法》，请查阅国家自然科学基金委员会官方网站首页“政策法规”栏目），按《批准通知》的要求认真填写和提交《国家自然科学基金资助项目计划书》（以下简称《计划书》）。
- 二、填写《计划书》时要科学严谨、实事求是、表述清晰、准确。《计划书》经国家自然科学基金委员会相关项目管理部门审核批准后，将作为项目研究计划执行、检查和验收的依据。
- 三、《计划书》各部分填写要求如下：
 - （一）简表：由系统自动生成。
 - （二）摘要及关键词：各类获资助项目都应当填写中、英文摘要及关键词。
 - （三）项目组主要成员：计划书中列出姓名的项目组主要成员由系统自动生成，与申请书原成员保持一致，不可随意调整。如果《批准通知》所附“项目评审意见及修改意见表”中“修改意见”栏目有调整项目组成员相关要求的，待项目开始执行后，按照项目成员变更程序另行办理。
 - （四）资金预算表：根据批准的项目资助额度，按规定调整项目预算，并按照《国家自然科学基金项目计划书预算表编制说明》填报资金预算表和预算说明书。
 - （五）正文：
 1. 面上项目、地区科学基金项目：如果《批准通知》所附“项目评审意见及修改意见表”中“修改意见”栏目没有修改要求的，只需选择“研究内容和研究目标按照申请书执行”即可；如果《批准通知》中上述栏目明确要求调整研究期限或研究内容等的，须选择“根据研究方案修改意见更改”并填报相关修改内容。
 2. 重点项目、重点国际（地区）合作研究项目、重大项目、国家重大科研仪器研制项目、原创探索计划项目：须选择“根据研究方案修改意见更改”，根据《批准通知》的要求填写研究（研制）内容，不得自行降低、更改研究目标（或仪器研制的技术性能与主要技术指标、验收技术指标等）或缩减研究（研制）内容。此外，还要突出以下几点：
 - （1）研究的难点和在实施过程中可能遇到的问题（或仪器研制风险），拟采用的研究（研制）方案和技术路线；
 - （2）项目主要参与者分工，合作研究单位（如有）之间的关系与分工，重大项目还需说明课题之间的关联；
 - （3）详细的年度研究（研制）计划。
 3. 创新研究群体项目：须选择“根据研究方案修改意见更改”，按下列提纲撰写：
 - （1）研究方向；



- (2) 结合国内外研究现状，说明研究工作的学术思想和科学意义（限两个页面）；
 - (3) 研究内容、研究方案及预期目标（限两个页面）；
 - (4) 年度研究计划；
 - (5) 研究队伍的组成情况。
4. 基础科学中心项目：须选择“根据研究方案修改意见更改”，根据《批准通知》的要求和现场考察专家组的意见和建议，进一步完善并细化研究计划，按下列提纲撰写：
 - (1) 五年拟开展的研究工作（包括主要研究方向、关键科学问题与研究内容）；
 - (2) 研究方案（包括骨干成员之间的分工及合作方式、学科交叉融合研究计划等）；
 - (3) 年度研究计划；
 - (4) 五年预期目标和可能取得的重大突破等；
 - (5) 研究队伍的组成情况。
5. 对于其他类型项目，参照面上项目的方式进行选择和填写。



简表

项目负责人信息	姓 名	姚纲	性 别	男	出生年月	1984年10月	民 族	土家族
	学 位	博士			职称	讲师		
	是否在站博士后	否			电子邮件	gyao@scau.edu.cn		
	电 话	020-85280767			个人网页			
	工 作 单 位	华南农业大学						
	所 在 院 系 所	林学与风景园林学院						
依托单位信息	名 称	华南农业大学					代码	51064208A0499
	联 系 人	唐家林			电子邮件	kyc.jhk@scau.edu.cn		
	电 话	020-85280070			网站地址	http://kjc.scau.edu.cn/		
合作单位信息	单 位 名 称							
项目基本信息	项 目 名 称	从棕榈科看热带雨林的时空动态演化历史						
	资 助 类 别	面上项目				亚 类 说 明		
	附 注 说 明							
	申 请 代 码	C0309:环境与生物演化				C0308:全球变化生态学		
	基 地 类 别							
	执 行 年 限	2024.01-2027.12						
	直 接 费 用	50万元						



项目摘要

中文摘要:

古气候变化对生物群系演化历史的影响是宏观进化领域最核心的研究内容之一。热带雨林作为全球重要的生物群系，目前关于其演化历史的理解还存在较大欠缺，尤其针对古气候变化是否影响了该群系的动态演化历史过程这一问题还颇具争议。本项目将以棕榈科这一典型的热带雨林类群为研究对象，拟采用系统发育基因组学手段重建该科系统框架，在此基础上结合翔实的化石数据进行分化时间估算，并进一步开展物种多样化分析与历史生物地理学分析，将所得结果与古气候变化历史数据相联系，从不同层面不同角度剖析该科类群的时空动态演化历史，揭示该科类群多样化历史与现今地理分布格局成因，以期阐明热带雨林动态演化历史与古气候变化之间的联系。本项目的开展不仅能深化对全球生物多样性起源演化历史的理解，还能为当今全球气候变化条件下的热带雨林生物多样性保护工作提供理论依据，亦能为将系统发育基因组学与生物信息学等手段相结合在进化生态学领域的应用提供案例参考。

Abstract:

The impact of paleoclimatic events on the origin and evolutionary history of biome is one of the core research focuses in the field of macroevolutionary study. Tropical rain forest (TRF) is an important biome on earth, however research on its evolutionary history is still deficient, and the understanding of whether paleoclimatic events had impacted on the dynamic evolutionary history of TRFs is still disputable. The palm family Arecaceae represents an ideal group to explore the origin and evolutionary history of TRFs. This study aims to increase taxon sampling on Arecaceae and reconstruct the palm phylogeny through phylogenomics, explore the origin of the family by divergence time estimation referring to multiple fossil records, carry out analyses of species diversification and historical biogeography based on the dated phylogeny, and compare the results against global paleoclimatic events. By exploring the temporal and spatial dynamic evolutionary history of Arecaceae from different aspects, we aim to reveal its diversification history and the causes of its current geographic distribution, and finally identify the relationship between the dynamic evolutionary history of TRFs and global paleoclimatic events. This study could not only improve our understanding on the origin and evolutionary history of global biodiversity, but also provide theoretical reference for biodiversity conservation of TRF in the context of global climate changes, as well as provide a case study in the application of combining phylogenomics and bioinformatics in the field of evolutionary ecology.

关键词(用分号分开): 植物; 基因组; 热带雨林; 分化速率; 生物多样性

Keywords(用分号分开): Plant; Genome; Tropical rain forest; Diversification rate; Biodiversity



项目组主要成员

编号	姓名	出生年月	性别	职称	学位	单位名称	电话	证件号码	项目分工	每年工作时间 (月)				
1	姚纲	1984. 10	男	讲师	博士	华南农业大学	020-85280767	430726198410292236	项目负责人	9				
2	李玉玲	1987. 07	女	讲师	博士	华南农业大学	020-85280767	441881198707141722	野外考察、分子实验等	3				
3	张卓欣	1987. 04	女	讲师	博士	华南农业大学	02085280256	440106198704234027	数据分析、论文撰写	3				
4	黄久香	1975. 12	女	副教授	博士	华南农业大学	020-85280256	440106197512122149	野外考察	3				
总人数			高级		中级		初级		博士后		博士生		硕士生	
8			1		3						2		2	



国家自然科学基金预算制项目预算表

项目批准号：32371690

项目负责人：姚纲

金额单位：万元

序号	科目名称	金额
1	一、基金资助项目直接费用合计	50.0000
2	1、设备费	0.0000
3	其中：设备购置费	0.0000
4	2、业务费	40.0000
5	3、劳务费	10.0000
6	二、其他来源资金	0.0000
7	三、合计	50.0000

注：请按照项目研究实际需要合理填写各科目预算金额。



预算说明书

（请按照《国家自然科学基金项目计划书预算表编制说明》等的有关要求，按照政策相符性、目标相关性和经济合理性原则，实事求是编制项目预算。填报时，直接费用应按设备费、业务费、劳务费三个类别填报，每个类别结合科研任务按支出用途进行说明。填报时，对单价 ≥ 50 万元的设备详细说明，对单价 < 50 万元的设备费用分类说明，对合作研究单位资质及资金外拨情况、自筹资金进行必要说明。）

本项目共申请直接经费**50.00万**，其中包括：设备费0.00万，业务费40.00万，劳务费10.00万。预算详细信息如下：

1. 设备费：0.00万

2. 业务费：40.00万

材料费：2.3万

- （1）植物基因组总DNA提取试剂盒NDeasy Plant Mini Kit（50次/盒），2500元/盒 $\times 2$ 盒，共0.50万元；
- （2）植物基因组DNA纯化试剂盒QIAquick PCR Purification Kit（50次/盒），2000元/盒 $\times 2$ 盒，共0.40万元；
- （3）分子实验所需离心管、移液枪枪头等耗材，以及实验材料处理所需变色硅胶、分子袋、保鲜盒等耗材购置，共约0.50万元；
- （4）植物标本数据、野外考察图片及基因组序列数据储存所需移动硬盘等耗材购置，900元 $\times 2$ 个，共0.18万元
- （5）棕榈科种子购买费用：0.72万

测试化验加工费：10.80万

本项目将对棕榈科在属下水平进行扩大取样，在前期基础上拟计划至少增加150种（总共约200个体），并对增加个体进行基因组测序（每个个体计划测序20 G 数据量），按照目前基因组浅层测序收费标准：每个个体基因组建库及测序3G数据量收费200元，若超过10 G数据量，在3 G数据收费基础上每增加1 G收费20元，因此每个个体基因组建库和测序共540元（200 + 340）；总共约10.80万；

差旅/会议/国际合作与交流费：20.00万

- （1）拟计划开展野外考察工作总共6次，每次平均3人，每次预计平均20天，往返交通费、食宿费及野外考察租车费等共计约18.00万元；
- （2）学术交流：参加学术交流会议总共预计4人/次，每人/次平均5000元，共计：2.0万元

出版/文献/信息传播/知识产权事物费：6.90万

- （1）文章发表版面费：预计总共约6.8万元；
- （2）资料复印、打印费用，文献传递等费用，约0.1万元；

3. 劳务费：10.00万

- （1）项目组有2名博士研究生和2名硕士研究生参与野外考察、分子实验及数据分析等工作，平均每年按8个月工作时间计算，按照依托单位研究生补贴发放标准，博士研究生每月1200元，硕士研究生每月800元，发放3年，总共：9.60万；
- （2）野外考察向导费，预计总共约0.4万。



报告正文

研究内容和研究目标按照申请书执行。



国家自然科学基金项目负责人、依托单位承诺书

国家自然科学基金项目负责人承诺书

本人郑重承诺：我接受国家自然科学基金的资助，严格遵守中共中央办公厅、国务院办公厅《关于进一步加强科研诚信建设的若干意见》《关于进一步弘扬科学家精神加强作风和学风建设的意见》《关于加强科技伦理治理的意见》等规定，及国家自然科学基金委员会关于资助项目管理、项目资金管理等各项规章，在《计划书》填写及项目执行过程中：

（一）按照《批准通知》《国家自然科学基金资助项目计划书填报说明》的要求填写《计划书》，未自行降低、更改目标任务或约定要求，或缩减研究（研制）内容；

（二）树立“红线”意识，严格履行科研合同义务，按照《计划书》负责实施本项目（批准号：32371690），切实保证研究工作时间，按时报送有关材料，及时报告重大情况变动，不违规将科研任务转包、分包他人，不以项目实施周期外或不相关成果充抵交差；

（三）遵守科研诚信、科技伦理规范和学术道德，认真开展研究工作，对资助项目发表的论著和取得的科研成果按规定进行标注，不在非本项目资助的成果或其他无关成果上标注本项目批准号，反对无实质学术贡献者“挂名”，不在成果署名、知识产权归属等方面侵占他人合法权益，并如实报告本人及项目组成员发生的违背科研诚信要求的任何行为；

（四）尊重科研规律，弘扬科学家精神，严谨求实，追求卓越，反对浮夸浮躁、投机取巧，不人为夸大学术或技术价值，不传播未经科学验证的现象和观点；

（五）将项目资金全部用于与本项目研究工作相关的支出，并结合科研活动需要，科学合理安排项目资金支出进度；

（六）做好项目组成员的教育和管理，确保遵守以上相关要求。

如违背上述承诺，本人愿接受国家自然科学基金委员会和相关部门做出的各项处理决定。

项目负责人（签字）： 
年 月 日

依托单位科研管理部门：

负责人（签章）：
年 月 日

依托单位财务管理部门：

负责人（签章）：
年 月 日

国家自然科学基金项目依托单位承诺书

我单位同意承担上述国家自然科学基金项目，将保证项目负责人及其研究队伍的稳定和研究项目实施所需的条件，严格遵守国家自然科学基金委员会有关资助项目管理、项目资金管理、科研诚信管理和科技伦理管理等各项规定，并督促实施。

依托单位（公章）
年 月 日



本栏目由自然科学基金委填写

负责人（签章）：
年 月 日

负责人（签章）：
年 月 日

检索证明

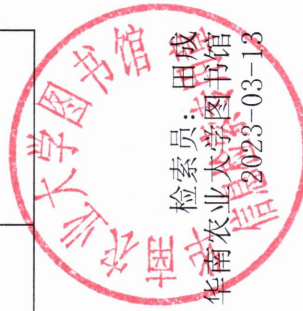
根据委托人提供的论文材料，委托人华南农业大学林学院李玉玲9篇论文收录情况如下表。

序号	论文名称	发表刊物及发表的年月卷期/页码等	作者排名	论文等级	作者中文单位	收录情况	影响因子	中科院大类分区
1	Oberonia integrilabris (Orchidaceae), a new species from China	PHYTOTAXA 出版年: 2020 FEB 5 卷期: 432 1 页码: 104-110 文献类型: Article	第一作者	B类	华南农业大学林学与风景园林学院	SCI	IF2-year=1.171 IF5-year=1.196 (2020)	生物学 4区 Top期刊: 否 (2020)
2	Reinstatement of the Sikkim Himalaya species Oberonia orbicularis (Orchidaceae, Malaxideae)	PHYTOTAXA 出版年: 2018 NOV 1 卷期: 374 1 页码: 54-62 文献类型: Article	第一作者	B类	华南农业大学林学与风景园林学院	SCI	IF2-year=1.168 IF5-year=1.131 (2018)	生物学 4区 Top期刊: 否 (2018)
3	Oberonia sinica and O. pumilum var. rotundum are new synonyms of O-insularis (Orchidaceae, Malaxideae)	PHYTOTAXA 出版年: 2017 SEP 15 卷期: 321 2 页码: 213-218 文献类型: Article	第一作者	B类	华南农业大学林学与风景园林学院	SCI	IF2-year=1.185 IF5-year=1.168 (2017)	生物学 4区 Top期刊: 否 (2017)
4	Complete plastid genome sequence of Oberonioides microtatantha (Schltr.) Szlach. (Orchidaceae), an endemic herb in China	MITOCHONDRIAL DNA PART B-RESOURCES 出版年: 2021 FEB 1 卷期: 6 2 页码: 703-704 文献类型: Article	通讯作者	B类	华南农业大学林学与风景园林学院	SCI	IF2-year=0.61 IF5-year=0.628 (2021)	生物学 4区 Top期刊: 否 (2021)
5	Begonia guangdongensis, a new species of Begonia (Begoniaceae) from Guangdong, China	PHYTOKEYS 出版年: 2020 OCT 7 卷期: 162 页码: 29-36 文献类型: Article	通讯作者	B类	华南农业大学林学与风景园林学院	SCI	IF2-year=1.635 IF5-year=1.667 (2020)	生物学 3区 Top期刊: 否 (2020)
		西北植物学报			华南农业大学林学与风景园林学院			

6	中国鸢尾属（兰科）植物新记录种	出版年：2020 卷期：40 9 页码：1613-1616 文献类型：	第一作者	C类	学与风景园林学院	北大核心	
7	广东省特有兰科植物观赏性状综合评价	热带作物学报 出版年：2020 卷期：41 8 页码：1560-1565 文献类型：	通讯作者	C类	华南农业大学 学与风景园林学院	北大核心	
8	广东象头山国家级自然保护区兰科植物垂直分布格局	亚热带植物科学 出版年：2022 卷期：51 4 页码：306-312 文献类型：	通讯作者	/	华南农业大学 学与风景园林学院	CNKI	
9	广东省2种兰科植物新记录	亚热带植物科学 出版年：2020 卷期：49 5 页码：398-400 文献类型：	通讯作者	/	华南农业大学 学与风景园林学院	CNKI	

说明：论文等级和中科院大类分区按《华南农业大学学位论文评价方案（试行）》划分。

报告免责声明：如未盖章，报告无效



检索证明

根据委托人提供的论文材料，委托人华南农业大学林学与风景园林学院李玉玲1篇论文收录情况如下表。

序号	论文名称	发表刊物及发表的年月卷期/页码等	作者排名	论文等级	作者文中单位	收录情况	影响因子	中科院大类分区
1	Characterization of the complete plastid genome of <i>Psammosilene tunicoides</i> (Caryophyllaceae), an endangered medical herb endemic to south-western China	MITOCHONDRIAL DNA PART B- RESOURCES 出版年: 2019 JUL 3 卷期: 4 2 页码: 2798-2799 文献类型: Article	第一作者	B类	华南农业大学林学与风景园林学院	SCI	IF2-year=0.885 IF5-year=0.845 (2019)	生物学 4区 Top期刊: 否 (2019)

说明: 论文等级和中科院大类分区按《华南农业大学学术论文评价方案(试行)》划分。

报告免责声明: 如未盖章, 报告无效



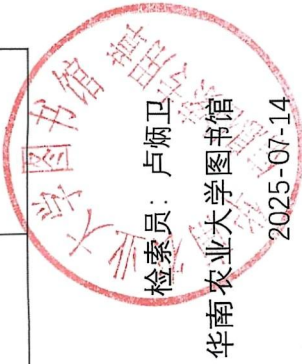
检索证明

根据委托人提供的论文材料，委托人华南农业大学林学与风景园林学院 李玉玲 1 篇论文收录情况如下表。

序号	论文名称	发表刊物及发表的年月卷期/页码等	作者排名	论文等级	作者文中单位	收录情况	影响因子	中科院大类分区
1	Comparative Analysis of Chloroplast Genomes for the Genus Manglietia Blume (Magnoliaceae): Molecular Structure and Phylogenetic Evolution	GENES 出版年: 2024 出版日期: APR 卷期: 15 4 页码: - 文献号: 406 文献类型: Article	通讯作者	B 类	华南农业大学 林学与风景园林学院	SCI	IF2-year=2.8 IF5-year=3.2 (2024)	生物学 3 区 Top 期刊: 否 (2025)

说明: 论文等级和中科院大类分区按《华南农业大学学术论文集评价方案(试行)》划分。

报告免责声明: 如未盖章, 报告无效



Oberonia integrilabris (Orchidaceae), a new species from China

YU-LING LI^{1,3}, YI TONG^{2,3}, DE-PING YE⁴, GANG YAO¹ & FU-WU XING³

¹Guangdong Key Laboratory for Innovative Development and Utilization of Forest Plant Germplasm, College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, Guangdong, China

²School of Chinese Materia Medica, Guangzhou University of Chinese Medicine, Guangzhou 510006, Guangdong, China

³Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Sustainable Utilization, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, Guangdong, China

⁴Forest Bureau of Pu'er, Pu'er 665000, Yunnan, China

Corresponding author: Fu-Wu Xing (xinfw@scib.ac.cn)

Abstract

Oberonia integrilabris (Orchidaceae), a new species from Yunnan, China, is described and illustrated. The species is most similar to *O. jhae* and *O. segawae*, but differs from *O. jhae* by its leaf basal joint, oblong petals with irregularly toothed margin and obtuse apex and is distinguished from *O. segawae* by its petals with irregularly toothed margin and obdeltoid lip with entire margin and acute apex. The conservation status of *O. integrilabris* is assessed as CR.

Keywords: Pu'er City, new taxa, plant taxonomy

Introduction

Oberonia Lindley (1830: 15) is an orchid genus belonging to the subtribe Oberoniinae, tribe Malaxideae, with about 300 species concentrated in tropical south and south-east Asia (Pridgeon *et al.* 2005, Chen *et al.* 2009, Govers *et al.* 2016). *Oberonia* species grow as epiphytes or lithophytes.

The genus *Oberonia* can be easily distinguished from other genera of its tribe by its fleshy equitant distichous leaves, many minute flowers and erect column (Chen *et al.* 2009). The monophyly of the genus is also well supported in molecular phylogenetic studies (Cameron 2005, Tang *et al.* 2015). Due to the minute flowers and highly vegetative similarities amongst different species, the taxonomy of *Oberonia* is rather difficult. Several infra-generic taxonomic systems within the genus have been proposed but an acceptable one has still not been provided (Lindley 1859, Hooker 1888, Schlechter 1911, Seidenfaden 1968, 1978; Chen 1999, Averyanov 2013).

Flora of China (Chen *et al.* 2009) recorded 33 species of *Oberonia*, with 11 endemic to China. In recent years, many new species or new recorded species of *Oberonia* have been reported from China (e.g. Jin *et al.* 2007, Lin & Lin 2009, Xu *et al.* 2010, Ormerod 2010, 2011, Fan *et al.* 2013, Tian *et al.* 2013). Consequently, the number of *Oberonia* species recorded in China has reached 39. During our botanical survey in Pu'er City, Yunnan Province, China, in July 2012, an *Oberonia* species in vegetative states was found and introduced to South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences (SCBG, CAS) for cultivation and observation. A month later, it bloomed with many extremely small flowers. After thorough studies, the species concerned here is most similar to *O. jhae* Chowlu et Rab (2017: 49) and *O. segawae* T. C. Hsu & S. W. Chung (2008: 165), but can be easily distinguished from *O. jhae* by its leaf articulation and oblong petals with irregularly toothed margin and obtuse apex, from *O. segawae* by its obdeltoid lip with entire margin and acute apex. Thus, we are convinced that it is a new species, which we describe and illustrate it below.

Materials and methods

The morphological study was based on our field collections, herbarium specimens and pertinent literature. All measurements of the new species were taken from dried herbarium specimens. Pertinent literature of all relative *Oberonia* species in China and adjacent areas were reviewed (Seidenfaden 1968, 1978; Seidenfaden & Wood 1992, Schuiteman *et al.* 2008, Chen *et al.* 2009, Xu *et al.* 2010, Rokaya *et al.* 2013, Averyanov 2013, Zhou *et al.* 2016, Chowlu & Rab 2017). All Chinese specimens (about 600 specimens, amongst which 22 are type specimens) of *Oberonia* from China were examined at PE, IBSC, KUN, HITBC, GXMI, GXMG, IBK, SYS, WUK, TAI and TAIF. Additional materials (about 600 specimens with 266 type specimens) from China and neighboring countries (particularly Myanmar, Thailand, Laos and Vietnam) were mostly accessed as hi-resolution digital images from the following herbaria: K, CAL, SING, BM, E, P, AMES, GH, A, G and KEP (Thiers 2019, continuously updated). All data of *O. jhae* and *O. segawae* were taken from protologue and herbarium specimens (Hsu & Chung 2008, Chowlu & Rab 2017).

Results

Oberonia integrilabris Y.L. Li & F.W. Xing, *sp. nov.* (Figure 1 & 2).

Type:—CHINA. Yunnan: Pu'er City, Simao District, 1765 m alt., 10 July 2012, Y. Tong 237. (holotype IBSC!, isotype IBSC!)

Diagnosis:—*Oberonia integrilabris* is morphologically similar to *O. jhae*, especially the shape of the un-lobed lip, but differs by the following characters: leaf articulate (vs. not articulate), much larger subsensiform leaves, 13–22 × 0.6–1.1 cm (vs. 1.5–3.2 cm × 0.4–0.6 cm), few lanceolate sterile bracts (vs. many triangular-oblong sterile bracts), oblong petals with irregularly toothed margin and obtuse apex (vs. lanceolate petals with entire or obscurely erose margin and acute apex) and obovate-deltoid lip (vs. elliptic-lanceolate lip) (Table 1). In addition, *O. integrilabris* and *O. segawae* are vegetative similarities, but the former can be easily distinguished from the latter by having oblong petals with irregularly toothed margin (vs. elliptic-oblong petals with sub-entire margin) and obdeltoid lip with entire margin and acute apex (vs. perpendicular to ovary lip with irregularly laciniate margin and retuse apex) (Table 1).

TABLE 1. Comparison of morphological characters of *Oberonia integrilabris*, *O. jhae* and *O. segawae*.

Characters	<i>O. integrilabris</i>	<i>O. jhae</i>	<i>O. segawae</i>
Leaf size	13–22 cm × 0.6–1.1 cm	1.5–3.2 cm × 0.4–0.6 cm	6–13 cm × 0.3–0.5 cm
Leaf shape	ensiform	linear-oblong	narrowly ensiform
Leaf articulation	present	absent	present
Number of sterile bracts	a few	many	a few
Sterile bract shape	lanceolate	triangular-oblong	lanceolate
Peduncle length	2–3.5 cm	0.5–1.0 cm	1.5–3 cm
Flower size	ca. 1.3 mm across	ca. 0.5 mm across	ca. 1.5 mm across
Sepal shape	ovate-elliptic	lanceolate	ovate-triangular
Petal shape	oblong, margin irregularly toothed, apex obtuse	lanceolate, margin entire or obscurely erose, apex acute	elliptic-oblong, margin sub-entire
Lip size	ca. 0.5 mm in diam.	ca. 0.35 mm × 0.3 mm	0.8–1 mm × 0.7–0.8 mm
Lip shape	obovate-deltoid, margin entire, apex acute	elliptic-lanceolate, margin entire, apex apiculate	perpendicular to ovary, margin irregularly laciniate, apex retuse

Description:—Epiphytic herbs. Plants clustered. Stems enclosed in leaf bases, inconspicuous, 3.5–7 cm. Leaves 3–6, distichous-equitant, laterally compressed, ensiform, 13–22 cm × 0.6–1.1 cm, fleshy, veins slightly visible when dried, base articulate, apex acuminate. Inflorescences terminal, raceme, glabrous, 14–20 cm long; peduncle subterete, 2–3.5 cm, with a few lanceolate sterile bracts below; rachis 10.5–18 cm, ca. 1.5 mm in diam., densely covered with

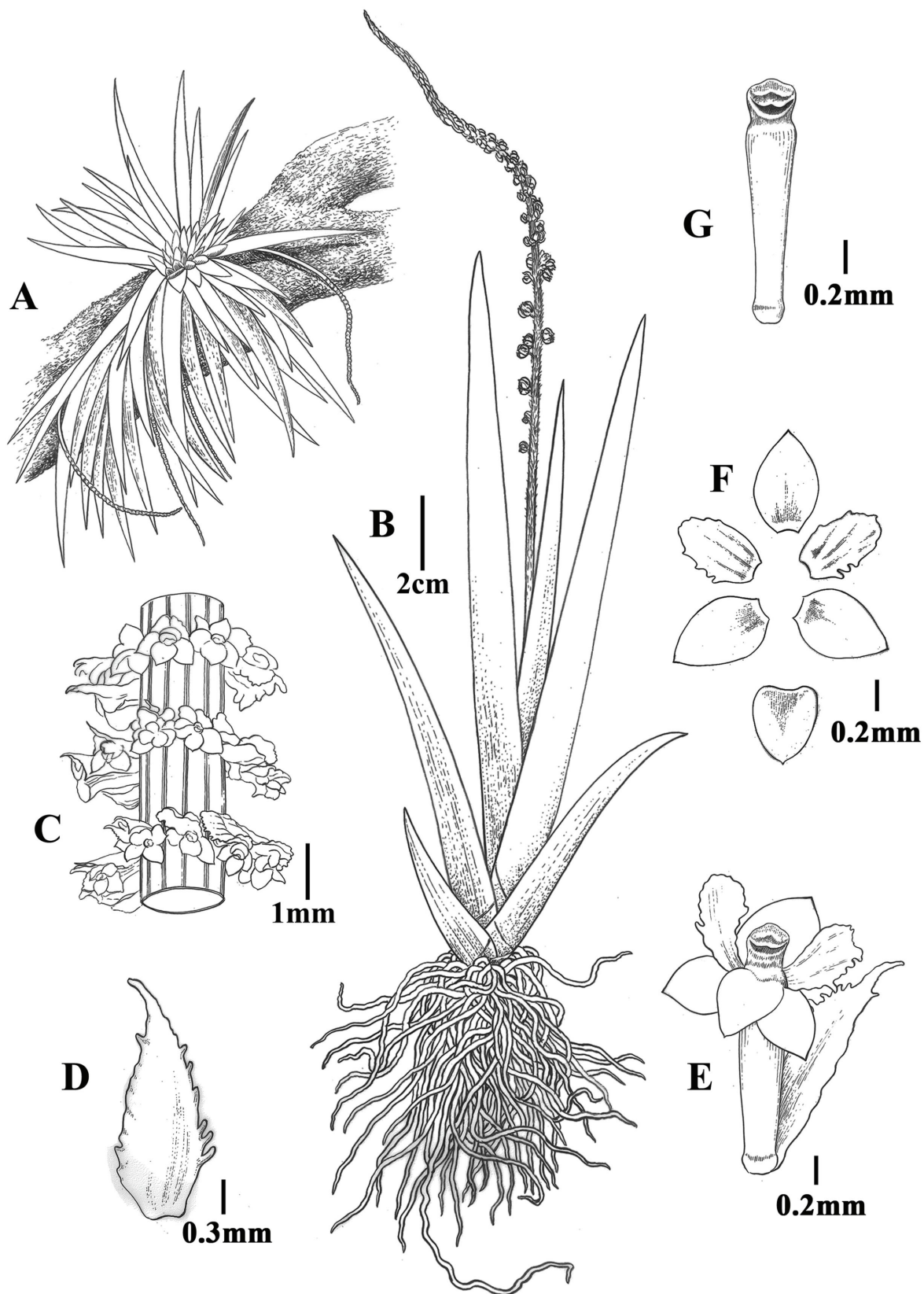


FIGURE 1. *Oberonia integrilabris* Y.L. Li & F.W. Xing, *sp. nov.*, drawing made from holotype. **A.** Habit; **B.** Plant; **C.** Inflorescences; **D.** Floral bracts, abaxial view; **E.** Flower; **F.** Dorsal sepal, petals, lateral sepals and lip, adaxial view; **G.** Column, ventral view. Drawn by Ding-Han Cui.

many minute whorled flowers; floral bracts ovate-lanceolate, ca. 2.2 mm × 0.7 mm, margin irregularly toothed, apex acuminate. Flowers in whorls, greenish to yellowish, ca. 1.3 mm across; pedicel with ovary ca. 1.7 mm long, shorter than the floral bracts. Dorsal sepal ovate-elliptic, 0.6–0.7 mm × 0.4–0.5 mm, acute; lateral sepals similar to dorsal sepals, 0.7–0.8 mm × 0.4–0.5 mm. Petals spreading, oblong, 0.6–0.8 mm × 0.3–0.5 mm, margin irregularly toothed, apex obtuse; lip entire, obovate-deltoid, spreading, ca. 0.5 mm in diam., base sub-truncate, slightly concave, margin entire, apex acute. Column short, erect, ca. 0.3 mm width; anther cap terminal, firmly attached to column apex, 2-locular; pollinia 4, in 2 pairs, waxy. Capsule ellipsoid, ca. 3 mm in diam.

Distribution and habitat:—So far, *Oberonia integrilabris* is only known from the type locality, Pu'er City in southern Yunnan Province, China. It grows as epiphyte on the tree branches in the secondary subtropical evergreen broad-leaved forest.

Etymology:—The specific epithet refers to the morphological character of the lip.

Phenology:—Flowers from August to September, fruiting from September to October.

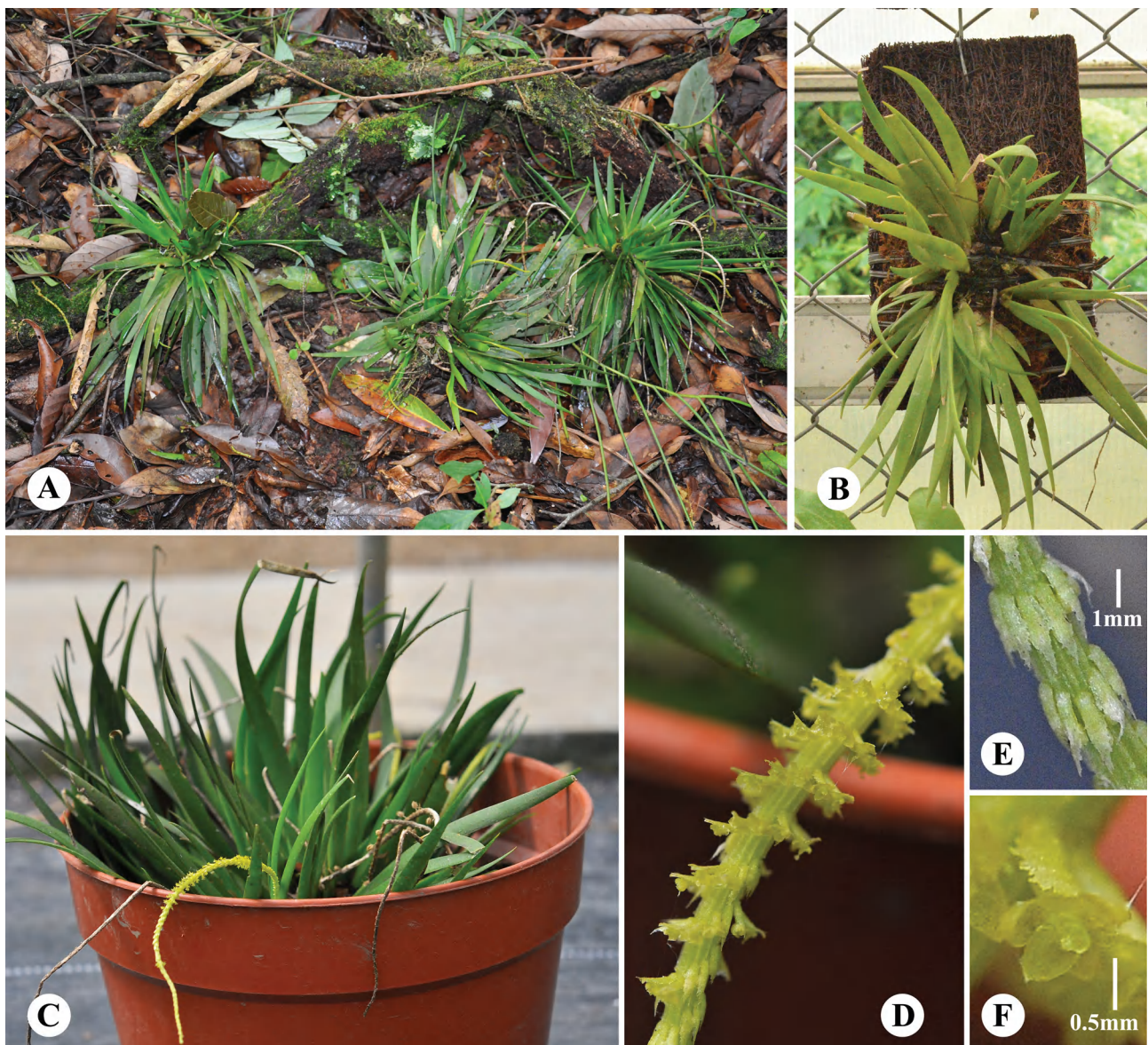


FIGURE 2. *Oberonia integrilabris* Y.L. Li & F.W. Xing. **A.** Habit; **B.** Plants; **C.** Plants; **D.** Inflorescences; **E.** Floral bracts; **F.** Flower.

Conservation status:—Currently, *Oberonia integrilabris* is known only from the type locality and the population size is about 20 mature individuals. The extent of occurrence (EOO) of the species cannot be estimated and its area of occupancy (AOO) is estimated to be 4 km², which belongs in the Critically Endangered category under criterion B2. The location is accessible and not officially protected. Native trees near this location were cut for planting other non-

native economic trees, such as *Eucalyptus camaldulensis*. Hence, the area of the habitat is undergoing a continuing decline. Based on the current information (one location with habitat in continuing decline and AOO less than 10 km²), the new species can be assessed as Critically Endangered [B2ab(iii)] according to the IUCN Red List Categories and Criteria (IUCN 2017).

Discussion

The morphological and molecular study on the genus *Oberonia* indicated that leaf articulation, petals and the lip of flower are of great value for species delimitation (Averyanov 2013, Li 2017). *Oberonia integrilabris* is characterized by its obovate-deltoid un-lobed lip with entire margin and acute apex. On the basis of a literature survey, specimen examination and field investigation, we found that most species from China and adjacent areas generally have 3-lobed lip. Only 11 species have un-lobed lip, i.e. *O. prainiana* King & Pantl. (1895: 331), *O. segawae*, *O. jhae*, *O. integerrima* Guill. (1954: 692), *O. menglaensis* S. C. Chen & Z. H. Tsi (1982: 193), *O. pachyrachis* Rehb. f. ex J. D. Hooker (1890: 681), *O. latipetala* L. O. Williams (1938: 165), *O. maxima* Parish ex J. D. Hooker (1890: 677), *O. anceps* Lindley (1838: sub T. 8), *O. dissitiflora* Ridley (1896: 218) (Seidenfaden 1968, 1978; Schuiteman 2008, Averyanov 2013, Li 2017) and *O. simplex* Averyanov (Averyanov 2016). Amongst these previously known species, only *O. jhae* shared similar lip shape with *O. integrilabris*, but it can be easily distinguished from the new species by its lanceolate petals with entire margin and the absence of leaf basal joint. On the other hand, *O. integrilabris* and *O. segawae* are highly similar in vegetative states and both of them have the leaf articulation and an un-lobed lip. The new species was easily misidentified as *O. segawae* when it was in vegetative states. However, *O. integrilabris* differs from *O. segawae* by its petals with irregularly toothed margin and obdeltoid lip with entire margin and acute apex. Thus, *Oberonia integrilabris* is definitely a new species.

Acknowledgements

We are grateful to the anonymous reviewers for their critical comments to the manuscript. We also thank Mr. Ding-Han Cui for preparing the line drawing. This work was supported by the Natural Science Foundation of China (Grant Numbers. 31800166, 31700166, 31370231).

References

- Averyanov, L.V. (2013) The orchids of vietnam illustrated survey. Part 4. Subfamily Epidendroideae (tribes Arethuseae and Malaxideae). *Turczaninowia* 16 (1): 5–163.
<https://doi.org/10.14258/turczaninowia.16.4.7>
- Averyanov, L.V., Nguyen, K.S., Maisak, T.V., Konstantinov, E.L., Nguyen, T.H., Bounphanmy, S. (2016) New and rare orchids (Orchidaceae) in the flora of Cambodia and Laos. *Turczaninowia* 19 (3): 5–58.
<https://doi.org/10.14258/turczaninowia.19.3.1>
- Cameron, K.M. (2005) Leave it to the leaves: a molecular phylogenetic study of Malaxideae (Epidendroideae, Orchidaceae). *American Journal of Botany* 92 (6): 1025–1032.
<https://doi.org/10.3732/ajb.92.6.1025>
- Chen, S.C. (1982) Notes on some Chinese species of *Oberonia*. *Acta Phytotaxonomica Sinica* 20 (2): 190–195. [<http://www.plantsystematics.com/CN/abstract/abstract2038.shtml>]
- Chen, S.C. (1999) *Oberonia* Lindl. In: Chen, S.C., Tsi, Z.H., Lang, K.Y. & Zhu, G.H. (Eds.) *Flora Reipublicae Popularis Sinicae*, vol. 18. Science Press, Beijing, pp. 123–152.
- Chen, S.C., Ormerod, P. & Wood, J.J. (2009) *Oberonia* Lindl. In: Wu, Z.Y., Raven, P. & Hong, D.Y. (Eds.) *Flora of China*, vol. 25. Science Press, Beijing & Missouri Botanical Garden Press, St. Louis, pp. 236–245.
- Chowlu, K. & Rab, K.S. (2017) *Oberonia jhae*: a new species of orchid from Arunachal Pradesh, India. *Bangladesh Journal of Plant Taxonomy* 24 (1): 49–52.
<https://doi.org/10.3329/bjpt.v24i1.33005>

- Govaerts, R., Bernet, P., Kratochvil, K., Gerlach, G., Carr, G., Alrich, P., Pridgeon, A.M., Pfahl, J., Campacci, M.A., Baptista, D.H., Tigges, H., Shaw, J., Cribb, P., George, A., Kreuz, K. & Wood, J.J. (2016) *World checklist of Orchidaceae*. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew. Available from: <https://wcsp.science.kew.org/home.do> (Accessed: 17 January 2019).
- Guillemin, J.B.A. (1954) Plants nouvelles, rares ou critiques des serres du muséum. *Bulletin du Muséum d'Histoire Naturelle* Sér. 2, 26 (6): 691–692.
- Fan, J., Jin, X.H. & Jin, W.T. (2013) Two new records of Orchidaceae from China. *Journal of Tropical and Subtropical Botany* 21 (2): 130–132.
- Hooker, J.D. (1888) *The flora of British India* 5. L. Reeve & Company, London, pp. 675–686.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.678>
- Hsu, T.C. & Chung, S.W. (2008) *Oberonia segawae* (Orchidaceae): a new orchid species in Taiwan. *Taiwania* 53 (2): 165–169.
[https://doi.org/10.6165/tai.2008.53\(2\).165](https://doi.org/10.6165/tai.2008.53(2).165)
- IUCN (2017) *Guidelines for Using the IUCN Red List Categories and Criteria. version 13*. Prepared by the Standards and Petitions Subcommittee of the IUCN Species Survival Commission. Available from: <http://cmsdocs.s3.amazonaws.com/RedListGuidelines.pdf> (Accessed 17 January 2019)
- Jin, X.H., Li, H. & Li, D.Z. (2007) Additional notes on Orchidaceae from Yunnan, China. *Acta Phytotaxonomica Sinica* 45 (6): 796–807.
<https://doi.org/10.1360/aps06216>
- King, G. & Pantling, R. (1895) On some new orchids from Sikkim. *The Journal of the Asiatic Society of Bengal* 64: 329–331. [<https://biodiversitylibrary.org/page/56509186>]
- Li, Y.L. (2017) *A taxonomic study on the genus Oberonia Lindl. (Orchidaceae) from China*. PhD Thesis. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, pp. 1–248.
- Lin, T.P. & Lin, W.M. (2009) Newly discovered native orchids of Taiwan (III). *Taiwania* 54 (4): 323–333.
<https://doi.org/10.1159/000250013>
- Lindley, J. (1830) *The genera and species of orchidaceous plants*. London, pp. 15–17.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.120492>
- Lindley, J. (1838) *Sertum Orchidaceum: a wreath of the most beautiful orchidaceous flowers*. London, sub T. 8 B.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.204>
- Lindley, J. (1859) *Oberonia*. In: Lindley, J. (Ed.) *Folia Orchidacea: An enumeration of the known species of orchids* 8. London, pp. 1–8.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.51709>
- Ormerod, P. (2010) Orchidaceous additions to the Flora of Yunnan. *Taiwania* 55 (1): 24–27.
- Ormerod, P. (2011) Orchidaceous additions to the Flora of China. *Taiwania* 56 (1): 42–49.
- Pridgeon, A.M., Cribb, P.J., Chase, M.W. & Rasmussen, N. (2005) *Genera Orchidacearum* 4. Oxford University Press, New York, pp. 465–478.
- Ridley, H.N. (1896) The Orchidaceae and Apostasiaceae of the Malay Peninsula. *Journal of the Linnean Society, Botany* 32: 213–416.
<https://doi.org/10.1111/j.1095-8339.1896.tb00698.x>
- Rokaya, M.B., Raskoti, B.B., Timsina, B. & Münzbergová, Z. (2013) An annotated checklist of the orchids of Nepal. *Nordic Journal of Botany* 31: 511–550.
<https://doi.org/10.1111/j.1756-1051.2013.01230.x>
- Schlechter, R. (1911) Beiträge zur Kenntnis der Orchidaceen-Flora von Sumatra. *Botanische Jahrbücher für Systematik, Pflanzengeschichte und Pflanzengeographie* 45, Beiblatt 104: 3.
- Schuitman, A., Bonnet, P., Svengsuksa, B. & Barthelemy, D. (2008) An annotated checklist of the Orchidaceae of Laos. *Nordic Journal of Botany* 26: 257–316.
<https://doi.org/10.1111/j.1756-1051.2008.00265.x>
- Seidenfaden, G. (1968) The genus *Oberonia* in Mainland Asia. *Dansk Botanisk Arkiv* 25 (3): 1–125.
- Seidenfaden, G. (1978) Orchid Genera in Thailand VII: *Oberonia* Lindley. *Dansk Botanisk Arkiv* 33 (1): 7–41.
- Seidenfaden, G. & Wood, J.J. (1992) *The orchids of peninsular Malaysia and Singapore*. Fredensborg, pp. 241–258.
- Tang, G.D., Zhang, G.Q., Hong, W.J., Liu, Z.J. & Zhuang, X.Y. (2015) Phylogenetic analysis of Malaxideae (Orchidaceae: Epidendroideae): two new species based on the combined nrDNA ITS and chloroplast *matK* sequences. *Guihaia* 35 (4): 447–463.
- Thiers, B. (2019, continuously updated) *Index Herbariorum: A global directory of public herbaria and associated staff*. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. Available from: <http://sweetgum.nybg.org/science/ih/> (accessed 23 February 2019)
- Tian, H.Z., Hu, C. & Tong, Y. (2013) Two newly recorded species of *Oberonia* (Orchidaceae) from China. *Journal of Tropical and Subtropical Botany* 21 (3): 231–233.
- Williams, L.O. (1938) Orchid studies. *Botanical Museum Leaflets* 5 (9): 164–165. [<https://biodiversitylibrary.org/page/7811784>]
- Xu, Z.H., Jiang, H., Ye, D.P. & Liu, E.D. (2010) *The wild orchids in Yunnan*. Yunnan Publishing Group Corporation, Yunnan Science & Technology Press, Kunming, pp. 170–180.

Zhou, X.U., Cheng, Z.Q., Liu, Q.X., Zhang, J.L., Hu, A.Q., Huang, M.Z., Hu, C. & Tian, H.Z. (2016) An updated checklist of Orchidaceae for China, with two new national records. *Phytotaxa* 276 (1): 001–148.
<https://doi.org/10.11646/phytotaxa.276.1.1>

***Oberonia sinica* and *O. pumilum* var. *rotundum* are new synonyms of *O. insularis* (Orchidaceae, Malaxideae)**

YU-LING LI^{1,2,3}, YI TONG^{2,4}, WEN YE², HONG-FENG CHEN², FU-WU XING^{2*} & QI-FEI YI^{2*}

¹ College of Forestry & Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

² Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Sustainable Utilization, and Guangdong Provincial Key Laboratory of Applied Botany, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, Guangdong, China

³ University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

⁴ School of Chinese Materia Medica, Guangzhou University of Chinese Medicine, Guangzhou 510006, China

* Author for correspondence; E-Mail: xinfw@scib.ac.cn; yiqifei@scbg.ac.cn.

Abstract

Based on examinations of herbarium specimens, reviews of pertinent literature, and observations on living plants, the Chinese species previously placed in the genus *Hippeophyllum* are revisited. *H. sinicum* and *Oberonia pumilum* var. *rotundum* are reduced to synonymies of *O. insularis*. Nomenclature problems of the names *Hippeophyllum pumilum* and *Oberonia pumila* are also discussed.

Key words: *Hippeophyllum*, nomenclature, taxonomy, validation

Introduction

The genus *Hippeophyllum* Schlechter (1905: 107) is a small genus of Orchidaceae. It belongs to the tribe Malaxideae and comprises about 10 species distributed in the Malay Archipelago, New Guinea, and the Solomon islands (Pridgeon *et al.* 2005). It is close to *Oberonia* Lindley (1830: 15), but differs by the slender column with basally sub-parallel bicallose lip (Ormerod 2002). Three species were reported from China in *Hippeophyllum*, *H. seidenfadenii* Su (1999: 204), *H. pumilum* Fukuy. ex Chen & Lang (1998: 69), and *H. sinicum* Chen & Lang (1998: 69). However, these Chinese species were later transferred to *Oberonia* (Ormerod 2002, 2003).

The genus *Oberonia* consists of 150–200 species and is mainly distributed in tropical Asia, with extension to tropical Africa and tropical Pacific islands (Chen *et al.* 2009). In the recently published volume 25 of *Flora of China*, thirty-three species with 11 endemics were recognized from China in *Oberonia*. However, owing to the variability of certain morphological characters, the possibility of hybridization, the lack of critical examination of type specimens, the infrageneric classification of *Oberonia* is still unsatisfactory.

Hippeophyllum seidenfadenii was transferred to *Oberonia* as *O. seidenfadenii* (H.J. Su) Ormerod (2002: 242). This treatment was followed by Chen *et al.* (2009) and the distribution of *O. seidenfadenii* has been extended from Taiwan to Guangxi and Guangdong (Su 1999, Li *et al.* 2015). However, the delimitation of *H. pumilum* and *H. sinicum* is problematic and in need of clarification.

The name “*Hippeophyllum pumilum*” Fukuy. was first listed by Massmune (1954) in a checklist, but it was not validly published because no description or diagnosis was provided according to the Art. 38.1 of ICN (Melbourne Code; McNeill *et al.* 2012). Then he (Massmune 1974) published it again accompanied with an illustration, but not a Latin description or diagnosis (Art. 39.1). Therefore, it was not validly published either. Although Lin (1987: 141) provided a Latin diagnosis, he failed to validate the name by citing two specimens but indicated none as type (Art. 40.1 and 40.2). As a consequence of the invalidation of the basionym, transfer of the species under “*H. pumilum*” to *Oberonia* as “*O. pumila* (Fukuy. ex Lin 1987: 141) Ying (1990: 610)” (Ying 1990) was also invalid (Art. 12.1 & Art. 41.5). Chen & Lang (1998) later designated *Suzuki s. n.* (TAI), one of the specimen cited by Lin (1987), as lectotype of *H. pumilum*. Unfortunately, neither the terms “typus” or “holotypus” nor any of their modern abbreviations or equivalents were applied in this treatment. Thus the name *Hippeophyllum pumila* remains invalid (Art. 40.6). In 2002,

when Ormerod transferred this species into *Oberonia* and proposed a new combination “*O. pumila* (Fukuy. ex S.C. Chen & K.Y. Lang) S.S. Ying ex Ormerod”, he made a direct reference to the diagnosis provided by Chen & Lang (1998) and indicated the specimen *Suzuki s. n.* (TAI) as holotype. Therefore, Ormerod (2002) validated a name of a new species rather than a new combination. According to Art. 46.4, the authorship of the name *Oberonia pumila* is attributed to “S.S. Ying ex Ormerod”. Chen *et al.* (2009) cited *O. insularis* (1911: 310) as its synonym with a question mark and pointed out that the name *O. insularis* might be the correct name for the species if they are treated as a single species. Later Jin *et al.* (2010) formally reduced *O. pumila* to the synonym of *O. insularis*.

Oberonia insularis was published based on *T. Kawakami & U. Mori 6278* (TI) collected from Neng-gao Mountain, Taiwan. It is characterized by the distinct rhizome and a leaf with basal joint. It was later reduced to a synonym of *O. japonica* (Maximowicz 1877: 257) Makino (1891: pl. 41) by Ying (1977), which was followed by Chen (1999). However, it differs from *O. japonica* by the creeping rhizome with a leaf basal joint, thus was later reinstated as an independent species by Chen *et al.* (2009).

Hippeophyllum sinicum was first described on the basis of a single collection, *K.Y. Lang 1001* (PE) from Gansu, China. In the protologue, it was stated that the species was most closely similar to *H. pumilum* but differentiated from the latter particularly by having sword-like leaves 1.5–2 mm wide, with a joint at base, and having isolated and narrow distribution in Gansu. They were recognized as a pair of vicarious species of *Hippeophyllum* that disjunct distributed in Taiwan and Mainland China, with *H. sinicum* from Gansu and *H. pumilum* from Taiwan. Later, *H. sinicum* was transferred by Ormerod (2003) to *Oberonia* as *O. sinica* (S.C. Chen & K.Y. Lang) Ormerod (2003: 91). The type material of *O. sinica* is unable to be traced in PE in which the holotype specimen was deposited (Jin, pers. comm.). In spite of that, after critically studied the specimens and the protologues of these two species, we were convinced that *O. pumila* is identical with *O. sinica*. As shown in Table 1, it is insufficient to distinguish *O. insularis*, *O. pumila*, and *O. sinica* from each other based on the leaf and floral characters. They all have ensiform to lanceolate leaves, ovate-lanceolate floral bracts, narrowly oblong petals, and ovate-oblong lips deeply bilobed. Moreover, the type material of *O. pumila*, *Suzuki s. n.* (TAI), actually has basal joint leaves, which is also identical with that of *O. sinica* and *O. insularis* (Fig. 1).

TABLE 1. Comparison of morphological characters of *Oberonia insularis*, *O. sinica* and *O. pumila*.

* Data of *O. insularis* and *O. pumila* taken from type; data of *O. sinica* taken from protologue.

	<i>O. insularis</i>	<i>O. sinica</i>	<i>O. pumila</i>
Leaves	4–6, ovate-lanceolate, 16 × 5 mm	3–4, ensiform, (3–)6–11 × 1.5–2 mm	3–5, elliptic to lanceolate, 19 × 5 mm
Leaf basal joint	present	present	present
Inflorescence length	5 cm	3.5 cm	3 cm
Bract	lanceolate, ca. 1.5 mm	ovate, ca. 1 mm	ovate lanceolate, ca. 2 mm

Since *O. pumila* has already been reduced to a synonymy of *O. insularis*, we here merge *O. sinica* into *O. insularis* because the latter, published in 1911, has priority over the former.

Oberonia pumilum (Fukuy. ex Chen & Lang) Ying ex Ormerod var. *rotundum* Lin & Lin (2009: 330) was first published on the basis of a single collection, *W.M. Lin s. n.* (TAI), from Hualien, Taiwan. As indicated by the authors, it was similar to *O. pumila* var. *pumila* in most aspects, but differed from the latter only by floral characters, namely, its shorter inflorescence, greenish-brown and densely arranged flower, shorter ovary and pedicel, and oblong lip (Lin and Lin 2009). Critically studied of the holotype of these two species in TAI (Fig. 1) revealed that *O. pumila* var. *rotundum* is consistent with *O. pumila* var. *pumila*. Flowers of *O. pumila* var. *rotundum* in the holotype are actually in buds. The lip of *O. pumila* var. *rotundum* is oblong in outline, which is also consistent with *O. pumila* var. *pumila*. Since flower color in *Oberonia* is variable, it is not a reliable character for species delimitation. Thus, we here also merge *O. pumila* var. *rotundum* into *O. insularis*.



FIGURE 1. Type specimens of *Oberonia pumila*, *O. insularis* and *O. pumila* var. *rotundum*. A. Suzuki s. n. (holotype of *O. pumila*, TAI), Hualien, Taiwan, China; B. Suzuki s. n. (isotype of *O. pumila*, TAI), Hualien, Taiwan, China; C. T. Kawakami & U. Mori 6278 (type of *O. insularis*), Neng-gao Mountain, Taiwan, China; D. W.M. Lin s. n. (holotype of *O. pumila* var. *rotundum*), Hualien, Taiwan, China.

Taxonomic treatment

Oberonia insularis Hayata (1911: 310). (Fig. 2)

Type:—CHINA. Taiwan: Neng-gao Mountain, January 1907, *T. Kawakami* & *U. Mori* 6278 (holotype TI, photo!)

=*Hippeophyllum sinicum* Chen & Lang (1998: 69). ≡ *Oberonia sinica* (S.C. Chen & K.Y. Lang) Ormerod (2003: 91), **syn. nov.** Type:—CHINA. Gansu: Wudu county, Yu He, alt. 1600m, 6 June 1979, *K.Y. Lang* 1001 (holotype PE, not seen).

=*Oberonia pumila* S.S. Ying ex Ormerod (2002: 242). Type:—CHINA. Taiwan: Hualien County, Taroko, alt. 800–1500 m, 28 December 1931, *Suzuki* s. n. (holotype TAI!).

=*Oberonia pumilum* S.S. Ying ex Ormerod var. *rotundum* Lin & Lin (2009: 330). Type:—CHINA. Taiwan: Hualien County, between Lungshi and Lungchien, 25 May 2009, *W.M. Lin* s. n. (holotype TAI!)

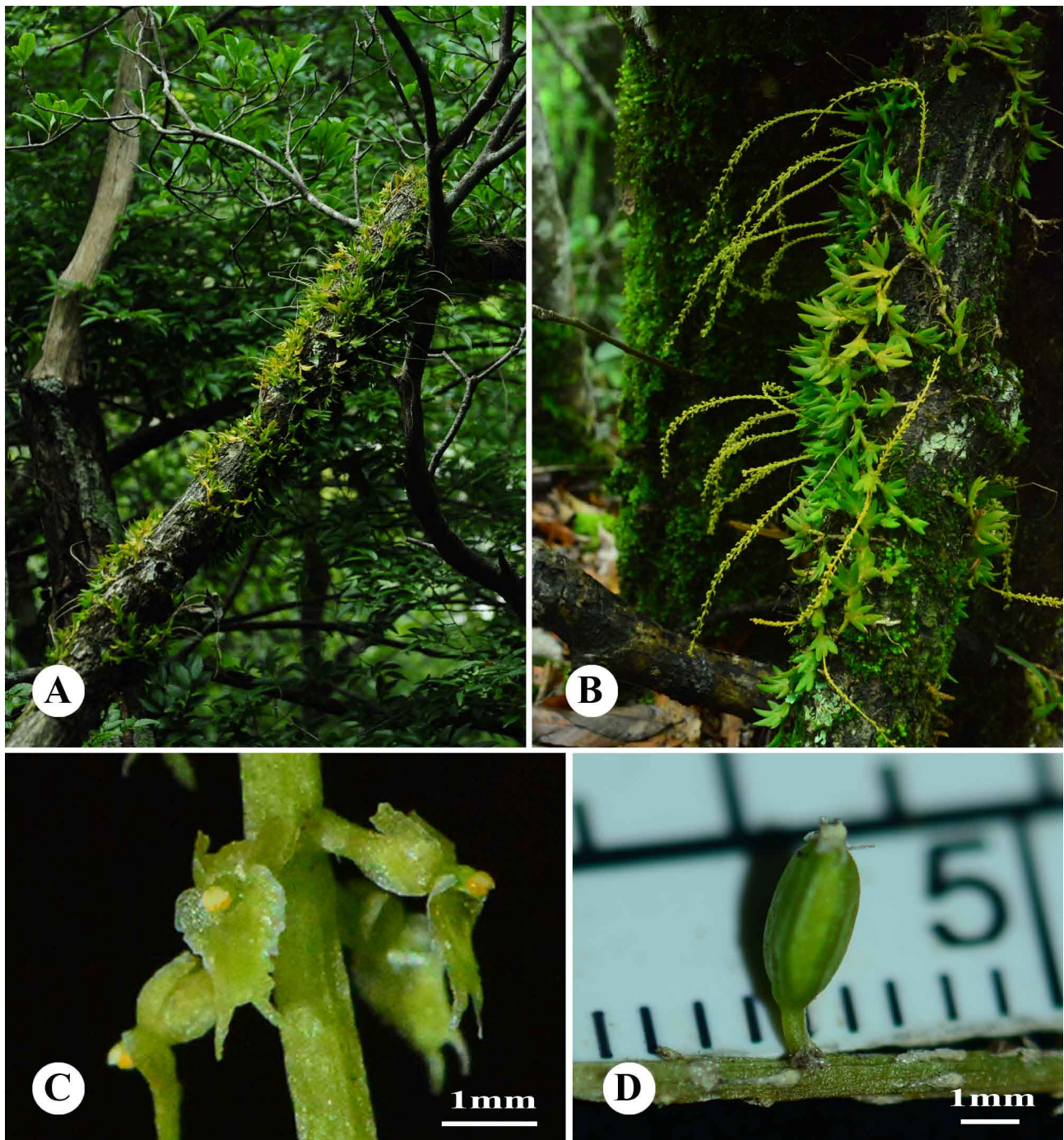


FIGURE 2. *Oberonia insularis* in the wild (Leye, Guangxi, China). A. Habitat; B. Plants; C. Flowers; D. Fruit. Photos taken by Y.L. Li and Y. Tong.

Epiphytes. Rhizome creeping, 1–1.5 mm in diam., slender, covered by scalelike sheaths at nodes. Stem short, 1–2 cm. Leaves 3–6, distichous-equitant, laterally compressed, fleshy, ensiform or ovate-lanceolate, 6–19 × 1.5–5 mm, base articulate. Racemes terminal, about 3–5 cm long, many flowered. Bracts ovate lanceolate, 1–2 mm, margin slightly erose. Pedicel as long as the bracts. Flowers light green to pale yellowish brown, *ca.* 2 mm in diam., not resupinate. Sepals reflexed, ovate-elliptic, *ca.* 0.8–1 × 0.4 mm, acute; lateral sepals usually narrower than dorsal sepal. Petals reflexed, narrowly oblong in outline, *ca.* 0.7–1 × 0.15 mm; lip ovate-oblong in outline, 1.7 × 0.6 mm, margin slightly toothed, bilobed at apex; apical lobes divergent, narrowly lanceolate, 0.3–0.4 mm. Column short, *ca.* 0.2 mm; pollinia 4, in 2 pairs, without caudicles, waxy. Flowering May–June; fruiting July.

Illustration:—Lin (1987: 141), as *H. pumilum*; Chen & Lang (1998: 69), as *H. sinicum*.

Distribution:—*Oberonia insularis* is endemic to China, currently known from Gansu, Guangxi, Guizhou, Hunan, Shaanxi, Taiwan and Yunnan (Fig. 3).

Additional specimens examined:—CHINA. Guangxi: Leye, Dadao, 1184 m, 14 June 2015, *Y.L. Li et al.* LYL091 (IBSC). Guizhou: Libo, Weng’ang, 17 July 2010, *F.L. Chen et al.* LB0450 (IBSC). Hunan: Pingjiang, *H.G. Ye et al.* LXP10-6064 (IBSC). Shaanxi: Zhenping, Baijia, 1420 m, 14 May 1986, *L. Hu* 1037 (PE). Taiwan: Kaohsiung, Qishan, Nanxishan, 16 November 1940, *Suzuki s. n.* (TAI); Hualien, Fenglin, 16 April 1939, *collector unknown s. n.* (TAIF); Hualien, Yanhai Subprefecture, 15 August 1934, *collector unknown s. n.* (TAIF); Hualien, 25 May 2009, *W.M. Lin s. n.* (TAI); Hualien, Daduanyan, *ca.* 900 m, 24 July 1936, *collector unknown s. n.* (KPM); Hualien, 700 m, 16 June 2011, *C.C. Hsu* 1 (TAI); Nantou, 29 September 2013, *P.F. Lu* 26025 (TAIF); Nantou, Jenai Hsiang, 16 March 1990, *H.J. Su* 9315 (HAST); Hsinchu, 18 June 1933, *collector unknown s. n.* (TAIF); Hsinchu, *ca.* 1000 m, 17 May 1935, *collector unknown s. n.* (KPM). Yunnan: Maguan, 20 June 2012, *Y. Tong et al.* TY039 (IBSC).



FIGURE 3. Distribution map of *Oberonia insularis* (·).

Acknowledgements

We would like to express our gratitude to the curators of PE, IBSC, TAI, HAST, TAIF, KPM, and TI for providing specimens images. We are also grateful to Prof. Yun-Fei Deng (South China Botanical Garden, Chinese Academy of

Sciences), for revising the manuscript. We thank Dr. Yi-Hua Tong (South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences) for his suggestions on the manuscript. We also thank Feng-Lin Chen and Bing-Mou Wang for their help in the field works. This work was financially supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant no.31370231).

References

- Chen, S.C. & Lang, K.Y. (1998) A pair of vicarious species of *Hippeophyllum*: *H. sinicum* (sp. nov.) from Gansu and *H. pumilum* from Taiwan. *Acta Phytotaxonomica Sinica* 36: 69–72.
- Chen, S.C. (1999) *Oberonia* Lindl. In: Chen, S.C., Tsi, Z.H., Lang, K.Y. & Zhu, G.H. (Eds.) *Flora Reipublicae Popularis Sinicae* 18. Science Press, Beijing, pp. 123–152. [In Chinese]
- Chen, S.C., Ormerod, P. & Wood, J.J. (2009) *Oberonia* Lindl. In: Wu, Z.Y., Raven, P. & Hong, D.Y. (Eds.) *Flora of China* 25. Science Press, Beijing & Missouri Botanical Garden Press, St. Louis, pp. 236–245.
- Hayata, B. (1911) Materials for a flora of Formosa. *Journal of the College of Science, Imperial University of Tokyo* 30 (1): 1–310.
- Jin, X.H., Dai, Z.Q., Liu, Q.Y. & Ju, X.Y. (2010) Miscellaneous taxonomic notes on Orchidaceae from China. *Acta Botanica Yunnanica* 32 (4): 331–333.
<https://doi.org/10.3724/SP.J.1143.2010.09257>
- Li, Y.L., Ye, D.P., Yi, Q.F. & Xing, F.W. (2015) Two newly recorded species of *Oberonia* (Orchidaceae) from mainland China. *Journal of Tropical and Subtropical Botany* 23 (2): 144–146.
DOI:10.11926/j.issn.1005–3395.2015.02.004
- Lindley, J. (1830) *The genera and species of Orchidaceous plants*. Ridgways, Piccadilly, London, 15 pp.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.499>
- Lin, T.P. (1987) *Native Orchids Taiwan* 3. SMC Publishing Inc., Taipei, pp. 141–142.
- Lin, W.M. & Lin T.P. (2009) Newly discovered native orchids of Taiwan (III). *Taiwania* 54: 323–333.
[https://doi.org/10.6165/tai.2009.54\(4\).323](https://doi.org/10.6165/tai.2009.54(4).323)
- Makino, T. (1891) *Illustrated Flora of Japan to serve as an atlas to the Nippon shokobutsushi* 1. Tokyo, pl. 41.
- Massmune, G. (1954) *A list of vascular plants of Taiwan*. Hokurikunoshoku Butzunokai Press, Kanazawa, Japan.
- Massmune, G. (1974) Icones Plantarum Asiaticarum. *The Journal of Geobotany* 11 (4): 13.
- Maximowicz, C.J. (1877) Diagnoses Plantarum novarum Japoniae et Mandshuriae. *Bulletin de l'Academie Imperiale des Sciences de St-Petersbourg* 3: 209–264.
- McNeill, J., Barrie, F.R., Buck, W.R., Demoulin, V., Greuter, W., Hawksworth, D.L., Herendeen, P.S., Knapp, S., Marhold, K., Prado, J., Prud'homme van Reine, W.F., Smith, G.F., Wiersema, J.H. & Turland, N.J. (Eds.) (2012) *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Melbourne Code) adopted by the Eighteenth International Botanical Congress, Melbourne, Australia, July 2011*. Regnum Vegetabile, 154. Königstein: Koeltz Scientific Books.
- Ormerod, P. (2002) Some brief notes on Taiwanese orchids 1. *Taiwania* 47: 239–245.
[https://doi.org/10.6165/tai.2002.47\(4\).239](https://doi.org/10.6165/tai.2002.47(4).239)
- Ormerod, P. (2003) Orchidaceous additions to the floras of China and Taiwan. *Taiwania* 48: 87–93.
[https://doi.org/10.6165/tai.2003.48\(2\).87](https://doi.org/10.6165/tai.2003.48(2).87)
- Pridgeon, A.M., Cribb, P.J., Chase, M.W. & Rasmussen, N. (2005) *Genera Orchidacearum* 4. Oxford University Press, New York, 465 pp.
- Schlechter, R. (1905) Heft II. Microspermae. In: Schumann, K. & Lauterbach, K. (Eds.) *Die Flora der Deutschen Schutzgebiete in der Südsee*. Leipzig: verlag von Gebrüder Borntraeger, Berlin, 107 pp.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.710>
- Su, H.J. (1999) Contribution to the revised orchid flora of Taiwan (III). *Journal of the Experimental Forest of National Taiwan University* 13 (3): 203–209.
- Ying, S.S. (1977) *Coloured Illustrations of Indigenous Orchids of Taiwan* 1. Department of Forestry, National Taiwan University, Taipei, 485 pp.
- Ying, S.S. (1990) *Coloured Illustrations of Indigenous Orchids of Taiwan* 2. Department of Forestry, National Taiwan University, Taipei, 610 pp.

Reinstatement of the Sikkim Himalaya species *Oberonia orbicularis* (Orchidaceae, Malaxideae)

YU-LING LI^{1,2}, HUAI-ZHEN TIAN³, LIN FU², HONG-FENG CHEN², FU-WU XING^{2*} & QI-FEI YI^{2*}

¹South China Limestone Plants Research Center and College of Forestry & Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

²Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Sustainable Utilization, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, Guangdong, China

³School of Life Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China

*Author for correspondence: e-mail: xinfw@scib.ac.cn; yiqifei@scbg.ac.cn

Abstract

Oberonia orbicularis (Orchidaceae, Malaxideae) has been treated as the synonym of *O. pachyrachis*, *O. obcordata* and *O. maxima*, respectively. Our critical examination of protologues and type materials of these four names demonstrates that they are morphologically distinct from each other. We therefore reinstate the independent specific status of *O. orbicularis*. A detail description of this species was also provided.

Keywords: taxonomy, synonym

Introduction

The orchid genus *Oberonia* Lindley (1830: 15) was first described by Lindley in 1830 and characterized by Iris-like leaves, racemose inflorescences, extremely small flowers usually no more than 1 mm in diameter, and generally 3-lobed lips. Since it was described, it has been widely accepted by many later scholars (Richard 1841, Wight 1852, Bentham 1873, Hooker 1888, King & Pantling 1898). Actually, *Oberonia* is an illegitimate name, being later and hence superfluous substitute for *Iridorkis* Thouars (1809: 319) which was validly published in 1809 and later erroneously written as *Iridorchis* by Thouars (1822). The name *Iridorkis* has not been used for nearly seventy years by other scholars since it was published. Only Kuntze (1891) recognized this name and transferred all the species from *Oberonia* to *Iridorkis*. However, considering the widely usage of *Oberonia*, Briquet (1906) proposed to reject the name *Iridorkis*, while conserve the name *Oberonia* in Vienna Rules. Consequently, *Oberonia* is a legitimate name and has been widely used until now. It comprises over 300 species and is distributed mainly in Tropical South and Southeast Asia, with extension to Tropical Africa, Madagascar, the Mascarene Islands, the Philippines, New Guinea, Northeast Australia, and the Southwest Pacific Islands across to Tahiti (Pridgeon 2005, Chen *et al.* 2009, Govertal *et al.* 2016).

In our taxonomic revision of *Oberonia* in China, we found that *O. pachyrachis* H. G. Reichenbach ex J. D. Hooker (1888: 681), *O. obcordata* Lindley (1859: 7), *O. maxima* Parish ex J. D. Hooker (1888: 677) and *O. orbicularis* J. D. Hooker (1888: 677) are distinct from each other and *O. orbicularis* should be reinstated as an independent species.

Oberonia pachyrachis was published based on three collections: (a). Tropical Himalaya, Garwhal, *Falconer 167*; (b). Kumaon, *Strachey & Winterbottom 2*; (c). Sikkim, *J. D. Hooker s. n.* (K; Figure 1 and 2). Seidenfaden (1978) designated the collection from Garwhal, *i. e.* *Falconer 167*, as the type of this species. It is characterized by the foliaceous peduncle fused with leaf in basal half and ovate lips with entire margin.

Oberonia obcordata was also published by Lindley based on three collections: (a). Sikkim, *J. D. Hooker & T. Thomson 112*; (b). Dorjeeling, *W. Griffith s. n.*; (c). Myrung, Khasya, *W. Griffith s. n.* (K; Figure 3 and 4). We located these three specimens from Kew and found that they are identical and all marked with Lindley's handwriting. Seidenfaden (1978) designated the first sheet as the type of this species. *Oberonia obcordata* is characterized by peduncle connate in lower part to uppermost leaf and 3-lobed lip. It is distributed in northeast India, Nepal, Mymmar, Thailand, Vietnam and China.



FIGURE 1. Lectotype of *Oberonia pachyrachis* (Tropical Himalaya, Garwhal, Falconer 167, herbarium No. K000387693) and syntype of *O. pachyrachis* (Sikkim, J. D. Hooker s. n., herbarium No. K000387714).



FIGURE 2. Syntype of *Oberonia pachyrachis* (Kumaon, Strachey & Winterbottom 2, herbarium No. K000387692).



FIGURE 3. Lectotype of *Oberonia obcordata* (Sikkim, J. D. Hooker & T. Thomson 112, herbarium No. K000974237) and syntype of *O. obcordata* (Dorjeeling, W. Griffith s. n., herbarium No. K000974238).

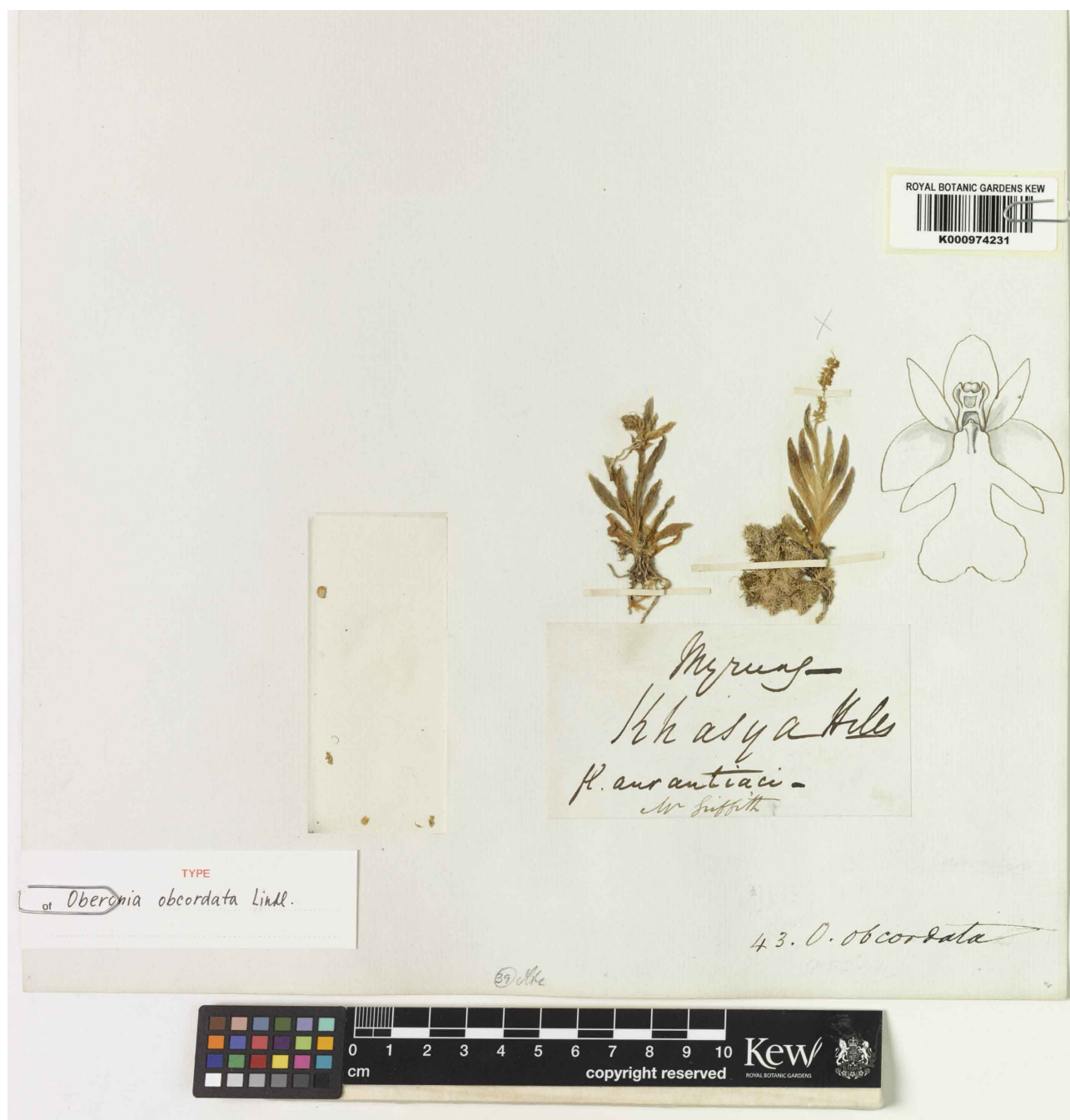


FIGURE 4. Syntype of *Oberonia obcordata* (Myrung, Khasya, W. Griffith s. n., herbarium No. K000974231).

Oberonia maxima was first described on the basis of a single collection from Moulmein, *i. e.* Parish s. n. (K; Fig. 5). In the protologues, the author stated that it was the largest-leaved species. It is characterized by the nearly straight and large leaves (30×4 cm), peduncle with broad wings (0.4–0.7 cm wide) at lower part and orbicular crenulate lips without notch.

Oberonia orbicularis was published based on a single collection from Sikkim Himalaya, *i. e.* Clarke 9610 (K; Fig. 6). It is characterized by the compressed cylindric peduncle with narrow wings (0.25–0.3 cm wide) on both sides and orbicular lips with crenulate margins and notched apices. Hooker (1895) also listed *O. orbicularis* in his book “*The flora of British India*” and cited another specimen, Gibson s. n., from Khasia Hills, under this name. A drawing from the specimen collected by Gibson was also provided in his book. King & Pantling (1898) did not find any living plant of *O. orbicularis* in Sikkim and believe the location of Clarke’s plant to be mislabeled. Then, *Oberonia orbicularis* was later recorded from Thailand and Meghalaya by Seidenfaden & Smitinand (1963) and Kataki (1986). Seidenfaden (1968), after examining the type specimen at Kew, also retained *O. orbicularis* as a distinct species. However, without checking the type material of *O. orbicularis*, Pradhan (1979) considered *O. orbicularis* to be conspecific with *O.*

pachyrachis after the comparison with the living plants of *O. pachyrachis* from India and the drawing of Gibson's plant. Pearce & Cribb (2002) followed Pradhan (1979) and reduced *O. orbicularis* to a synonym of *O. pachyrachis* formally. Ansari & Balakrishnan (1990) didn't include *O. orbicularis* in their work as they haven't examined the type and haven't seen any similar specimen in the Indian herbaria. Chen *et al.* (2009) might overlook the treatment of Pearce & Cribb (2002) and reduced the name *O. orbicularis* to a synonym of *O. obcordata*, without given any particular reason. However, Geiger (2016) disagreed with the treatment of Chen *et al.* (2009). He treated them as two distinct taxa and placed *O. orbicularis* in synonymy with *O. maxima*.



FIGURE 5. Holotype of *Oberonia maxima* (Moulmein, Parish s. n., herbarium No. K000387694).



FIGURE 6. Holotype of *Oberonia orbicularis* (Sikkim Himalaya, Clarke 9610, herbarium No. K000387696).

In order to clarify the relationship among *O. orbicularis*, *O. pachyrachis*, *O. obcordata* and *O. maxima*, we critically checked herbarium specimens or high-resolution images of specimens of these four taxa in PE, K, L, KATH, SING, RAF, HN, LE and MO. The results revealed that *O. orbicularis*, *O. pachyrachis*, *O. obcordata* and

O. maxima are morphologically most readily distinguishable from each other (Table 1). *Oberonia orbicularis* can be easily distinguished from *O. pachyrachis* by the compressed cylindric peduncle with narrow wings on both sides (vs. peduncle foliaceous and fused with leaf in basal half) and orbicular lips with crenulate margins and notched apices (vs. ovate lips with entire margin), distinct from *O. obcordata* by the ensiform leaves (vs. linear leaves) and un-lobed lips (vs. 3-lobed lips), and differentiated from *O. maxima* by having narrowly ensiform leaves 0.6–1.8 cm broad (vs. very broad ensiform leaves 2–3.8 cm broad), orbicular lips with notch at the apex (vs. orbicular lips without notch) and disk not thickened (vs. disk thickened).

In addition, after comparing the drawings of the specimen collected from Khasia Hills by Gibson with the type materials of *O. pachyrachis* and *O. orbicularis*, we confirmed that Gibson's plant with foliaceous peduncle was actually *O. pachyrachis* rather than *O. orbicularis*. There is no wonder that Pradhan (1979) considered *O. pachyrachis* and *O. orbicularis* are conspecific, which directly resulted in the erroneously treatment by Pearce and Cribb (2002). From the descriptions and illustration from Seidenfaden & Smitinand (1963) and Kataki (1986), we also noticed that specimens from Thailand and Meghalaya are actually *O. pachyrachis*, which were misidentified as *O. orbicularis*. Thus, it seems that *O. orbicularis* is only confined to the type location and hasn't been reported for over 100 years. Consequently, a detailed description from protologues and type specimen was provided herein.

Taxonomic treatment

Oberonia orbicularis J. D. Hooker (1888: 677).

TYPE:—INDIA. Sikkim Himalaya, 900 m, *Clarke 9610* (K000387696!).

Epiphytic herbs. Stems inconspicuous, 4–6 cm, enclosed in leaf bases. Leaves subbasal, 3 to 5, distichous equitant, laterally compressed, narrowly ensiform, 12–18 × 0.6–1.8 cm, base articulate, apex acute. Peduncle cylindric, subcompressed, 14–21 cm, lower part with narrow wings on both sides, including wings to 4 mm wide, with a small sterile bracts below; rachis 6–13 cm, densely many flowered; floral bracts orbicularis, margin erose. Flowers ca. 0.17 cm across, pedicel and ovary ca. 0.5 mm. Sepals broadly ovate, 0.8–1 × 0.6–0.8 mm, petals broadly ovate, similar to sepals, lip orbicular in outline, ca. 1 × 0.7–0.8 mm, margin with crenulate margins and notched apices, apex retuse. Column short. Fruiting pedicel very short.

Distribution and habitat:—*Oberonia orbicularis* is endemic to Sikkim Himalaya, India. It is epiphytic on trees in forest at elevations of 900 m.

Phenology:—Flowering in October and fruiting in December.

TABLE 1. Morphological comparison between *Oberonia orbicularis*, *O. pachyrachis*, *O. obcordata* and *O. maxima*.

* Data taken from protologues and type materials.

	<i>O. orbicularis</i>	<i>O. pachyrachis</i>	<i>O. obcordata</i>	<i>O. maxima</i>
Leaves	narrowly ensiform, 12–18 × 0.6–1.8 cm, thick	ensiform, slightly falcate, 5–13 × 0.4–1 cm, thin	nearly linear, 3–5 × 0.2–0.3 cm, thin	broad ensiform, nearly straight, 26–35 × 2–3.8 cm, thick
Leaf basal joint	present	present	absence	present
Peduncle	lower part with narrow wings on both sides, including wings 0.25–0.3 cm wide, not connate to leaf	foliaceous and fused with leaf in basal half	connate in lower part to uppermost leaf conspicuously or inconspicuously	lower part with broad wings on both sides, including wings 0.4–0.7 cm wide, not connate to leaf
Rachis	ca. 6–13 cm	ca. 6–11 cm	ca. 4 cm	ca. 10–14 cm
Pedicel	0.5 mm	sessile	1–1.5 mm	sessile
Petals	broadly ovate	narrowly oblong	oblong-ovate	broadly ovate
Lip	orbicular with crenulate margins and notched apices	ovate with entire margin	ovate in outline, 3-lobed	orbicular crenulate without notch, disk thickened

Acknowledgement

We would like to thank reviewers for their valuable comments on the manuscript, Prof. Yunfei Deng for his suggestions on the manuscripts, Mr. Jianwu Li (HITBC) for his help to examine the type specimens and the curators of PE, K, L, KATH, SING, RAF, HN, LE and MO for allowing us to examine specimens or use their scanned images of specimens. This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (Grants no. 31800166 and Grants no. 31370231).

References

- Ansari, R. & Balakrishnan, R. (1990) A revision of the India species of *Oberonia* (Orchidaceae). *Orchid Monographs* 4: 43.
- Bentham, G. (1873) *Flora Australiensis: a description of the plants of the Australian territory*, vol. 6. London, pp. 274–275.
- Briquet, J. (1906) *Règles internationales de la nomenclature botanique adoptées par le Congrès international de botanique de Vienne, 1905*. Jena: Gustav Fischer.
- Chen, S.C., Ormerod, P. & Wood, J.J. (2009) *Oberonia* Lindl. In: Wu, Z.Y., Raven, P. & Hong, D.Y. (Eds.) *Flora of China* 25. Science Press, Beijing & Missouri Botanical Garden Press, St. Louis, pp. 236–245.
- Geiger, D.L. (2016) Studies in *Oberonia* 1: *Oberonia maxima* and its new synonyms. *Lindleyana* 85: 390–395.
- Govaerts, R., Campacci, M.A., Baptista, D.H., Cribb, P.J., George, A., Kreutz, K. & Wood, J.J. (2016) *World checklist of Orchidaceae*. The Board of Trustees of the Royal Botanic Gardens, Kew. Available from: <http://www.kew.org/wcsp/monocots/> (accessed 31 October 2018)
- Hooker, J.D. (1888) *The flora of British India* 5. London, pp. 677–681.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.678>
- Hooker, J.D. (1895) A century of Indian Orchids. *Annals of the Royal Botanic Garden. Calcutta* 5: 1.
- Kataki, S.K. (1986) *Orchids of Meghalaya*. Shillong, 25 pp.
- King, G. & Pantling, R. (1898) The orchids of Sikkim Himalaya. *Annals of the Royal Botanic Garden. Calcutta* 8: 4–5.
- Kuntze, C. (1891) *Revisio Generum Plantarum* 2. Leipzig, 669 pp.
- Lindley, J. (1830) *The genera and species of Orchidaceous plants*. Ridgways, Piccadilly, London, 15 pp.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.499>
- Lindley, J. (1859) *Oberonia*. In: *Folia Orchidaceae* 8. London, 7 pp.
<https://doi.org/10.5962/bhl.title.51709>
- Pearce, N.R. & Cribb, P.J. (2002) *Flora of Bhutan: The orchids of Bhutan*, vol. 3. Royal Botanic Garden, Edinburgh and London, 226 pp.
- Pradhan, U.C. (1979) *Indian Orchids: Guide to Identification & Culture* 2. Kalimpong, pp. 193–194.
- Pridgeon, A.M., Cribb, P.J., Chase, M.W. & Rasmussen N. (2005) *Genera Orchidacearum* 4. Oxford University Press, New York, 465 pp.
- Richard, A. (1841) Orchidées des Nil-Gherries. *Annales des sciences naturelles* 2: 15.
- Seidenfaden, G. (1968) The genus *Oberonia* in mainland Asia. *Dansk Botanisk Arkiv* 25 (3): 23–24.
- Seidenfaden, G. (1978) Orchid Genera in Thailand VII: *Oberonia* Lindley. *Dansk Botanisk Arkiv* 33 (1): 7–41.
- Seidenfaden, G. & Smitinand, T. (1963) *The orchids of Thailand: a preliminary list IV*. Bangkok, 764 pp.
- Thouars, A. (1809) *Nouveau bulletin des sciences, par la Société Philomatique* 1. Paris, 319 pp.
- Thouars, A. (1822) *Histoire Particulière des Plantes Orchidées*. Paris, t. 92.
- Wight, R. (1852) *Icones Plantarum Indiae Orientalis* 5. Madras, 3 pp.



Mitochondrial DNA Part B Resources

ISSN: (Print) 2380-2359 (Online) Journal homepage: <https://www.tandfonline.com/loi/tmdn20>

Characterization of the complete plastid genome of *Psammosilene tunicoides* (Caryophyllaceae), an endangered medical herb endemic to south-western China

Yuling Li, Jiuxiang Huang & Gang Yao

To cite this article: Yuling Li, Jiuxiang Huang & Gang Yao (2019) Characterization of the complete plastid genome of *Psammosilene tunicoides* (Caryophyllaceae), an endangered medical herb endemic to south-western China, Mitochondrial DNA Part B, 4:2, 2798-2799, DOI: [10.1080/23802359.2019.1659120](https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1659120)

To link to this article: <https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1659120>



© 2019 The Author(s). Published by Informa UK Limited, trading as Taylor & Francis Group.



Published online: 02 Sep 2019.



Submit your article to this journal [↗](#)



Article views: 512



View related articles [↗](#)



View Crossmark data [↗](#)



Citing articles: 1 View citing articles [↗](#)

MITOGENOME ANNOUNCEMENT



Characterization of the complete plastid genome of *Psammosilene tunicoides* (Caryophyllaceae), an endangered medical herb endemic to south-western China

Yuling Li , Jiuxiang Huang and Gang Yao

Guangdong Key Laboratory for Innovative Development and Utilization of Forest Plant Germplasm, College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou, China

ABSTRACT

Psammosilene tunicoides is an endangered medical herb endemic to south-western China. In this study, the complete plastid genome of the species was characterized and assembled using the next-generation DNA sequencing method. The plastid genome is 153,978 bp in length, including a large single copy (LSC) region of 83,981 bp and a small single copy (SSC) region of 17,489 bp, which were separated by a pair of inverted repeat (IR) regions of 26,254 bp. The genome encoded 112 unique genes, including 78 protein-coding genes, four ribosomal RNA genes, and 30 transfer RNA genes. The overall GC content of the whole genome is 36.49%. The phylogenetic analysis based on 17 plastid genome of Caryophyllaceae revealed that *P. tunicoides* nested within the tribe Caryophylleae with strong support value.

ARTICLE HISTORY

Received 7 July 2019
Accepted 31 July 2019

KEYWORDS

Caryophyllaceae; phylogenomics; plastid genome; *Psammosilene*

Psammosilene W.C. Wu & C.Y. Wu is a monotypic genus endemic to south-western China and belongs to the tribe Caryophylleae, family Caryophyllaceae (Lu et al. 2001; Greenberg and Donoghue 2011). The species *P. tunicoides* W.C. Wu & C.Y. Wu is a perennial herb and grows usually in rocky mountain slopes, dry pastures, and calcareous rock crevices, at the elevation of 900–3800 m (Tang 1996; Lu et al. 2001). It is also an important plant used in traditional Chinese medicine, and its dried roots usually have been used to treat haemostasis, rheumatism and trauma haemorrhage (Zhang et al. 2011; Li et al. 2016). Due to the rapid decline of the wild populations, *P. tunicoides* is classified as a rare and endangered species in the Chinese Plant Red Book (Fu and Jin 1992).

Total genomic DNA of *P. tunicoides* was extracted from mature leaves of an individual collected from Yunnan province (China; N25°18', E102°75') with the modified CTAB method (Doyle and Doyle 1987). Voucher specimen (G. Yao YGYN2015071101) was deposited in the Herbarium of South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences (IBSC). The DNA extracted was sequenced using the Illumina HiSeq 2500 Sequencing System. Reads were assembled using the software GetOrganelle (Jin et al. 2018) and all of the genes in the plastid genome were annotated with PGA (Qu et al. 2019). The accession number MN136196 was obtained from GenBank for the annotated plastid genome of *P. tunicoides*.

Structural analysis of the complete plastid genome of *P. tunicoides* exhibits a typical quadripartite circular structure with 153,978 bp in length. The genome is composed by a

large single-copy (LSC) region of 83,981 bp, a small single-copy (SSC) region of 17,489 bp, and a pair of inverted repeat (IRa and IRb) regions of 26,254 bp. The genome encoded 112 unique genes, including 78 protein-coding genes, four ribosomal RNA genes (*rrn4.5*, *rrn5*, *rrn16*, and *rrn23*) and 30 transfer RNA genes, whereas the pseudogenization of *infA* was detected in plastid genome of *P. tunicoides*. Seventeen genes, including six protein-coding genes (*ndhB*, *rpl2*, *rpl23*, *rps12*, *rps7*, and *ycf2*), four ribosomal RNA genes, and seven transfer RNA genes (*trnA*-UGC, *trnI*-CAU, *trnI*-GAU, *trnL*-CAA, *trnN*-GUU, *trnR*-ACG, *trnV*-GAC) were found to be duplicated in IR regions. Fourteen genes contained one intron and two genes contained two introns. The overall GC content of *P. tunicoides* plastid genomes is 36.49% (LSC, 34.24%; SSC, 30.05%; IRs, 42.25%).

In this study, *P. tunicoides* and sixteen published complete plastid genome of Caryophyllaceae were used to construct a phylogenetic tree. Seven species from Achatocarpaceae, Aizoaceae and Amaranthaceae s.l. were selected as outgroups, based on phylogenetic relationships constructed recently (Yao et al. 2019). Phylogenetic result showed that all of the Caryophyllaceae members formed a well-supported clade and *P. tunicoides* clustered within the tribe Caryophylleae with 100% bootstrap support value (Figure 1), in agreement with previously published phylogenetic study (Greenberg and Donoghue 2011). The complete plastid genome sequence of *P. tunicoides* will provide a useful resource for the conservation genetics of the species.

CONTACT Gang Yao  gyao@scau.edu.cn  Guangdong Key Laboratory for Innovative Development and Utilization of Forest Plant Germplasm, College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

© 2019 The Author(s). Published by Informa UK Limited, trading as Taylor & Francis Group.
This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

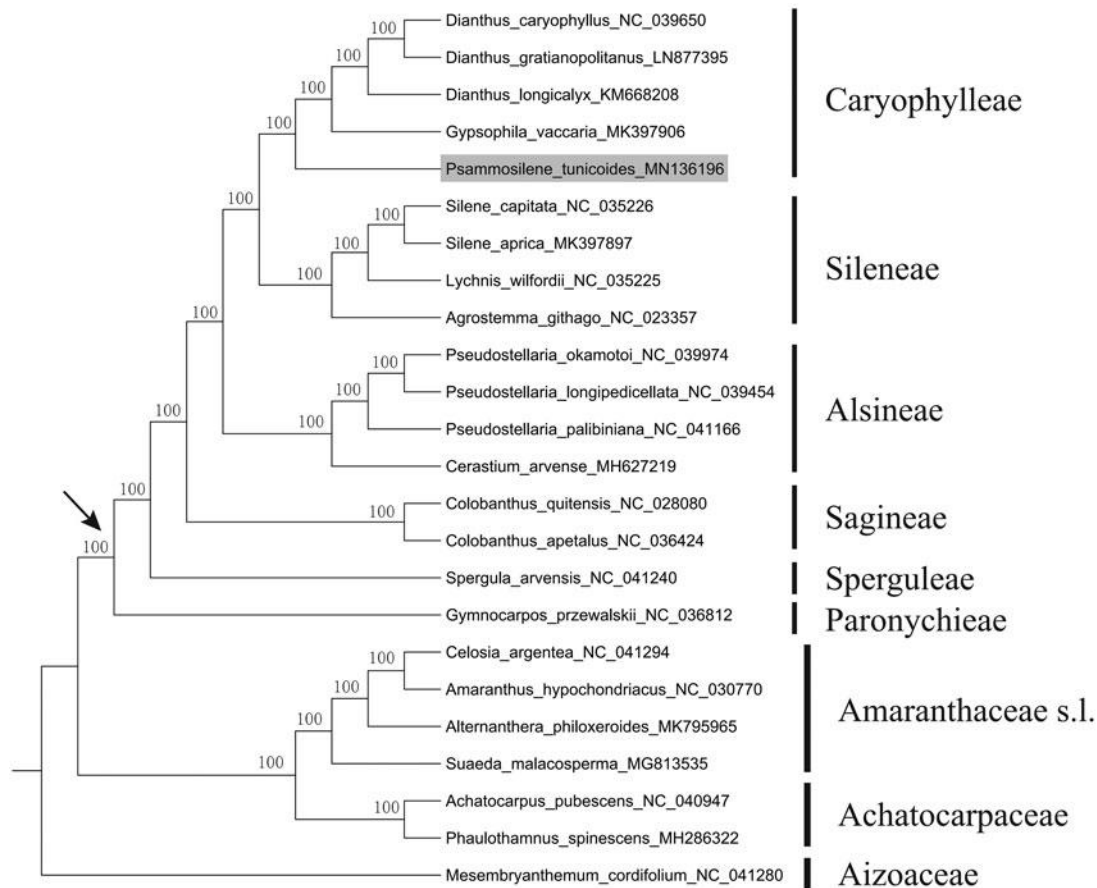


Figure 1. Maximum-likelihood tree of Caryophyllaceae inferred from 78 protein-coding genes and four ribosomal RNA genes of 24 plastomes (including outgroups from Achatocarpaceae, Aizoaceae and Amaranthaceae s.l.). Bootstrap values are indicated above branches. The crown node of Caryophyllaceae is shown by an arrowhead. The species *Psammosilene tunicoides* is marked with gray background.

Disclosure statement

No potential conflict of interest was reported by the authors.

Funding

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China [31500180].

ORCID

Yuling Li  <http://orcid.org/0000-0001-9429-3315>

References

- Doyle JJ, Doyle J. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull.* 19:11–15.
- Fu LG, Jin JM. 1992. Chinese plant red data book: rare and endangered plants. Beijing: Science Press.
- Greenberg AK, Donoghue MJ. 2011. Molecular systematics and character evolution in Caryophyllaceae. *Taxon.* 60:1637–1652.
- Jin JJ, Yu WB, Yang JB, Song Y, Yi TS, Li DZ. 2018. GetOrganelle: a simple and fast pipeline for de novo assembly of a complete circular chloroplast genome using genome skimming data. *BioRxiv.* doi:10.1101/256479
- Li J, Song M, Xiong C, Zhao B, Sun W. 2016. Application of barcode high-resolution melting for rapid authentication of the medicinal plant *Psammosilene tunicoides*. *Biotechnol Biochem.* 30:790–796.
- Lu DQ, Lidén M, Oxelman B. 2001. *Psammosilene*. In: Wu ZY, Raven PH, editors. *Flora of China*. Vol. 6. Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press; p. 108–109.
- Qu XJ, Moore MJ, Li DZ, Yi TS. 2019. PGA: a software package for rapid, accurate, and flexible batch annotation of plastomes. *Plant Methods.* 15:50
- Tang CL. 1996. *Psammosilene*. In: Tang CL, editor. *Flora Reipublicae Popularis Sinicae Tomus 26*. Beijing: Science Press; p. 448–449.
- Yao G, Jin J-J, Li H-T, Yang J-B, Mandala VS, Croley M, Mostow R, Douglas NA, Chase MW, Christenhusz MJM, et al. 2019. Plastid phylogenomic insights into the evolution of Caryophyllales. *Mol Phylogenet Evol.* 134:74–86.
- Zhang QY, Zhao YJ, Gong X. 2011. Genetic variation and phylogeography of *Psammosilene tunicoides* (Caryophyllaceae), a narrowly distributed and endemic species in south-western China. *Aust J Bot.* 59:450–459.



ISSN1000-4025
CN61-1091/Q

西北植物学报

ACTA BOTANICA BOREALI-OCCIDENTALIA SINICA

第40卷 第9期

Vol.40 No.9



9

西北农林科技大学 主办
科学出版社

2020

西北植物学报

(Xibei Zhiwu Xuebao, 1980 年创刊)

2020 年 9 月 第 40 卷 第 9 期

目 次

• 研究报告 •

- 大白菜 *BrCML49* 基因的分离鉴定及表达特征分析 张倩雯, 吕春澍, 王若凡, 张鲁刚, 聂姗姗(1447)
- 荫蔽处理对不同耐荫性大豆 *GmPIF4s* 编码基因表达的影响
..... 时健祎, 冯铃洋, 杨 峰, 陈吉玉, 高 静, George Bawa, 杨文钰(1454)
- 葡萄 *Alfin-like* 转录因子家族的鉴定和表达分析 谢 敏, 王 萍, 何红红, 曹雪璟, 毛 娟, 陈佰鸿(1467)
- 小麦 *TaWRKY47* 基因的克隆与表达分析 于永昂, 张 蕾(1475)
- 观赏羽衣甘蓝 *BoDFR* 基因的克隆及表达分析
..... 王玉书, 杨旭妍, 付 震, 夏 爽, 段钰萌, 罗大森, 曹 蕾(1483)
- 马蔺 *IlWRKY28* 基因的克隆与表达分析 刘清泉, 张永侠, 王银杰, 顾春笋, 佟海英, 黄苏珍, 原海燕(1490)
- 辣椒 *CaWRKY14* 转录因子的生物学特性研究 王倩倩, 刁卫平, 潘宝贵, 郭广君, 刘金兵, 王述彬(1498)
- 陕西唐棣遗传多样性和遗传分化的 AFLP 分析(英文) 程永琴, 温晋芳, 黄 欣, 张靖雯, 姜在民, 蔡 靖(1505)
- 超重力胁迫下‘平邑甜茶’幼苗叶片生理指标及其转录组分析 刘媛媛, 申成丞, 吕红柳, 吴 非, 段国锋(1518)
- 15 种独蒜兰属植物叶表皮微形态特征及分类学意义研究
..... 王中焯, 张 豪, 陈 蕾, 赵亚梅, 翟俊文, 陈世品, 吴沙沙(1527)
- 不同色彩珙桐叶片和苞片解剖结构及色素含量比较研究 梁 玲, 黄玉琼, 陈小红(1539)
- 外源色氨酸对油菜幼苗色氨酸下游代谢网络及生长发育的影响 蒋 佳, 朱星宇, 李 晶(1549)
- 牡丹切花能荷水平及能量代谢与瓶插品质的关系 史 田, 孔秋真, 秦绍玲, 周 爽, 史国安(1558)
- 土壤 pH 值对何首乌生理及其光合特性和有效成分含量的影响
..... 冷 芬, 杨在君, 吴一超, 何道文(1566)
- 高温胁迫对海岛棉光合生理及棉铃发育的影响 刘 群, 陈 振, 张巨松, 贺宏伟, 崔建平, 陈 平(1574)
- 栗属杂交 F_1 代生长与枝条性状遗传变异及杂种优势分析
..... 章平生, 江锡兵, 徐 阳, 龚榜初, 赖俊声, 杨 龙, 吴聪连(1582)

小叶锦鸡儿天然居群叶形态性状变异研究 艾 喆,徐婷婷,周兆娜,马 飞(1595)

• 植物新类群与新分布 •

共球藻纲丝状藻中国新记录属种——洪泛拟寇丽藻

..... 张 琪,郑凌凌,杨宋琪,李天丽,刘国祥,宋立荣(1605)

中国鸢尾兰属(兰科)植物二新记录种 李玉玲,林 颖,郑涵月,王 博,刘东明,邢福武(1613)

• 研究综述与论坛 •

植物细胞质雄性不育与线粒体 雷 刚,方 荣,周坤华,黄月琴,袁欣捷,陈学军(1617)



中国鸢尾兰属(兰科)植物二新记录种

李玉玲^{1,2}, 林颖¹, 郑涵月¹, 王博¹, 刘东明², 邢福武^{2*}

(1 华南农业大学 林学与风景园林学院, 广州 510642; 2 中国科学院华南植物园, 广州 510650)

摘要: 该文报道了兰科(Orchidaceae)鸢尾兰属(*Oberonia* Lindl.) 2个中国新记录种, 即心唇鸢尾兰(*O. orbicularis* Hooker f.)和凭样鸢尾兰(*O. delacourii* Gagnep.). 其中, 心唇鸢尾兰(*O. orbicularis*)与国内分布的全唇鸢尾兰(*O. integerrima*)和扁萼鸢尾兰(*O. pachyrachis*)均较为相似, 但该种花萼中下部两侧具狭翅, 不与叶合生, 唇瓣边缘具明显的啮蚀状齿或细流苏状, 先端中部具明显凹缺, 可明显区别。心唇鸢尾兰(*O. orbicularis*)于2013年首次发现于云南省勐腊县, 为中国新记录种。凭样鸢尾兰(*O. delacourii*)与剑叶鸢尾兰(*O. ensiformis*)最为相近, 但前者唇瓣中裂片先端小裂片近方形, 小裂片先端边缘具流苏状齿, 可明显区别于后者。凭样鸢尾兰自1929年发表以来, 除模式产地老挝外, 至今未见新分布点的报道, 为中国新记录种。文中提供了两个新记录种的形态特征描述, 凭证标本存放于中国科学院华南植物园标本馆(IBSC)。

关键词: 兰科; 鸢尾兰属; 新记录; 中国

中图分类号: Q949.71⁺8.43

文献标志码: A

Two Newly Recorded Species of *Oberonia* Lindl. (Orchidaceae) from China

LI Yuling^{1,2}, LIN Ying¹, ZHENG Hanyue¹, WANG Bo¹, LIU Dongming², XING Fuwu^{2*}

(1 College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 2 South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China)

Abstract: *Oberonia orbicularis* Hooker f. and *O. delacourii* Gagnep. are reported as two newly recorded species of Orchidaceae from China for the first time. *O. orbicularis* is most similar to *O. integerrima* Guillaumin and *O. pachyrachis* Rehb. f. ex Hook. f., but differs by its peduncle with narrow wings on both sides in basal half and orbicular lip with crenulate or fimbriate margin and notched apex. Since *O. orbicularis* was discovered in Mengla County, Yunnan Province in 2013 for the first time in China, it is a newly recorded species. Then, *O. delacourii* is most allied to *O. ensiformis*, but can be easily distinguished by the lip apex with quadrate sinus and fimbriate margin. The rediscovery of *O. delacourii* is reported as newly recorded species from China except the type collection from Laos in 1929. Detailed descriptions of these two newly recorded species are provided and the voucher specimens are deposited in the herbarium of South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou (IBSC).

Key words: Orchidaceae; *Oberonia*; new record; China

收稿日期: 2020-05-06; 修改稿收到日期: 2020-06-15

基金项目: 国家自然科学基金(31800166)

作者简介: 李玉玲(1987—), 女, 博士, 从事被子植物经典分类研究。E-mail: ylli@scau.edu.cn

* 通信作者: 邢福武, 研究员, 主要从事被子植物分类和生物多样性研究。E-mail: xinfw@scib.ac.cn

鸢尾兰属(*Oberonia* Lindl.)隶属于兰科(Orchidaceae)树兰亚科(Subfam. Epidendroideae)沼兰族(Tribe Malaxideae),全世界约 300 余种,主要分布于热带亚洲,也见于热带非洲至马达加斯加、澳大利亚和太平洋岛屿^[1-3]。中国有 40 余种,主要分布于南部诸省区,尤以云南、广西等地的种类最为丰富^[4]。该属植物与羊耳蒜属(*Liparis* Richard)、沼兰属(*Malaxis* Solander ex Swartz)等近缘类群的主要区别在于:叶二列,两侧压扁,无正反面之分,基部具或不具关节;总状花序密生多且极小的花;唇瓣常 3 裂,蕊柱短而直立^[1]。

作者在对我国产鸢尾兰属(*Oberonia* Lindl.)植物进行分类修订时,曾于 2011~2014 年期间前往云南和广西进行野外考察,发现了 2 种文献中未曾记载分布于中国的鸢尾兰属(*Oberonia* Lindl.)植物,即心唇鸢尾兰(*O. orbicularis* Lindl.)和凭祥鸢尾兰(*O. delacourii* Gagnep.),为中国分布新记录种,现予以报道。凭证标本存放于中国科学院华南植物园标本馆(IBMSC)。

1 心唇鸢尾兰 新拟(图版 I, A、B)

Oberonia orbicularis Hooker f. in Fl. Brit. India 5: 677. 1890; Hooker f., Fl. Brit. India 6: 181. 1894; Seidenf. in Dansk Bot. Ark. 25(3): 23. 1968; Ansari & Balakr. in Orchids Monographs 4: 43. 1990. —*Iridorkis orbicularis* (Hooker f.) Kuntze, in Revis. Gen. Pl. 2: 669. 1891. Type: Inida, Sikkim Himalaya, at Darjeeling, alt. 900 m, 12 Oct. 1869, Clarke 9610 (K, photo !)

附生草本。茎长 2.5~6 cm,包藏于叶内。叶 3~5 枚,二列套叠,两侧压扁,剑形,稍镰曲,(10~25)×(0.5~1.6)cm,干后脉略可见,基部有关节,先端钝或急尖。花葶从叶丛中央抽出,近扁圆柱形,长 12~20 cm,中下部两侧有狭翅,连翅宽约 2 mm,靠近花序下方具或不具几枚不育苞片;不育苞片宽卵圆形至长圆形,边缘具啮蚀状齿;总状花序长 5~15 cm,直径约 5 mm,密生有许多小花;花序轴和花梗均为黄绿色;花苞片近卵状长圆形或卵状披针形,长约 1.2 mm,边缘具啮蚀状齿;花梗和子房长约 0.5 mm。花黄绿色,直径 1.7~2 mm,稍微排列成轮生状;中萼片宽卵形,(0.9~1.2)×ca. (0.8~0.9) mm;侧萼片稍宽,近卵状三角形,约 0.8 mm×(0.8~0.9) mm,反卷;花瓣近卵状三角形,与萼

片近等长,约(0.7~0.8) mm×(0.8~0.9) mm,边缘具不明显啮蚀状齿,反卷;唇瓣轮廓为极宽的卵形或宽心形,不裂,约(1~1.2) mm×(1.6~1.7) mm,边缘具明显的啮蚀状齿或细流苏状,先端中部具明显凹缺;蕊柱短,粗壮。蒴果近椭圆形,约 1.8 mm×2 mm,几无果梗。花期 10~11 月;果期 11~12 月。

该种与全唇鸢尾兰(*O. integerrima* Guillau-min)较为相似,但前者花序轴较纤细,花葶中下部两侧具宽约 2 mm 狭翅,唇瓣边缘具明显的啮蚀状齿或细流苏状,先端中部具明显凹缺;而全唇鸢尾兰花序轴较粗壮,花葶中下部两侧具宽约 5~6 mm 狭翅,唇瓣边缘仅略呈不规则浅波状,先端近截形。此外,该种与扁萼鸢尾兰(*O. pachyrachis* Rehb. f. ex Hook. f.)的植株形态也较为相似,但后者的花葶中下部呈叶状,与叶完全合生,唇瓣先端钝或急尖,可明显区别于前者。本种首次发现于云南省勐腊县,为中国新记录种。

凭证标本:中国,云南省,勐腊县,2013 年 10 月 11 日,李玉玲等 2013101101(IBMSC);2014 年 8 月 11 日,李玉玲等 14081107(IBMSC)。附生于海拔约 900 m 的林树干上。

分布:中国、印度。

2 凭祥鸢尾兰 新拟(图版 I, C、D)

Oberonia delacourii Gagnepain. in Bull. Soc. Bot. France 76: 326. 1929; Gagnep. in Flore Generale de l'Indo Chine 6: 159. 1934; Seidenf. in Dansk Bot. Ark. 25(3): 53. 1968; Seidenf. in Opera Bot. 114: 153. 1992; Schuiteman et al. in Nordic J. Bot. 26: 300. 2008. —*O. ensiformis* auct. non Lindl. in Averyanov in Turczaninowia 16(1): 152. 2013. Type: Laos, Xieng khouang, Delacour s. n. (P, photo !)

附生草本。植株较大。茎短,包藏于叶内。叶近基生,4~6 枚,二列套叠,两侧压扁,肥厚,剑形,稍镰曲,(20~60)×(1~2.5) cm,干后脉略可见,基部具关节,先端渐尖或长渐尖,从中部向基部稍变宽。花葶从叶丛中央抽出,圆柱形,(22~40)×(0.5~0.7) cm,一般短于叶,无翅,近花序下方具数枚不育苞片,不育苞片长圆状披针形,边缘具啮蚀状齿;总状花序长 17~35 cm,较密集地着生许多花;花序轴粗壮;花苞片长圆状披针形,(3~4)×ca. 1.5 mm,在先端两侧边缘具不规则锐齿;花梗和子房长

约 3 mm;花绿色或黄绿色;中萼片卵形(3~4)×(2.5~3)mm,先端钝或急尖;侧萼片宽卵形,大小与中萼片相似,多少舟状。花瓣长圆状,(3~3.5)×(2~2.5)mm,边缘多少啮蚀状;唇瓣轮廓为卵状宽长圆形,(6~6.5)×ca. 6 mm,3 裂;侧裂片位于唇瓣基部两侧,近扇形或半圆形,边缘具流苏状齿;中裂片近扇形,先端 2 裂;先端小裂片近方形,3 × 2.5 mm,向先端稍扩大,先端边缘具流苏状齿;唇盘两侧缺口处各具 1 枚胼胝体;蕊柱短,粗壮。蒴果近椭圆形。花期 12 月至次年 3 月;果期次年 3~4 月。

该种是 Gagnepain 于 1929 年依据采自老挝的一份标本发表的新种,其植株形态与剑叶鸢尾[*O. ensiformis* (Smith) Lindley]最为相近,在标本馆中极易误定为剑叶鸢尾兰,然而前者唇瓣侧裂片为扇形或半圆形,边缘具流苏状齿,中裂片先端小裂片近方形,向先端稍扩大,先端边缘具流苏状齿,而剑叶鸢尾兰唇瓣侧裂片为近方形或稍圆形,边缘啮蚀状,中裂片先端小裂片近方形或圆形,向先端不扩大,边缘稍啮蚀状,两者可明显区别。Averyanov^[5]调查了越南产的兰科植物,记载有剑叶鸢尾兰(*O.*

ensiformis),并指出该种为越南北部和中部石灰岩地区常见种。然而,经作者仔细查阅其文中的形态特征描述、墨线图以及引用的凭证标本(CPC 1887 和 CPC1062),发现 Averyanov^[5]所描述的剑叶鸢尾兰(*O. ensiformis*),实为凭祥鸢尾兰(*O. delacourii*),属于错误鉴定。凭祥鸢尾兰(*O. delacourii*)自 1929 年发表以来,至今未见新分布点的报道,故该种在中国和越南均为首次发现,为中国新记录种。

研究标本:中国,广西省,凭祥市,2012 年 1 月 12 日,刘东明等 12011201(IBSC);那坡县,2002 年 4 月 25 日,800~1 000 m,覃海宁等 3344(PE);环江县,1994 年 8 月 22 日,600 m,韦发南和刘演 M0302(IBK);龙州县,1957 年 12 月 11 日,500 m,谭沛祥 57386(IBSC)。贵州省,兴义市,1993 年 3 月 14 日,邓朝义 D51428(PE)。云南省,普洱市,1936 年 9 月,1 200 m,王启无 75947(PE, KUN)。越南, Son La Yen Chau, CPC 1887 (CPC); Dien Bien, Muong Cha, CPC 1062(CPC)。

分布:中国、老挝和越南。附生于海拔约 500~1 600 m 的林中树干上或岩石上。

致谢:感谢普洱市林业局叶德平先生在野外考察中给予的帮助!感谢中国科学院华南植物园标本馆(IBSC)、中国科学院植物研究所植物标本馆(PE)、中国科学院广西植物研究所标本馆(IBK)和中国科学院昆明植物研究所标本馆(KUN)在标本查阅中给予的帮助!

参考文献:

- [1] CHEN S C, LIU Z J, ZHU G H, et al. *Oberonia*. Flora of China, Volume 25[M]. Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 2009: 236-245.
- [2] PRIDGEON A M, CRIBB P J, CHASE M W, et al. *Genera Orchidacearum*, Vol. 4 Epidendroideae (Part One) [M]. New York: Oxford University Press, 2005: 465, 475-478.
- [3] 陈心后, 吉占和, 郎楷永, 等. 中国植物志(第 18 卷) [M]. 北京: 科学出版社, 1999: 123-150.
- [4] 徐志辉, 蒋 宏, 叶德平, 等. 云南野生兰花[M]. 昆明: 云南出版集团公司, 云南科技出版社, 2020: 170-180.
- [5] AVERYANOV L V. The orchids of Vietnam illustrated survey. Part 4. Subfamily Epidendroideae (tribes Arethuseae and Malaxideae)[J]. *Turczaninowia*, 2013, 16(1): 5-163.



图版 I 中国鸢尾兰属(兰科)植物二新记录种

A. 心唇鸢尾兰生境及整体植株; B. 心唇鸢尾兰花; C. 凭祥鸢尾兰生境及整体植株; D. 凭祥鸢尾兰花

Plate I Two newly recorded species of *Oberonia* Lindl. (Orchidaceae) from China

A. Habitat and plants of *Oberonia orbicularis* Hooker f. ; B. Flowers of *Oberonia orbicularis* Hooker f. ; C. Habitat and plants of *O. delacourii* Gagnepain. ; D. Flowers of *O. delacourii* Gagnepain.

(编辑:潘新社)

- 2013、2015、2017年中国“百强报刊”
- 第二届全国期刊奖百种重点期刊
- 2012、2013、2014中国国际影响力优秀学术期刊
- 百种中国杰出学术期刊
- 中国高校精品科技期刊
- 《中文核心期刊要目总览》核心期刊
- 中国科学引文数据库(CSCD)核心期刊
- 中国科技核心期刊(遴选)数据库核心期刊(万方数据)
- 中国学术期刊综合评价数据库统计源期刊(中国知网)
- 国际检索机构 BA、CA、CSA、CABI、AJ、JST收录期刊

执行主编 南红梅
责任编辑 宋亚珍

英文编辑 张文俊
拉丁文编辑 吴振海

西北植物学报
XIBEI ZHIWU XUEBAO
月刊 (1980年创刊)
第40卷 第9期 2020年9月

ACTA BOTANICA
BOREALI-OccIDENTALIA SINICA
Monthly (Started in 1980)
Vol.40 No.9 Sep. 2020

主管单位 中华人民共和国教育部
主 办 西北农林科技大学
陕西省植物学会
编 辑 《西北植物学报》编辑部
陕西杨陵邠城路3号西北农林科技大学
邮政编码: 712100 电话: 029-87082936
Email: xbwxb@nwsuaf.edu.cn
主 编 赵 忠
出 版 科 学 出 版 社
(北京东黄城根北街16号, 邮编: 100717)
印刷装订 杨凌三和印务有限公司
订 购 处 全国各地邮局
国内发行 杨凌示范区邮政局
国外发行 中国国际图书贸易总公司
(北京399信箱 邮政编码: 100044)
网 址 <http://xbzwxb.alljournal.net>

Administrated by: Ministry of Education of P. R. C
Sponsored by: Northwest A&F University
Botanical Society of Shaanxi Province
Edited by: Editorial Department of Acta Botanica
Boreali-Occidentalia Sinica
(3 Taicheng Road, Yangling, Shaanxi, 712100, China)
Editor in Chief: ZHAO Zhong
Published by: Science Press
(16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China)
Printed by: Yangling Sanhe Printing Co., Ltd.
Domestic: All Local Post Offices in China
Domestic Distributor: Yangling Post Offices
International Distributor: China International Book Trading
Corporation
(P.O.Box 399, Beijing 100044, China)



09>

国际标准连续出版物号 ISSN1000-4025
国内统一连续出版物号 CN61-1091/Q
广告经营许可证 6104031000014

国内外公开发行
国内邮发代号: 52-73 定价: 45.00元
国外发行代号: M5897

Article

Comparative Analysis of Chloroplast Genomes for the Genus *Manglietia* Blume (Magnoliaceae): Molecular Structure and Phylogenetic Evolution

Tingzhang Li ¹, Shuangyu Zhang ¹, Yunfei Deng ^{2,3,4,*}  and Yuling Li ^{1,*}

- ¹ College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; litingzhang666@stu.scau.edu.cn (T.L.); zhangshuangyu@stu.scau.edu.cn (S.Z.)
 - ² State Key Laboratory of Plant Diversity and Specialty Crops, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China
 - ³ Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Plant Conservation and Utilization in Southern China, Guangzhou 510650, China
 - ⁴ Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Sustainable Utilization, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China
- * Correspondence: yfdeng@scbg.ac.cn (Y.D.); ylli@scau.edu.cn (Y.L.)

Abstract: *Manglietia* Blume, belonging to the Magnoliaceae family and mainly distributed in tropical and subtropical regions of Asia, has great scientific and economic value. In this study, we employed next-generation sequencing followed by de novo assembly to investigate the adaptive evolution of *Manglietia* using plastid genetic information. We newly sequenced the complete or nearly complete plastomes of four *Manglietia* species (*Manglietia aromatica*, *Manglietia calcarea*, *Manglietia kwangtungensis*, and *Manglietia glauca*) and conducted comparative analysis with seventeen published plastomes to examine the evolutionary pattern within this genus. The plastomes of these five newly sequenced *Manglietia* species range from 157,093 bp (*M. calcarea*2) to 160,493 bp (*M. kwangtungensis*), all exhibiting circular structures when mapped. Nucleotide diversity was observed across the plastomes, leading us to identify 13 mutational hotspot regions, comprising eight intergenic spacer regions and five gene regions. Our phylogenetic analyses based on 77 protein-coding genes generated phylogenetic relationships with high support and resolution for *Manglietia*. This genus can be divided into three clades, and the previously proposed infrageneric classifications are not supported by our studies. Furthermore, the close affinity between *M. aromatica* and *M. calcarea* is supported by the present work, and further studies are necessary to conclude the taxonomic treatment for the latter. These results provide resources for the comparative plastome, breeding, and plastid genetic engineering of Magnoliaceae and flowering plants.

Keywords: *Manglietia*; chloroplast genome; phylogenetic; molecular marker; interspecific relationship



Citation: Li, T.; Zhang, S.; Deng, Y.; Li, Y. Comparative Analysis of Chloroplast Genomes for the Genus *Manglietia* Blume (Magnoliaceae): Molecular Structure and Phylogenetic Evolution. *Genes* **2024**, *15*, 406. <https://doi.org/10.3390/genes15040406>

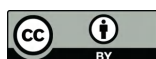
Academic Editor: Zhiqiang Wu

Received: 28 February 2024

Revised: 19 March 2024

Accepted: 20 March 2024

Published: 26 March 2024



Copyright: © 2024 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Introduction

Magnoliaceae Juss. comprises evergreen and deciduous trees or shrubs with showy flowers, boasting a rich diversity of over 300 species primarily found in Southeast Asia and the Americas. It is recognized as one of the most primitive and endangered groups of angiosperms [1,2], holding significant value for investigating the origin and phylogeny of flowering plants. Due to the reticulate evolution of morphological characteristics [3], there has been long debate over the classification of Magnoliaceae regarding the delimitation of tribes, genera, and sections. Currently, the most prominent classification systems for Magnoliaceae have been proposed by Dandy [4–6], Law [7,8], Nooteboom [9], and Figlar and Nooteboom [10]. Dandy [4–6] recognized twelve genera in two tribes, *Liriodendron* Linn. in the tribe Liriodendreae and others in the tribe Magnolieae. Law [7,8] upgraded Dandy's two tribes to the rank of subfamily, i.e., Liriodendroideae and Magnolioideae, and

further divided Magnolioideae into two tribes and five subtribes, recognizing 16 genera. Nootboom [9] accepted Law's infrafamilial classification but he merged some genera into others. However, Figlar and Nootboom [10] proposed a quite different classification by merging all genera except *Liriodendron* into a single expanded genus, *Magnolia* Linn., which was further divided into three subgenera and twelve sections. In the *Flora of China* [11], Xia classified the Chinese species of Magnoliaceae into thirteen genera, including three new genera, while Nootboom, another co-author of the account of the family for the flora, accepted only two genera, *Liriodendron* and *Magnolia*, following the treatment of Figlar and Nootboom [10]. Furthermore, many molecular studies of the phylogeny of the family Magnoliaceae were performed using chloroplast [12–23] and nuclear datasets [24]. The phylogenetic results based on cpDNA [17,18,21] or nuclear data [24] indicated that 12–16 major clades were found to be monophyletic within Magnoliaceae. Accordingly, Nie et al. [24] proposed an updated classification of the genus *Magnolia* into 15 sections, and each section was treated as independent genus by Xia [11] and Sima and Lu [3]. Although many phylogenetic studies have been conducted to enhance our understanding of the phylogenetic evolution in the family, the deeper relationships within each clade, such as *Manglietia* Blume, remains poorly resolved due to limited taxon sampling. The classification of Xia is widely accepted in Asia, especially in China [25–28]. Here, we accepted to the generic delimitation, in a narrow sense, in the classification of the family Magnoliaceae by Xia [11] and Sima and Lu [3], which treats all sections of Nie et al. [24] as independent genera.

Manglietia Blume, established by Blume [29], comprises approximately 40 species primarily distributed in tropical and subtropical regions of Asia, with a concentration of to 27 or 29 species in Southern China [11]. This genus is characterized by its evergreen habit (except *Manglietia decidua* Q. Y. Zheng), stipules adnate to the petioles, and the presence of four or more ovules per carpel [30]. It was later treated as a section of *Magnolia* by some scholars [10,21,31]. It is generally considered closely allied to the genera *Magnolia* and *Manglietiastrum* Law. based on its morphological characteristics [32–35]. Furthermore, the infrageneric classification of *Manglietia* is still unclear. Tiep [36] was the first one to establish the infrageneric classification of *Manglietia*, and recognized two sections, i.e., sect. *Olivera*, with its style shorter than half of the carpel length, and sect. *Manglietia*, with its style longer than half of the carpel length. But this classification has never been followed or adopted by later authors. Zheng [37] merged the monotypic genus *Sinomanglietia* Z.X. Yu, which contains a single species (*Simarouba glauca* Z.X. Yu) with deciduous habits, into *Manglietia* and treated it as sect. *Deciduae* Q. Y. Zheng [38,39], while placing all other species with evergreen habits into sect. *Manglietia*. However, all previous molecular studies indicated that *Manglietia* was strongly supported to be monophyletic [17,18,20,22], and it was recognized as an independent genus for long time in Asian flora and checklists [8,11]. Several phylogenetic analyses of *Manglietia* have been carried out, but no texts have been produced on the infrageneric classification within *Manglietia*. Thus, the phylogenetic relationships within *Manglietia* also remain unresolved, and further studies are necessary.

Since the sequencing of the first chloroplast genome (plastome) in 1986 [40], there has been rapid progress in high-throughput sequencing technology, resulting in the continuous sequencing of the numerous plant plastomes [41,42]. The National Center for Biotechnology Information (NCBI) organelle genome database currently holds more than 8600 plant plastomes, with the majority of them sequenced in the past four years [43]. In contrast to nuclear genomes, plastomes typically exhibit a conserved structure and a relatively lower rate of nucleotide substitution [44,45]. They have been extensively utilized for resolving phylogenetic relationships among plant lineages and investigating chloroplast genome evolution, such as in Dennstaedtiaceae Lotsy. [46] and *Magnolia* [47]. These investigations significantly advanced our understanding of plant evolutionary relationships. However, the plastomes of many species of *Manglietia* are only published in the form of data, and scientific problems such as structural variation and evolutionary relationships among lineages have not been discussed [23,48]. Given their significant scientific and economic

value, further exploration employing chloroplast genomes would provide crucial insights into the systematics and evolution of the family Magnoliaceae [11].

Traditionally based on morphological characteristics alone, species delimitation often fails to distinguish recently diverged species, resulting in cryptic species complexes [49]. These species can be derived from isolation differentiation [50], hybridization, and polyploidization [51]. The availability of high-throughput sequencing technology has made obtaining plastome sequences more feasible. Compared to nuclear genomes and mitochondrial genomes, plastomes possess a small size, a low rate of nucleotide substitution, single-parental inheritance, and a haploid nature. These characteristics make plastomes an excellent choice for analyzing nucleotide diversity and reconstructing phylogenies among closely related species, particularly among polyploid taxa [52,53]. Numerous studies have utilized plastome data to resolve species classification, elucidate phylogenetic relationships among land plants, and conduct comparative analyses of chloroplast genomes [54–56]. Notably, comparative analysis based on plastome data provides a more comprehensive understanding of species evolution and phylogenetic relationships compared to limited DNA fragments [57]. Among *Manglietia* species, *Manglietia calcarea* X. H. Song is a rare and endangered and extremely small population distributed in the neighboring region of N Guangxi and S Guizhou [58,59]. *M. calcarea* has a high calcium requirement, a narrow ecological environmental range, and a small population, its distribution areas are relatively remote, and it is endemic to Guizhou and Guangxi [59]. *M. calcarea* was described by Song [60] as originating from the limestone areas in Libo County, Guizhou Province, and its taxonomic status has been controversial. Chen and Nooteboom [35] considered *M. calcarea* to be similar to *Manglietia fordiana* Oliv. and treated it as *M. fordiana* var. *calcarea*. *M. calcarea* was neglected in the *Flora Reipublicae Popularis Sinica* [30] and reinstated in *Flora of China* [11]. Sima et al. [59] compared *M. calcarea* with *M. aromatica* Dandy, and *M. fordiana* based on 13 morphological characteristics, and concluded that it is very similar to *M. aromatica*; they treated it as a variety *M. aromatica* var. *calcarea*. However, this result was based only on morphological characteristics; the classification status of *M. calcarea* needs to be evaluated. To better understand the classification status of *M. calcarea* and its relationship with *Manglietia*, it is imperative to identify genetic discrepancies within the major clade of *Manglietia*.

In this research, we have assembled and annotated the five plastomes of four *Manglietia* species. The present work aims to (1) investigate the genetic variation within the *Manglietia* plastome; (2) characterize plastomes structure, sequence divergence, mutation hotspot regions, and repeat regions; (3) evaluate the phylogenetic relationships within *Manglietia*; and (4) clarify the classification relationships of related genera and the specular species *M. calcarea*.

2. Materials and Methods

2.1. Plant Materials and DNA Extraction and Sequencing

The fresh leaves of five samples representing four species of *Manglietia* (*M. aromatica*, *M. calcarea*, *M. glauca* Blume, and *M. kwangtungensis* Dandy) were collected from the provinces of Guangxi, Guizhou, and Guangdong, respectively. Among them, two samples of *M. calcarea* from different locations were added for a comparative analysis of chloroplast genomes on the population level to better understand the classification relationships among the closely related species of *M. calcarea*. The voucher specimens were deposited at the Herbarium of South China Agricultural University (CANT) and the Herbarium of South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences (IBSC) (Table S1). Total genomic DNA was extracted from fresh, young leaves using the Plant Genomic DNA Kit (Tiangen, Beijing, China) following the manufacturer's protocol. Once the sample genomic DNA passed quality assessment, short-insert (500 bp) paired-end (PE) libraries were sequenced by the Beijing Genomics Institute (Shenzhen, China) using the Illumina HiSeq 2500 platform with a read length of 150 bp. Each species generated a minimum of 5 Gb clean data.

2.2. Plastid Genome Assembly, Annotation, and Comparison

The paired-end reads from the clean data were filtered and assembled into contigs using the GetOrganelle software [61]. Subsequently, the assembled plastomes were visually inspected in Bandage [62] software followed by manual editing if necessary in Geneious v11.1.5 software; then, complete plastomes were obtained for each sample.

The plastomes were annotated using Plastid Genome Annotator (PGA) software [63], with the reference plastome of *M. aromatica2* (NC_037000.1). Manual inspection and editing were carried out in Geneious v11.1.5 [64] as needed. Furthermore, tRNA genes were annotated in Geneious v11.1.5 using the genome of *M. aromatica2*, with sequence similarity threshold set at >75%. Finally, five high-quality, complete or nearly complete chloroplast genomes were obtained. Organellar Genome DRAW (OGDRAW) v1.3.1 was used to visualize the structural features of the four species [65].

2.3. Plastome Comparison and Sequence Divergence Analysis

Seventeen whole plastomes of *Manglietia* (*M. aromatica2*, *M. calcarea3*, *M. conifera* Dandy, *M. glaucifolia* Y. W. Law & Y. F. Wu, *M. dandyi* (Gagnep.) Dandy, *M. zhengyiana* N. H. Xia, *M. lucida* B. L. Chen & S. C. Yang, *M. patungensis* Hu, *M. crassipes* Y. W. Law, *M. ventii* N. V. Tiep, *M. fordiana*, *M. insignis* (Wall.) Blume, *M. duclouxii* Finet & Gagnep., *M. hookeri* Cubitt & W. W. Sm., *M. grandis* Hu & W. C. Cheng, *M. obovalifolia* C. Y. Wu & Y. W. Law, and *M. decidua*) were downloaded from NCBI. Together with five newly sequenced plastomes, this dataset provided the possibility of conducting comparative analysis among relatives. Mauve alignment was employed for analyzing plastomes' DNA rearrangement across all 22 *Manglietia* sequences [66]. The online tool IRscope (<https://irscope.shinyapps.io/irapp/>) (accessed on 24 February 2023) was utilized to compare the junction regions among the 22 sequences that connect the IR, SSC, and LSC [67]. Additionally, the sequence divergence of 22 *Manglietia* plastomes was investigated using the program mVISTA [68], with LAGAN and *M. aromatica2* as references, to demonstrate inter- and intraspecific variations. Nucleotide diversity was also assessed by DnaSP v6.12.03 (DNA Sequences Polymorphism) software with a sliding window strategy [69], where the step size was set to 200 bp and a window length of 600 bp was employed [70].

The codon usage pattern of protein-coding genes in the 22 *Manglietia* plastomes was estimated using CodonW v1.4.2. (<https://sourceforge.net/projects/codonw/>) (accessed on 1 March 2023). The relative synonymous codon usage (RSCU) values and the effective number of codons (ENC) were determined to quantify the extent of the codon usage bias for each genome by applying published equations for RSCU calculation [71]. Subsequently, the TBtools HeatMap function [72] visualized the RSCU values across the 22 *Manglietia* plastomes, while the ENC values indicated each individual gene's codon bias within a range from 20 to 61; lower ENC values denoted higher codon bias levels observed in specific genes [73]. The computation of overall GC content and the individual GC content at the first, second, and third codon positions (GC1, GC2, and GC3, respectively) were calculated utilizing EMBOSS [74] online software (<http://emboss.toulouse.inra.fr/cgi-bin/emboss/>) (accessed on 1 March 2023).

2.4. Repeat Sequence Analysis

The REPuter [75] online software (<https://bibiserv.cebitec.uni-bielefeld.de/reputer/>) (accessed on 26 February 2023) facilitated the identification of repeat sequences, including palindromic repeats, direct repeats, and reverse repeats, under specified parameters: The maximum size of repeat sequences that were computed was limited to 50, while the minimum size and Hamming distance were set at 30 and 3. Tandem repeat sequences were identified through Tandem Repeats Finder [76] employing alignment parameters such as match = 2, mismatch = 7, and indels = 7. Repeats satisfying the conditions of a minimum alignment score of 80, a maximum period size of 500 bp, and a maximum TR array size of 2 million were considered. Furthermore, simple sequence repeat (SSR) detection utilized

the Perl script MISA (MIcroSAteLLite identification tool), with a threshold of mono-, di-, tri-, tetra-, penta-, and hexanucleotides, respectively [77].

2.5. Analysis of Substitution Rate

In this study, we employed the KaKs_calculator [78] to calculate nonsynonymous (Ka) and synonymous substitution rates (Ks), as well as the Ka/Ks ratio, in order to identify gene divergence change within the 22 *Manglietia* plastomes. To minimize errors, we screened the protein-coding gene (CDS) sequences of these plastomes using specific criteria: each CDS sequence should have a total number of bases that is a multiple of 3 and a length > 300 bp. Subsequently, we retained 51 CDS sequences for further analysis. Pairwise comparisons among the 22 plastomes resulted in a total of 231 sequence pairs. The genetic code was set as the “Bacterial and Plant Plastid Code” with the calculation method “YN”. When there were no substitutions or perfect matches in the alignment, the Ks value was set to 0; in such cases, the Ka/Ks value was reported to be “NA” and replaced with 0 in the results.

2.6. Dataset Generation and Phylogenetic Analyses

A total of 57 complete Magnoliaceae family plastomes belonging to all sections recognized by Wang et al. [21] were obtained from the NCBI GenBank database. *Liriodendron tulipifera* Linn. and *Liriodendron chinense* (Hemsl.) Sargent were used as outgroups. For the phylogenetic analysis, the distribution of the 57 sequences among different genera in Magnolioideae were as follows: *Manglietia* (22), *Houpoea* N. H. Xia & C. Y. Wu (3), *Aromadendron* Blume (2), *Magnolia* (3), *Michelia* Linn. (3), *Oyama* (Nakai) N. H. Xia & C. Y. Wu (2), *Pachylarnax* Dandy (4), *Kmeria* (Pierre) Dandy (1), *Metamagnolia* Sima & S. G. Lu (3), *Paramagnolia* Sima & S. G. Lu (2), *Dugandiodendron* Lozano (5), *Yulania* Spach (4), *Lirianthe* Spach (2), and *Talauma* Juss. (1).

All the annotated file of the nucleotide sequences of the protein-coding genes (CDS) in GenBank format were extracted using Geneious v11.1.5 software and manually corrected if necessary. CDS alignment was performed using Muscle v3.8.31 [79] software and manually adjusted when required. Loci covering less than 55% of species were removed to minimize reliance on loci with limited information or present in relatively few species, resulting in obtaining a final set of 77 CDS sequences from 59 plastomes for subsequent analysis. The script “concatenate_fasta.py” (available at <https://github.com/Kinggerm/PersonalUtilities/> (accessed on 31 October 2023)) was utilized to merge locus alignments and generate CDS datasets. Furthermore, Gblocks v0.91b was used with strict exclusion criteria ($-b5 = n$) to generate the CDS_GB datasets [80].

The gene trees for the CDS_GB datasets were inferred using maximum likelihood (ML) and Bayesian inference (BI) methods. For phylogenetic inference, the ML tree was constructed with IQ-TREE v2.0.3, employing 1000 bootstrap replicates. The optimal nucleotide substitution model was determined using parameters set as “-MFP” in IQ-TREE [81]. Bayesian inference (BI) was performed with MrBayes v3.2 [82]. Markov chain Monte Carlo (MCMC) analysis was run for 1,000,000 generations. The ML and BI trees were visualized using FigTree v1.4.3 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/> (accessed on 20 February 2024)).

3. Results

3.1. Features of *Manglietia* Plastome

All chloroplast genomes exhibited a double-stranded circular quadripartite structure in these species’ plastomes (Figure 1). The 22 plastomes ranged in size from 157,093 bp in *M. calcarea*2 to 160,493 bp in *M. kwangtungensis* (Table 1). All complete or nearly complete plastomes comprised a large single-copy region (LSC 87,959 bp–88,791 bp), a small single-copy region (SSC 18,741 bp–19,030 bp), and a pair of inverted repeat regions (IR 24,991 bp–26,782 bp). For each assembled chloroplast genome, 110–113 genes were annotated, including 79 protein-coding genes, 28–30 tRNA genes, and 3–4 rRNA genes (Tables 1 and 2). The overall GC content of these plastomes was similar, all of which were

39.30%, except *M. calcarea2* (39.00%), and varied within the LSC, SSC, and IR regions. The GC content in the IR region (42.50%–43.20%) was higher than that in LSC (37.90%–38.00%) and SSC (34.20%–34.30%) regions (Table 1). In all species' plastomes examined, the *ycf1* gene extended from the IRa into the SSC region while leaving a truncated copy at the junction of IRb/SSC. The gene *rps12* underwent trans-splicing across two regions: its 5' end exon resided in the LSC region, whereas its intron and 3' end exon was located within the IR region. The plastid genome sequences obtained have been submitted to GenBank (Accession Nos. PP386157–PP386161).

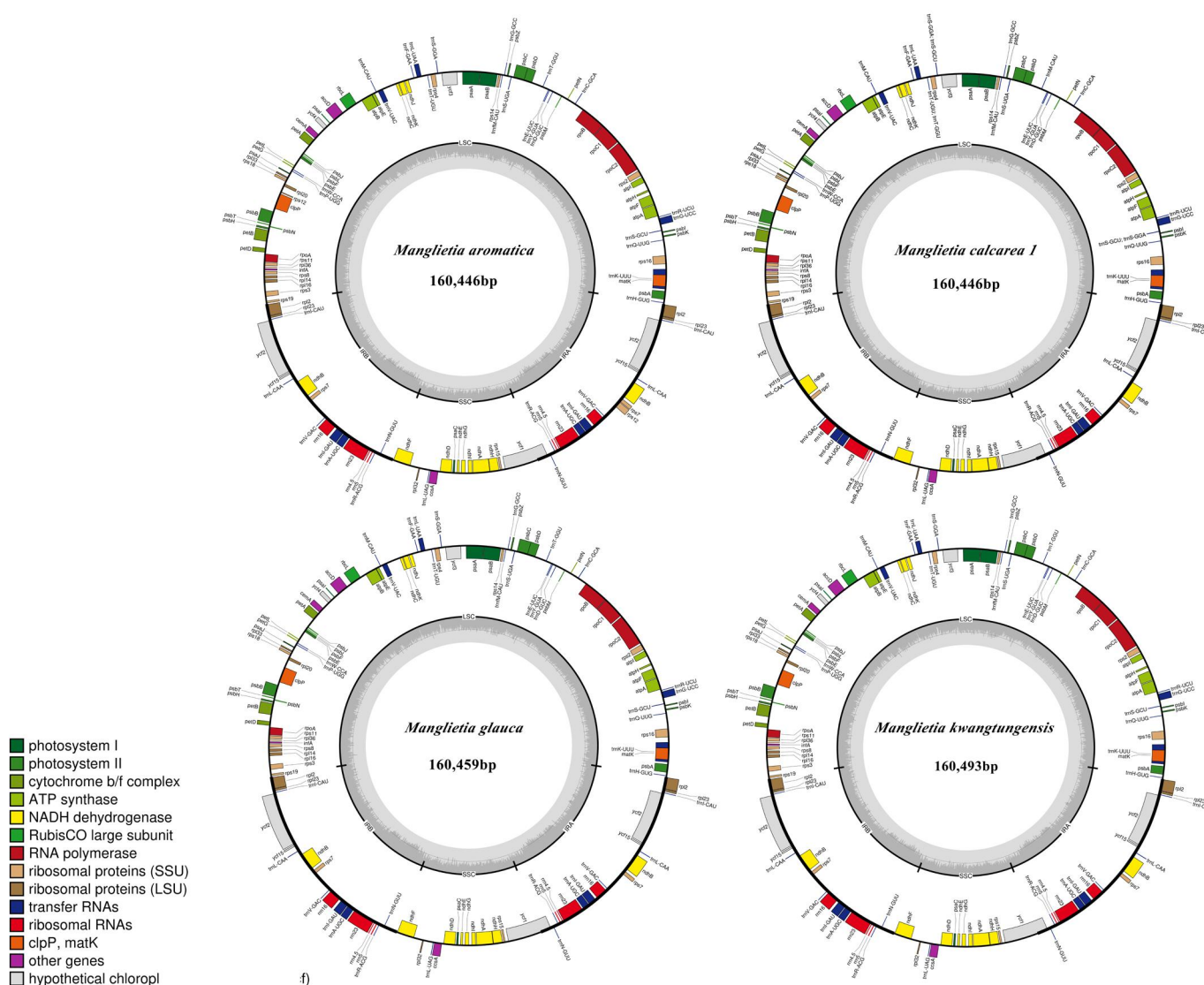


Figure 1. Four newly sequenced gene maps of *Manglietia* plastomes were generated using the OG-DRAW online platform. Clockwise transcription is observed for genes located inside the circle, while counterclockwise transcription occurs for those outside. Color-coded representation distinguishes genes with different functions. Large single-copy region (LSC), small single-copy region (SSC) and inverted repeat region (IR) genes are indicated. Additionally, GC content is depicted by a darker shade in the inner circle, whereas AT content is represented by a lighter gray shade.

Table 1. The basic characteristics of twenty-two plastomes from *Manglietia* species.

Species	Accession Number	Length (GC%)	LSC (GC%)	IR (GC%)	SSC (GC%)	Gene	CDS	tRNA	rRNA
<i>Manglietia aromatica</i> 1	PP386161	160,446 (39.3%)	88,300 (38.0%)	26,677 (43.1%)	18,792 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia aromatica</i> 2	NC_037000	160,062 (39.3%)	88,087 (38.0%)	26,572 (43.2%)	18,831 (34.2%)	113	79	30	4
<i>Manglietia calcarea</i> 1	PP386158	160,446 (39.3%)	88,297 (38.0%)	26,572 (43.2%)	19,005 (34.3%)	112	79	29	4
<i>Manglietia calcarea</i> 2	PP386157	157,093 (39.0%)	88,298 (38.0%)	24,991 (42.5%)	18,813 (34.2%)	110	79	28	3
<i>Manglietia calcarea</i> 3	MF990562	160,027 (39.3%)	88,088 (38.0%)	26,572 (43.2%)	18,795 (34.2%)	113	79	30	4
<i>Manglietia conifera</i>	NC_037001	159,973 (39.3%)	88,088 (38.0%)	26,572 (43.2%)	18,741 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia crassipes</i>	NC_058270	159,901 (39.3%)	87,959 (38.0%)	26,571 (43.2%)	18,800 (34.2%)	113	79	30	4
<i>Manglietia dandyi</i>	NC_037004	160,077 (39.3%)	88,095 (38.0%)	26,572 (43.2%)	18,838 (34.2%)	113	79	30	4
<i>Manglietia decidua</i>	OQ773531	160,151 (39.3%)	88,198 (37.9%)	26,566 (43.2%)	18,821 (34.2%)	113	79	30	4
<i>Manglietia duclouxii</i>	NC_037002	160,055 (39.3%)	88,118 (38.0%)	26,574 (43.2%)	18,789 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia fordiana</i>	MN515039	160,074 (39.3%)	88,100 (37.9%)	26,576 (43.3%)	18,822 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia glauca</i>	PP386159	160,459 (39.3%)	88,298 (38.0%)	26,572 (43.2%)	19,017 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia glaucifolia</i>	MF990565	160,059 (39.3%)	88,094 (38.0%)	26,581 (43.2%)	18,803 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia grandis</i>	NC_058271	160,008 (39.3%)	88,791 (38.0%)	26,207 (43.2%)	18,803 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia hookeri</i>	MW415420	160,035 (39.3%)	88,098 (38.0%)	26,576 (43.2%)	18,785 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia insignis</i>	MT654128	160,051 (39.3%)	88,139 (38.0%)	26,583 (43.2%)	18,746 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia kwangtungensis</i>	PP386160	160,493 (39.3%)	88,319 (37.9%)	26,572 (43.2%)	19,030 (34.3%)	112	79	29	4
<i>Manglietia lucida</i>	MT682867	160,134 (39.3%)	88,119 (38.0%)	26,595 (43.2%)	18,825 (34.2%)	113	79	30	4
<i>Manglietia obovalifolia</i>	NC_058551	160,073 (39.3%)	88,113 (38.0%)	26,576 (43.2%)	18,808 (34.3%)	113	79	30	4
<i>Manglietia patungensis</i>	OP689708	160,139 (39.3%)	88,102 (38.0%)	26,572 (43.2%)	18,893 (34.3%)	111	79	28	4
<i>Manglietia ventii</i>	NC_058272	159,950 (39.3%)	88,008 (38.0%)	26,571 (43.2%)	18,800 (34.2%)	113	79	30	4
<i>Manglietia zhengyiana</i>	OP689709	160,058 (39.3%)	88,094 (38.0%)	26,572 (43.2%)	18,820 (34.2%)	111	79	28	4

Note: GC, content of guanine–cytosine; CDS, protein-coding gene.

Table 2. List of genes encoded by twenty-two plastomes of *Manglietia* species.

Classification	Genes
Genetic apparatus	
Large ribosomal subunits	<i>rpl2 rpl14 rpl16 rpl20 rpl22 rpl23 rpl32 rpl33 rpl36</i>
Small ribosomal subunits	<i>rps2 rps3 rps4 rps7 rps8 rps11 rps12 rps14 rps15 rps16 rps18 rps19</i>
RNA polymerase subunits	<i>rpoA rpoB rpoC1 rpoC2</i>
DNA-dependent RNA Polymerase protease	<i>clpP</i>
Maturase	<i>matK</i>
Ribosomal RNAs	<i>rrn4.5 rrn5 rrn16 rrn23</i>
	<i>trnA-UGC trnC-GCA trnD-GUC trnE-UUC trnF-GAA trnG-CAU trnG-GCC trnG-UCC trnH-GUG trnI-CAU trnI-GAU trnK-UUU trnL-CAA trnL-UAA trnL-UAG trnM-CAU trnN-GUU trnP-UGG trnQ-UUG trnR-ACG trnR-UCU trnS-GCU trnS-GCU trnS-GGA trnS-GGA trnS-UGA trnT-GGU trnT-GGU trnT-UGU trnT-UGU trnV-GAC trnV-UAC trnW-CCA trnY-GUA</i>
Transfer RNAs	<i>psaA psaB psaC psal psaj ycf3 ycf4</i>
Photosystem I	<i>psbA psbB psbC psbD psbE psbF psbH psbI psbJ psbK psbL psbM psbN psbT psbZ</i>
Photosystem II	<i>ndhA ndhB ndhC ndhD ndhE ndhF ndhG ndhH ndhI ndhJ ndhK</i>
NAD(P)H dehydrogenase complex	<i>atpA atpB atpE atpF atpH atpI</i>
F-type ATP synthase	<i>petA petB petD petG petL petN</i>
Cytochrome b6/f complex	<i>cemA</i>
Inner membrane protein	<i>ccsA</i>
Cytochrome C biogenesis protein	<i>rbcL</i>
Large subunit of Rubisco	<i>accD</i>
Subunit of acetyl-CoA-carboxylase	<i>infA</i>
Translation initiation factor	<i>ycf1 ycf2 ycf15 ycf68</i>
Function uncertain	

3.2. Comparative Genomic Analysis of *Manglietia* Species

Sequence divergence among the twenty-two *Manglietia* plastomes was compared by aligning them with annotated *M. aromatic* plastomes as a reference using mVISTA. Sequence alignment revealed high sequence similarity across all twenty-two *Manglietia* plastomes without any observed rearrangement, suggesting their high conservation levels (Figures 2 and 3). Whole-genome alignment indicated that non-coding regions displayed greater sequence variations (orange-colored bars) than protein-coding regions (purple-colored bars). The IR regions exhibited a higher degree of conservatism compared to the LSC and SSC regions. The intergenic spacer regions (IGS), such as *trnH-GUG-psbA*, *trnK-UUU-rps16*, *rps16-atpA*, *atpF-atpI*, *rpoB-psbD*, *psbC-psaB*, *psaA-ycf3*, *rps4-ndhJ*, *ndhC-atpE*, *atpB-rps12*, *rps7-ndhB*, and *ndhB-ycf15*, exhibited highly divergent non-coding regions in these chloroplast genomes. In contrast to the other genes, all the ribosomal RNA genes were highly conserved.

To assess the divergence levels within different regions of these chloroplast genomes, nucleotide diversity (π) was measured by DnaSP within 600 bp windows. The SSC region exhibited the highest level of divergence ($\pi = 0.00187$), while the IR region showed the most conservative ($\pi = 0.00022$). Thirteen regions in the chloroplast genomes were identified as highly variable areas with π values exceeding 0.003. These regions include eight intergenic spacer regions (*trnH-GUG-psbA*, *rpoB-trnC-GCA*, *rps4-trnL-UAA*, *petA-psbJ*, *psbE-petL*, *rps3-rps19*, *ndhF-ccsA*, *ndhH-ycf1*) and five genes (*trnH-GUG*, *rps4*, *petA*, *ccsA*, *psaC*) within the coding regions (Figure 4).

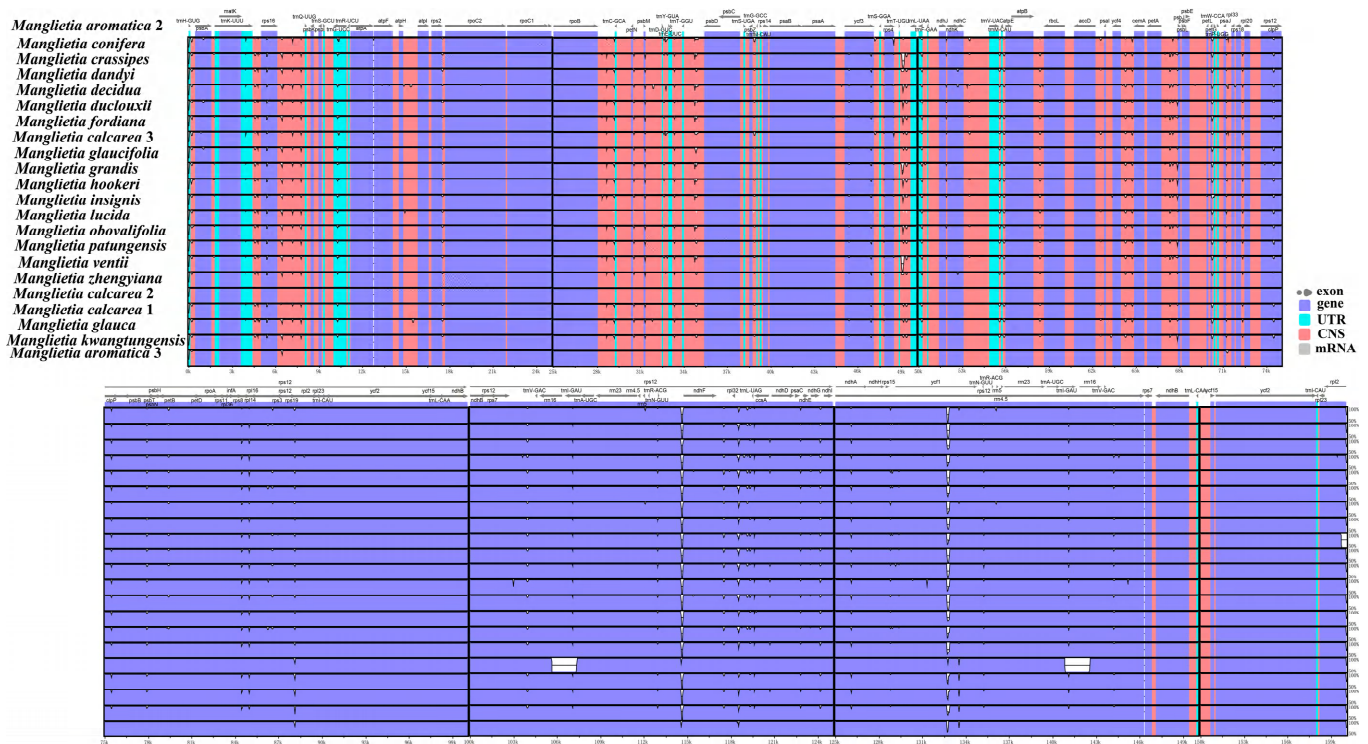


Figure 2. Comparison of twenty-two plastomes from *Manglietia* using mVISTA program, with the annotation of *M. aromatica*2 as a reference. Pink regions indicate conserved non-coding areas, purple represents conserved exons, and white regions denote more variable sites. The vertical scale illustrates percent identity ranging from 50% to 100%.

We examined the expansion and contraction of the IR area between single-copy regions and pairs of IR regions for the twenty-two plastomes (Figure S1). The gene positions at four borders, JLB (LSC/IRb), JSB (IRb/SSC), JSA (SSC/IRa), and JLA (IRa/LSC), had almost identical types except that there were two situations for the JLB border. In *M. grandis* (NC_058271), the *rpl2* gene overlapped in the LSC/IRb region. Second, in other species, the *rpl2* gene was located in the IRb region and 56–60 bp away from the border, while in JSB junctional areas, the *ndhF* gene of all species was 61–105 bp away from border. JSA and JLA were both very conserved among the twenty-two plastomes. The *ycf1* gene straddles the boundary of JSA, with 5540–5648 bp in the IRa region. The distance of the junction between *trnH-GUG* and JLA ranges from 1 to 19 bp.

The long repeat within the chloroplast genomes of *Manglietia* species was analyzed in this study, employing REPuter and Tandem Repeats Finder across twenty-two plastomes. A total of 1155 long repeats, of which 459 (39.74%) were tandem repeats, 342 (29.61%) forward repeats, and 354 palindromic repeats (30.65%), were identified in the genomes, and complement and reverse repeats were not found in *Manglietia* species (Table S5). The numbers of tandem repeats varied from 19 to 24, palindromic repeats from 13 to 19, and dispersed repeats from 11 to 19 (Figure 5C; Tables S2 and S3).

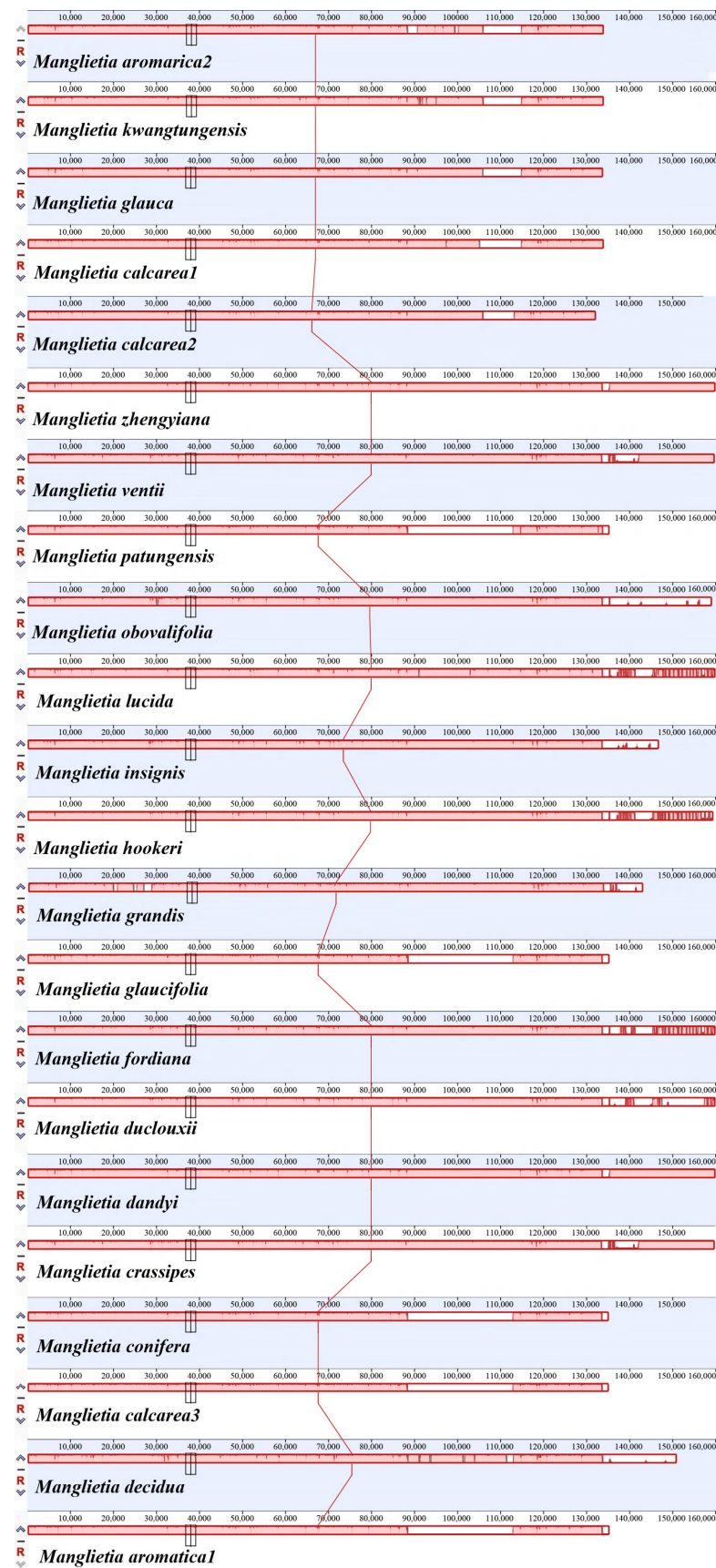


Figure 3. Mauve alignment of twenty-two plastomes from *Manglietia*. The reference genome used in this study was the chloroplast genome of *M. aromatica1*.

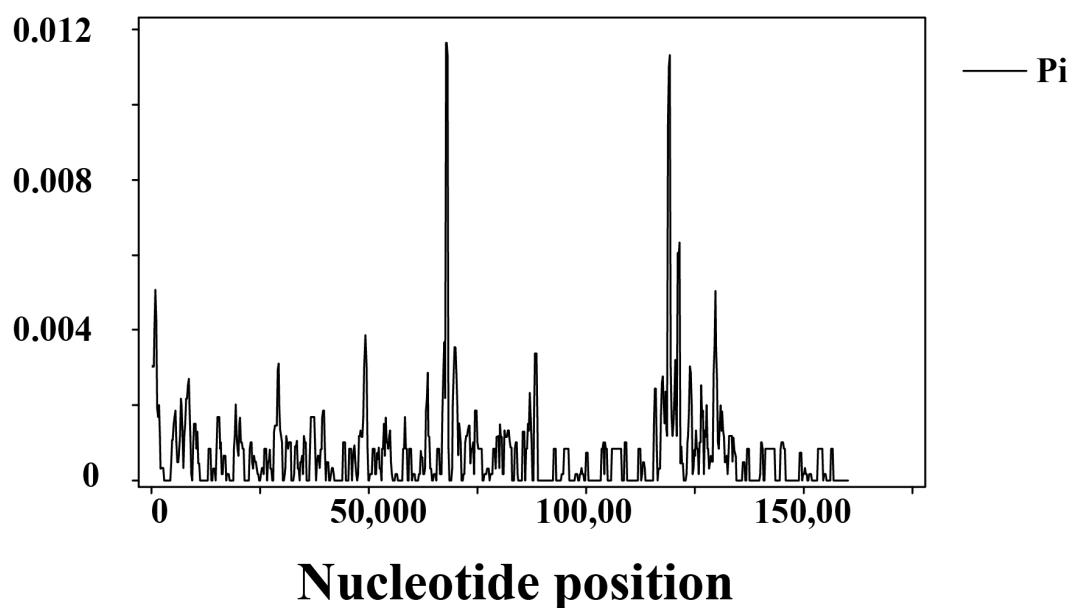


Figure 4. Comparison of the variation in nucleotide diversity (π) values across the twenty-two *Manglietia* plastomes. The vertical scale indicates nucleotide diversity (Pi) value and the horizontal axis represents sequence length.

The plastomes of all twenty-two sequences were analyzed in this study, and a total of 51–56 SSRs were identified in each plastome, including six types (mono-, di-, tri-, tetra-, hexa-, and compound nucleotides), and “penta-” SSRs were not present. The details of all plastome SSRs are represented in Table S4. In all twenty-two chloroplast genomes, mononucleotides accounted for more than half (50.90%–59.26%), except for *M. glauca*. Among the different regions analyzed, the IGS region contained the largest number of SSRs (36–40), followed by 6–9 SSRs in both CDS and the coding sequence introns. Notably, A or T types dominated among mononucleotide SSRs, also exhibiting high richness within dinucleotide, trinucleotide, tetranucleotide, and hexanucleotide SSRs. In our results, fifty-four SSRs and sixty long repeat sequences were identified in the newly sequenced *M. aromatica*1. But in the published plastome of *M. aromatica*2, we identified fifty-three SSRs and forty-nine long repeat sequences. In the three samples of *M. calcarea*, 50, 59, and 59 long repeat sequences were identified, respectively (Figure 5A,B,D; Tables S3 and S5).

3.3. Codon Usage Bias Analysis

Codon usage bias is a fundamental genomic feature to provide crucial insights into species evolution. In total, 51 protein-coding genes were identified across the 22 chloroplast genomes analyzed. The GC content of these protein-coding genes ranged from 38.84% to 38.92%, with minimal variation observed in GC1, GC2, and GC3, all of which were below 42%. These findings also indicate a high abundance of A/T bases in the 22 *Manglietia* plastomes, particularly at the third codon position (Table 3). When examining codon usage bias through multi-species analysis, the effective number of codons (ENc) is commonly employed to quantify deviations from random selection and assess genome- or gene-specific biases. ENc values typically range between 20 and 61 [83]. Notably, lower ENc values suggest significant codon usage bias within a species’ genome or gene [84]. According to a previous study, when the ENc value is less than or equal to 35, it can be inferred that the species genome or gene codon usage bias is significant. In our study, the ENc values for all 22 *Manglietia* plastomes ranged from 50.34 to 50.97 (Table 3), significantly exceeding the threshold value of 35 and indicating weak codon usage bias within these plastomes. There were slight differences in the ENc, GC, GC1, and GC2 values between the two plastomes of *M. aromatica*. Three samples of *M. calcarea* also had little difference.

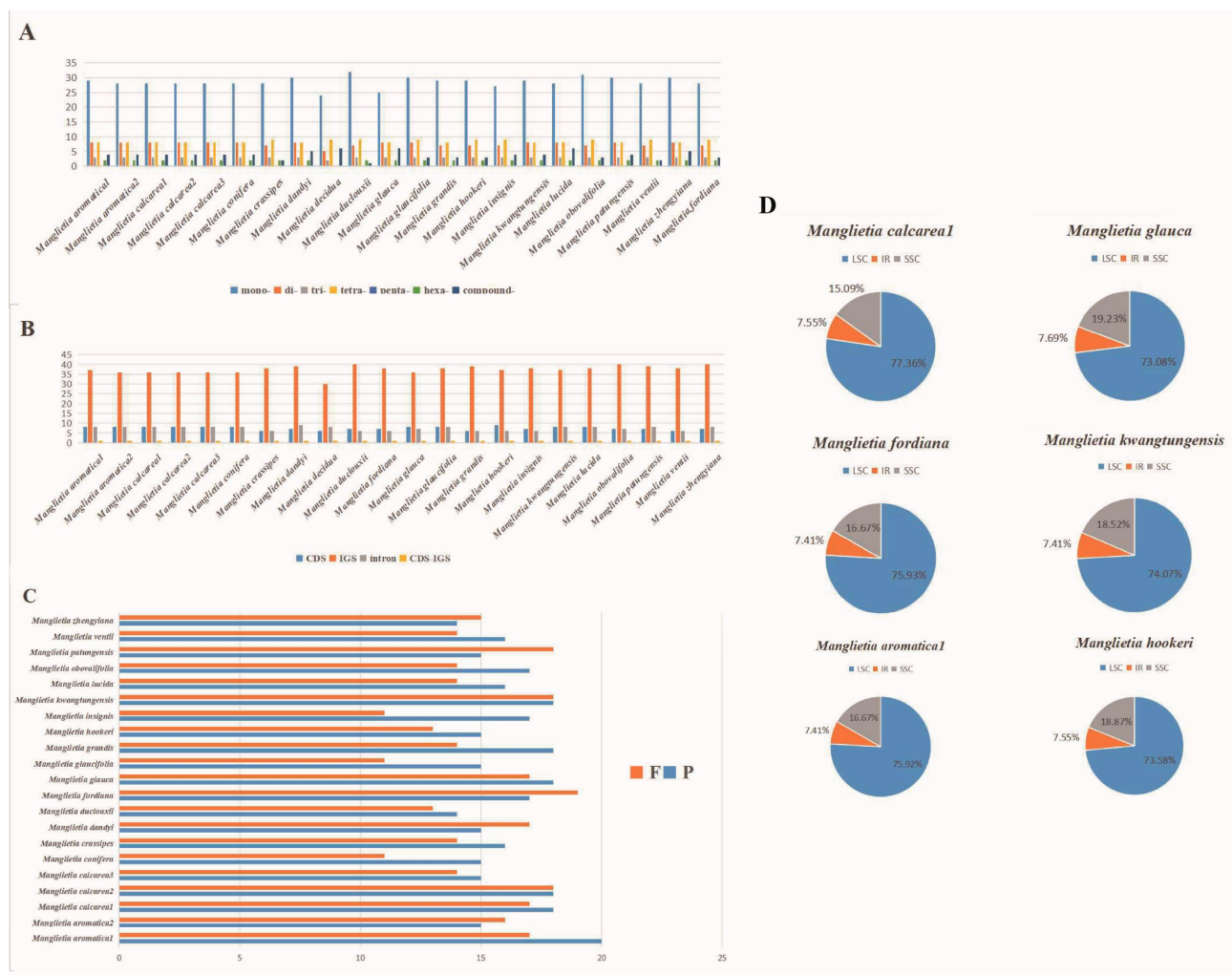


Figure 5. Analysis of repeat sequence maps in twenty-two plastomes derived from *Manglietia* species is presented. (A) Classification of SSRs based on repeat type, including momo-, di-, tri-, tetra-, penta-, hexa- and compound nucleotides. (B) Classification of SSRs in twenty-two plastomes, IGS, CDS, and CDS-IGS (C) Numbers of the four repeat types, F, P, R, and C. (D) SSRs locus distribution among three different regions.

The RSCU value denotes the ratio between the observed frequency of a codon's usage and its theoretical expected frequency, serving as a crucial parameter for quantifying codon usage bias in scientific research. The terminator codons ATG and TGG were removed in this analysis, because terminator codons are not involved in encoding amino acids, and ATG and TGG only encode methionine and tryptophan without using bias. Overall, 51 protein-coding genes were encoded in 64 kinds of codons. Among them, 30 codons exhibited an RSCU value greater than 1, with 28 of these codons having A/T as their third bases. This indicates that high-frequency codons are more inclined to use A/T endings. There were 29 low-frequency codons in RSCU < 1, and 27 codons ending in G/C at the third base, accounting for 93.10%, indicating that the frequency of codons ending in G/C in the chloroplast genome is low. Among the synonymous codons of plastomes, GCY encoding alanine has the highest RSCU value, followed by UUA encoding isoleucine (Figure 6).

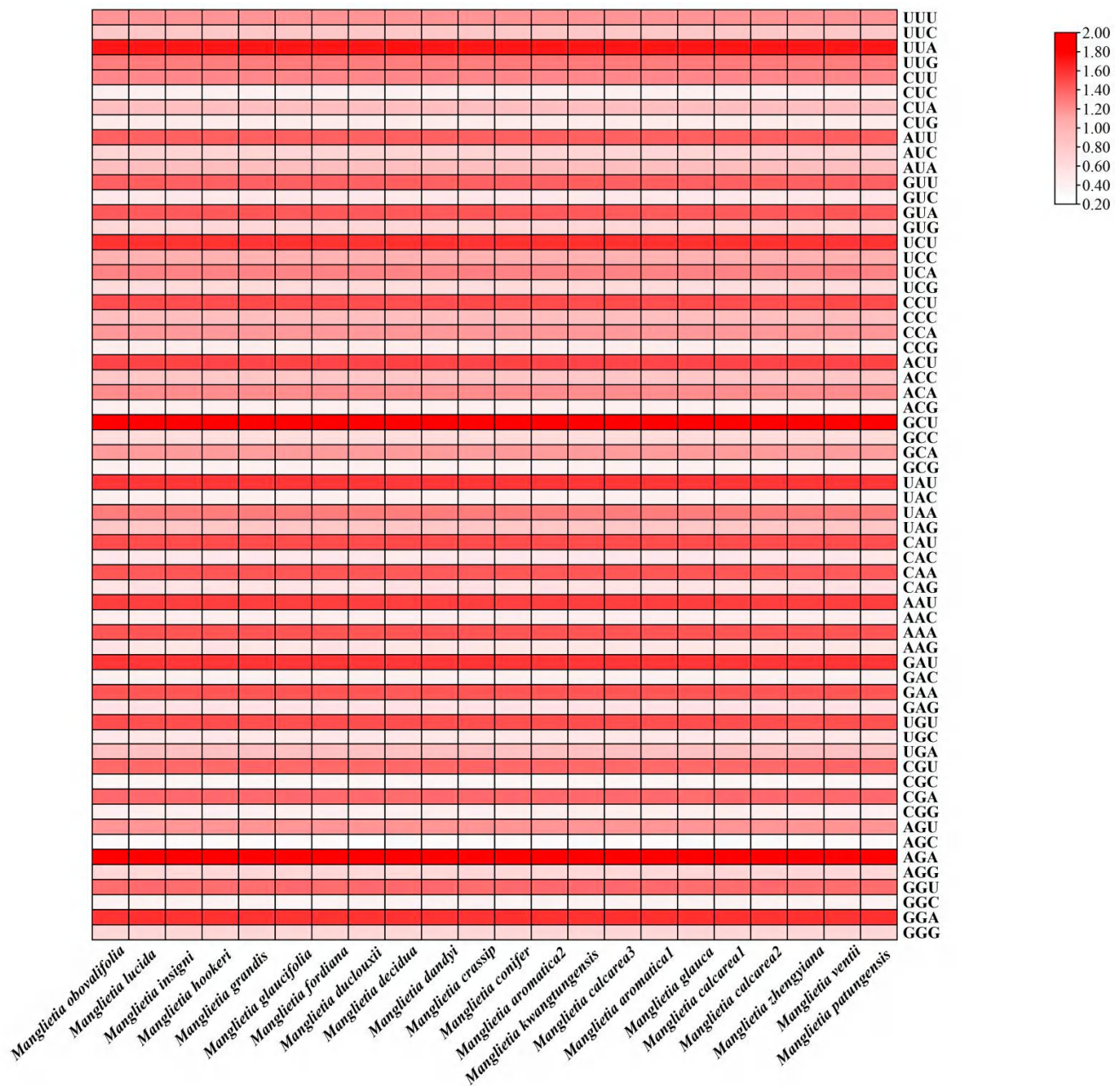


Figure 6. The RSCU of 22 plastomes from *Manglietia* species. Color variation closely relates to the RSCU value size.

Table 3. Codon features of chloroplast genomes of 22 plastomes from *Manglietia* plant species.

Species	ENc	GC3s	GC	GC1	GC2	GC3
<i>Manglietia aromatica1</i>	50.6	0.284	38.87	38.64	39.49	38.48
<i>Manglietia aromatica2</i>	50.59	0.284	38.86	38.63	39.48	38.48
<i>Manglietia calcarea1</i>	50.59	0.284	38.87	36.5	40.49	39.63
<i>Manglietia calcarea2</i>	50.59	0.284	38.87	39.06	39.84	37.72
<i>Manglietia calcarea3</i>	50.59	0.284	38.86	36.49	40.48	39.62
<i>Manglietia conifera</i>	50.57	0.284	38.87	36.5	40.49	39.61
<i>Manglietia crassipes</i>	50.53	0.283	38.85	39.14	39.13	38.27
<i>Manglietia dandyi</i>	50.6	0.284	38.87	39.72	39.41	37.46
<i>Manglietia decidua</i>	50.49	0.283	38.92	36.91	40.83	39.02

Table 3. Cont.

Species	ENc	GC3s	GC	GC1	GC2	GC3
<i>Manglietia duclouxii</i>	50.57	0.284	38.87	39.5	38.44	38.68
<i>Manglietia fordiana</i>	50.58	0.284	38.84	37.88	39.5	39.14
<i>Manglietia glauca</i>	50.6	0.284	38.88	38.24	40.44	37.96
<i>Manglietia glaucifolia</i>	50.57	0.284	38.86	39.95	36.27	40.37
<i>Manglietia grandis</i>	50.54	0.283	38.85	39.93	37.06	39.56
<i>Manglietia hookeri</i>	50.56	0.284	38.86	39.35	39.13	38.1
<i>Manglietia insignis</i>	50.56	0.284	38.88	38.32	38.97	39.34
<i>Manglietia kwangtungensis</i>	50.59	0.284	38.88	38.47	37.94	40.22
<i>Manglietia lucida</i>	50.58	0.284	38.87	36.96	40.8	38.86
<i>Manglietia obovalifolia</i>	50.57	0.284	38.84	40.43	34.21	41.89
<i>Manglietia patungensis</i>	50.6	0.284	38.85	41.63	38.39	36.53
<i>Manglietia ventii</i>	50.53	0.283	38.85	39.14	39.13	38.27
<i>Manglietia zhengyiana</i>	50.58	0.284	38.85	39.67	39.53	37.35

Note: ENc, effective number of codons; GC, content of guanine–cytosine; GC3s, probability that the third base of the codon appears G/C; GC1/2/3, GC content of the first, second, and third codon bases.

3.4. Phylogenetic Analysis

To ascertain the phylogenetic positions of *Manglietia* species and elucidate their evolutionary relationships, we constructed phylogenetic trees utilizing 77 protein-coding genes through the maximum likelihood (ML) and Bayesian inference (BI) methods. We combined 54 published chloroplast genomes of Magnoliaceae with five newly sequenced genomes, and trimmed some poor-alignment regions using Gblocks v 0.91b software. The aligned matrix of the CDS_GB dataset extracted by Geneious v11.1.5 showed a length of 68,520 bp in the 77 protein-coding region. For ML analysis, the best-fit model for the CDS_GB dataset was K3Pu + F + I and for BI analysis was GTR + F + I, as estimated by IQ-TREE.

A phylogram of the maximum likelihood (ML) tree, displaying the support values at the nodes, is depicted in Figure 7. With *Liriodendron* as the outgroup, the members of Magnolioideae were divided into three major strongly supported groups (Figure 7A–C), each with ML bootstrap values (BS) of 94 and 100. Among them, the genera *Manglietia*, *Houpoea*, *Oyama*, and *Magnolia* were clustered into group A with strong support, the genera *Michelia*, *Aromadendron*, *Yulania*, *Pachylarnax*, *Kmeria*, *Metamagnolia*, and *Paramagnolia* were clustered into group B, and group C contained other genera. Our phylogenetic analysis strongly supports the result that there are 14 major clades within the subfamily Magnolioideae that monophyletic.

The monophyly of the genus *Manglietia* was strongly supported in our study with high bootstrap support (BS = 100, PP = 1). The phylogenetic analysis revealed three distinct clades within the genus, namely clade 1, clade 2, and clade 3 (Figures 7 and S2). Among them, clade 1 comprises *M. aromatica*, *M. calcarea*, *M. conifera*, *M. patungensis*, *M. glaucifolia*, *M. glauca*, *M. dandyi*, *M. zhengyiana*, *M. kwangtungensis*, and *M. lucida*; clade 2 just contains *M. decidua*; and clade 3 includes eight species: *M. crassipes*, *M. ventii*, *M. fordiana*, *M. insignis*, *M. duclouxii*, *M. hookeri*, *M. grandis*, and *M. obovalifolia*. All five newly sequenced plastomes are in clade 1. *M. glauca* and *M. patungensis* clustered into one branch with moderate support (BS = 69). *M. kwangtungensis* was sister to *M. lucida* and located at the base of clade 1 with weak support (BS = 28). The new sequences of *M. calcarea* were clustered into a group (BS = 99), and then, were found to be sisters to the published *M. aromatica*2 (BS = 46). However, our newly sequenced *M. aromatica*1 was clustered with the published *M. calcarea*3 with weak support (BS = 41), indicating that *M. calcarea* and *M. aromatica* became paraphyletic. Clade 3 can be classified into two distinct lineages, which have strong support (BS = 100).

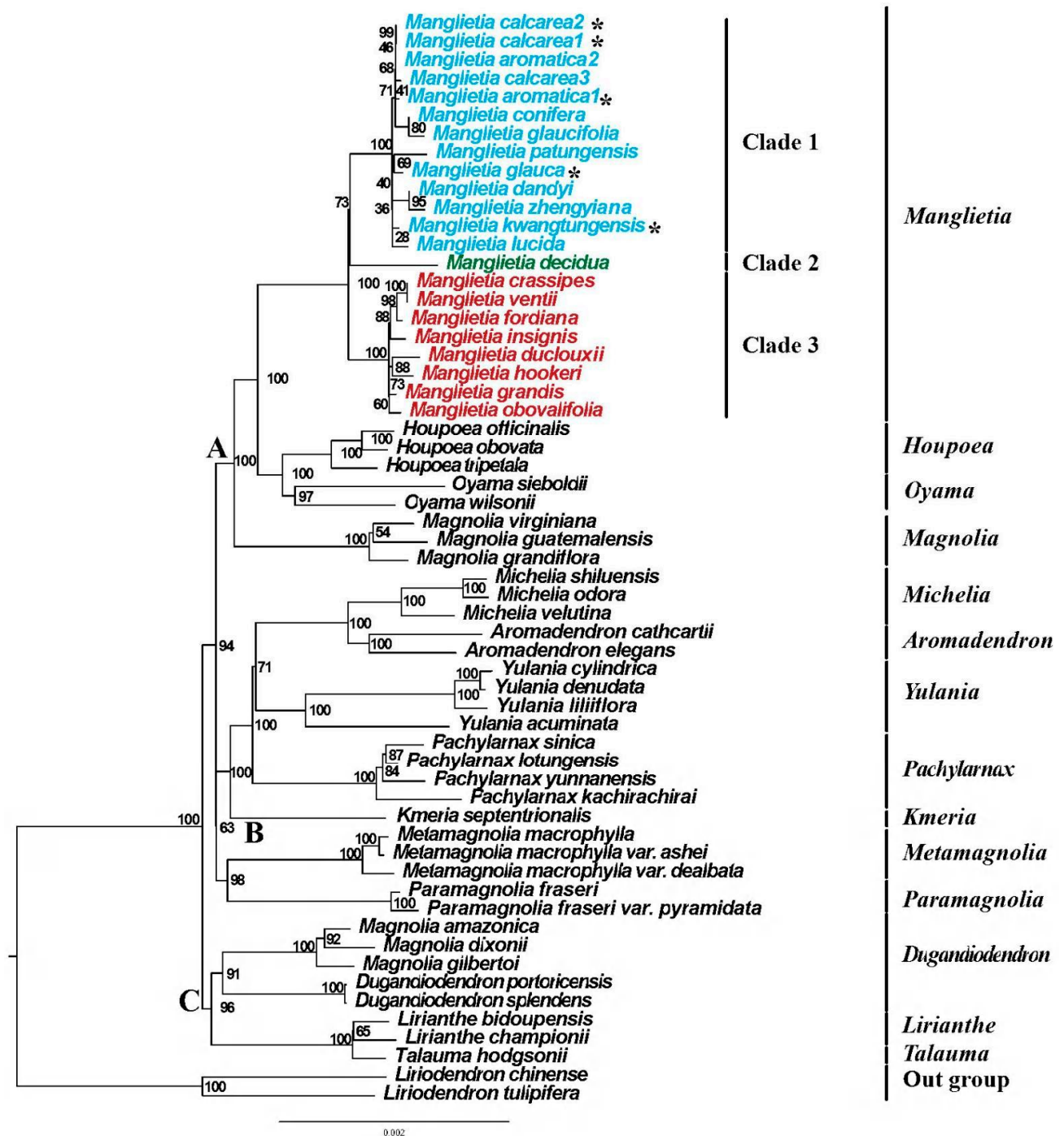


Figure 7. Maximum likelihood analysis based on a combined data matrix of 77 plastid genes for 59 species. The "*" indicates our new sequences. The numbers indicate the phylogenetic support values from maximum likelihood with 100% bootstrap support (BS).

3.5. Adaptive Evolution Analysis

The analysis of synonymous (Ks) and non-synonymous (Ka) substitution rates was conducted using a total of 51 protein-coding genes from all 22 plastomes of *Manglietia*. Twenty-two plastomes were compared in pairs, yielding a total of 231 results per gene. In our results, Ka and Ks were only found in some genes. In 12 genes (*ccsA*, *ndhE*, *petA*, *psaA*, *rpl20*, *rbcL*, *psbC*, *ycf4*, *ycf2*, *rps18*, *rpl14*, and *rpoC1*), Ka and Ks were identified only in clade 2 and clade 3, and these protein-coding genes had relatively low average values (Ka = 0.0019, Ks = 0.0071, Ka/Ks = 0.1322). Among *rps3* and *rpoC2*, only the species of Section 1

had Ka/Ks rates (Ka = 0.0016, Ks = 0.0049, Ka/Ks = 0.6036). In five genes (*accD*, *ndhH*, *rpl20*, *rpl2*, and *matK*), only Section 2 had Ka/Ks rates (Ka = 0.0009, Ks = 0.0054, Ka/Ks = 0.1629).

4. Discussion

4.1. Plastome Variation

In this study, we reported the plastomes of five individuals from four *Manglietia* species and compared them with those of 17 other *Manglietia* species to enhance our understanding of genome organization and molecular evolution of the Magnoliaceae family. The plastomes of most terrestrial plants exhibit highly conserved characteristics, including similar gene content and organization across different plant lineages [85]. All newly assembled *Manglietia* plastomes display the typical quadripartite structure observed in photosynthetic angiosperm plastomes, showing no notable distinctions compared to previously published chloroplast genomes within Magnoliaceae. The GC content of the twenty-two *Manglietia* plastomes analyzed in our study remains consistent at 39.3%, with the exception of *M. calcarea2* which has a slightly lower GC content of 39.0%. The higher GC content detected in the IR regions can be attributed to the presence of four copies of GC rRNA genes (*rrn16*, *rrn23*, *rrn4.5*, and *rrn5*) that are clustered in these regions, a common phenomenon in various plant species [86–88]. Compared with the GC content of the plastomes of other angiosperms, *Manglietia* has a higher GC content. The GC content is anticipated to exert a substantial influence on genome functioning and species ecology. It is postulated that higher GC content may be associated with enhanced adaptability to seasonally arid environments or cold regions, which are characteristic of a temperate climate for angiosperm species [89]. The plastome of five new sequences of *Manglietia* ranges from 157,093 bp (*M. calcarea2*) to 160,493 bp (*M. kwangtungensis*). It is similar in size to the plastomes of other previously published Magnoliaceae species [21,90]. The genome size of *M. calcarea2* is approximately 3000 bp shorter than that of the other two samples, primarily due to a loss in the IR region encompassing the *rrn16-trnI-GAU* sequence. But another *M. calcarea* (*M. calcarea1* from Dongduo) assembled complete sequence length is 160,446 bp, and that of the published *M. calcarea* (*M. calcarea3*) sequence is 160,027 bp. Comparing the plastomes between the two *M. aromatica* sequences, the new sequence is longer than the published plastome, mainly due to the difference of 213 bp in the LSC. The deletion of chloroplast genomes also leads to differences in the repeat sequence analysis and the codon usage bias analysis.

The genomics of the 22 *Manglietia* plastomes were compared using mVISTA and Mauve software. The genomics of 22 *Manglietia* chloroplast genomes exhibit a high degree of similarity, with significantly higher sequence variation observed in the non-coding and single-copy regions compared to the coding and IR regions. The borders of JLB are relatively conserved among angiosperm plastomes, primarily located within the *rps19* and *rpl2* genes. Our analysis reveals that *M. grandis* has the most pronounced contraction of the IR region, accompanied by an expansion of the *rpl2* gene at the JLB boundary by 308 bp, while the other 21 sequences have their *rpl2* genes situated within the IR region. This finding is consistent with a previous study on other *Manglietia* species [91]. It should be noted that modifications in IR boundaries can result in alterations in plastome size [92]. Notably, significant expansions and contractions have been reported in other plants, like *Pelargonium transcaalense*, which possesses a plastome size of 242,575 bp with an IR region spanning 87,724 bp [93]. However, the underlying mechanism governing expansion and contraction events within the plastid genome's IR region remains unclear.

The coding regions and conserved sequences of the plastome have been extensively utilized for phylogenetic inferences at higher taxonomic levels, such as family or genus [94]. Plastomes serve as valuable resources for identifying mutational hotspots across different lineages and are employed in intraspecies discrimination and species-level phylogenetic studies [95,96]. However, certain plastid DNA fragments currently used in Magnoliaceae, including the *trnK* intron containing *matK*, *trnH-psbA*, *atpB-rbcL*, *rbcL*, the *trnL* intron, *trnL-trnF*, and *ndhF*, fail to provide sufficient phylogenetic signals required for establishing

high-resolution relationships among related taxa. This limitation is particularly evident when classifying infrageneric taxa with uncertain taxonomic status [17,18]. To address this issue comprehensively within a *Manglietia* genus-specific context while maintaining a species-level focus on phylogenetic studies of *Manglietia* species groups, our alignment identifies the top 13 regions that exhibit the highest degree of genetic variability.

Molecular markers based on DNA polymorphisms, such as SSR, have emerged as valuable genetic resources widely employed for assessing genetic diversity and deducing molecular phylogenetics [97]. Simple sequence repeats (SSRs) are short (1–6 bp) repeat motifs that are tandemly repeated varying numbers of times [98]. SSRs can provide inter-specific polymorphisms, making them effective markers in population genetic analysis. In the present study, a total of 1252 SSRs were identified across the 22 plastomes (Table S4); however, further experiments are required to verify their effectiveness. Mononucleotide SSRs represent the most prevalent motifs and occupy the largest portion among all SSR types. Tri- and hexanucleotide SSRs occur at much lower frequencies (Figure 5A). Pentanucleotide SSRs were not found in any of the twenty-two plastomes examined. Additionally, most of the detected SSRs consist of A/T repeat units, which may contribute to the high AT richness observed in these chloroplast genomes. Further statistical analysis reveals that these polymorphic variations are not evenly distributed throughout the plastomes. Compared to both single-copy regions and inverted repeat regions, large single-copy regions contain a higher number of SSRs. As expected, sequence variations primarily occur within the LSC region and non-coding regions such as intergenic spacer regions (Figure 5B,D). Similar findings have been reported in other angiosperm plastid genomes [99,100].

4.2. Phylogenetic Analysis

Chloroplast genomes have been utilized in phylogenetic analyses due to their non-recombinant and uniparentally inherited nature, as well as their comparatively slower evolutionary rates compared to nuclear and mitochondrial genomes [101,102]. The plastome regions of *matK* and *ndhF* have demonstrated remarkable success as genetic markers within the Magnoliaceae family [17]. However, the limited number of loci used in phylogenetic inference may lack sufficient power when closely related species are being considered. Consequently, there is a growing preference for conducting phylogenetic analyses based on comprehensive plastome datasets, necessitating comparative genomic studies involving a larger number of plastome sequences.

The phylogenetic analysis based on the protein-coding regions derived from chloroplast genomes also strongly support that the classification of two subfamilies Liriodendroideae and Magnolioideae, as proposed by Law [7,8]. Liriodendroideae include a single genus, *Liriodendron*, with only two species disjunctly distributed in Eastern Asia and eastern North America [103]. However, the classification of Magnolioideae has been highly debated for a long time. Some authors [10,21,24,31] argued that a single expanded genus *Magnolia* would be accepted and it may be divided into 9–15 sections based on morphology or molecular evidence, while many botanists [3–6,9,11] preferred to maintain a narrow generic delimitation and recognize up to 16 genera within Magnolioideae. Our phylogenetic analysis strongly supports 14 major clades within Magnolioideae, which correspond to the 14 genera proposed by Sima and Lu [3], indicating that maintaining a narrow generic concept would be better to present the evolutionary tendency within Magnolioideae. *Manglietia* has been widely accepted as an independent genus for a long time [3,6–8,11]. Meanwhile, the monophyly of *Manglietia* has been supported by all previous phylogenetic studies [14,15,17,18,21,22,24,104]. Previous phylogenetic analysis using nuclear data [24] indicated that *Manglietia* and *Houpoa* (sect. *Rytidospermum*) formed sister groups, and then, they were found to be sisters to *Oyama* (sect. *Oyama*). However, in our study, *Houpoa* and *Oyama* are found to be sister groups with a strong support (BS = 100), and then, they are found to be sisters to *Manglietia* (BS = 100). Discordance between nuclear and organellar phylogenies is commonly observed across the plant tree [105,106]. This incongruence in tree topology may arise from various biological phenomena, including gene

duplication, horizontal gene transfer, incomplete lineage sorting, or gene flow [107,108]. In our study, due to insufficient data and under-sampling, we were unable to further analyze this phylogenetic conflict.

The infra-generic classification of *Manglietia* is still unclear. Tiep [36] and Zheng [37] attempted to propose infrageneric classifications (Figure 8), but their classifications have never been adopted by other authors. Based on the scale of the style and carpel length, Tiep [36] divided the genus *Manglietia* into two sections, sect. *Manglietia* and sect. *Olivera*. However, our results indicate that both sect. *Manglietia* and sect. *Olivera* are not monophyletic. When they merged the genus *Sinomanglietia* with *Manglietia*, Zheng et al. [37] divided the genus into two sections, sect. *Decidua* and sect. *Manglietia*. Sect. *Decidua*, originally described as the genus *Sinomanglietia* includes a single species *M. decidua*, with a deciduous habit, while all other species with evergreen habits were placed in sect. *Manglietia*. However, in our studies, *M. decidua*, a representative of sect. *Decidua*, is nested within sect. *Manglietia*. It is suggested by the results of Wang et al. [21], based on 86 whole chloroplast genomes, that *M. decidua* is the sister of all other sampled *Manglietia*. In the present study, the CDS_GB dataset divided twenty-two plastomes from *Manglietia* into three clades (Figures 7 and S2) with bootstrap values (BS) of 73 and 100 and BI posterior probabilities (PP) of 0.67 and 1.00. Clade 1 consists of *M. aromatica*, *M. calcarea*, *M. conifera*, *M. patungensis*, *M. glaucifolia*, *M. glauca*, *M. dandyi*, *M. zhengyiana*, *M. kwangtungensis*, and *M. lucida*. Clade 2 includes a single species, *M. decidua*, with a deciduous habit. Clade 3 comprises *M. crassipes*, *M. ventii*, *M. fordiana*, *M. insignis*, *M. duclouxii*, *M. hookeri*, *M. grandis*, and *M. obovalifolia*. This implies that the genus may be divided into three sections, but further studies are necessary. The relationships among most *Manglietia* species nodes have strong support values (bootstrap support value > 70 and Bayesian posterior probability > 0.90), while a few nodes are weak (bootstrap support value < 50), and the phylogenetic relationships of some species are still unclear. As for the plastomes of the five newly sequenced species in this study, *M. kwangtungensis* is sister to *M. lucida* and located at the base of clade 1 with weak support (BS = 28). The sister relationship between *M. glauca* and *M. patungensis* also has weak support (BS = 69, PP = 0.94); this may be due to incomplete taxon sampling. The treatment of *M. calcarea* has been controversial in the past. Chen and Nooteboom [35] and Kumar [109] treated it as a variety (*M. fordiana* var. *calcareae* and *M. fordiana* var. *calcareae*, respectively). Xia et al. [11] reinstated it as independent species. Later, Sima et al. [59] considered it to be closely related to *M. aromatica* and treated it as a variety, *M. aromatica* var. *calcareae*. Our results show that *M. calcarea* is isolated with *M. fordiana*, each located in different clades, clade 1 and clade 3, respectively. *M. fordiana* is located in clade 3, and sister to *M. crassipes* and *M. ventii*, with strong support (BS = 98, PP = 1.00). This implies that it is not appropriate to treat *M. calcarea* as a variety of *M. fordiana*. Morphologically, *M. calcarea* differs from *M. fordiana* in that it has 12–16 carpels and mature carpels dehiscent along the dorsal sutures. However, *M. calcarea* and *M. aromatica* are clustered into a group, and the previously published *M. aromatica*2 is nested within *M. calcarea*, and then, forms sister groups with the currently sequenced *M. aromatica*1. The sequence difference between the two species is only 305 bp, and the main difference is the loss of bases in the intergenic spacer (Figure 2). Therefore, the affinity between *M. calcarea* and *M. aromatica* is supported by our studies. But this suggests that *M. calcarea* and *M. aromatica* are not monophyletic. It seems that *M. calcarea* may be considered to be different from *M. aromatica* as its leaves are coriaceous, rigid, and rounded with an acumen 6–14 mm long at the apex, and it has 9 tepal 9 12–16 carpels, while in the latter, the leaves are thinly coriaceous to coriaceous, mucronate to acuminate at the apex, and it has 11–12 tepals and 29–39 carpels [59]. *M. calcarea* is recorded from the neighboring areas between N Guangxi (Huanjiang) and S Guizhou (Libo and Dushan), while *M. aromatica* is distributed in W Guangxi, SW Guizhou, and Yunnan Province. Sometimes, *M. calcarea* is identified as *M. aromatica* in the literature [110,111]. At the moment, we cannot examine the voucher of previously sampled *M. aromatica*2, and its identification needs be confirmed. It seems that our studies suggest merging *M. calcarea*

with *M. aromatica*. However, the final determination on the species *M. calcarea* and *M. aromatica* needs be further studied to include more samples in their distribution ranges.

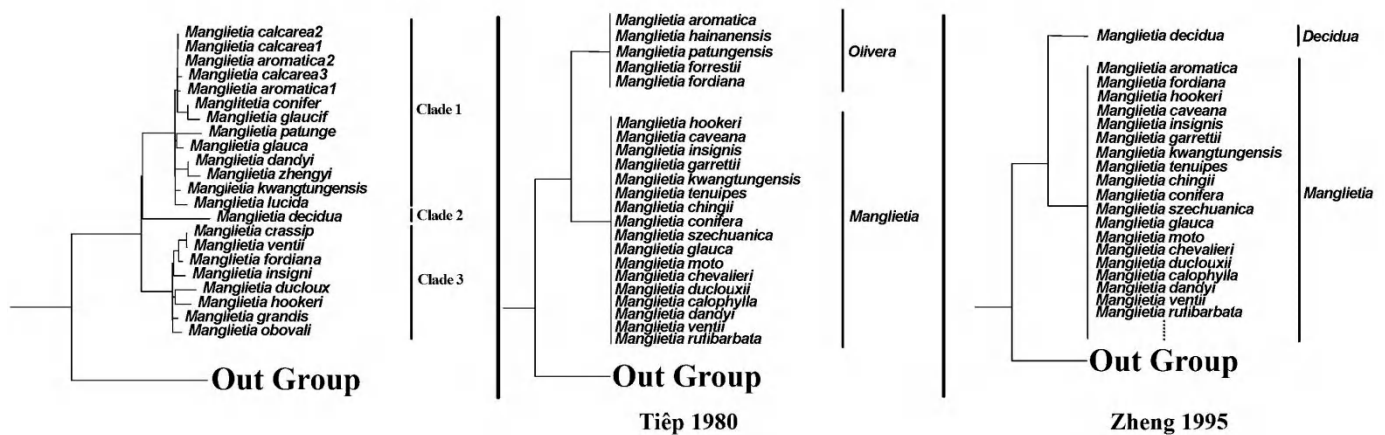


Figure 8. The different infrageneric classifications of *Manglietia*. The three phylogenetic trees represent the result of this study, the result of Tiệp based on morphological characteristics, and the result of Zheng based on deciduous habits [36,37].

5. Conclusions

In the present study, we assembled and analyzed five new complete or nearly complete plastome sequences of *Manglietia* species and conducted the first comparative analysis with other *Manglietia* species. The annotation and comparison within *Manglietia* species revealed conservation of the gene sequence, GC content, and genomic composition. Additionally, we identified repeated sequences, 51–56 microsatellites, and 13 highly mutational hotspot regions in the *Manglietia* plastome. These findings contribute to our understanding of the adaptations of *Manglietia* species to limestone environments. Furthermore, they provide valuable genomic resources and potential markers for future studies on species identification and speciation within this genus. This study sheds light on the phylogenetic relationships and adaptive evolution of *Manglietia*. The genus may be divided into three sections, and the previously proposed infrageneric classifications are not supported by our studies. The close affinity between *M. calcarea* and *M. aromatica* is supported, but their taxonomic treatment needs to be further studied.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: <https://www.mdpi.com/article/10.3390/genes15040406/s1>, Table S1: Information of five samples of *Manglietia* newly sequenced in this study; Table S2: Long repeat sequences in *Manglietia* plastomes; Table S3: Tandem repeat distribution in twenty-two *Manglietia* plastomes; Table S4: Simple sequence repeats distribution in twenty-two *Manglietia* plastomes; Table S5: Types and numbers of long repeats in the twenty-two *Manglietia* chloroplast genomes. Figure S1: Comparison of the borders of LSC, SSC, and IR regions in twenty-two complete chloroplast genomes. JLB (IRb /LSC), JSB (IRb/SSC), JSA (SSC/IRa) and JLA (IRa/LSC) denote the JSs between each corresponding region in the genome. Figure S2: Bayesian inference based on a combined data matrix of 77 plastid genes for 59 species.

Author Contributions: Y.D. and Y.L. conceived and designed the research; T.L. and Y.D. collected the samples; T.L. and S.Z. performed the experiments; T.L. analyzed the data and prepared the figures and tables; T.L. wrote the manuscript; and all authors revised the manuscript. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This research was funded by the Investigation of forest germplasm resources in Guangdong Province, China, Funding number GDZZDC20228703.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: The chloroplast genomes of *Manglietia calcarea*1, *Manglietia calcarea*2, *Manglietia glauca*, *Manglietia kwangtungensis*, and *Manglietia aromatica*1 have been deposited in the NCBI database with the accession numbers PP386157, PP386158, PP386159, PP386160, and PP386161, respectively.

Acknowledgments: We would like to thank Yusong Huang, Keyi Fu, and Zhibing Xiong for their assistance in collecting the samples.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflicts of interest.

References

1. Cicuzza, D.; Newton, A.; Oldfield, S. *The Red List of the Magnoliaceae*; Fauna and Flora International: Cambridge, UK, 2007.
2. Rivers, M.C.; Beech, E.; Murphy, L.; Oldfield, S. *The Red List of Magnoliaceae—Revised and Extended*; Botanic Gardens Conservation International: Richmond, VA, USA, 2016.
3. SiMa, Y.K.; Lu, S.G. A new system for the family Magnoliaceae. In Proceedings of the Second International Symposium on the Family Magnoliaceae, Guangzhou, China, 5–8 May 2009; Xia, N.H., Zeng, Q.W., Xu, F.X., Wu, Q.G., Eds.; Huazhong University of Science and Technology Press: Wuhan, China, 2012; pp. 55–71.
4. Dandy, J.E. The genera of Magnoliaceae. *Kew Bull.* **1927**, *7*, 257–264.
5. Dandy, J.E. Magnoliaceae. In *The Genera of Flowering Plants, Angiospermae I*; Hutchinson, J., Ed.; Clarendon Press: Oxford, UK, 1964; pp. 50–57.
6. Dandy, J.E. A revised survey of the genus *Magnolia* together with *Manglietia* and *Michelia*. In *Magnolias*; Treseder, N.G., Ed.; Faber & Faber: London, UK, 1978; pp. 29–37.
7. Law, Y.W. Studies on the phylogeny of Magnoliaceae. In Proceedings of the International Symposium on the Family Magnoliaceae, Guangzhou, China, 18–22 May 1998; Science Press: Beijing, China, 2000; pp. 3–13.
8. Law, Y.W. A Preliminary study on the taxonomy of the family Magnoliaceae. *J. Syst. Evol.* **1984**, *22*, 89–109.
9. Nootboom, H.P. Notes on Magnoliaceae with a revision of *Pachularnax* and *Elmerrillia* and the Malesian species of *Manglietia* and *Michelia*. *Blumea* **1985**, *31*, 65–121.
10. Figlar, R.B.; Nootboom, H.P. Notes on Magnoliaceae IV. *Blumea*. *J. Plant Taxon. Plant Geogr.* **2004**, *49*, 87–100. [[CrossRef](#)]
11. Xia, N.H.; Liu, Y.H.; Nootboom, H.P. Magnoliaceae. In *Flora of China*; Wu, Z.Y., Raven, P.H., Hong, D.Y., Eds.; Science Press: Beijing, China; Missouri Botanical Garden Press: St. Louis, MO, USA, 2008; Volume 7, pp. 48–91.
12. Shen, Y.M.; Chen, K.; Gu, C.H.; Zheng, S.Y.; Ma, L. Comparative and phylogenetic analyses of 26 Magnoliaceae species based on complete chloroplast genome sequences. *Can. J. For. Res.* **2018**, *48*, 1456–1469. [[CrossRef](#)]
13. Ueda, K.; Yamashita, J.; Tamura, M.N. Molecular phylogeny of the Magnoliaceae. In Proceedings of the International Symposium on the Family Magnoliaceae, Guangzhou, China, 18–22 May 1998; Liu, Y.H., Fan, H.M., Chen, Z.Y., Eds.; Science Press: Beijing, China, 2000; pp. 205–209.
14. Azuma, H.; Rico-Gray, V.; Garcia-Franco, J.G.; Toyota, M.; Asakawa, Y.; Thien, L.B. Close relationship between Mexican and Chinese *Magnolia* (Subtropical disjunct of Magnoliaceae) inferred from molecular and floral scent analyses. *Acta Phytotaxon. Et Geobot.* **2004**, *55*, 167–180.
15. Azuma, H.; Garcia-Franco, J.G.; Rico-Gray, V.; Thien, L.B. Molecular phylogeny of the Magnoliaceae: The biogeography of tropical and temperate disjunctions. *Am. J. Bot.* **2001**, *88*, 2275–2285. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
16. Azuma, H.; Thien, L.B.; Kawano, S. Molecular phylogeny of *Magnolia* (Magnoliaceae) inferred from cpDNA sequences and evolutionary divergence of the Floral Scents. *J. Plant Res.* **1999**, *112*, 291–306. [[CrossRef](#)]
17. Kim, S.; Park, C.W.; Kim, Y.D.; Suh, Y.B. Phylogenetic relationships in family Magnoliaceae inferred from *ndhF* sequences. *Am. J. Bot.* **2001**, *88*, 717–728. [[CrossRef](#)]
18. Kim, S.; Suh, Y. Phylogeny of Magnoliaceae based on ten chloroplast DNA regions. *Am. J. Biol.* **2013**, *56*, 290–305. [[CrossRef](#)]
19. Qiu, Y.L.; Mark, W.C.; Clifford, R.P. A chloroplast DNA phylogenetic study of the eastern Asia-eastern North America disjunct section *Rytidospermum* of *Magnolia* (Magnoliaceae). *Am. J. Bot.* **1995**, *82*, 1582–1588. [[CrossRef](#)]
20. Shi, S.; Jin, H.; Zhong, Y.; He, X.; Huang, Y.; Tan, F.; Boufford, D.E. Phylogenetic relationships of the Magnoliaceae inferred from cpDNA *matK* sequences. *Theor. Appl. Genet.* **2000**, *101*, 925–930. [[CrossRef](#)]
21. Wang, Y.B.; Liu, B.B.; Nie, Z.L.; Chen, H.F.; Chen, F.J.; Figlar, R.B.; Wen, J. Major clades and a revised classification of *Magnolia* and Magnoliaceae based on whole plastid genome sequences via genome skimming. *J. Syst. Evol.* **2020**, *58*, 673–695. [[CrossRef](#)]
22. Wang, Y.L.; Li, Y.; Zhang, S.Z.; Yu, X.S. The utility of *matK* gene in the phylogenetic analysis of the genus *Magnolia*. *J. Syst. Evol.* **2006**, *44*, 135–147. [[CrossRef](#)]
23. Wang, G.; Hou, N.; Zhang, S.X.; Luo, Y. Characterization of the complete chloroplast genomes of seven *Manglietia* and one *Michelia* species (Magnoliales: Magnoliaceae). *Conserv. Genet. Resour.* **2017**, *10*, 705–708. [[CrossRef](#)]
24. Nie, Z.L.; Wen, J.; Azuma, H.; Qiu, Y.L.; Sun, H.; Meng, Y.; Sun, W.B.; Zimmer, E.A. Phylogenetic and biogeographic complexity of Magnoliaceae in the Northern Hemisphere inferred from three nuclear data sets. *Mol. Phylogenetics Evol.* **2008**, *48*, 1027–1040. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
25. Jin, X.H.; Yang, Y. *Species Catalogue of China*; Science Press: Beijing, China, 2015; p. 372.
26. Wang, R.J. *Inventory of Species Diversity of Guangdong Vascular Plants*; Guangdong Science and Technology Publishing House: Guangzhou, China, 2017.

27. Wei, Y.G. *The Distribution and Conservation Status of Native Plants in Guangxi, China*; China Forestry Publishing House: Beijing, China, 2019.
28. Yu, S.X.; Xu, W.B.; Wu, J.Y.; Yu, L.Y.; Huang, Y.F. *Spermatophytæ of Karst Area in Guangxi, Yunnan and Guizhou: A Checklist*; China Environment Publishing House: Beijing, China, 2017; p. 602.
29. Blume, C.L. Beschrijving van eenige gewassen, waargenomen op eenen togt naar den Salak in den jaare 1822. *Verh. Van Het Bataviaasch Genoot. Van Kunsten En Wet.* **1823**, *9*, 149–150.
30. Law, Y.W. Magnoliaceae. In *Flora Reipublicae Popularis Sinicae*; Science Press: Beijing, China, 1996.
31. Baillon, H.E. Sur la famille des Magnoliaceae. *Adanson* **1866**, *1*, 133–192.
32. Canright, J.E. The comparative morphology and relationships of the Magnoliaceae-IV. Wood and nodal anatomy. *Am. J. Bot.* **1955**, *39*, 484–497. [[CrossRef](#)]
33. Pragłowski, J. World Pollen and Spore Flora 3. *Stock. Almqvist Wiksell* **1974**, *29*, 6–32.
34. Nooteboom, H.P. Different looks at the classification of the Magnoliaceae. In Proceedings of the international symposium on the family Magnoliaceae, Guangzhou, China, 18–22 May 1998; Liu, Y.H., Fan, H.M., Chen, Z.Y., Eds.; Science Press: Beijing, China, 2000; pp. 26–37.
35. Chen, B.L.; Nooteboom, H.P. Notes on Magnoliaceae III: The Magnoliaceae of China. *Ann. Mo. Bot. Gard.* **1993**, *80*, 999–1104.
36. Tiệp, N.V. Beiträge zur Sippenstruktur der Gattung *Manglietia* BL. (Magnoliaceae). *Feddes Repert.* **1980**, *91*, 497–576. [[CrossRef](#)]
37. Zheng, Q.Y. A revised name of *Huamulian*. *J. Nanjing For. Univ.* **1995**, *1*, 46.
38. Lin, X.C.; Yu, Z.X. Taxonomic revision of the Magnoliaceae from Jiangxi Province. *Bull. Bot. Res.* **2004**, *24*, 272–273.
39. Yu, Z.X. *Sinomanglietia*—A new genus of Magnoliaceae from China. *Agric. Univ. JiangXi* **1994**, *20*, 202–204.
40. Shinozaki, K.; Ohme, M.; Tanaka, M.; Wakasugi, T.; Hayashida, N.; Matsubayashi, T.; Zaita, N.; Chunwongse, J.; Obokata, J.; Yamaguchi, S.K.; et al. The complete nucleotide sequence of the *Tobacco* chloroplast genome: Its gene organization and expression. *EMBO J.* **1986**, *5*, 2043–2049. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
41. Bolger, M.E.; Weisshaar, B.; Scholz, U.; Stein, N.; Usadel, B.; Mayer, K.F.X. Plant genome sequencing—Applications for crop improvement. *Curr. Opin. Biotechnol.* **2014**, *26*, 31–37. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
42. Wilkinson, M.J.; Szabo, C.; Ford, C.S.; Yarom, Y.; Croxford, A.E.; Camp, A.; Paul, G. Replacing Sanger with next generation sequencing to improve coverage and quality of reference DNA barcodes for plants. *Sci. Rep.* **2017**, *7*, 46040. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
43. Hua, Z.; Tian, D.; Jiang, C. Towards comprehensive integration and curation of chloroplast genomes. *Plant Biotechnol. J.* **2022**, *20*, 2239–2241. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
44. Wicke, S.; Gerald, S.; Claude, P.; Mü, K.F.; Dietmar, Q. The evolution of the plastid chromosome in land plants: Gene content, gene order, gene function. *Plant Mol. Biol.* **2011**, *76*, 273–297. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
45. Daniell, H.; Lin, C.S.; Yu, M.; Chang, W.J. Chloroplast genomes: Diversity, evolution, and applications in genetic engineering. *Genome Biol.* **2016**, *17*, 1–29. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
46. Wang, T.; Li, T.Z.; Chen, S.S.; Yang, T.; Shu, J.P.; Mu, Y.N.; Wang, K.L.; Chen, J.B.; Xiang, J.Y.; Yan, Y.H. Untying the Gordian knot of plastid phylogenomic conflict: A case from ferns. *Front. Plant Sci.* **2022**, *13*, 918155. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
47. Dong, S.S.; Wang, Y.L.; Xia, N.H.; Liu, Y.; Liu, M.; Lian, L.; Li, N.; Li, L.F.; Lang, X.A.; Gong, Y.Q.; et al. Plastid and nuclear phylogenomic incongruences and biogeographic implications of *Magnolia* s.l. (Magnoliaceae). *J. Syst. Evol.* **2022**, *60*, 1–15. [[CrossRef](#)]
48. Wang, Y.C.; Wang, D.W. The complete chloroplast genome and phylogenetic analysis of *Manglietia ventii* (Magnoliaceae). *Mitochondrial DNA Part B Resour.* **2022**, *7*, 196–198. [[CrossRef](#)]
49. Sáez, A.G.; Lozano, E. Body doubles. *Nature* **2005**, *433*, 111. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
50. Rieseberg, L.H.; Willis, J.H. Plant speciation. *Science* **2007**, *317*, 910–914. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
51. Mallet, J. Hybrid speciation. *Nature* **2007**, *446*, 279–283. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
52. Palmer, J.D. Mitochondrial DNA in plant systematics: Applications and limitations. In *Molecular Systematics of Plants*; Springer: Boston, MA, USA, 1992; pp. 36–49.
53. Drouin, G.; Daoud, H.; Xia, J. Relative rates of synonymous substitutions in the mitochondrial, chloroplast and nuclear genomes of seed plants. *Mol. Phylogenet. Evol.* **2008**, *49*, 827–831. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
54. Liu, Z.F.; Ma, H.; Ci, X.Q.; Li, L.; Song, Y.; Liu, B.; Li, H.; Wang, S.L.; Qu, X.J.; Hu, J.L.; et al. Can plastid genome sequencing be used for species identification in Lauraceae? *Bot. J. Linn. Soc.* **2021**, *197*, 1–14. [[CrossRef](#)]
55. Cao, Q.; Gao, Q.B.; Ma, X.L.; Zhang, F.Q.; Xing, R.; Chi, X.F.; Chen, S.L. Plastome structure, phylogenomics and evolution of plastid genes in *Swertia* (Gentianaceae) in the Qing-Tibetan Plateau. *BMC Plant Biol.* **2022**, *22*, 1–19.
56. Yao, G.; Zhang, Y.Q.; Barrett, C.; Xue, B.; Bellot, S.; William, J.B.; Ge, X.J. A plastid phylogenomic framework for the palm family (Arecaceae). *BMC Biol.* **2023**, *21*, 50. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
57. Ruhfel, B.R.; Gitzendanner, M.A.; Soltis, P.S.; Soltis, D.E.; Burleigh, J.G. From algae to angiosperms—inferring the phylogeny of green plants (Viridiplantae) from 360 plastid genomes. *BMC Evol. Biol.* **2014**, *14*, 23. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
58. Pan, Y.Z.; Liang, H.X.; Gong, X. Studies on the reproductive biology and endangerment mechanism of the endangered plant *Manglietia aromatica*. *Acta Bot. Sin.* **2003**, *3*, 311–316.
59. SiMa, Y.K.; Lu, S.G.; Hao, J.B.; Xu, T.; Han, M.Y.; Xu, L.; Li, D.; Ma, H.F.; Chen, S.Y. Notes on *Manglietia aromatica* var. *calcareae* (Magnoliaceae), a variety endemic to south-western China. *J. West China For. Sci.* **2014**, *43*, 96–98.

60. Song, X.H. New taxa and new distributions of woody plants from Guizhou province. *J. Nanjing For. Univ. Nat. Sci. Ed.* **1984**, *16*, 46–52.
61. Jin, J.J.; Yu, W.B.; Yang, J.B.; Song, Y.; Claude, W.; Yi, T.S.; Li, D.Z. GetOrganelle: A fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes. *Genome Biol.* **2020**, *21*, 241. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
62. Wick, R.R.; Schultz, M.B.; Zobel, J.; Holt, K.E. Bandage: Interactive visualization of de novo genome assemblies. *Bioinformatics* **2015**, *31*, 3350–3352. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
63. Qu, X.J.; Moore, M.J.; Li, D.Z.; Yi, T.S. PGA: A software package for rapid, accurate, and flexible batch annotation of plastomes. *Plant Methods* **2019**, *15*, 50. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
64. Drummond, A. Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics* **2012**, *28*, 1647–1649.
65. Greiner, S.; Lehwark, P.; Bock, R. OrganellarGenomeDRAW (OGDRAW) version 1.3.1: Expanded toolkit for the graphical visualization of organellar genomes. *Nucleic Acids Res.* **2019**, *47*, W59–W64. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
66. Darling, A.C.E.; Bob, M.; Frederick, R.B.; Nicole, T.P. Mauve: Multiple alignment of conserved genomic sequence with rearrangements. *Genome Res.* **2004**, *14*, 1394–1403. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
67. Amiryousefi, A.; Hyvönen, J.; Poczai, P. IRscope: An online program to visualize the junction sites of chloroplast genomes. *Bioinformatics* **2018**, *34*, 3030–3031. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
68. Frazer, K.A.; Pachter, L.; Poliakov, A. VISTA: Computational tools for comparative genomics. *Nucleic Acids Res.* **2004**, *32*, W273. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
69. Rozas, J.; Albert, F.M.; Sanchez, D.B.; Sara, G.R.; Pablo, L.; SebastianE, R.O.; Alejandro, S.G. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Mol. Biol. Evol.* **2017**, *34*, 3299–3302. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
70. Chen, Y.Q.; Zhong, H.; Zhu, Y.T.; Huang, Y.Z.; Wu, S.S.; Liu, Z.J.; Lan, S.R.; Zhai, J.W. Plastome structure and adaptive evolution of *Calanthe* s.l. species. *PeerJ* **2020**, *8*, e10051. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
71. Sharp, P.M.; Li, W.H. The codon adaptation index—A measure of directional synonymous codon usage bias, and its potential applications. *Nucleic Acids Res.* **1987**, *15*, 1281–1295. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
72. Chen, C.; Chen, H.; Zhang, Y.; Thomas, H.R.; Frank, M.H.; He, Y.H.; Xia, R. TBtools: An integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data. *Mol. Plant* **2020**, *13*, 1194–1202. [[CrossRef](#)]
73. Wright, F. The ‘effective number of codons’ used in a gene. *Gene* **1990**, *87*, 23–29. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
74. Rice, P.; Longden, I.; Bleasby, A. EMBOSS: The European molecular biology open software suite. *Trends Genet.* **2000**, *16*, 276–277. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
75. Kurtz, S.; Choudhuri, J.V.; Ohlebusch, E.; Schleiermacher, C.; Stoye, J.; Giegerich, R.M. REPuter: The manifold applications of repeat analysis on a genomic scale. *Nucleic Acids Res.* **2001**, *29*, 4633–4642. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
76. Benson, G. Tandem repeats finder: A program to analyze DNA sequences. *Nucleic Acids Res.* **1999**, *27*, 573–580. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
77. Thiel, T.; Michalek, W.; Varshney, R.K.; Graner, A. Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* **2003**, *106*, 411–422. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
78. Wang, D.P.; Zhang, Y.B.; Zhang, Z.; Zhu, J.; Yu, J. KaKs_Calculator 2.0: A toolkit incorporating γ -Series methods and sliding window strategies. *Genom. Proteom. Bioinform.* **2010**, *8*, 77–80. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
79. Edgar, R.C. MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Res.* **2004**, *32*, 1792. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
80. Castresana, J. Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Mol. Biol. Evol.* **2000**, *17*, 540–552. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
81. Nguyen, L.T.; Schmidt, H.A.; Haeseler, A.; Minh, B.Q. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Mol. Biol. Evol.* **2015**, *32*, 268–274. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
82. Huelsenbeck, J. MrBayes 3.2: Efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst. Biol.* **2012**, *61*, 539–542.
83. Blazier, J.C.; Jansen, R.K.; Mower, J.P.; Govindu, M.; Zhang, J.; Weng, M.L.; Ruhlman, T.A. Variable presence of the inverted repeat and plastome stability in *Erodium*. *Ann. Di Bot.* **2016**, *117*, 1209–1220. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
84. Wu, Y.Q.; Li, Z.Y.; Zhao, D.Q.; Tao, J. Comparative analysis of flower-meristem-identity gene APETALA2(AP2) codon in different plant species. *J. Integr. Agric.* **2018**, *17*, 867–877. [[CrossRef](#)]
85. Tracey, A.R.; Robert, K.J. Plastid genomes of flowering plants: Essential principles. *Methods Mol. Biol.* **2021**, *2317*, 3–47.
86. Li, L.; Wu, Q.P.; Fang, L.; Wu, K.L.; Li, M.Z.; Zeng, S.J. Comparative chloroplast genomics and phylogenetic analysis of *Thuniopsis* and closely related genera within Coelogyninae (Orchidaceae). *Front. Genet.* **2022**, *13*, 850201. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
87. Wu, L.W.; Nie, L.P.; Xu, Z.C.; Li, P.; Wang, Y.; He, C.N.; Song, J.Y.; Yao, H. Comparative and phylogenetic analysis of the complete chloroplast genomes of three *Paeonia* Section *Moutan* species (Paeoniaceae). *Front. Genet.* **2020**, *11*, 980. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
88. Darshetkar, A.M.; Datar, M.N.; Tamhankar, S.; Li, P.; Choudhary, R.K. Understanding evolution in Poales: Insights from Eriocaulaceae plastome. *PLoS ONE* **2019**, *14*, e0221423. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
89. Smarda, P.; Bures, P.; Horov, L. Ecological and evolutionary significance of genomic GC content diversity in monocots. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **2014**, *111*, E4096–E4102. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]

90. Guzmán-Díaz, S.; Núñez, F.A.A.; Veltjen, E.; Asselman, P.; Larridon, I.; Samain, M.S. Comparison of Magnoliaceae plastomes: Adding neotropical *Magnolia* to the discussion. *Plants* **2022**, *11*, 448. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
91. Yang, L.; Tian, J.H.; Xu, L.; Zhao, X.L.; Song, Y.Y.; Wang, D.W. Comparative chloroplast genomes of six Magnoliaceae species provide new insights into intergeneric relationships and phylogeny. *Biology* **2022**, *11*, 1279. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
92. Guo, Y.Y.; Yang, J.X.; Bai, M.Z.; Zhang, G.Q.; Liu, Z.J. The chloroplast genome evolution of Venus slipper (*Paphiopedilum*): IR expansion, SSC contraction, and highly rearranged SSC regions. *BMC Plant Biol.* **2021**, *21*, 248. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
93. Weng, M.; Ruhlman, T.A.; Jansen, R.K. Expansion of inverted repeat does not decrease substitution rates in *Pelargonium* plastid genomes. *New Phytol.* **2017**, *214*, 842–851. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
94. Jansen, R.K.; Cai, Z.; Raubeson, L.A.; Daniell, H.; Depamphilis, C.W.; Leebens-Mack, J.; Müller, K.F.; Guisinger-Bellian, M.; Haberle, R.C.; Hansen, A.K.; et al. Analysis of 81 genes from 64 plastid genomes resolves relationships in angiosperms and identifies genome-scale evolutionary patterns. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **2007**, *104*, 19369–19374. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
95. Liu, L.X.; Wang, Y.W.; He, P.Z.; Li, P.; Lee, J.; Soltis, D.E.; Fu, C.X. Chloroplast genome analyses and genomic resource development for epilithic sister genera *Oresitrophe* and *Mukdenia* (Saxifragaceae), using genome skimming data. *BMC Genom.* **2018**, *19*, 235. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
96. Ahmed, I.; Matthews, P.J.; Biggs, P.J.; Naeem, M.; Mclenachan, P.A.; Lockhart, P.J. Identification of chloroplast genome loci suitable for high-resolution phylogeographic studies of *Colocasia esculenta* (L.) Schott (Araceae) and closely related taxa. *Mol. Ecol. Resour.* **2013**, *13*, 929–937. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
97. Ellegren, H. Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. *Nat. Rev. Genet.* **2004**, *5*, 435–445. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
98. Kantety, R.V.; Rota, M.L.; David, E.M.; Mark, E.S. Data mining for simple sequence repeats in expressed sequence tags from barley, maize, rice, sorghum and wheat. *Plant Mol. Biol.* **2002**, *48*, 501–510. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
99. Zong, D.; Qiao, Z.S.; Zhou, J.T.; Li, P.L.; Gan, P.H.; Ren, M.R.; He, C.Z. Chloroplast genome sequence of triploid *Toxicodendron vernicifluum* and comparative analyses with other lacquer chloroplast genomes. *BMC Genom.* **2023**, *24*, 1–18. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
100. Deng, Y.W.; Luo, Y.Y.; He, Y.; Qin, X.S.; Li, C.G.; Deng, X.M. Complete chloroplast genome of *Michelia shiluensis* and a comparative analysis with four Magnoliaceae species. *Forests* **2020**, *11*, 267. [\[CrossRef\]](#)
101. Wolfe, K.H.; Li, W.H.; Sharp, P.M. Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **1987**, *84*, 9054–9058. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
102. Birky, C.W. Uniparental inheritance of mitochondrial and chloroplast genes: Mechanisms and evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **1995**, *92*, 11331–11338. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
103. Wen, J. Evolution of eastern Asian and eastern North American disjunct distributions in flowering plants. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* **1999**, *30*, 421–455. [\[CrossRef\]](#)
104. Ueda, K. Molecular phylogenetics and the phylogeny of Magnoliaceae. *Heredity* **1992**, *46*, 44–46.
105. Yu, J.R.; Niu, Y.T.; You, Y.C.; Cymon, J.C.; Russell, L.B.; Anna, T.B.; Guo, J.; Wen, J.; Lu, L.M.; Chen, Z.D. Integrated phylogenomic analyses unveil reticulate evolution in *Parthenocissus* (Vitaceae), highlighting speciation dynamics in the Himalayan-Hengduan Mountains. *New Phytol.* **2023**, *238*, 888–903. [\[CrossRef\]](#)
106. Stull, G.W.; Soltis, P.S.; Soltis, D.E.; Gitzendanner, M.A.; Smith, S.A. Nuclear phylogenomic analyses of asterids conflict with plastome trees and support novel relationships among major lineages. *Am. J. Bot.* **2020**, *107*, 790–805. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
107. Doyle, J.J. Gene trees and species trees: Molecular systematics as one-character taxonomy. *Syst. Biol.* **1992**, *17*, 144–163. [\[CrossRef\]](#)
108. Smith, S.A.; Moore, M.J.; Brown, J.W.; Yang, Y. Analysis of phylogenomic datasets reveals conflict, concordance, and gene duplications with examples from animals and plants. *BMC Evol. Biol.* **2015**, *15*, 150. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
109. Kumar, V.S. New combinations and new names in Asian Magnoliaceae. *Kew Bull.* **2006**, *2*, 183–186.
110. Chen, R. Tree Taxonomy in China. *China Assoc. Agric. Sci. Soc.* **1937**, 297–298.
111. Liao, W.F. Studies on *Manglietia* Bl. from China. Ph.D. Thesis, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, China, 10 June 2006.

Disclaimer/Publisher’s Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content.

Begonia guangdongensis, a new species of *Begonia* (Begoniaceae) from Guangdong, China

Wen-Hui Tu¹, Bing-Mou Wang², Yi Huang³,
Gang Yao¹, Jiu-Xiang Huang¹, Yu-Ling Li¹

1 South China Limestone Plants Research Center, College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China **2** Panyu Central Hospital, Guangzhou 511400, China **3** Yangchun, Guangdong, China

Corresponding author: Yu-Ling Li (ylli@scau.edu.cn)

Academic editor: Jan Wieringa | Received 10 March 2020 | Accepted 8 September 2020 | Published 7 October 2020

Citation: Tu W-H, Wang B-M, Huang Y, Yao G, Huang J-X, Li Y-L (2020) *Begonia guangdongensis*, a new species of *Begonia* (Begoniaceae) from Guangdong, China. *PhytoKeys* 162: 29–36. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.162.51913>

Abstract

A new species of *Begonia* section *Coelocentrum*, *B. guangdongensis* W.H. Tu, B.M. Wang & Y.L. Li from Guangdong Province, China, is described and illustrated here. Morphologically, the new species is most similar to *B. biflora* T. C. Ku and *B. longistyla* Y. M. Shui & W. H. Chen, but differs from *B. biflora* by its rugose leaves and glabrous capsules and from *B. longistyla* by its glabrous stipules without ciliate margin, densely hirsute-pilose leaves and obtuse apex of bracts. Additionally, it is also somewhat similar to *B. chongzuoensis* Yan Liu, S. M. Ku & C.-I Peng, but there are significant distinctions in their stipules, leaves and bracts. The conservation status of *B. guangdongensis* is assessed as Critically Endangered (CR), according to the IUCN Red List Categories and Criteria.

Keywords

Begonia sect. *Coelocentrum*, Guangdong, limestone karsts, new taxon

Introduction

The genus *Begonia* L. (Begoniaceae), consisting of ca. 1900 species, is one of the ten most species-rich flowering plant genera and is widely distributed in the tropical and subtropical areas of the world (Frodin 2004; Hughes et al. 2015). Most *Begonia* species are narrowly distributed, especially those in limestone karsts (Tebbitt et al. 2006;

Ku et al. 2007; Hughes and Hollingsworth 2008). According to the recent taxonomic revision of the genus *Begonia* in Flora of China, nearly 200 species, with 141 local endemics, are reported and represent seven sections (Ku 2007; Ku et al. 2007). The *Begonia* sect. *Coelocentrum*, comprising of more than 70 species, is a typical limestone group confined to the Sino-Vietnamese karst areas and most species circumscribed within the section are rare and known only from a single collection or population (Chung et al. 2014; Peng et al. 2014). Although the section has been shown to be paraphyletic, based on phylogenetic analyses, this section is morphologically well delimited by its parietal placentation and rhizomatous perennation (Chung et al. 2014). Species within this section differ from one another by leaf texture, pubescence and stipule, inflorescence and fruit morphology (Ku et al. 2007).

During a plant diversity survey around Yangchun City in Guangdong Province in October 2019, we discovered a species of *Begonia* with parietal placentation and rhizomatous perennation on the slope of a limestone hill, which was identified as a member of *Begonia* sect. *Coelocentrum*. After critical reviewing the type specimens and protologues of relevant species of this section described from the Sino-Vietnamese karst regions, it was concluded that the species is new to science. Herein, we describe and illustrate it, as well as assess its conservation status.

Taxonomy

***Begonia guangdongensis* W.H.Tu, B.M.Wang & Y.L.Li, sp. nov.**

urn:lsid:ipni.org:names:77211928-1

Figs 1, 2

Diagnosis. *Begonia guangdongensis* is morphologically similar to *B. biflora* T. C. Ku (Wu and Ku 1997), *B. longistyla* Y. M. Shui & W. H. Chen (Shui and Chen 2005) and *B. chongzuoensis* Yan Liu, S. M. Ku & C.-I Peng (Peng et al. 2012) by sharing obliquely ovate asymmetric leaves, hairy petioles, a glabrous peduncle, 2–3 times branched dichasial cyme and glabrous trigonous-ellipsoid capsules. However, it can be easily distinguished from *B. biflora* by its stipules with aristate apex and without ciliate margin (vs. aristate and ciliate apex and ciliate margin), rugose leaves (vs. flat) and glabrous capsules (vs. pubescent); it differs from *B. longistyla* by its abaxially glabrous stipules without ciliate margin (vs. abaxially hairy stipules with ciliate margin), leaves densely hirsute-pilose (vs. densely tuberculate-based pilose-setula) and inflorescence equal or slightly shorter than petioles (vs. much longer) and it can be distinguished from *B. chongzuoensis* by its persistent stipules and bracts (vs. caducous), rugose leaves (vs. nearly flat), leaves densely white hirsute-pilose (vs. moderately to sparsely whitish-hyaline or reddish setulose) and an unequally 3-winged capsule (vs. equal or subequal). (Table 1).

Type. CHINA. Guangdong Province, Yangchun City, Chunwan Town, on a slope of a limestone hill in an evergreen forest, 22°21'44.04"N, 111°57'26.28"E, alt. 88 m, 6 October 2019, *Li et al.* 263 (holotype, CANT!; isotype, IBSC!).

Table 1. Difference between *Begonia guangdongensis*, *B. biflora*, *B. longistyla* and *B. chongzuoensis*.

Character	<i>B. guangdongensis</i>	<i>B. biflora</i>	<i>B. longistyla</i>	<i>B. chongzuoensis</i>
Stipules	persistent, ovate-triangular, apex aristate, margin eciliate, abaxially glabrous	persistent, ovate-triangular, apex aristate and ciliate, margin ciliate, abaxially glabrous or with few hairs on midrib	persistent, triangular, apex aristate, margin ciliate, abaxially with hairs	caducous, ovate or triangular-ovate, apex aristate, margin eciliate or sparsely ciliate, abaxially glabrous or with few hairs along midrib
Petioles	ca. 15–30 cm long, densely white villous	4–22 cm long, hirsute-villous	3–5 cm long, densely covered with strigae	4.5–15 cm long, sparsely hirsute-villous
Leaf blades	10–18 × 7–13 cm, apex acuminate or caudate, margin irregularly repand serrate, adaxial surface rugose, densely white hirsute-pilose, veins depressed	8–25 × 7–23 cm, apex obtuse, sometimes rounded or acute, margin crenulate and irregularly denticulate, adaxial surface flat, sparsely setulose or hispidulous, veins not depressed	6–10 × 4–6 cm, apex rotundate or with an obtuse tip, margin serrulate, adaxial surface rugose, densely tuberculate-based pilose-setulose, veins depressed	6–13 × 5–10 cm, apex acuminate or shortly acuminate, margin crenate-denticulate, adaxial surface nearly flat, moderately to sparsely whitish-hyaline or reddish setulose, veins slightly depressed
Bracts	persistent, oblong, apex obtuse	persistent, oblong or long ovate, apex undescribed	persistent, ovate, apex with a tip	caducous, ovate or rounded, apex obtuse or rounded
Inflorescence	6–15 flowers, peduncle glabrous, 15–20 cm, equal or slightly shorter than petioles	4–13 flowers, peduncle glabrous or sparsely pilose, 5–7.5 cm, shorter than petioles	20–40 flowers, peduncle glabrous, 4–8 cm long, much longer than petioles	4–8 flowers, peduncle glabrous, 5–12 cm long, shorter than petioles
Staminate flower	outer tepals 9–14 × 8–13 mm, inner tepals oblong or narrowly elliptic, 7–9 × 3–4 mm	outer tepals 4–11 × 5–9 mm, inner tepals obovate or elliptic, 6–9 × 3–5 mm	outer tepals 4–5 mm in diam., inner tepals obovate, 4.5–5 × 3–3.5 mm	outer tepals 11–14.5 × 11–15 mm, inner tepals obovate or narrowly obovate, 9–11 × 3.5–5 mm
Pistillate flower	outer tepals 6–9 × 8–12 mm, inner tepals oblong or ovate-lanceolate, styles yellow	outer tepals 6–9.5 × 6–8 mm, inner tepals oblanceolate, styles yellowish-green	outer tepals 4–5 mm in diam., inner tepals obovate, styles yellow	outer tepals 9.5–11.5 × 10–11.5 mm, inner tepals elliptic or broadly lanceolate, styles yellow
Capsules	trigonous-ellipsoid, unequally 3-winged, glabrous, with a few small red spots	oblong, unequally or subequally 3-winged, pubescent	ovate, subequally 3-winged, glabrous	trigonous-ellipsoid, somewhat compressed, equally or subequally 3-winged, glabrous
Flowering time	September to October	May	April to June	May to September

Description. Perennial herbs, rhizomatous. Rhizomes creeping, red, stout, 7–12 mm in diam., internodes 4–7 mm long, sparsely hairy. Leaves simple and alternate; stipules generally persistent, ovate-triangular, 5–8 × 3–5 mm, apex aristate, arista ca. 1.5 mm long, abaxially glabrous; petioles red, ca. 15–30 cm long, with densely white villose, $\pm$ reflexed trichomes; blades basifixed, asymmetric, obliquely ovate, 10–18 × 7–13 cm, papery, rugose, adaxially densely white hirsute-pilose, veins depressed, abaxially hirsute-pilose, denser on primary veins, veins convex, base obliquely deeply cordate, apex acuminate or caudate, margin irregularly repand serrate and ciliate; basal palmate veins 6–7. Inflorescences axillary, arising directly from rhizome, flowers 6–15 in a 2–3 times branched dichasial cyme; peduncles 15–20 cm long, equal or slightly shorter than petioles, glabrous; bracts oblong, 2–3 × 1–1.5 mm, apex obtuse, margin serrulate and ciliate. Staminate flowers: pedicel 1–1.5 cm long, glabrous; tepals 4, outer 2 ovate to suborbicular, 9–14 × 8–13 mm, upper side pinkish-white, lower side pink with red nerves, glabrous on both sides, inner 2 white, oblong or narrowly

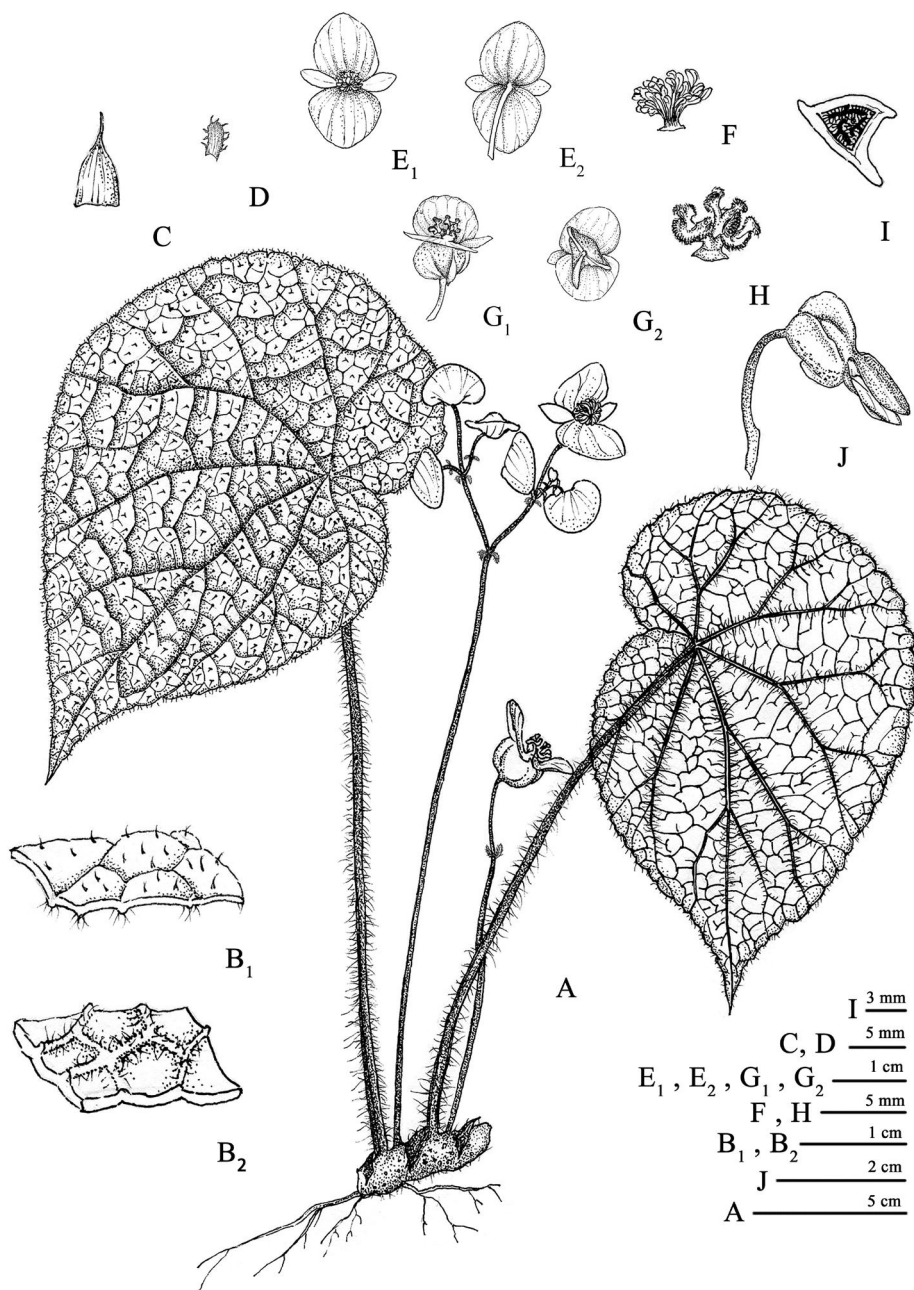


Figure 1. *Begonia guangdongensis* **A** plant **B₁** close up of adaxial surface of leaf **B₂** close up of abaxial surface of leaf **C** stipule **D** bract **E₁** and **E₂** staminate flower **F** androecium **G₁** and **G₂** pistillate flower **H** style and stigma **I** cross section of ovary in the middle part **J** immature capsule. Drawn by Zheng-meng Yang.

elliptic, 7–9 × 3–4 mm, glabrous; androecium actinomorphic, nearly spherical, yellow, stamens numerous, filaments nearly free, 1–1.5 mm long, anthers obovate, ca. 1.2 × 0.7 mm, apex emarginated. Pistillate flower: pedicle 1–1.5 cm; tepals 3, out-

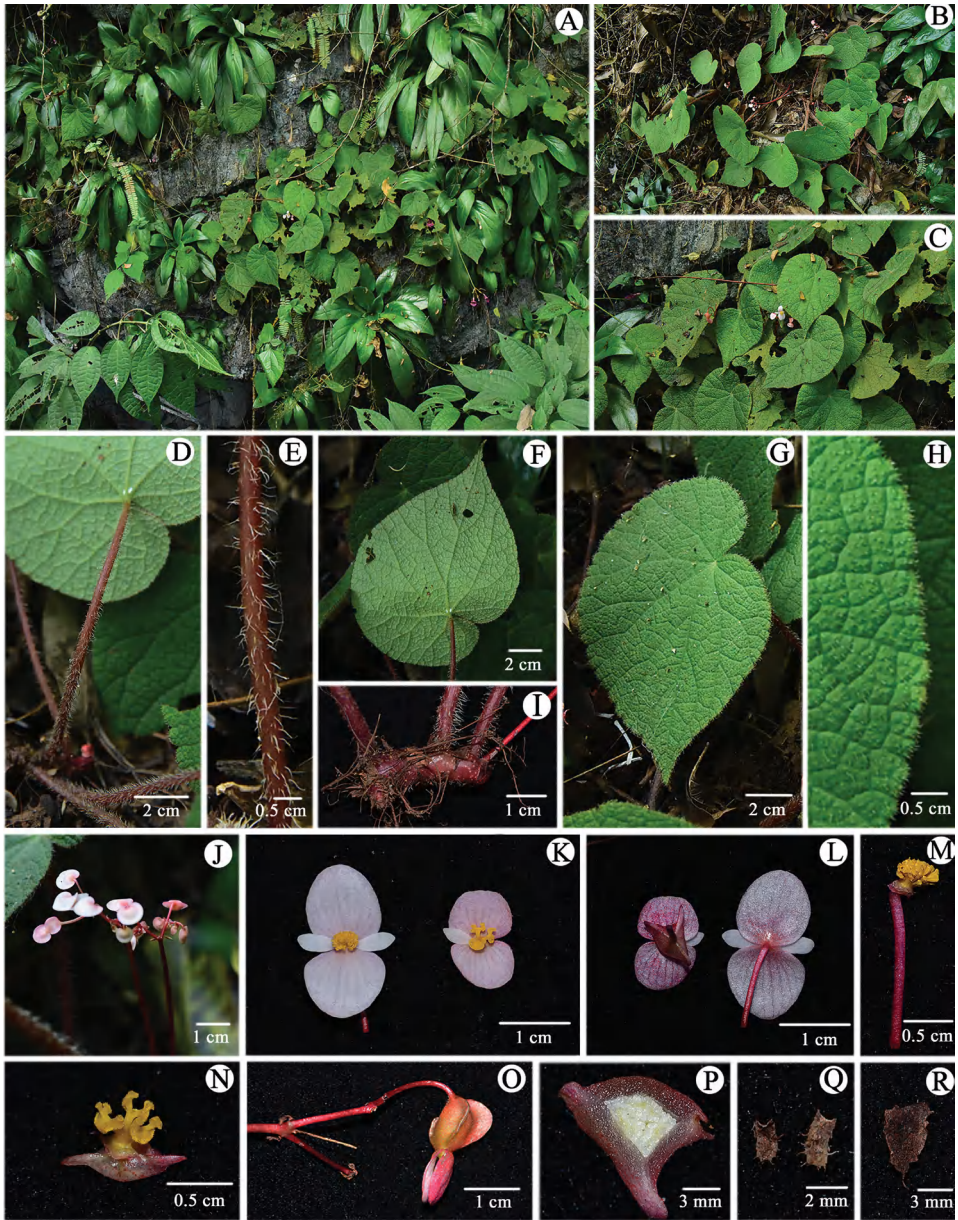


Figure 2. Habitat and morphology of *Begonia guangdongensis* **A, B** habitat **C** habit **D** petiole **E** close up of petiole **F** view of abaxial surface of leaf **G** view of adaxial surface of leaf **H** close up of adaxial surface of leaf **I** rhizome **J** inflorescences **K** view of adaxial surfaces of staminate and pistillate flower **L** view of abaxial surfaces of staminate and pistillate flower **M** androecium **N** styles and stigmas **O** immature capsule **P** cross section of ovary in the middle part **Q** dry bract **R** dry stipule.

er 2 broadly ovate to suborbicular, 6–9 × 8–12 mm, pink with red nerves, glabrous on both sides, inner 1 of left side white, oblong or ovate-lanceolate, 5–6 × 2–3 mm; styles 3, fused at base, yellow, ca. 1.5–2 mm long, the upper 2-cleft; stigmas spirally

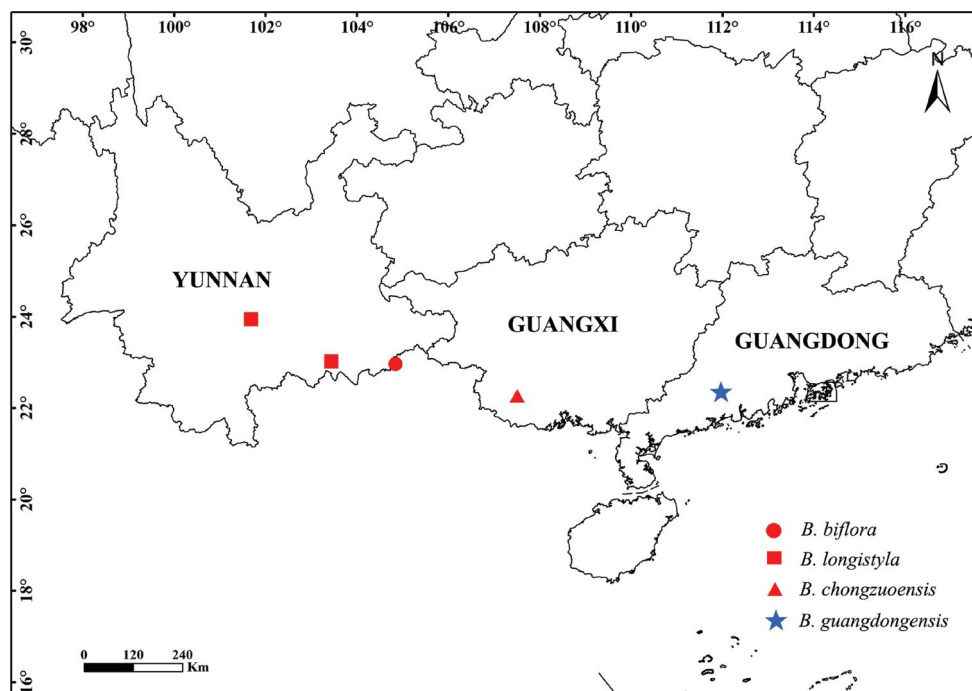


Figure 3. Distribution map of *B. biflora*, *B. longistyla*, *B. chongzuoensis* and *B. guangdongensis*.

twisted; ovary trigonous-ellipsoid, dark pink, 1-locular with parietal placentation, glabrous, 3-winged. Capsule nodding, trigonous-ellipsoid, apex obtuse, 8–10 mm long, 5–7 mm in diam. (wings excluded), surface with a few small red spots, unequally 3-winged, abaxial wing lunate, 2.5–5 mm wide, lateral wings 2–3 mm wide, glabrous.

Phenology. Flowering in September to October, fruiting in October to November.

Etymology. The new species is named after the type locality, Guangdong Province, China.

Habitat. This new species grows on the slope of a limestone hill in evergreen forests at an elevation of 80–100 m (Fig. 3).

Distribution. Only one population of this new species was discovered in Guangdong Province in China.

Conservation Status. **Critically Endangered (CR).** Limestone areas in Chunwan Town have been searched for this new species, but *Begonia guangdongensis* is known only from one population consisting of ca. 100 mature individuals. The area of occupancy (AOO) of the species is estimated to be less than 4 km², which indicates the species belongs in the Critically Endangered category under criterion B2, according to the IUCN Red List Categories and Criteria (IUCN 2019). Since the species grows on a limestone hill near two cement factories, the species is threatened by the limestone quarrying. Its habitat will likely be destroyed since the area is undergoing a continuing decline. Based on the current information (one location with area in continuing decline and AOO less than 10 km²), the new species can be assessed as Critically Endangered [B2ab(iii)] (IUCN 2019).

Discussion. *Begonia guangdongensis*, belonging to *Begonia* sect. *Coelocentrum*, is a very distinctive species in having leaf features, such as rugose and densely hirsute-pilose leaves and an obtuse apex of the capsules. Although it is more or less similar to *B. biflora*, *B. longistyla* and *B. chongzuoensis* in their obliquely ovate asymmetric leaves and glabrous trigonous-ellipsoid capsules, it differs from *B. biflora* by its sparsely hairy and smooth rhizomes (vs. rough rhizomes with many membranous scales), leaves with densely hirsute-pilose and depressed veins on adaxial surface (vs. with sparsely setula and veins not depressed) and stipule and capsule features discussed in the above diagnostic description. However, *B. guangdongensis* is quite different from *B. longistyla*, being distinguished by its oblong bracts with obtuse apex (vs. ovate bracts with a tip apex), stipule and leaf pubescence, length of inflorescence and capsules features. *B. guangdongensis* is also markedly distinct from *B. chongzuoensis* by its stipules, leaf and bract and capsule features. In addition, their distribution range is different (Fig. 3). Both *B. biflora* and *B. longistyla* are distributed in Yunnan Province and *B. chongzuoensis* in Guangxi Province, whereas *B. guangdongensis* occurs in Guangdong Province. Additionally, *B. guangdongensis* flowers in September to October, while *B. biflora* flowers in May, *B. longistyla* in April to June and *B. chongzuoensis* in May to September. Thus, even if they were growing together, they would be genetically isolated in time.

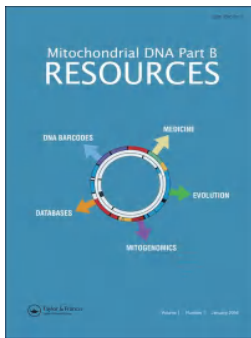
Acknowledgements

The authors are thankful to the Lan Li, Yu-hui Li, Bin Deng, Yin Lin, Bao-qin Guo, Han-yue Zheng and Bo Wang for their important help in the fieldwork and thank Zheng-meng Yang for preparing the line drawing. This work was supported by the Guangdong Wildlife Protection and Management Project of the Forestry Bureau of Guangdong Province in 2019 and the Natural Science Foundation of China (Grant No. 31800166).

References

- Chung KF, Leong WC, Rubite RR, Repin R, Kiew R, Liu Y, Peng CI (2014) Phylogenetic analyses of *Begonia* sect. *Coelocentrum* and allied limestone species of China shed light on the evolution of Sino-Vietnamese karst flora. *Botanical Studies* (Taipei, Taiwan) 55(1): e1. <https://doi.org/10.1186/1999-3110-55-1>
- Frodin DG (2004) History and concepts of big plant genera. *Taxon* 53(3): 753–776. <https://doi.org/10.2307/4135449>
- Hughes M, Hollingsworth PM (2008) Population genetic divergence corresponds with species-level biodiversity patterns in the large genus *Begonia*. *Molecular Ecology* 17(11): 2643–2651. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03788.x>
- Hughes M, Moonlight PW, Jara-Muñoz A, Tebbitt MC, Wilson HP, Pullan M (2015) *Begonia* Resource Centre. The Royal Botanic Gardens, Kew. <https://padme.rbge.org.uk/begonia/> [accessed on 13 February 2020]

- IUCN (2019) Guidelines for Using the IUCN Red List Categories and Criteria. version 14. Prepared by the Standards and Petitions Committee of the IUCN Species Survival Commission. <http://cmsdocs.s3.amazonaws.com/RedListGuidelines.pdf> [accessed on 22 December 2019]
- Ku TC (2007) Infrageneric classification of *Begonia*. In: Wu ZY, Raven PH, Hong DY (Eds) *Flora of China* (Vol. 13). Science Press and Missouri Botanical Garden Press, Beijing and St. Louis, 205–207.
- Ku TC, Peng CI, Turland NJ (2007) *Begoniaceae*. In: Wu ZY, Raven PH (Eds) *Flora of China* (Vol. 13). Science Press, Beijing; Missouri Botanical Garden Press, St. Louis, 153–207.
- Peng CI, Ku SM, Kono Y, Liu Y (2012) *Begonia chongzuoensis* (sect. *Coelocentrum*, *Begoniaceae*), a new calciphile from Guangxi, China. *Botanical Studies* (Taipei, Taiwan) 53: 283–290.
- Peng CI, Ku SM, Yang HA, Leong WC, Liu Y, Nguyen TH, Kono Y, Chung K-F (2014) Two new species of *Begonia* sect. *Coelocentrum*, *B. guixiensis* and *B. longa*, from Sino-Vietnamese limestone karsts. *Botanical Studies* (Taipei, Taiwan) 55: e52. <https://doi.org/10.1186/s40529-014-0052-8>
- Shui YM, Chen WH (2005) New data of sect. *Coelocentrum* (*Begonia*) in *Begoniaceae*. *Yunnan Zhi Wu Yan Jiu* 27(4): 367–368.
- Tebbitt MC, Lowe-Forrest L, Santoriello A, Clement WL, Swensen SM (2006) Phylogenetic relationships of Asian *Begonia*, with an emphasis on the evolution of rain-ballist and animal dispersal mechanisms in sections *Platycentrum*, *Sphenanthera* and *Leprosae*. *Systematic Botany* 31(2): 327–336. <https://doi.org/10.1600/036364406777585784>
- Wu ZY, Ku TC (1997) New taxa of the *Begonia* L. (*Begoniaceae*) from China (cont.). *Zhiwu Fenlei Xuebao* 35(1): 43–45. <http://www.plantsystematics.com/CN/>



Complete plastid genome sequence of *Oberonioides microtatantha* (Schltr.) Szlach. (Orchidaceae), an endemic herb in China

Caiqin Liu, Ning Kang, Xin Liu, Yu Chen, Jun Tao, Yue Zhang, Yanyan Zhang, Yunlong Li, Guangda Tang & Yuling Li

To cite this article: Caiqin Liu, Ning Kang, Xin Liu, Yu Chen, Jun Tao, Yue Zhang, Yanyan Zhang, Yunlong Li, Guangda Tang & Yuling Li (2021) Complete plastid genome sequence of *Oberonioides microtatantha* (Schltr.) Szlach. (Orchidaceae), an endemic herb in China, Mitochondrial DNA Part B, 6:2, 703-704, DOI: [10.1080/23802359.2020.1851150](https://doi.org/10.1080/23802359.2020.1851150)

To link to this article: <https://doi.org/10.1080/23802359.2020.1851150>



© 2021 The Author(s). Published by Informa UK Limited, trading as Taylor & Francis Group.



Published online: 01 Mar 2021.



Submit your article to this journal [↗](#)



Article views: 182



View related articles [↗](#)



View Crossmark data [↗](#)

MITOGENOME ANNOUNCEMENT



Complete plastid genome sequence of *Oberonioides microtatantha* (Schltr.) Szlach. (Orchidaceae), an endemic herb in China

Caiqin Liu^a, Ning Kang^a, Xin Liu^a, Yu Chen^a, Jun Tao^a, Yue Zhang^a, Yanyan Zhang^b, Yunlong Li^b, Guangda Tang^c and Yuling Li^c 

^aGuangdong Xiangtoushan Natural Reserve, Huizhou, China; ^bHuizhou Forestry Science Research Institute, Huizhou, China; ^cCollege of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou, China

ABSTRACT

The species *Oberonioides microtatantha*, belonging to the family Orchidaceae, is a small lithophytic herb endemic in south China with significant conservation values. The complete plastid genome sequence of *O. microtatantha* reported here is 144,989 bp in length, with a large single copy (LSC) region of 83,920 bp, a small single copy (SSC) region of 13,063 bp, and a pair of inverted repeat (IRa and IRb) regions of 24,003 bp each. The plastome consists of 95 genes, including 72 protein-coding genes, 4 ribosomal RNA genes, and 19 transfer RNA genes. The overall GC content is 36.81%. Phylogenetic analysis placed *Oberonioides* closet to the genus *Liparis* in Orchidaceae.

ARTICLE HISTORY

Received 16 July 2020
Accepted 18 September 2020

KEYWORDS

Oberonioides microtatantha;
Orchidaceae; plastid
genome; phylogenomics

Oberonioides Szlach belongs to the tribe Malaxideae, subfamily Epidendroideae, family Orchidaceae (Chase et al. 2015). It comprises of only two species, among which the species *O. microtatantha* (Schltr.) Szlach. is a small lithophytic herb endemic in China (Szlachetko 1995; Chen and Wood 2009). It is mainly distributed in southeastern China and is found usually growing on humid and shaded rocks in forests (Chen and Wood 2009). Due to its limited distribution, human collection, loss of habitat, and habitat fragmentation, this orchid species was considered near threatened (NT) according to the IUCN Red List of higher plants in China (<http://www.iplant.cn/rep/protlist/4>).

Samples of *O. microtatantha* were collected from Guangdong Xiangtoushan Natural Reserve, Guangdong province (China: N23°16'9", E114°22'26"). Voucher specimen (LYL 305) was deposited in Herbarium of South China Agricultural University (CANT). Total genomic DNA of *O. microtatantha* was extracted from a mature leaf of an individual by using modified CTAB method (Doyle and Doyle 1987). The DNA extracted was directly sequenced using the Illumina HiSeq 2500 Sequencing System. The average read length was 150 bp and the reads were assembled with the software GetOrganelle (Jin et al. 2018). Then the genome obtained was annotated by using online software Geseq (Tillich et al. 2017). The accession number MT559316 was obtained after submitting the annotated plastid genome of *O. microtatantha* to the GenBank.

The whole plastid genome of *O. microtatantha* was 144,989 bp in length, composed by a large single-copy (LSC)

region of 83,920 bp, a small single-copy (SSC) region of 13,063 bp, and a pair of inverted repeat (IRa and IRb) regions of 24,003 bp each. The annotated genome comprised 95 genes, including 72 protein-coding genes, 4 ribosomal RNA genes (rrn23, rrn16, rrn5, rrn4.5), and 19 transfer RNA genes. 17 genes were duplicated in the IR regions, including 5 protein-coding genes (rpl2, rpl23, rps19, rps7, ycf2), 4 ribosomal RNA genes (rrn16, rrn23, rrn4.5, rrn5), and 8 transfer RNA genes (trnH-GUG, trnA-UGC, trnI-CAU, trnI-GAU, trnL-CAA, trnN-GUU, trnR-ACG, trnV-GAC). The overall GC content of *O. microtatantha* plastid genome was 36.81% (LSC, 34.1%; SSC, 29.31%; IRs, 43.59%).

To investigate the phylogenetic location of *O. microtatantha* within the tribe of Malaxideae, a phylogenetic tree was constructed. The chloroplast genome of *O. microtatantha* was aligned with 15 other complete chloroplast genomes of Malaxideae, and *Acampe rigida*, *Tainia dunnii*, and *Calanthe sylvatica* of Orchidaceae family as outgroup, using MAFFT ver. 7 (Katoh and Standley 2013). Phylogenetic analysis was conducted based on maximum likelihood (ML) analyses using RAxML (Stamatakis 2014). Support for the inferred ML tree was inferred by bootstrapping with 1000 replicates and with GTRGAMMA as the nucleotide substitution model. Phylogenetic analysis results suggests that *Oberonioides* is closely related to the genus *Liparis* (Figure 1). The chloroplast genome of *O. microtatantha* will provide useful genetic information for further study on genetic diversity and conservation of Orchidaceae species.

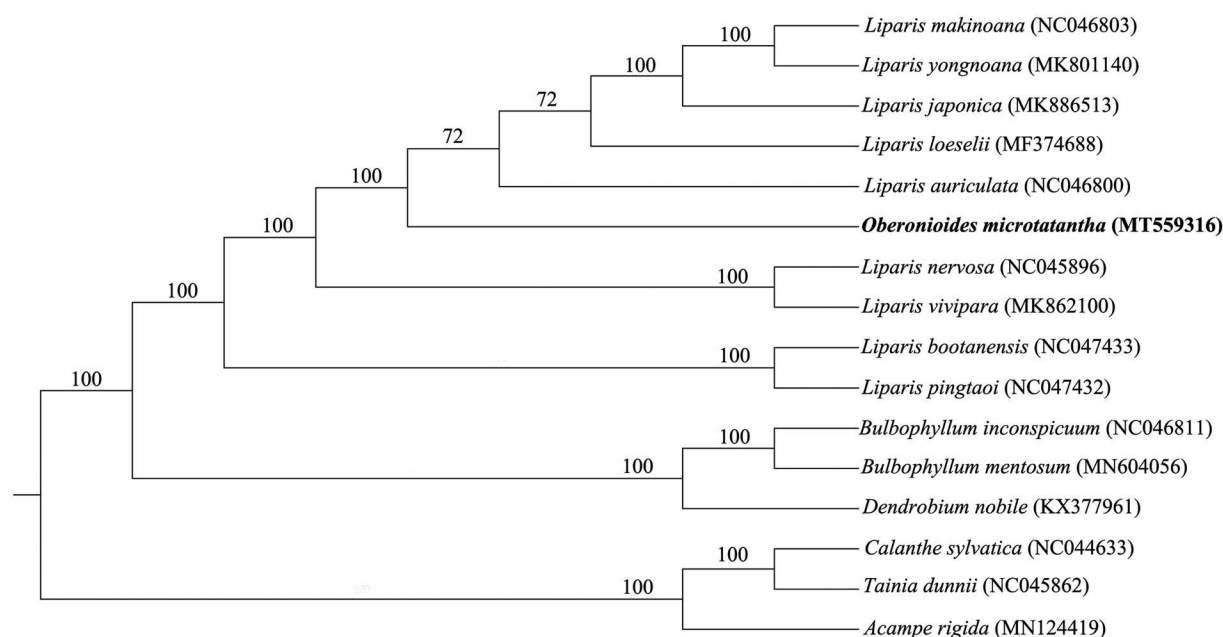


Figure 1. Maximum likelihood tree of tribe Malaxideae based on complete chloroplast genomes, with *Acampe rigida*, *Tainia dunnii*, and *Calanthe sylvatica* as out-group. Bootstrap support values (based on 1000 replicates) are shown above branches.

Disclosure statement

No potential conflict of interest was reported by the authors.

Funding

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China [31800166].

ORCID

Yuling Li  <http://orcid.org/0000-0001-9429-3315>

Data availability statement

The data that support the findings of this study are openly available in GenBank of NCBI at <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>, reference number MT559316.

References

- Chase MW, Cameron KM, Freudenstein JV, Pridgeon AM, Salazar G, Berg CVD, Schuitman A. 2015. An updated classification of Orchidaceae. *Bot J Linn Soc.* 177(2):151–174.
- Chen SC, Wood JJ. 2009. *Oberonioides* Szlachetko. In: Wu ZY, Raven P, Hong DY, editors. *Flora of China* 25. St. Louis: Missouri Botanical Garden Press.
- Doyle JJ, Doyle J. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull.* 19:11–15.
- Jin JJ, Yu WB, Yang JB, Song Y, Yi TS, Li DZ. 2018. GetOrganelle: a simple and fast pipeline for de novo assembly of a complete circular chloroplast genome using genome skimming data. *BioRxiv*.256479.
- Katoh K, Standley DM. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol Biol Evol.* 30(4):772–780.
- Stamatakis A. 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics.* 30(9):1312–1313.
- Szlachetko DL. 1995. *Fragmenta Floristica et Geobotanica. Supplementum.* 3:135.
- Tillich M, Lehwark P, Pellizzer T, Ulbricht-Jones ES, Fischer A, Bock R, Greiner S. 2017. GeSeq – versatile and accurate annotation of organelle genomes. *Nucleic Acids Res.* 45(W1):W6–W11.

《中文核心期刊要目总览》核心期刊
中国科学引文数据库 (CSCD) 核心期刊
中国科技论文统计源核心期刊
《国家科技学术期刊开放平台》收录期刊

ISSN 1000-2561
CN 46-1019/S

热带作物学报

CHINESE JOURNAL OF TROPICAL CROPS



封面文章：国内新发危险性拟盘多毛孢叶斑病鉴定及其病原学研究

2020.8

第41卷 第8期 Vol. 41 No. 8

主办

中国热带作物学会
中国热带农业科学院



科学出版社
Science Press

目 次

组学与生物技术

- 澳洲坚果实时荧光定量 PCR 分析中内参基因的筛选 杨 倩, 杨子平, 周娅丽, 陈东泉, 刘 恒 (1505)
- 波罗蜜叶绿素缺失突变体嫩茎转录组分析 郑李婷, 于旭东, 蔡泽坪, 罗佳佳, 吴繁花, 董俊娜, 曹佩娜 (1513)
- 巴西橡胶树小孢子单细胞显微分离研究 杨星星, 王 英, 庄南生, 高和琼, 王宇翔 (1522)
- 澳洲鸽子石斛兰花梗芽组织培养技术研究 陈和明, 江 南, 吕复兵, 肖文芳, 李 佐, 朱根发 (1529)
- 丛枝菌根真菌与胡萝卜毛状根双重培养体系研究 张金莲, 刘金华, 包 涵, 李冬萍, 宋 娟, 黄京华, 陈廷速 (1535)

种质资源与遗传育种

- 狗牙根种质资源耐铝性评价 崔蓉蓉, 刘国道, 黄春琼 (1543)
- 我国白及属植物资源评价及其筛选 朱 娇, 黄卫昌, 曹建国, 周翔宇 (1553)
- 广东省特有兰科植物观赏性状综合评价 苏梓莹, 李 斓, 张茜莹, 陈美璇, 陈利君, 李玉玲 (1560)

沟结缕草遗传转化体系的建立

- 王 凯, 汪 毅, 曲爱爱, 王 蕊, 郭海林, 李晓慧, 余建明, 宗俊勤, 李健建, 刘建秀 (1566)

- 铁皮石斛与霍山石斛杂交后代性状分析 江金兰 (1574)

作物栽培与生理生化

- 木薯二倍体及其同源四倍体开花结实特性的比较
..... 李恒锐, 陈会鲜, 杨海霞, 张秀芬, 何 文, 梁振华, 郭素云, 刘连军, 黎 萍, 陈海生, 严华兵 (1582)
- 不同释放期缓控释复合肥和氮磷钾比例施用下冬作马铃薯产量及经济效益
..... 罗其峰, 张新明, 陈 琳, 徐鹏举, 潘 松, 贺春喜, 曹先维 (1589)
- 两种土壤调理剂在梅州烟区麻沙泥田上的应用效果 李集勤, 杨少海, 黄振瑞, 卢钰升, 顾文杰, 李淑玲 (1596)
- 广西水稻地方品种核心种质矿质元素含量差异及相关分析
..... 夏秀忠, 张宗琼, 农保选, 杨行海, 曾 宇, 莊 洁, 刘开强, 李丹婷 (1602)
- 文心兰响应软腐病菌胁迫的生理生化分析 吴秋楨, 林争春, 倪珊珊, 赖钟雄 (1610)

- 植物保护与生物安全
- 国内新发危险性橡胶树拟盘多毛孢叶斑病鉴定及其病原学研究
..... 李博勋, 刘先宝, 时 涛, 蔡吉苗, 郑肖兰, 冯艳丽, 徐春华, 黄贵修 (1616)

- 枯草芽孢杆菌 Czk1 与化学杀菌剂协同防治橡胶树根病
..... 谢 立, 贺春萍, 梁艳琼, 李 锐, 翟纯鑫, 吴伟怀, 郑金龙, 易克贤 (1625)

- 草海桐链格孢叶斑病菌生物学特性及杀菌剂的室内筛选
..... 王 义, 胡美姣, 李 敏, 高兆银, 洪小雨, 张绍刚, 赵 超 (1634)

- 三亚南繁区稻田捕食性天敌研究 周 霞, 谢 翔, 谭燕华, 易小平, 夏启玉, 张丽丽, 郭安平 (1642)

- 5 种赤眼蜂对红脉穗螟卵的寄生力比较 林玉英, 金 涛, 马光昌, 温海波, 龚 治, 彭正强 (1648)

- 中国剑麻园杂草种类分布危害调查与防控策略
..... 范志伟, 李晓霞, 刘 延, 习金根, 王 亚, 沈奕德, 黄乔乔, 易克贤 (1654)

- 采后处理与质量安全
- 不同浓度壳聚糖处理对采后西番莲果实耐贮性和贮藏品质的影响
..... 郭 欣, 林育钊, 曾玲珍, 林静颖, 余星星, 林河通 (1665)

- 三相分离法提取胡椒油树脂的工艺研究 陈星星, 宋 丽, 谷凤林, 吴桂革, 陶 锐 (1674)

- 六个杂交品种白胡椒精油香气成分 GC-MS 分析
..... 范 睿, 周利萍, 伍宝朵, 陈冬梅, 滕定位, 覃永兰, 郑俏然, 郝朝运 (1683)

- 山地五月茶提取物对乳腺癌细胞 MDA-MB-231 增殖的抑制活性研究
..... 马伏宁, 黄东梅, 宋 顺, 吴 斌, 郭 刚, 王达新, 谭 琳 (1693)

- 基于灰色关联度的叠鞘石斛叶抗氧化部位的筛选
..... 阮沛桦, 邓 红, 傅咏梅, 张 蜀, 郭彩娥, 黄树滨, 李志超 (1700)

- 农业生态与环境保护
- 木薯根系分泌物与土壤浸出液对橡胶树 2 种致病菌的化感效果 袁 飞, 刘子凡, 闫文静, 刘培培 (1708)

- 永乐群岛维管植物资源调查与分析
..... 段瑞军, 黄圣卓, 王 军, 曾 军, 王 昊, 董文化, 李 薇, 梅文莉, 戴好富 (1714)

广东省特有兰科植物观赏性状综合评价

苏梓莹¹, 李 斓¹, 张茜莹¹, 陈美璇¹, 陈利君², 李玉玲^{1*}

1. 华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642; 2. 深圳市兰科植物保护与研究中心, 广东深圳 518000

摘 要: 以 16 种广东省特有兰科植物为研究对象, 在文献资料查阅和野外调查的基础上, 采用层次分析法 (AHP), 从观花性状、观叶性状和观株性状 3 个方面选择了 12 个评价指标对其观赏价值进行综合评价, 以期筛选出适用于园林园艺花卉的兰科种类。结果表明: 在各约束层相对于目标层的权重值中, 花径所占的权重最大; 根据综合评分结果将 16 种广东省特有兰科植物划分为 3 个等级: I 级 (2.8~3.0), 观赏价值高的种类, 共计 3 种; II 级 (2.5~2.8), 观赏价值中等的种类, 共计 8 种; III 级 (2.5 以下), 观赏价值低的种类, 共计 5 种。其中, 深圳香荚兰、紫金舌唇兰和蕉岭石斛具有优良的生物学特性和极高的观赏价值, 为优良的野生花卉, 建议引种推广。

关键词: 广东省; 特有兰科; 观赏价值; 层次分析法; 评价

中图分类号: S682.31 文献标识码: A

Ornamental Evaluation of Endemic Orchids from Guangdong Province

SU Ziyang¹, LI Lan¹, ZHANG Xiying¹, CHEN Meixuan¹, CHEN Lijun², LI Yuling^{1*}

1. College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642, China;
2. Orchid Conservation & Research Center of Shenzhen, Shenzhen, Guangdong 518000, China

Abstract: The analytic hierarchy process (AHP) was applied to construct the ornamental value evaluation system for sixteen endemic orchids from Guangdong based on literature review and field investigation. Twelve indexes, including characteristics of flower, foliage and fruit were studied to choose the species that could be applied to horticulture and landscaping. The results showed that the weight of flower diameter reached the highest. The sixteen endemic orchids from Guangdong could be divided into three grades. Grade I (2.8-3.0), including three species, had the highest ornamental value; Grade II (2.5-2.8), including eight species, had medium ornamental value; Grade III (<2.5), including five species, had lower ornamental value. Due to the high ornamental value and excellent biological characters, three species in Grade I, *Vanilla shenzhenica*, *Platanthera zijinensis* and *Dendrobium jiaolingense*, could be introduced and further explored in horticulture and landscape application.

Keywords: Guangdong province; endemic orchids; ornamental value; AHP; evaluation

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2020.08.008

兰科 (Orchidaceae) 是被子植物家族中最大的科之一, 包含有 850 余属, 25 000 多种, 广泛分布于全球的热带和亚热带地区, 少数分布于温带地区^[1]。其中, 部分兰科植物植株姿态优美, 花色鲜艳、花形奇异, 叶色靓丽、叶形奇特, 具有极高的观赏价值和园艺开发潜力。如兰属 (*Cym-*

bidium Sw.)、蝴蝶兰属 (*Phalaenopsis* Bl.)、兜兰属 (*Paphiopedilum* Pfitz.) 等兰科植物是世界有名的花卉名品^[2]。广东省是我国兰科植物主要分布区之一, 具有丰富的野生兰科植物资源, 尤其是广东省特有的野生兰科植物种类, 目前共计有 16 种, 如广东兜兰 (*Paphiopedilum guangdongense*)^[3]、

收稿日期 2019-09-10; 修回日期 2019-11-27

基金项目 国家自然科学基金项目 (No. 31800166); 2019 年广东省野生动植物保护管理项目; 2017 年省级林业发展及保护专项资金项目。

作者简介 苏梓莹 (1996—), 女, 本科, 研究方向: 兰科植物资源。*通信作者 (Corresponding author): 李玉玲 (LI Yuling), E-mail: ylli@scau.edu.cn。

始兴石斛 (*Dendrobium shixingense*)^[4]和深圳香荚兰 (*Vanilla shenzhenica*)^[5]等均有较高的观赏价值,但目前没有一个综合的评价体系对其观赏性进行评价,仅在分类学、进化生物学等^[6-8]方面研究较多。因此,建立一套合理有效的观赏性状评价体系,筛选出具有观赏价值高的兰花,能够为广东省特有兰科植物的资源开发利用和良种选育奠定基础。

目前,有关兰科植物综合评价体系的研究报道并不多,主要见于蝴蝶兰、大花蕙兰、国兰、兜兰、虾脊兰等花卉品种,它们大多采用层次分析法、主成分分析法、聚类分析和灰色关联度分析法等来构建评价体系。李娜等^[9]、周俐宏等^[10]采用主成分分析法、聚类分析法和灰色关联度分析法对蝴蝶兰品种的表型性状进行了评价,但并未构建综合评价体系。陈和明等^[11]、陈宝玲等^[12]、初美静等^[13]和黄元贞等^[14]均采用层次分析法分别对大花蕙兰、国兰、兜兰和虾脊兰进行了综合评价,筛选出了可应用于实际生产的首选种类。宋一岚等^[15]在 R 型聚类分析和 Q 型聚类分析的基础上,采用变异系数分析、层次分析法和方差分析法对 70 份蝴蝶兰资源品质性状进行综合评价,其中层次分析法与 R 型聚类分析和 Q 型聚类分析的研究结果是一致的。由此可见,层次分析法是兰科植物综合评价体系中应用较为广泛和有效的一种评价方法,它将定性和定量评价相结合,以量化的具体指标为标准进行评价,从而使得结果具有更强的条理性和科学性^[16-17]。此外,层次分析法相比于同类的综合评价方法,如主成分分析法、灰色关联度分析法等,更加简便,主次更分明,能更好地反映评价对象的各个性状特征^[18]。因此,本研究采用层次分析法,对 16 种广东省特有兰科植物进行观赏性状评价,从中筛选出适合开发利用的优良种类,为兰花新品种的培育提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 研究地概况 广东省位于中国大陆最南端。全境位于北纬 20°13′~25°31′和东经 109°39′~117°19′之间。地貌类型丰富,有山脉、台地、丘陵、平原,土壤具有明显地带性,分为红壤、赤红壤、砖红壤,其分布面积分别占全省土壤面积

的 37.96%、24.80%、5.15%,是中国光、热和水资源最丰富的地区之一。优越的自然条件和复杂多样的地理环境使得省内的兰科植物种类丰富,数量繁多,植被生态多样^[19]。

1.1.2 研究材料 本研究通过查阅相关资料^[20-23],整理得到广东省特有兰科植物种类共 16 种,分别是:佛冈拟兰 (*Apostasia fogangica*)、深圳拟兰 (*Apostasia shenzhenica*)、南昆虾脊兰 (*Calanthe nankunensis*)、蕉岭石斛 (*Dendrobium jiaolingense*)、始兴石斛 (*Dendrobium shixingense*)、丹霞兰 (*Danxiaorchis singchiana*)、褐花羊耳蒜 (*Liparis brunnea*)、南岭羊耳蒜 (*Liparis nanlingensis*)、吉氏羊耳蒜 (*Liparis tsii*)、南岭叠鞘兰 (*Odontochilus guangdongensis*)、广东兜兰 (*Paphiopedilum guangdongense*)、广东舌唇兰 (*Platanthera guangdongensis*)、南岭舌唇兰 (*Platanthera nanlingensis*)、紫金舌唇兰 (*Platanthera zijinensis*)、小叶独蒜兰 (*Pleione microphylla*)和深圳香荚兰 (*Vanilla shenzhenica*)。在前期相关资料整理的基础上,对广东省特有兰科植物进行野外调查,根据野外分布的资源总量情况,每种调查约 10~20 株,观察、测量并记录调查的性状,分别为花径 (cm)、花色、花数量 (朵)、单枝花期 (d)、花香、花枝长度 (cm)、花期、叶形、叶长 (cm)、叶色、株型和株高 (cm) 等数据。

1.2 方法

1.2.1 建立综合评价模型 本研究参考刘江枫^[24]的研究方法,结合广东省特有兰科植物观赏特点,建立了 16 种广东省特有兰科植物的观赏价值层次结构评价模型 (AHP 模型) (表 1),将模型分为 4 层,即目标层 (A)、约束层 (C_n)、标准层 (P_n) 和最低层 (D_n)。目标层 A 即根据人们的审美观念和兰科植物的观赏特性对广东省特色兰科植物观赏价值进行全面客观地评价,使人们了解广东省特有兰科植物的观赏价值。约束层 C_n 指影响兰科植物观赏价值的各种因素,本评价系统选择对兰花观赏价值有较大影响的观花性状 C_1 、观叶性状 C_2 和观株性状 C_3 。标准层 P_n 体现了约束层的具体选择标准,即观赏评价的指标,选出 12 个因素,分别为:花数量 P_1 、花香 P_2 、花期 P_3 、花枝长度 P_4 、单枝花期 P_5 、花色 P_6 、花径 P_7 、叶色 P_8 、叶形 P_9 、叶长 P_{10} 、株型 P_{11} 、株高 P_{12} 。各指标采用定性和定量评价相结合确定分值。

表 1 广东省特有兰科植物观赏价值综合评价模型

Tab. 1 Comprehensive evaluation model of ornamental value for endemic orchids from Guangdong

1. 目标层	观赏价值综合评价											
Objective hierarchy (A)	Comprehensive evaluation of ornamental value											
2. 约束层	观花性状 C ₁						观叶性状 C ₂			观株性状 C ₃		
Principal hierarchy (C _n)	花数量	花香	花期	花枝长度	单枝花期	花色	花径	叶色	叶形	叶长	株型	株高
Target hierarchy (P _n)	P ₁	P ₂	P ₃	P ₄	P ₅	P ₆	P ₇	P ₈	P ₉	P ₁₀	P ₁₁	P ₁₂
4. 最低层	待评价的广东省特有兰科物种 D ₁ D ₂ ……D _n											
Bottom hierarchy (D _n)												

最低层 D_n为待评价的广东省特有兰科植物种类。

1.2.2 评分标准制定 结合从事兰科植物研究和园林园艺工作的专家的意见，依据待评价的广东省特有兰科植物种类的共同观赏价值和不同特征，制定出 5 分制评分标准（表 2）。在 12 个指标中，花数量（朵）、花枝长度（cm）、单枝花期（d）、花径（cm）、叶长（cm）、株高（cm）为定量指标，每一物种随机选出 10 个作为代表，记录定量指标的数值，并求出平均值，所得平均值依据评分标准得分；花色、花香、花期、叶色、叶形、株型为定性指标，通过打分将定性指标定量化，得分越高，表示其对综合评价的贡献越大。

花色：白色（1 分）、黄绿色~绿色（2 分）、淡黄色~黄色（3 分）、粉红色~红色（4 分）、紫褐色~紫红色（5 分）；花香：臭（1 分）、不香（2 分）、微香（3 分）、香（4 分）、浓香（5 分）；花期：7—8 月（1 分）、3—4 月（2 分）、4—6 月（3 分）、9—翌年 1 月（4 分）、2—3 月（5 分）；叶色：浅绿（1 分）、绿色（2 分）、深绿（3 分）、斑叶（4 分）、多色叶（5 分）；叶形：线条形（1 分）、长披针形（2 分）、圆柱形（3 分）、长圆形—长椭圆形—卵形（4 分）、带形、心形、掌形等叶形较为奇特（5 分）；株型：很松散（1 分）、松散（2 分）、一般（3 分）、紧凑（4 分）、十分紧凑（5 分）。

表 2 P 层评价指标的评分标准

Tab. 2 Rating criteria of each evaluation index in Target hierarchy

评价指标	分值 Score				
Evaluation index	1	2	3	4	5
花径/cm	<2	2~4	4~6	6~8	>8
花色	白色	黄绿色~绿色	淡黄色~黄色	粉红色~红色	紫褐色~紫红色
花数量/朵	1	2~5	5~10	10~15	>15
单枝花期/d	10	10~15	15~20	20~30	>30
花香	臭	不香	微香	香	浓香（宜人）
花枝长度/cm	<10	10~20	20~30	30~40	>40
花期	7—8 月	3—4 月	4—6 月	9—翌年 1 月	2—3 月
叶形	线条形	长披针形	圆柱形	长圆形—长椭圆形—卵形	带形、心形、掌形等叶形较为奇特
叶长/cm	<10	10~20	20~30	30~40	40~60
叶色	浅绿	绿色	深绿	斑叶	多色叶
株型	很松散	松散	一般	紧凑	十分紧凑
株高/cm	<10	10~20	20~30	30~40	>40

1.2.3 构造判断矩阵及一致性检验 判断矩阵是表示本层所有因素针对上一层某一个因素的相对重要性的比较。一般来说，其各因素相对重要性的值通常是依据目标层的要求，由有丰富经验的专业人士运用 1~9 比率标度法做出判断分析并给出相应结果。根据评价模型，考虑到影响兰科植物观赏效果的各指标在观赏中所占比重，邀请多名兰科专家、学者对各层次相对重要性进行打分。打分时要充分考虑到各指标的观赏特性，最后对打分求平均值，构造出目标层（A）相对于约束层 C₁、C₂、C₃以及约束层 C_i相对于标准层 P_i的判断矩阵，共构建 4 个判断矩阵，用 Yaahp6.0 进

行一致性检验。并将其计算出的 $C.R.$ 的数值与 0.1 进行比较, 若 $C.R.<0.1$, 则认为该矩阵具有满意一致性, 通过一致性检验。将通过一致性检验的判断矩阵, 应用 yaahp6.0 软件, 通过综合加权计算, 最终得出各因素相对总目标层的权重, 即最终权重 W (表 3)。

表 3 广东省特有兰科植物判断矩阵及一致性检验和观赏评价指标权重
Tab. 3 Judgment matrix and identical test and index weight of ornamental value of the endemic orchids from Guangdong

模型层次 Model hierarchy	一致性检验 Identical test								权重 Weight	
A-C _i	A	C ₁	C ₂	C ₃					C. R.=0.042	W
	C ₁	1	5	8						0.7418
	C ₂	1/5	1	3						0.1830
	C ₃	1/8	1/3	1						0.0752
C ₁ -P _i	A	P ₁	P ₂	P ₃	P ₄	P ₅	P ₆	P ₇	C. R.=0.091	W
	P ₁	1	4	5	8	3	1/3	1/3		0.1246
	P ₂	1/4	1	3	6	1/3	1/5	1/5		0.0486
	P ₃	1/5	1/3	1	4	1/3	1/5	1/5		0.0317
	P ₄	1/8	1/6	1/4	1	1/7	1/8	1/8		0.0146
	P ₅	1/3	3	3	7	1	1/4	1/4		0.0736
	P ₆	3	5	5	8	4	1	1/3		0.1888
	P ₇	3	5	5	8	4	3	1		0.2599
C ₂ -P _i	A	P ₈	P ₉	P ₁₀					C. R.=0.090	W
	P ₈	1	5	8						0.1342
	P ₉	1/5	1	4						0.0364
	P ₁₀	1/8	1/4	1						0.0124
C ₃ -P _i	A	P ₁₁	P ₁₂					C. R.=0.000		W
	P ₁₁	1	4							0.0602
	P ₁₂	1/4	1							0.0150

2 结果与分析

2.1 一致性检验结果

通过计算可知(表 3), 4 个判断矩阵 $C. R.$ 均小于 0.1, 通过一致性检验, 说明建立的判断矩阵是合理的。

2.2 权重值 W 结果

在通过一致性检验的基础上, 计算各约束层相对于目标层的权重值, 由结果可见(见表 3), C_1 (观花性状) $>C_2$ (观叶性状) $>C_3$ (观株性状), 说明花的性状在兰科植物的观赏价值综合评价中占主导地位, 其次是叶。对兰科植物的观赏评价影响最小的是植株的性状。

在各因素相对总目标层的权重值中, P_7 (花径)为 0.2599、 P_6 (花色)为 0.1888、 P_8 (叶色)为 0.1342、 P_1 (花数量)为 0.1246, 最为重要, 权重值均大于 0.1; 其次为 P_5 (单枝花期)、 P_{11} (株型)、 P_2 (花香)、 P_9 (叶形)和 P_3 (花期), 权重值大于 0.03; 而 P_4 (花枝长度)、 P_{10} (叶长)、

P_{12} (株高)重要性最小, 权重值小于 0.03。可见, P_7 (花径)、 P_6 (花色)、 P_8 (叶色)和 P_1 (花数量)影响综合评价得分最为显著, 因此花大、花色鲜艳、叶色亮丽以及花量大的兰科物种将被赋予较高的分值(表 3)。

2.3 综合评价结果

对 16 种广东省特色兰科植物进行综合评价。按照所列标准评分, 再根据各因素的分数与其对应的权重值相乘, 计算出各植物综合得分。本研究所有兰科植物的综合评价结果见表 4。

将 16 种广东省特有兰科植物的综合得分进行排序并划分为 3 个等级。Ⅰ级(2.8~3.0): 观赏价值较高的种类, 共计 3 种; Ⅱ级(2.5~2.8): 观赏价值中等的种类, 共计 8 种; Ⅲ级(2.5 以下): 观赏价值低的种类, 共计 5 种。

由表 4 可看出, 深圳香荚兰、紫金舌唇兰和蕉岭石斛具有优良的生物学特性和较高的观赏价值。深圳香荚兰由于叶色、花色、花香等性状表

现综合评分高，分在Ⅰ级，位居首位；紫金舌唇兰由于花色、花数量综合评分高，位于Ⅰ级；蕉岭石斛由于花径、花枝长度、株型综合评分高，也位于Ⅰ级。

具有较好的生物学特性且观赏价值中等的为吉氏羊耳蒜、始兴石斛、广东兜兰、南岭羊耳蒜、褐花羊耳蒜、南昆虾脊兰、南岭舌唇兰和丹霞兰，分在Ⅱ级。其中，褐花羊耳蒜、南岭羊耳蒜和吉

氏羊耳蒜，由于其花色、株型等方面得分值较高，分在Ⅱ级。

深圳拟兰、佛冈拟兰、广东舌唇兰、小叶独蒜兰和南岭叠鞘兰具有较低的生物学特性和普通的观赏价值，分在Ⅲ级。其中，广东舌唇兰和南岭叠鞘兰因为是腐生兰，没有叶子，所以观叶评价得分为零，综合评分较低，分别排在了 14 位和 16 位，位于观赏价值低的行列。

表 4 广东省特有兰科植物综合观赏评价结果及评分等级
Tab. 4 Comprehensive ornamental value and evaluation grade of endemic orchids from Guangdong

物种 species	综合评价得分 Comprehensive ornamental value													评分等级 Evaluation grade
	P ₁	P ₂	P ₃	P ₄	P ₅	P ₆	P ₇	P ₈	P ₉	P ₁₀	P ₁₁	P ₁₂	总分 score	
深圳香荚兰 <i>Vanilla shenzhenica</i>	2	4	5	5	5	3	2	4	4	2	1	5	2.9717	I
紫金舌唇兰 <i>Platanthera zijinensis</i>	4	2	3	4	4	3	2	2	4	1	5	5	2.9321	
蕉岭石斛 <i>Dendrobium jiaolingense</i>	2	2	2	3	4	4	2	2	4	1	5	4	2.8104	
吉氏羊耳蒜 <i>Liparis tsii</i>	3	2	2	1	4	5	1	2	4	1	5	1	2.7897	II
始兴石斛 <i>Dendrobium shixingense</i>	2	2	3	2	4	4	2	2	2	1	5	2	2.7247	
广东兜兰 <i>Paphiopedilum guangdongense</i>	3	2	4	2	5	3	2	2	4	1	3	2	2.7182	
南岭羊耳蒜 <i>Liparis nanlingensis</i>	2	2	3	1	5	5	1	2	2	1	5	1	2.6976	
褐花羊耳蒜 <i>Liparis brunnea</i>	2	2	2	1	4	5	1	2	4	1	5	1	2.6651	
南昆虾脊兰 <i>Calanthe nankunensis</i>	3	2	3	5	4	1	2	3	3	2	5	5	2.5547	
南岭舌唇兰 <i>Platanthera nanlingensis</i>	5	3	3	2	4	1	1	3	4	1	5	3	2.5428	
丹霞兰 <i>Danxiaorchis singchiana</i>	4	2	2	3	5	3	2	0	0	0	5	3	2.5030	
深圳拟兰 <i>Apostasia shenzhenica</i>	3	2	3	1	2	3	1	3	4	1	5	1	2.4308	
佛冈拟兰 <i>Apostasia fogangica</i>	4	2	3	2	4	2	1	2	2	1	5	2	2.3364	III
广东舌唇兰 <i>Platanthera guangdongensis</i>	3	2	3	2	4	2	2	0	0	0	5	2	2.1181	
小叶独蒜兰 <i>Pleione microphylla</i>	1	2	2	1	4	1	2	3	4	1	1	1	1.9386	
南岭叠鞘兰 <i>Odontochilus guangdongensis</i>	3	2	1	2	1	3	1	0	0	0	5	3	1.7778	

3 讨论与结论

本研究以兰科植物的观赏性状为出发点，运用层次分析法将定性和定量相结合，通过因素间两两对比，得出不同观赏性状在评价中的相对重要值，从而能统一、全面、合理地对不同兰科植物进行综合评价。从综合评价指标权重可以看出，花径、花色、叶色和花数量的权重值均大于 0.1，即此类性状在综合评价中得分越高，对观赏价值的贡献越大。从评价结果看，依据权重值筛选得到的物种综合性状表现优良，符合生产利用实际，也说明了分析方法的科学性。在对约束层的权重研究中，观花性状的权重值最大，这与刘江枫^[24]对 45 种福州市野生兰科植物的观赏评价研究和

杨阳^[25]利用层次分析法对 41 种蝴蝶兰进行种质资源综合评价研究得到的结论一致，但在对观花性状目标层的权重研究中，如花色、花径、花枝长度等的权重值大小不完全一致，但差异不是很大，这可能是由于目前对兰花的观赏评价研究，大多针对同一物种的不同品种，同一物种的性状因子有较高的相关性，而不同物种间的观花性状目标层因素的权重大小可能存在一定差异。

以往对兰花新品种的培育和观赏评价多集中在某个属内，相对较为单一^[26]。但随着经济和社会的发展，人们对精神文化的需求越来越高，也体现在对兰花观赏品质要求的提高，而市场的需求也不仅仅局限于常见的兰花，如兜兰、大花蕙

兰、蝴蝶兰等。所以,开发野生兰科资源,筛选出高观赏价值的兰花进行引种驯化,培育新品种就成为了满足市场需求的重要途径。同时,我国丰富的兰科资源实际被开发利用的不足 1/3^[27],还存在大量的资源可以应用到实际生产中。对于野生兰科资源观赏价值的开发利用,关键在于建立科学、合理、符合实际的评价体系进行综合比较,筛选出高观赏价值的属和种。属间评价是筛选的首要方法,可以直接得出观赏利用价值高的种类,优先选用。除此之外,还能给属间杂交的亲本选择提供形态学依据,有利于综合亲本的优良性状,减少杂交育种的盲目性。在属间评价的基础上,进一步进行属内以及不同品种间的评价分析,一方面有利于节约选育成本,提高选育工作的效率,另一方面也使培育的新品种更加符合市场要求,有利于后续的生产利用和市场推广。

因此,根据本研究中 16 种广东省特有兰科植物综合评分结果和观赏价值等级可知,评分最高的是深圳香荚兰、紫金舌唇兰和蕉岭石斛,观赏价值较高;其次是吉氏羊耳蒜、始兴石斛、广东兜兰、南岭羊耳蒜、褐花羊耳蒜、南昆虾脊兰、南岭舌唇兰和丹霞兰,观赏价值中等;深圳拟兰、佛冈拟兰、广东舌唇兰、小叶独蒜兰和南岭叠鞘兰,观赏价值较低。因此,优先推荐深圳香荚兰、紫金舌唇兰和蕉岭石斛为优良野生观赏花卉,可对其进行引种和培育繁殖。对于观赏价值中等的种类,可作为开发利用的候选物种,或作为新品种培育的杂交亲本。对于观赏价值低的种类,可予以淘汰。但在实际生产实践中,还需进一步考虑其栽培适应性等方面因素,有待进一步深入研究。

参考文献

- [1] 吴征镒,洪德元. 中国植物志: 第 25 卷[M]. 北京:科学出版社,2009.
- [2] 宋军阳,张显,赵明德. 兰科花卉野生资源调查研究进展[J]. 北方园艺,2009(10): 228-231.
- [3] Chen L J, Liu Z J, Li Y Y, et al. A new orchid *Paphiopedilum guangdongense* and its molecular evidence[J]. Journal of Systematics and Evolution, 2010, 48(5): 350-355.
- [4] Chen Z L, Zeng S J, Wu K L, et al. *Dendrobium shixin-gens* sp. nov. (Orchidaceae) from Guangdong, China[J]. Nordic Journal of Botany, 2010, 28(6): 723-727.
- [5] Liu Z J. *Vanilla shenzhenica* Z J Liu & S C Chen, the first new species of Orchidaceae found in Shenzhen, South China[J]. Acta Phytotaxonomica Sinica, 2007, 45(3): 301-303.
- [6] 刘仲健,陈心启,茹正忠. 深圳香荚兰,首次发现于华南深圳的兰科新种[J]. 植物分类学报,2007,45(3): 301-303.
- [7] Ye Q L, Li Y F, Zhong Z M, et al. *Platanthera guangdongensis*, and *P. zijinensis*, (Orchidaceae: Orchideae), two new species from China: Evidence from morphological and molecular analyses[J]. Phytotaxa, 2018, 343(3): 201.
- [8] Zhang G Q, Liu K W, Li Z, et al. The *Apostasia* genome and the evolution of orchids[J]. Nature, 2017, 549(7672): 379-383.
- [9] 李娜,廖飞雄,连芳青,等. 中小花型蝴蝶兰品种分类性状主成分与聚类分析[J]. 江西农业大学学报,2009,31(2): 231-236.
- [10] 周俐宏,潘百涛,毕大宏. 基于灰色关联度分析的蝴蝶兰品种评价[J]. 园艺与种苗,2012(9): 11-14.
- [11] 陈和明,江南,朱根发,等. 层次分析法在大花蕙兰品种选择上的应用[J]. 亚热带植物科学,2009,38(2): 30-32,43.
- [12] 陈宝玲,王华新,陈尔,等. AHP 法对广西引种的 14 个国兰品种观赏性状综合评价[J]. 广西林业科学,2015,44(3): 296-299.
- [13] 初美静,张英杰,刘学庆,等. 层次分析法在兜兰综合评价中的应用[J]. 中国农学通报,2017,33(34): 111-115.
- [14] 黄元贞,刘海平,马良,等. 基于层次分析法评价 12 种虾脊兰属植物的观赏性和生长适应性[J]. 福建农林大学学报(自然科学版),2018,47(6): 667-672.
- [15] 宋一岚,张英杰,孙纪霞,等. 蝴蝶兰 70 份资源观赏品质性状综合评价[J]. 热带作物学报,2020,41(1): 43-48.
- [16] 陈丽晖,徐呈祥,陈雄伟,等. 鼎湖山野生兰科花卉资源及其观赏性研究[J]. 广东农业科学,2015,42(14): 54-59.
- [17] 朱明雯. 安徽省野生兰花资源多样性研究及评价体系的建立[D]. 合肥:安徽农业大学,2015.
- [18] 陈贤,杨荣萍,杨德,等. AHP 法和灰色关联法在小果型番茄果实商品性状评价上的应用[J]. 河南农业科学,2008(11): 107-110.
- [19] 广东年鉴编撰委员会. 广东年鉴[M]. 广州:广东年鉴社,2014.
- [20] Chen S C, Liu Z J, Zhu G H, et al. Orchidaceae Flora of China, Volume 25[M]. Beijing: Science Press, 2009: 1-506.
- [21] 中国科学院华南植物园. 广东植物志[M]. 广州:广东科技出版社,2009.
- [22] 彭少麟. 广东珍稀濒危植物[M]. 北京:科学出版社,2003.
- [23] 叶华谷,彭少麟. 广东植物多样性编目[M]. 广州:广东世界图书出版社,2006.
- [24] 刘江枫. 福州市野生兰科植物资源与观赏评价[D]. 福州:福建农林大学,2010.
- [25] 杨阳. 蝴蝶兰种质资源的综合评价[D]. 南京:南京农业大学,2012.
- [26] 武旭霞,游捷,林启美. 观赏植物野生资源开发利用价值评价体系的建立及应用[J]. 中国农学通报,2006(8): 464-469.
- [27] 周涛,朴永吉,林元雪. 中国野生花卉资源的研究现状及展望[J]. 世界林业研究,2004(4): 45-48.

采编平台和微信公众号

《热带作物学报》在线采编平台通过改版和优化升级后,界面更友好,操作更便捷,可实现在线投稿、在线审稿、在线编辑办公、在线浏览期刊原文、了解期刊最新动态以及与编辑部实时互动等功能。《热带作物学报》微信公众号主要适用于移动终端设备,具备通过手机审稿、查询稿件状态、浏览全文等多种功能。

在线采编平台和微信公众号的开通,标志着《热带作物学报》已初步构建融媒体矩阵。今后,《热带作物学报》将充分发挥融媒体平台的优势,强化对外宣传,全方位提升质量和影响力,打造高端、优质的热带作物学科传播和学术交流平台。

《热带作物学报》在线采编平台: www.rdzwx.com



《热带作物学报》微信公众号



扫一扫 稿件查询更便捷
点一点 最新动态全知道



国内邮发代号 84-29
海外发行代号 BM8915
国内定价 50.00元

ISSN 1000-2561



ISSN 1009-7791
CN 35-1243/S

亚热带植物科学

SUBTROPICAL PLANT SCIENCE

第 51 卷 第 4 期

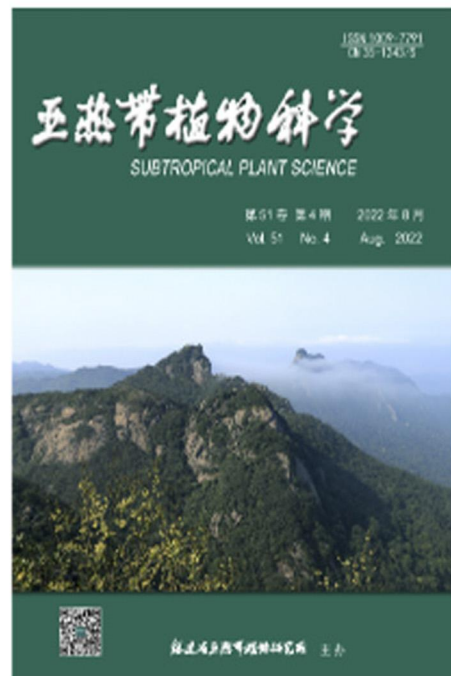
2022 年 8 月

Vol. 51 No. 4

Aug. 2022



福建省亚热带植物研究所 主办



2022年, 第51卷, 第4期

刊出日期: 2022-08-30

上一期

植物生理生化与分子生物学

植物生态与资源分类

植物生态与资源分类

广州市花都区绿地土壤肥力与重金属污染分析

赖武婷, 马红岩, 任雄业, 朱自飘, 卢秋艳, 袁富坚, 洗纳怀

2022, 51(4): 264-271. DOI: 10.3969/j.issn.1009-7791.2022.04.004

摘要 (17) PDF(385KB) (5)

[参考文献](#) | [相关文章](#) | [计量指标](#)

基于“珠海一号”高光谱遥感影像的薇甘菊入侵监测

杨禄, 蒋晓华, 常文涛, 李先怡

2022, 51(4): 272-281. DOI: 10.3969/j.issn.1009-7791.2022.04.005

摘要 (11) PDF(556KB) (2)

[参考文献](#) | [相关文章](#) | [计量指标](#)

广东韶关市公益林乔木层碳密度和碳储量研究

黄华蓉

2022, 51(4): 282-287. DOI: 10.3969/j.issn.1009-7791.2022.04.006

摘要 (6) PDF(365KB) (0)

[参考文献](#) | [相关文章](#) | [计量指标](#)

湘西地区军事本草植物资源研究(II)治疗创伤药用植物调查分析

廖智慧, 廖丽秀, 邱李湘, 何先玉, 陈功锡

2022, 51(4): 288-298. DOI: 10.3969/j.issn.1009-7791.2022.04.007

摘要 (10) PDF(446KB) (2)

[参考文献](#) | [相关文章](#) | [计量指标](#)

江西南南部东江源区森林维管植物区系

林杰好, 曾思金, 李文斌, 陈黄伊, 唐光大

2022, 51(4): 299-305. DOI: 10.3969/j.issn.1009-7791.2022.04.008

摘要 (7) PDF(370KB) (1)

[参考文献](#) | [相关文章](#) | [计量指标](#)

广东象头山国家级自然保护区兰科植物垂直分布格局

康宁, 刘彩琴, 张粤, 刘欣, 陶君, 陈羽, 张运玲, 黄运梅, 李廷章, 李玉玲, 唐光大

2022, 51(4): 306-312. DOI: 10.3969/j.issn.1009-7791.2022.04.009

摘要 (8) PDF(545KB) (6)

[参考文献](#) | [相关文章](#) | [计量指标](#)

广东象头山国家级自然保护区兰科植物 垂直分布格局

康 宁¹, 刘彩琴¹, 张 粤¹, 刘 欣¹, 陶 君¹, 陈 羽¹, 张运玲¹,
黄运梅¹, 李廷章², 李玉玲^{2*}, 唐光大²

(1. 广东象头山国家级自然保护区管理局, 广东 惠州 516001; 2. 华南农业大学林学与风景园林学院, 广东 广州 510642)

摘 要: 于 2019~2022 年对广东象头山国家级自然保护区内的兰科植物进行专项调查, 记录兰科植物种类、数量、生活型、海拔、生境等信息, 分析保护区内兰科植物的垂直分布格局, 并根据《广东高等植物红色名录》和《国家重点保护野生植物名录》对各海拔高度兰花濒危等级的物种数量进行统计。结果显示: (1) 实地记录兰科植物 33 属 48 种, 多数种类种群数量较少; (2) 随着海拔上升, 各海拔梯度的兰科植物总种数和不同生活型的种数均呈现“中间高度膨胀型”分布特点, 峰值在中低海拔区域; (3) 濒危物种主要集中在海拔 200~500 m 区间; (4) 相邻海拔段的兰科植物种类相似性系数较高, 垂直梯度差异越大, 相似性系数越小。低海拔地区可能由于人为干扰频繁, 兰科植物物种多样性较低; 中海拔物种多样性最丰富; 高海拔地区生长环境较苛刻, 物种数量较少。

关键词: 兰科植物; 物种多样性; 海拔梯度; 相似性系数; 象头山

Doi: 10.3969/j.issn.1009-7791.2021.04.009

中图分类号: Q948

文献标识码: A

文章编号: 1009-7791(2022)04-0306-07

Elevational Distribution Patterns of Orchids in Xiangtoushan National Nature Reserve, Guangdong Province

KANG Ning¹, LIU Cai-qin¹, ZHANG Yue¹, LIU Xin¹, TAO Jun¹, CHEN Yu¹, ZHANG Yun-ling¹,
HUANG Yun-mei¹, LI Ting-zhang², LI Yu-ling^{2*}, TANG Guang-da²

(1. Management Bureau of Guangdong Xiangtoushan National Nature Reserve, Huizhou 516001, Guangdong China; 2. College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, Guangdong China)

Abstract: A specific wild survey of orchids was conducted in Xiangtoushan National Nature Reserve, Guangdong province from 2019 to 2022. The species, population size, life forms, altitude and habitats were recorded about these orchids. The elevational distribution patterns were analyzed. Meanwhile, the endangered status of the recorded orchids was counted according to *The Provincial Red List of Higher Plants in Guangdong* and *the List of Key Protected Wild Plants in China*. The results showed that: (1) 48 species of orchids belonging to 33 genera were recorded, most of which had small populations; (2) The orchid species diversity showed a hump-shaped pattern along the elevational gradient with a peak at mid-elevations, of which terrestrial, epiphytic, and saprophytic orchids showed the same trend; (3) The endangered species were mainly concentrated at 200–500 m; (4) The similarity coefficient of orchid species was higher at adjacent elevations, while the similarity coefficient was lower at greater elevation gradient. The species diversity of orchids decreased at low elevations probably due to the frequent human

接收日期: 2022-06-28

接受日期: 2022-08-04

基金项目: 广东省林业局 2019 年中央林业改革发展基金(省级单位)项目(粤林财[2019]9 号)

*通信作者。E-mail: ylli@scau.edu.cn

disturbance. And the mid-elevations owned the higher orchid species diversity partly because the habitat is suitable for the survival of orchids. A few orchids appeared in high elevations with the limited available resources for the growth and development of orchids.

Key words: Orchidaceae; species diversity; elevation gradient; similarity coefficient; Xiangtoushan

物种沿海拔梯度的变化规律是生物多样性研究的热门话题之一, 探讨不同海拔梯度的生态因子对生物多样性的影响, 是物种保护的重要理论基础^[1]。环境因子沿海拔梯度变化的幅度比沿纬度梯度变化大 1000 倍以上^[2], 是影响生物多样性和群落结构的重要因素^[3-4], 如温度、湿度、光照和土壤等多种环境因子的梯度变化, 可能影响亲缘关系相近的物种在不同海拔梯度之间的分布格局^[5]。

兰科(Orchidaceae)是被子植物的第二大科, 约占被子植物种数的 10%, 目前已知约 850 属 25 000 种^[6], 广布于全球, 集中分布于湿润的热带、亚热带地区。中国约有兰科植物 200 属 1450 种, 分别约占世界兰科植物属种的 25%和 5%^[7]。兰科植物为多年生草本, 具有陆生、附生和腐生三种生活型。兰科植物俗称兰花, 因其独具特色的植株形态和丰富多彩的花部构造而深受喜爱, 许多种类具有极高的观赏价值和药用价值, 如蝴蝶兰属(*Phalaenopsis*)、兰属(*Cymbidium*)、卡特兰属(*Cattleya*)和石斛属(*Dendrobium*)等^[8]。《濒危野生动植物种国际贸易公约》(<http://www.cites.org/eng/disc/species.shtml>)已将世界所有兰科植物列入保护范畴。有关兰科植物物种多样性随着海拔变化格局的研究有部分报道^[9-10], 这些研究对相关区域的兰科植物保护提供了丰富的参考数据。

广东象头山国家级自然保护区是珠三角东部地区唯一的森林生态类国家级自然保护区, 保留了较完整的地带性植物资源, 也为该区域兰科植物的世代繁衍提供了非常良好的栖息地。本研究对象头山国家级自然保护区的兰科植物进行详细调查, 分析不同生活型和濒危等级兰科植物的垂直分布格局, 为保护区的兰科植物保护提供科学数据和依据。

1 研究地概况

广东象头山国家级自然保护区位于 114°19'21"~

114°27'06"E, 23°13'05"~23°19'43"N, 地处北回归线南侧, 其北缘接近北回归线^[11], 位于博罗县两大山系之一的象头山山系, 总面积 10 696.9 hm²。保护区属典型亚热带湿润季风气候, 具有光照充足、热量丰富、降水充沛、空气湿润、无霜期长, 植物生长期长, 风向随季节改变等特点^[12]。保护区内主要为低山丘陵地貌, 其中大部分为海拔 400~800 m 的山地及峡谷, 仅在边缘地带海拔 400 m 以下丘陵。虽然垂直海拔不高, 但山势陡峻, 沟谷深壑, 地形比降大, 与周围的低山平原地貌形成强烈反差, 气候垂直变化差异大, 形成了丰富多样的小生境。已记录象头山保护区共有维管植物 224 科 866 属 1820 种, 其中野生维管植物达 207 科 765 属 1621 种, 种数超过广东省野生维管植物的 1/5, 植物资源非常丰富^[11]。

2 研究方法

2.1 野外调查

于 2019 年 12 月至 2022 年 4 月对保护区野生兰科植物进行线路踏查, 调查范围涉及保护区内的沟谷、山地、边缘低地、山地矮林等不同生境, 采集凭证标本 210 号, 保存于广东象头山自然保护区管理局标本馆, 拍摄照片 1000 多幅, 统计保护区内野生兰科植物的种类、生活型(地生、附生、腐生)、数量、海拔、生境等信息。

2.2 数据分析

从海拔 0~1000 m, 每 100 m 分段, 共划分为 10 个海拔梯度, 统计各海拔梯度野生兰科植物的种类数量和生态型种类数量。各海拔梯度间的兰科植物种类相似性系数采用 Jaccard 指数 $C_j=j/(a+b-j)$ 计算^[13], a 、 b 分别为两海拔段 A、B 的兰科植物种类数量, j 为两海拔段之间共有的兰科植物种数。参照《广东高等植物红色名录》^[14]和《国家重点保护野生植物名录》(<http://www.iplant.cn/rep/protlist>), 对调

查到的各海拔段野生兰科植物濒危等级和保护等级进行统计。

3 结果与分析

3.1 物种多样性

实地记录到象头山自然保护区内野生兰科植物 33 属 48 种, 其中保护区新记录种 12 种, 地生兰 27 种, 附生兰 20 种, 腐生兰 1 种(表 1)。少数常见种类种群较大, 数量较多, 如橙黄玉凤花(*Habenaria rhodocheila*)、石仙桃(*Pholidota chinensis*)、羊耳蒜属(*Liparis*)等; 多数种类为零星分布, 数量稀少, 如紫纹兜兰(*Paphiopedilum purpuratum*)、南方安兰(*Tainia ruybarrettoi*)、金线兰(*Anoectochilus roxburghii*)和蛤兰(*Conchidium pusillum*)等。

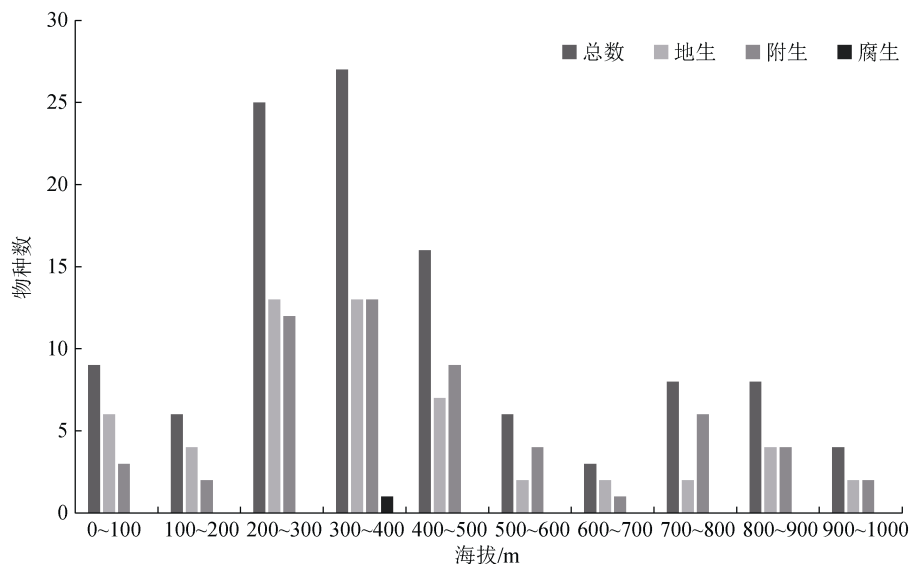


图 1 象头山国家级自然保护区各海拔段兰科植物物种数

Fig. 1 The number of orchid species at different elevations in Xiangtoushan National Nature Reserve

3.3 国家重点保护兰科植物种类及其垂直分布

根据 2021 年国家林业和草原局及农业农村部联合发布的《国家重点保护野生植物名录》, 象头山自然保护区内国家重点保护野生兰科植物包括金线兰、建兰(*Cymbidium ensifolium*)、多花兰(*Cymbidium floribundum*)、血叶兰(*Ludisia discolor*)、紫纹兜兰和独蒜兰(*Pleione bulbocodioides*), 共 6 种(表 1), 主要分布在海拔 100~600 m 和 900~1000 m 区间(表 2), 占广东省内重点保护野生兰科植物(36 种)的 15.7%,

3.2 垂直分布

在海拔 0~1000 m 的 10 个垂直梯度区间, 兰科植物物种数量呈现随海拔升高先增加后减少的趋势。在海拔 300~400 m 区间, 物种数达到最大值, 分布有 27 种; 区内调查到的唯一腐生兰科植物无叶美冠兰也位于该海拔区间; 在海拔 600~700 m 仅调查到 3 种兰科植物, 分别为小片菱兰、齿瓣石豆兰和撕唇阔蕊兰; 在海拔 900~1000 m 兰科植物数量也较少, 仅 4 种, 近似于“中间高度膨胀”型, 峰值偏向中低海拔区间(图 1)。其中地生兰占总数比随海拔升高呈先升高后降低, 最终趋于平缓的趋势, 海拔 100~200 m 和 500~600 m 为两个转折点; 附生兰占总种数比则是先降低后升高最终趋于平缓的趋势。

为广东省野生兰科植物保护作出重要贡献。

3.4 不同海拔段兰科植物的濒危程度

根据 2022 年 2 月出版的《广东高等植物红色名录》统计, 在海拔 200~300 m 和 300~400 m 梯度, 濒危(EN)和易危(VU)的种类最多(表 2), 说明在中等偏低海拔区间既是多数兰科植物最集中的区域, 也是受威胁物种最丰富的区域。保护区内未发现极危(CR)兰科植物种类; 濒危(EN)物种共记录 7 种, 分别为细裂玉凤花(*Habenaria leptoloba*)、金线兰、香

表1 广东象头山自然保护区兰科植物生活型、濒危等级及海拔分布

Table 1 Life forms, endangered grades and elevation distribution of orchids in Xiangtoushan National Nature Reserve

生活型	物种	国家重点保护植物等级	广东高等植物红色名录	海拔/m
地生	紫纹兜兰 <i>Paphiopedilum purpuratum</i>	I 级	EN	300~500
	*短穗竹茎兰 <i>Tropidia curculigoides</i>		LC	200~300
	高斑叶兰 <i>Goodyera procera</i>		NT	200~400
	血叶兰 <i>Ludisia discolor</i>	II 级	EN	100~300
	钳唇兰 <i>Erythroides blumei</i>		NT	0~100
	白花线柱兰 <i>Zeuxine parvifolia</i>		VU	300~400
	金线兰 <i>Anoetochilus roxburghii</i>	II 级	EN	200~300
	*小舌唇兰 <i>Platanthera minor</i>		VU	800~900
	触须阔蕊兰 <i>Peristylus tentaculatus</i>		NT	300~500
	撕唇阔蕊兰 <i>Peristylus lacertifer</i>		NT	300~900
	鹅毛玉凤花 <i>Habenaria dentata</i>		NT	300~500
	细裂玉凤花 <i>Habenaria leptoloba</i>		EN	0~300
	橙黄玉凤花 <i>Habenaria rhodocheila</i>		NT	0~400
	见血青 <i>Liparis nervosa</i>		LC	0~800
	无耳沼兰 <i>Dienia ophrydis</i>		NT	200~300
	美冠兰 <i>Eulophia graminea</i>		NT	300~400
	多花兰 <i>Cymbidium floribundum</i>	II 级	VU	900~1000
	建兰 <i>Cymbidium ensifolium</i>	II 级	VU	100~900
	*香港安兰 <i>Tainia hongkongensis</i>		EN	200~300
	*南方安兰 <i>Tainia ruybarrettoi</i>		VU	0~400
	苞舌兰 <i>Spathoglottis pubescens</i>		NT	100~200
	*黄兰 <i>Cephalantheropsis obcordata</i>		VU	200~500
	鹤顶兰 <i>Phaius tancarvilleae</i>		VU	300~400
	钩距虾脊兰 <i>Calanthe graciliflora</i>		NT	800~900
	竹叶兰 <i>Arundina graminifolia</i>		LC	0~400
	*独蒜兰 <i>Pleione bulbocodioides</i>	II 级	NT	900~1000
	*小片菱兰 <i>Rhomboda abbreviata</i>		VU	600~700
腐生	*无叶美冠兰 <i>Eulophia zollingeri</i>		VU	300~400
附生	紫花羊耳蒜 <i>Liparis gigantea</i>		VU	300~400
	镰翅羊耳蒜 <i>Liparis bootanensis</i>		NT	200~900
	长茎羊耳蒜 <i>Liparis viridiflora</i>		NT	200~600
	*小沼兰 <i>Oberonioides microtatantha</i>		NT	300~400
	流苏贝母兰 <i>Coelogyne fimbriata</i>		NT	200~900
	半柱毛兰 <i>Eria corneri</i>		NT	200~600
	蛤兰 <i>Conchidium pusillum</i>		EN	400~900
	细叶石仙桃 <i>Pholidota cantonensis</i>		VU	300~400
	石仙桃 <i>Pholidota chinensis</i>		VU	0~800
	牛齿兰 <i>Appendicula cornuta</i>		LC	200~500
	单叶厚唇兰 <i>Epigeneium fargesii</i>		VU	900~1000

续表 1

生活型	物种	国家重点保护植物等级	广东高等植物红色名录	海拔/m
附生	芳香石豆兰 <i>Bulbophyllum ambrosia</i>		VU	200~300
	*齿瓣石豆兰 <i>Bulbophyllum levinei</i>		VU	600~700
	*密花石豆兰 <i>Bulbophyllum odoratissimum</i>		VU	200~300
	广东石豆兰 <i>Bulbophyllum kwangtungense</i>		VU	100~900
	斑唇卷瓣兰 <i>Bulbophyllum pecten-veneris</i>		EN	300~800
	蛇舌兰 <i>Diploprora championii</i>		NT	200~500
	*尖喙隔距兰 <i>Cleisostoma rostratum</i>		VU	0~300
	广东隔距兰 <i>Cleisostoma simondii</i> var. <i>guangdongense</i>		NT	200~400
	寄树兰 <i>Robiquetia succisa</i>		VU	0~400

注: *代表保护区发现的新记录种; “EN” 濒危、“NT” 近危、“VU” 易危、“LC” 无危。

表 2 广东象头山国家级自然保护区各海拔高度兰花濒危等级的物种数

Table 2 Statistics of endangered species of orchids at different elevations in Xiangtoushan National Nature Reserve, Guangdong Province (According to The provincial red list of higher plants in Guangdong 2022; List of National Key Protected Wild Plants in China 2021)

濒危等级	海拔/m									
	0~100	100~200	200~300	300~400	400~500	500~600	600~700	700~800	800~900	900~1000
极危 CR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
濒危 EN	1	1	4	2	3	0	0	1	1	1
易危 VU	4	3	8	10	3	1	2	3	3	2
近危 NT	2	2	9	13	8	4	1	3	4	1
无危 LC	2	0	4	2	2	1	0	1	0	0
国家重点保护	0	2	3	2	1	0	0	0	1	2
总计	9	8	28	29	17	6	3	8	9	6

注: 根据《广东高等植物红色名录》(2022)、国家重点保护野生植物名录(2021)统计。

港安兰(*Tainia hongkongensis*)、血叶兰、斑唇卷瓣兰(*Bulbophyllum pecten-veneris*)、蛤兰和紫纹兜兰, 主要分布在 0~500 m 和 700~1000 m 海拔区间。易危物种共记录 19 种, 分别为建兰、多花兰、黄兰(*Cephalantheropsis obcordata*)、紫花羊耳蒜(*Liparis gigantea*)等, 在 0~1000 m 海拔均有分布, 其中海拔 200~400 m 梯度分布最多。

3.5 不同海拔梯度兰科植物的相似性系数

不同海拔区间的兰科植物种类相似性系数不同。相邻海拔段物种组成相似, 相似性系数较高, 随着海拔上升, 物种相似性系数逐渐降低。相似性系数最大的 2 个值为 0.483、0.444 (表 3), 出现在 300~500 m 的 2 个海拔区间, 这 2 个海拔区间

的兰科植物种类数量分别为 27 和 16 种(图 1), 也是物种最丰富的区域, 表明物种越丰富的区域, 物种组成也越相近。海拔 600~700 m 和 900~1000 m 区间的大部分物种在调查中出现频率仅为 1 次, 故与其相关的相似性系数为 0。0~100 m 和 100~200 m 海拔区间的相似性系数呈现无规律状态, 这可能是由于人为干扰和生境破坏, 导致 0~200 m 海拔区间的兰科植物天然种群明显减少, 分布规律不明显。

4 讨论

本次调查中, 象头山国家级自然保护区共有野生兰科植物 33 属 48 种, 占广东兰科植物 80 属 235

表3 象头山国家级自然保护区不同海拔段兰科植物物种相似性系数

Table 3 Similarity coefficients of orchid species at different elevations in Xiangtoushan National Nature Reserve

海拔/m	0~100	100~200	200~300	300~400	400~500	500~600	600~700	700~800	800~900
100~200	0.154								
200~300	0.259	0.192							
300~400	0.161	0.138	0.444						
400~500	0.087	0.100	0.323	0.483					
500~600	0.154	0.091	0.192	0.179	0.375				
600~700	0.000	0.000	0.000	0.034	0.056	0.125			
700~800	0.133	0.167	0.179	0.207	0.412	0.400	0.100		
800~900	0.000	0.167	0.138	0.167	0.263	0.167	0.100	0.333	
900~1000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.053	0.000	0.000	0.000	0.091

种的41.25%和20.43%^[15],种类较为丰富,在海拔0~1000 m区间均有分布。这与之前的调查相比,增加了22种^[16];与保护区名录相比,本次调查未见种为17种,而新记录种有小舌唇兰(*Platanthera minor*)、小片菱兰(*Rhomboda abbreviata*)、香港安兰、密花石豆兰(*Bulbophyllum odoratissimum*)等12种(表1)。广东象头山保护区兰科植物温带成分较少,而热带及亚热带性较为明显^[15],地带性较强,说明保护区的兰科植物资源具有重要的区域研究价值。

象头山国家级自然保护区的兰科植物物种多样性随海拔升高表现为“中间高度膨胀”型,且物种丰富度最高的区间偏向中海拔区域。这与南岭国家级自然保护区的兰科植物分布格局相似^[9],与广西雅长兰科植物国家级自然保护区^[17]、井冈山^[18]、喜马拉雅地区^[19]等自然保护地的兰科植物分布格局也较接近。另外,桑寄生科^[20]、石松类和蕨类^[21]等类群也呈现出中海拔地区物种丰富度最高的垂直分布格局。

由于人类活动干扰,生态环境破坏,低海拔地区兰科植物的物种丰富度大大降低。中海拔段由于降水量最丰富,有着最为适宜的生长环境,从而植物物种多样性达到最大值,这种垂直分布格局在多个植物类群中均有出现^[22]。中海拔区间乔木、灌木、草本均最为丰富,山地逆温所形成的雨雾和潮湿气候,营造了良好的兰科植物生长环境,尤其是附生兰,需要潮湿的石壁和树干等生境,才能生长良好,所以不同生活型的兰科物种多样性均在此区间达到

最大值。高海拔地区由于太阳辐射、昼夜温差较大等因素,兰科植物并不适宜这种生境,故其物种多样性再次降低。

象头山国家级自然保护区面积较大,地形复杂,气候温暖,水资源充沛,为兰科植物提供了不少适宜的小生境。保护区内没有常驻人口,人为干扰较少,复杂良好的生境给兰科植物生存提供了便利,使得部分对生存环境要求苛刻的濒危物种得以生存,如紫纹兜兰、金线兰、血叶兰等。

从调查结果来看,象头山保护区兰科植物资源量较少,大部分种类为星散分布,人为干扰对兰科植物的种群影响较大。建议在海拔200 m以下区域,重点保护沟谷等生境,营造低海拔兰科植物良好生长的小生境;200~500 m海拔区域,兰科植物种类和居群均最为丰富,建议加强保护和日常巡护,杜绝紫纹兜兰、建兰、芳香石豆兰(*B. ambrosia*)等珍稀物种被盗采。

参考文献

- [1] Kratochwil A. Biodiversity in ecosystems: Some principles[M]// Kratochwil A. Biodiversity in Ecosystems: Principles and Case Studies of Different Complexity Levels. Tasks for Vegetation Science (Vol. 34). Dordrecht: Springer, 1999.
- [2] Walter H. Vegetation of the Earth and Ecological Systems of the Geo-biosphere[M]. New York: Springer Verlag, Berlin-Heidelberg, 1986.
- [3] 郭英荣, 雷平, 晏雨鸿, 袁荣斌, 吴淑玉, 李剑萍. 江西武夷山黄岗山西北坡植物物种多样性沿海拔梯度的变化[J]. 生态

- 学杂志, 2015, 34(11): 7.
- [4] Korner C, Spehn E M. Mountain biodiversity: A global assessment[J]. London: Taylor and Francis, 2002.
- [5] Gaston K J. Global patterns in biodiversity[J]. Nature, 2000, 405(6783): 220–227.
- [6] Chase M W, Cameron K M, Freudenstein J V, Pridgeon A M, Salazar G, Van Den Berg C, Schuiteman A. An updated classification of Orchidaceae[J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 2013, 177(2): 151–174.
- [7] Li M, Zhang G, Lan S, Liu Z, Consortium C P. A molecular phylogeny of Chinese orchids[J]. Journal of Systematics and Evolution, 2016, 54(4): 349–362.
- [8] 陈心启, 吉占和. 中国兰花全书[M]. 北京: 中国林业出版社, 1998.
- [9] 邢福武, 田怀珍. 南岭国家级自然保护区兰科植物物种多样性的海拔梯度格局[J]. 生物多样性, 2008, 16(1): 75–82.
- [10] 杨正斌, 余东莉, 刘强. 西双版纳兰科植物海拔分布格局[J]. 林业调查规划, 2014, 39(6): 71–75.
- [11] 钟象景, 张粤, 邓声文. 广东象头山国家级自然保护区有毒植物资源及其开发利用[J]. 惠州学院学报, 2016, 36(6): 50–57.
- [12] 陈新贵, 罗探基, 邓杰明, 康宁, 刘彩琴, 张粤. 广东象头山国家级自然保护区野生保健植物资源调查[J]. 亚热带植物科学, 2017, 46(2): 170–174.
- [13] Whittaker R H. Evolution and measurement of species diversity[J]. Taxon, 1972, 21(2–3): 213–251.
- [14] 王瑞江. 广东高等植物红色名录[M]. 郑州: 河南科学技术出版社, 2022: 344.
- [15] 张玲玲, 刘子玥, 王瑞江. 广东兰科植物多样性保育现状[J]. 生物多样性, 2020, 28(7): 787–795.
- [16] 张粤, 康宁, 钟象景, 李运龙, 胡进霞. 广东象头山国家级自然保护区野生兰科植物资源[J]. 热带农业科学, 2020, 40(3): 61–66.
- [17] 冯昌林, 邓振海, 蔡道雄, 吴天贵, 贾宏炎, 白灵海, 赵祖壮, 苏勇. 广西雅长林区野生兰科植物资源现状与保护策略[J]. 植物科学学报, 2012, 30(3): 285–292.
- [18] 韩宇, 罗火林, 沈宝涛, 郑改笑, 陈金磊, 杨柏云. 井冈山自然保护区野生兰科植物物种多样性的海拔梯度格局[J]. 南昌大学学报: 理科版, 2015, 39(3): 301–306.
- [19] 王喜龙, 土艳丽, 文雪梅, 朱荣杰, 段元文. 藏东南兰科植物多样性及其沿海拔梯度的分布格局[J]. 中南林业科技大学学报, 2018, 38(12): 45–51.
- [20] 合展, 周友兵, 高瑞如. 鄂西桑寄生植物多样性的海拔格局[J]. 生态学杂志, 2020, 39(11): 3596–3604.
- [21] 胡佳玉, 蒋勇, 王宇, 张梦华, 张宪春. 贡嘎山石松类和蕨类植物的多样性与海拔分布[J]. 广西植物, 2022, 42(2): 220–227.
- [22] 常学向, 赵文智, 赵爱芬. 祁连山区不同海拔草地群落的物种多样性[J]. 应用生态学报, 2004, 15(9): 1599–1603.

亚热带植物科学 被国内数据库收录:

中国期刊全文数据库(CJFD)
中国学术期刊综合评价数据库(CAJCED)
中国生物学文摘(CBA)
中国台湾华艺中文电子期刊服务资料库(CEPS)
中国核心期刊(遴选)数据库(<http://www.ccjad.net>)
中国生命科学文献数据库(<http://www.cba.ac.cn>)
国家科技期刊开放平台 (<http://doaj.istic.ac.cn>)
中国期刊引证报告(扩刊版)(<http://csci.istic.ac.cn/>)
中国知网(<http://www.cnki.net>)
中文科技期刊数据库(<http://qikan.cqvip.com>)
中国学术期刊数据库(<http://c.wanfangdata.com.cn/periodical>)
超星域出版期刊(<http://qikan.chaoxing.com>)
博看网(<http://new.bookan.com.cn>)
中教数据库(<http://www.zjdata.net>)

亚热带植物科学

YAREDAI ZHIWU KEXUE

(双月刊 1972 年创刊)

第 49 卷 第 5 期 2020 年 10 月

Subtropical Plant Science

(Bimonthly, Started in 1972)

Vol. 49 No. 5 October 2020

主 管 厦门市科学技术局
主 办 福建省亚热带植物研究所
主 编 邱晓晖
编辑出版 《亚热带植物科学》编辑部
科学出版社
地 址 厦门市嘉禾路 780 号(361006)
电 话 0592-5654157
电子信箱 yrdzwkx@126.com
网 址 www.yrdzwkx.com
印 刷 厦门集大印刷厂
国内发行 科学出版社
订 购 处 全国非邮发报刊联订服务部
(天津市河西区大寺泉集北里别墅 17 号 300381)
国外发行 中国出版贸易对外总公司
(北京 782 信箱 100011)
数字发行 博看网 <http://www.bookan.com.cn>

Supervised by Xiamen Municipal Bureau of Science & Technology
Sponsored by Fujian Institute of Subtropical Botany
Editor-in-Chief QIU Xiao-hui
Edited & Published by Editorial Department of Subtropical Plant Science; Science Press
Add. 780 Jiahe Road, Xiamen 361006, Fujian China
Tel. 0592-5654157
E-mail yrdzwkx@126.com
Website www.yrdzwkx.com
Printed by Xiamen Jida Printing House
Domestic Distributed by Science Press
Overseas Distributed by China National Publishing Industry Trading Corporation
(P. O. Box 782, Beijing, 100011, China)
Digital Distribution <http://www.bookan.com.cn>

中国标准连续出版物号: ISSN 1009-7791
CN 35-1243/S

国内定价: 15.00 元

ISSN 1009-7791



1 0>

ISSN 1009-7791

CN 35-1243/S

亚热带植物科学

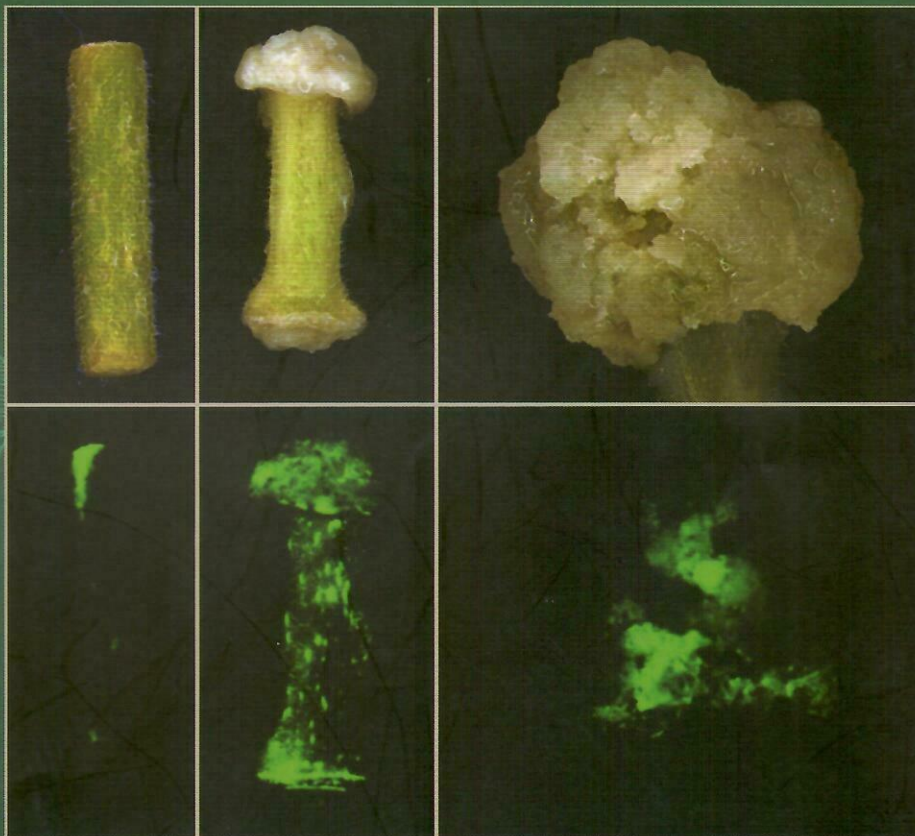
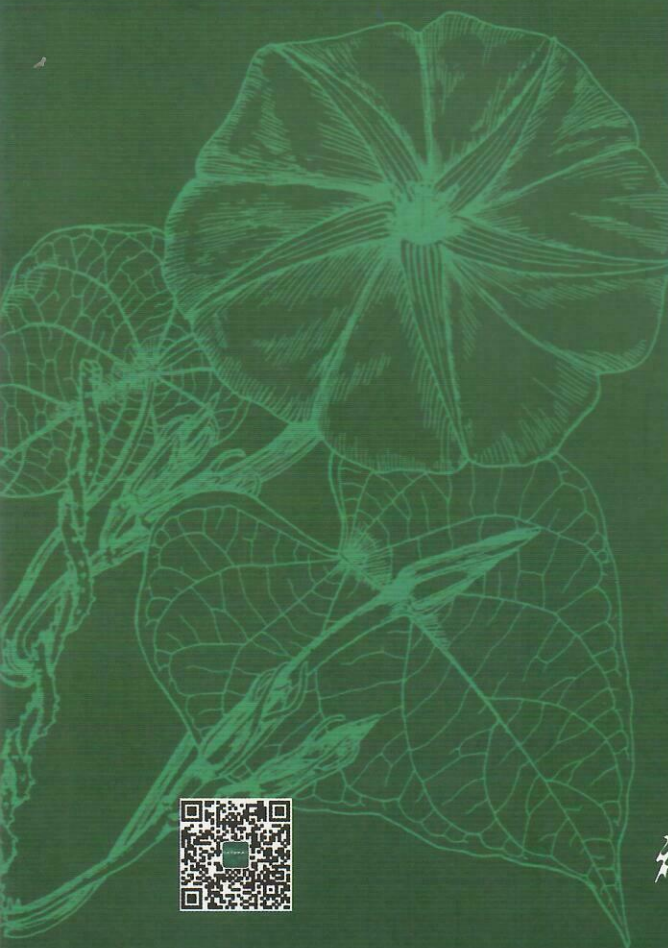
SUBTROPICAL PLANT SCIENCE

第49卷 第5期

2020年10月

Vol. 49 No. 5

Oct. 2020



福建省亚热带植物研究所 主办

★植物生理生化与分子生物学★

- 17个建兰品种光合特性分析.....周 杰,杨钰明,兰琳英,徐艳芳,郑清冬,谢泰祥,艾 叶 (329)
- 3个山茶品种对干旱胁迫的生理响应.....谭 莎,赖路伟,黄永芳,叶小萍,谭健彬,许雄坚 (335)
- 地衣芽孢杆菌 W10 菌液和抗菌蛋白对桃果实贮藏保鲜效果的影响.....贺惠文,孙黎平 (340)
- 保鲜剂对天门冬切叶的保鲜效应.....杨运英,卢淑仪,王廷芹 (345)
- 一种紫斑牡丹花茶的研制及其主要香气成分分析.....
.....沈清宇,叶秋萍,洪翠云,施建羽,常 强,王惠琼 (351)
- 茉莉茎段遗传转化体系初步研究.....张 月,陈 风,卢 莹,袁 媛,陈清西 (358)

★植物生态与资源分类★

- 三种源地益智种子贮藏与萌发特性.....梁 鹏,王剑瑞,崔大方 (363)
- 17种李属(广义)植物果实表皮微形态.....石文婷,吴保欢,黄文鑫,刘朝玉,崔大方 (369)
- 福建省域内三叶青优良种源地选择研究.....张晓缔 (378)
- 福建省沙县第四次中药资源普查成果分析...黄念雪,万小英,谢显金,范世明,林胜男,黄盛荣,刘金章 (383)
- 海口市外来入侵植物现状及防控对策.....牟 村,刘文剑,郑希龙,胡艳华,冉 娟,吴 磊 (389)
- 广东省2种兰科植物新记录.....李宇惠,郭宝沁,邓 斌,王炳谋,黄 毅,陈利君,李玉玲 (398)
- 湖北虎耳草科(广义)新记录.....刘 强,龚仁琥,雷 敏,刘雪晴,张代贵 (401)
- 安徽3种维管植物新记录.....张 虹,刘 毅,徐静兰,王 琼,李慧慧,柏芝兰,刘守金 (404)

★本草考证★

- 《本草图经》兴化军防己的本草考证.....杨红霞,陈玉燕,黄泽豪 (407)

期刊基本参数: CN 35-1243/S*1972*b*A4*82*zh*P*¥15.00*1000*15*2020-10

封面图片: 茉莉(*Jasminum sambac*)茎段预培养后转化GFP基因的荧光检测,随着茎段的生长GFP基因在愈伤中仍可表达,构建的茉莉茎段遗传转化体系是可行的。详见正文第358~362页。

广东省 2 种兰科植物新记录

李宇惠¹, 郭宝沁¹, 邓斌¹, 王炳谋², 黄毅³, 陈利君⁴, 李玉玲^{1*}

(1.华南农业大学林学与风景园林学院, 广东 广州 510642; 2.番禺中心医院, 广东 广州 511400; 3.阳春市春城镇, 广东 阳春 529600;
4.深圳市兰科植物保护研究中心, 广东 深圳 518000)

摘要:报道 2 种广东省兰科植物新记录, 分别为等萼卷瓣兰(*Bulbophyllum violaceolabellum* Seidenf.)和小叶兜兰(*Paphiopedilum barbigerum* T. Tang et F. T. Wang.)。凭证标本保存于华南农业大学林学与风景园林学院树木标本室(CANT)。

关键词: 广东省; 兰科; 新记录

Doi: 10.3969/j.issn.1009-7791.2020.05.012

中图分类号: Q948.2

文献标识码: A

文章编号: 1009-7791(2020)05-0398-03

Two Newly Recorded Species of Orchidaceae from Guangdong Province

LI Yu-hui¹, GUO Bao-qin¹, DENG Bin¹, WANG Bing-mou², HUANG Yi³, CHEN Li-jun⁴, LI Yu-ling^{1*}

(1.College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, Guangdong China; 2.Panyu Central Hospital, Guangzhou 511400, Guangdong China; 3.Chuncheng Town in Yangchun City, Yangchun 529600, Guangdong China; 4.The Orchid Conservation and Research Center of Shenzhen, Shenzhen 518000, Guangdong China)

Abstract: Two species of Orchidaceae, *Bulbophyllum violaceolabellum* Seidenf. and *Paphiopedilum barbigerum* T. Tang et F. T. Wang, were reported as new records from Guangdong Province in South China. The voucher specimens were deposited in Dendrological Herbarium, College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University (CANT).

Key words: Guangdong province; Orchidaceae; new records

兰科(Orchidaceae)是被子植物中最大的科之一, 包含 5 个亚科 800 多属 25 000 多种, 广泛分布于各种陆地生态系统中^[1-2]。兰科植物多为珍稀濒危植物, 且具有较高的观赏价值、药用价值和文化价值, 是植物保护中的“旗舰类群”。目前, 记载中国有兰科植物 194 属 1300 多种, 分布范围十分广泛^[1]。其中, 广东省是中国兰科植物的主要分布区之一, 蕴含丰富的野生兰科植物资源, 且随着对广东省兰科植物资源调查研究的逐步深入, 越来越多的兰科植物新属种和新记录种陆续被报道^[3-7]。这些调查研究一方面丰富了广东省兰科植物的多样性, 另一方面也为兰科植物保护与利用提供基础资料。

在广东省野生兰科植物资源调查中, 作者分别采集到 2 种兰科植物标本, 在查阅文献资料和模式标本的基础上, 确定为石豆兰属(*Bulbophyllum* Thouars)等萼卷瓣兰(*B. violaceolabellum* Seidenf.)和兜兰属(*Paphiopedilum* Pfitzer)小叶兜兰(*P. barbigerum* T. Tang et F. T. Wang), 均为广东省新记录种, 现予以报道。凭证标本保存于华南农业大学林学与风景园林学院树木标本室(CANT)。

1 新记录种

1.1 等萼卷瓣兰(图 1: A~C)

Bulbophyllum violaceolabellum Seidenf. in

接收日期: 2020-06-23

接受日期: 2020-08-18

基金项目: 广东省野生动植物保护管理项目(广东省野生兰科植物资源调查); 国家自然科学基金项目(No.31800166); 华南农业大学大学生创新创业训练计划项目

*通信作者。E-mail: ylli@scau.edu.cn

Nord. J. Bot. 1: 210, fig. 14. 1981, et in Opera Bot. 114: 291, fig. 193. 1992; Z. H. Tsi, S. C. Chen et K. Mori, Wild Orch. China: 94, pl. 146. 1997.

草本，附生于石灰岩石上。根状茎匍匐。假鳞茎长卵形，顶生1枚叶。叶片厚革质，倒卵状长圆形， $7\sim 11 \times 2.1\sim 3.5$ cm，基部收窄为长 $1.5\sim 2$ cm的柄，叶柄两侧对折。总状花序缩短呈伞状，具5~7朵花；花葶长约20 cm，明显高于植株；萼片形态相似，近等长，萼片和花瓣黄色，具紫红色斑点；侧萼片离生，稍呈舟状，全缘， $8\sim 9 \times \text{ca. } 8$ mm，唇瓣舌状，强烈向下弯曲，基部与蕊柱足末端连接而形成活动关节；蕊柱黄色。花期4月。

广东：英德市黄花镇，海拔533 m，附生于石灰山疏林中岩石上，2012-12-9，王炳谋121209(CANT)。

分布：产云南南部(勐腊)、贵州(荔波)^[8]，老挝也有分布。生于海拔约700 m石灰山疏林中树干上^[9]。广东新记录。

1.2 小叶兜兰(图1: D)

Paphiopedilum barbigerum T. Tang et F. T. Wang in Bull. Fan Mem. Inst. Biol. Bot. Ser. 10: 23. 1940; S. Y. Hu in Quart. J. Taiwan Mus. 27(3-4): 456. 1974; Cribb in Plantsman 4(4): 203. 1983, et Genus *Papiopedilum* 140. 1987; F. Mark in Orch. Dig. 51: 76. 1987; Z. H. Tsi, S. C. Chen et K. Mori, Wild Orch. China 24. pl. 16. 1997; 中国兰花全书 118. 图6-6(5). 彩图6-9. 1998.

草本，附生于石灰岩上。叶基生，二列；叶片宽线形，先端急尖， $6\sim 9 \times 0.7\sim 1.1$ cm。花葶长6~8 cm，顶端生1朵花；花中等大；中萼片中央黄绿



图1 广东省兰科植物2种新记录

Fig. 1 Two new records of Orchidaceae from Guangdong province

A.等萼卷瓣兰 *Bulbophyllum violaceolabellum* 植株及生境；B~C.等萼卷瓣兰花序和小花；D.小叶兜兰 *Paphiopedilum barbigerum*

色至黄褐色，其中略带红色条纹，上部与边缘均为白色，花瓣与唇瓣颜色相似，均为浅红褐色；花瓣狭长圆形或略带匙形， $3\sim 4\times ca. 1\text{ cm}$ ，边缘波状，基部疏被长柔毛；唇瓣倒盔状，基部具长约 1.5 cm 的柄；囊近卵形，两侧各具 1 直立耳，两耳前方边缘不内折，囊底有毛。花期 10~12 月。

广东：阳春市，海拔 29 m，生于荫蔽的石灰岩上，2019-08-11，李玉玲等 1640 LN(CANT)。

分布：广西北部、贵州和云南^[1]。生于海拔 800~1500 m 石灰岩山丘荫蔽多石之地或岩隙中^[10]。广东新记录。

2 植物地理学意义

文中报道的广东省兰科植物 2 种新记录均发现于石灰岩地貌地区，丰富了石灰岩地貌的植物多样性。其中，石豆兰属为泛热带分布类型，而等萼卷瓣兰的模式标本产自老挝^[11]，后在我国云南和贵州发现有分布，分布区相对狭窄。广东省清远市的发现使等萼卷瓣兰的分布区向东延伸，是对等萼卷瓣兰地理分布区完整性的补充。兜兰属为热带亚洲分布区类型，小叶兜兰为中国特有种，此前仅报道分布于广西、贵州和云南，目前发现的分布地广东省阳春市是小叶兜兰分布最南端的记录，为广东省植物多样性及植物地理区系研究提供重要资料。

致谢：感谢华南农业大学林学与风景园林学院林颖、郑涵月、王博在野外调查中给予帮助。

参考文献

- [1] Chen S C, Liu Z J, Zhu G H, Lang K Y, Ji Z H, Luo Y B, Jin X H, Cribb P J, Wood J J, Gale S W, Ormerod P, Vermeulen J J, Wood H P, Clayton D, Bell A. Orchidaceae[M]//Wu Z Y, Raven P H,

Hong D Y. Flora of China (Vol. 25). Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 2009: 1-506.

- [2] Chase M W, Cameron K M, Freudenstein J V, Pridgeon A M, Salazar G, Berg C V D, Schuitman A. An updated classification of Orchidaceae[J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 2015,177(2): 151-174.
- [3] Zhai J W, Zhang G Q, Chen L J, Xiao X J, Liu K W, Tsai W C, Hsiao Y Y, Tian H Z, Zhu J Q, Wang M N, Wang F G, Xing F W, Liu Z J. A New Orchid Genus, Danxiaorchis, and Phylogenetic Analysis of the Tribe Calypsoeae[J]. PLoS ONE, 2013,8(4): e60371.
- [4] 曾思金,刘强,王盼,林伟通,廖远芳,朱慈佑,庄雪影. 广东惠东莲花山白盆珠兰科植物多样性分析[J]. 亚热带植物科学, 2015,44(4): 319-324.
- [5] 潘云云,李利强,饶文辉,陈建兵. 广东省兰科植物一新记录种——深裂沼兰[J]. 陕西林业科技, 2019,47(5): 76-77.
- [6] 潘云云,饶文辉,李利强,陈建兵. 广东省兰科植物新资料[J]. 亚热带植物科学, 2019,48(3): 295-298.
- [7] 刘逸嵘,郭剑强,刘忠成,赵万义,廖文波. 广东省兰科新记录[J]. 亚热带植物科学, 2020(1): 1-4.
- [8] 魏鲁明,余登利. 贵州兰科植物的新记录[J]. 广西植物, 2009,29(4): 430-432.
- [9] 中国科学院中国植物志编委会. 中国植物志(第19卷)[M]. 北京: 科学出版社, 1999.
- [10] 中国科学院中国植物志编委会. 中国植物志(第17卷)[M]. 北京: 科学出版社, 1999.
- [11] Seidenfadeng. Contributions to the orchid flora of Thailand IX[J]. Nordic Journal of Botany, 1981(1): 210-211.

亚热带植物科学 被国内数据库收录:

中国期刊全文数据库(CJFD)
中国学术期刊综合评价数据库(CAJCED)
中国生物学文摘(CBA)
中国台湾华艺中文电子期刊服务资料库(CEPS)
中国核心期刊(遴选)数据库(<http://www.ccjad.net>)
中国生命科学文献数据库(<http://www.cba.ac.cn>)
国家科技期刊开放平台 (<http://doaj.istic.ac.cn>)
中国期刊引证报告(扩刊版)(<http://csci.istic.ac.cn/>)
中国知网(<http://www.cnki.net>)
中文科技期刊数据库(<http://qikan.cqvip.com>)
中国学术期刊数据库(<http://c.wanfangdata.com.cn/periodical>)
超星域出版期刊(<http://qikan.chaoxing.com>)
博看网(<http://new.bookan.com.cn>)
中教数据库(<http://www.zjdata.net>)

亚热带植物科学

YAREDAI ZHIWU KEXUE

(双月刊 1972 年创刊)

第 49 卷 第 5 期 2020 年 10 月

Subtropical Plant Science

(Bimonthly, Started in 1972)

Vol. 49 No. 5 October 2020

主 管 厦门市科学技术局
主 办 福建省亚热带植物研究所
主 编 邱晓晖
编辑出版 《亚热带植物科学》编辑部
科学出版社
地 址 厦门市嘉禾路 780 号(361006)
电 话 0592-5654157
电子信箱 yrdzwkx@126.com
网 址 www.yrdzwkx.com
印 刷 厦门集大印刷厂
国内发行 科学出版社
订 购 处 全国非邮发报刊联订服务部
(天津市河西区大寺泉集北里别墅 17 号 300381)
国外发行 中国出版贸易对外总公司
(北京 782 信箱 100011)
数字发行 博看网 <http://www.bookan.com.cn>

Supervised by Xiamen Municipal Bureau of Science & Technology
Sponsored by Fujian Institute of Subtropical Botany
Editor-in-Chief QIU Xiao-hui
Edited & Published by Editorial Department of Subtropical Plant Science; Science Press
Add. 780 Jiahe Road, Xiamen 361006, Fujian China
Tel. 0592-5654157
E-mail yrdzwkx@126.com
Website www.yrdzwkx.com
Printed by Xiamen Jida Printing House
Domestic Distributed by Science Press
Overseas Distributed by China National Publishing Industry Trading Corporation
(P. O. Box 782, Beijing, 100011, China)
Digital Distribution <http://www.bookan.com.cn>

中国标准连续出版物号: ISSN 1009-7791
CN 35-1243/S

国内定价: 15.00 元

ISSN 1009-7791

