

目录

植物资源调查与分类学（第一分会场）

植物分子标本干燥处理和长期保藏方式的探究	沈凤娇等 6
真藓目叶绿体 DNA 条形码筛选及引物设计	王江敏等 8
亚洲黄檀属分类学修订	李世晋 9
毛茛科白头翁属 (<i>Pulsatilla</i>) 条形码研究	李秋洁等 10
Taxonomic research on <i>Epimedium</i> L. (Berberidaceae)	张燕君等 11
基于分子系统学和形态学证据的石蝴蝶属分类学修订	邱志敬 12
基于核 DNA 和叶绿体 DNA 序列的丝瓜藓属系统发育分析	牛敬媛等 13
臭樱 <i>Maddenia hypoleuca</i> 和臀果木 <i>Pygeum topengii</i> (蔷薇科) 的花器官发生—特别强调花被片的实质	汪熙等 15
地榆属 (蔷薇科) 花发育形态学研究	王俊茹等 16
南京花的发现及其对植物系统学的启示	王鑫 17
Reconstructing the phylogenetic history of the pteridophyte flora of Kenya	刘红梅等 18
Phylogeny of <i>Spiraea</i> (Rosaceae) based on plastid and nuclear molecular data: implications for morphological character evolution and systematics	于胜祥 19
Phylogenetic positions of <i>Cyrtandromoea</i> and <i>Wightia</i> revisited: a new tribe in Phrymaceae and a new family in Lamiales	李波等 20
Different species or genetically divergent populations? Integrative species delimitation of the <i>Primulina hochiensis</i> complex from isolated karst habitats	孔航辉等 21
广义银莲花属的时空格局与全球高山植物区系的兴起	向坤莉等 22

真蕨类植物起源与适应性演化—谱系年代学方法	李春香 23
Floristic composition and endemism pattern of seed plants in Ethiopia and Eritrea	王生位等 24
菊科帚菊属灌木类群的分类学研究	张彩飞等 25

植物系统发生与生物地理学（第二分会场）

中国西北干旱区裸果木的遗传结构及其进化史	杨赵平等 26
结合谱系地理学与景观遗传学研究探讨短花针茅 (<i>Stipa breviflora</i>) 遗传多样性形成及维持机制	任婧等 27
Differential quaternary dynamics of evergreen broadleaved forests in subtropical China revealed by phylogeography of <i>Lindera aggregata</i> (Lauraceae).....	叶俊伟等 28
山茱萸目叶绿体系统发育基因组学及生物地理学研究	付超男等 29
普通油茶野生居群遗传分化的地理格局及近缘种系统发育关系.....	戎俊等 30
基于细胞器基因组的淡水红藻不同谱系的起源和进化历史研究.....	南芳茹 31
两种青藏高原特有红景天属物种的比较谱系地理学研究	王子猛 32
多重测序深度解决碗蕨科植物的系统分类	严岳鸿 33
基于叶绿体基因组重建苔类植物重要支系间的系统发育关系	俞英等 34
横断山蝇子草属的细胞地理进化研究	孙文光等 35
东亚大百合属的亲缘地理学与群体遗传学研究	卢瑞森等 36
龙胆属多枝组的物种分化	付鹏程等 37
The phytogeographic history of <i>Juglans</i> and phylogenomics of Juglandodeae.....	赵鹏等 38
Sympatric speciation of <i>Ricotia lunaria</i> at “Evolution Canyon” Mount Carmel, Israel.....	钱朝菊等 40
Spatial phylogenetics of the angiosperm flora of Yunnan, China	李嵘 42

Out of South China: phylogeny and biogeography of the East Asian genus <i>Atractylodes</i> (Asteraceae) revealed by RAD-seq	李攀等 43
真双子叶植物基部类群 (basal eudicot) 系统基因组学研究进展	孙延霞 44
Spatial-temporal dimension and underlying mechanism of lineage divergence of wild radish in East Asia	韩庆香等 45
Tropical Asian origin, boreotropical migration and long-distance dispersal in the Nettles (Urticaceae tribe Urticeae)	黄先寒 46
葡萄属植物系统发育、生物地理学及网状进化	马志尧 47
鬼臼亚科的系统发育和生物地理学研究	叶文清等 48
New insights to the origin of land plants	Harald Schneider 49

植物进化发育与基因组学 (第三分会场)

Phylogenomics and comparative population genomics of <i>Dipteronia</i> (Sapindaceae)	冯钰等 50
Exon junction complex (EJC) core genes play multiple developmental roles in <i>Physalis floridana</i>	公丕昌等 51
猕猴桃基因组进化及育种启示	刘义飞等 51
平衡选择和祖先多态位点的随机片选对基因组变异的影响	王宝生 53
Transcriptome-derived evidence supports two well-differentiated lineages and their recent reunion (“allopolyploidization”) within the Holly mangrove <i>Acanthus ilicifolius</i>	郭无瑕等 54
特异响应冷胁迫的 <i>DREB1/CBF</i> 类基因在陆生植物中的演化研究	康菊清等 55
水稻赤霉素代谢途径的进化研究	张富民等 56
水蕨亚科的多次全基因组复制事件及其对全球环境变化的响应	张娇等 57
比较转录组分析揭示典型红树植物杯萼海桑高盐适应的分子机制	冯泉等 58

东亚第三纪“孑遗”植物连香树属的群体基因组学研究	朱珊珊等 59
基于转录组的花瓣状苞片的演化模式研究	余岩 60
黑种草属植物花瓣的复杂化及基本结构形成的分子机制研究	姚序等 61
Resequencing 545 ginkgo genomes across the world reveals evolutionary history of the living fossil <i>Ginkgo biloba</i>	赵云鹏等 62
《中国植物分类学纪事》介绍	马金双 63
拟南芥近缘种的适应性进化研究	郭亚龙等 64
花起源的分子机制	山红艳等 65
水仙的叶绿体基因组测序以及系统发育位置初探	李涌福等 66
水平转移起源陆生植物 <i>ICL</i> 基因功能的初步解析	吕莹莹等 67
芒属及其近缘类群的系统发育、网状进化和分类学评价	马洪峥等 68
姬蕨复合群的分子系统学研究	穆雨农等 69
Resolving phylogeny and polyploid parentage using genus-wide genome-wide sequence data from birch trees	王年等 70
基于 ITS, <i>matK</i> 和 <i>trnL-F</i> 基因的鸢尾属植物系统进化研究	余小芳等 71
海桑属植物适应性分化模式初探	袁健等 72
木犀属雄全异株繁育系统的探究	张成 73
拟南芥和水稻盐胁迫响应潜在基因的系统发育地层学比较分析	张洛艳等 74
土壤盐度影响下的黄河三角洲地区野大豆自然种群遗传结构分析	张学杰等 75
基于 ITS 序列分析的尾叶樱桃谱系地理学初探	朱弘等 76
Phylogeny and spatio-temporal diversification of <i>Prunus</i> subgenus <i>Laurocerasus</i> section <i>Mesopygeum</i> (Rosaceae) in the Malesian region	赵亮等 77
Genetic connectivity and bidirectional gene flow of <i>Nelumbo nucifera</i> (Nelumbonaceae) populations from Yangtze River: the roles of dams and flooding	

events.....	陈媛媛等	80
Resolution of intergeneric relationships within the early-diverging angiosperm family Nymphaeaceae based on chloroplast phylogenomics.....	赫丁轩等	81
电路理论在植物景观遗传学研究中的应用潜力分析	宁宇等	82
A taxonomic revision of Smilacaceae in Asia based on molecular systematics, DNA barcoding and morphological traits	Xinjie Jin 等	83
Molecular phylogeography of <i>Scrophularia incisa</i> complex (Scrophulariaceae): revealing the evolutionary history of desert plants in Northwestern China	Ruihong Wang 等	84
Phylogenetic and comparative analyses of chloroplast genomes of five species of <i>Wisteria</i> (Fabaceae).....	Maoqing Xia 等	85
雌雄异熟减少三叶木通自体授粉	王春晖等	86
Population structure and genetic connectivity for a critically endangered tree <i>Manglietia patungensis</i> in fragmented forests: implications for conservation	陈媛媛等	87
Genome skimming data reveals multiple chloroplast capture events between <i>Tiarella</i> and <i>Heuchera</i>	刘路贤等	88

植物分子标本干燥处理和长期保藏方式的探究

沈凤娇 李琳 任倩倩 董琦 赵建成 石硕*

河北师范大学生命科学学院, 石家庄 050024

*通讯作者: E-mail: 石硕, shishuo@hebtu.edu.cn

随着分子生物学技术的发展和分子数据在生物学各领域的广泛应用, 近年来在植物标本采集中, 分子标本(或称为分子材料)采集的重要性突显。传统标本的采集与标本处理方式较成熟、规范, 但不同学者对分子标本采集后的处理以及在标本馆长期保藏的方式持有不同的方案。在野外采集时的处理方式和标本馆长期保藏方式直接影响所提取植物总 DNA 的品质和总量, 应该选取何种方式有待进一步探究。在野外采集和标本馆保藏时为了使 DNA 分子保存得更完整, 即降低标本中生化反应速度, 减少 DNA 降解, 目前可实施的方法有低温保存和干燥保存两种策略。野外环境下低温保存不便实施, 野外处理最好采用干燥的方式保存植物分子标本; 当前常用硅胶干燥法保存植物分子标本, 但在野外采集中不便携带大量硅胶, 循环使用硅胶还有污染标本的可能性。长期保藏分子标本时, 根据不同的研究需求和保藏条件, 可以使用干燥或低温保藏的策略, 辅以隔绝空气、试剂固定等办法, 直接保藏叶片等植物组织或提取 DNA 后保存, 但对于各种保存方式的优劣目前暂无定论。因此, 我们试图寻找一种适合野外使用的植物分子标本干燥方式和适合标本馆长期保藏分子标本的方式, 通过使用这些方法降低分子标本中 DNA 在采集处理过程及保藏过程的降解。

在分子标本处理方式实验中, 选取两种被子植物(日本晚樱 *Prunus serrulata* var. *lannesiana*、山麦冬 *Liriope spicata*)及四种苔藓植物(黄曲柄藓 *Campylopus schmidii*、金发藓 *Polytrichum commune*、钙生灰藓 *Hypnum calcicola*、地钱 *Marchantia polymorpha*)作为实验材料, 模拟野外采集过程中可用的电热毯温度或小型吹风机出风口外不同位置温度, 设置 150℃、80℃、40℃温度梯度, 在实验室进行烘干处理, 并且设置自然阴干、硅胶干燥处理进行对照——分别提取上述处理分子标本的总 DNA, 使用分光光度计和琼脂糖凝胶电泳法检测 DNA 的总量及品质, 并选取适合的引物进行 PCR 扩增以检验 DNA 片段的扩增成功率。同时, 针对苔藓植物形态鉴定关键特征进行处理前、后的比较研究。结果显示, 被子植物经 40℃烘干后、苔藓植物经 80℃与 40℃烘干烘干后提取的总 DNA 纯度、总 DNA 浓度、长片段 DNA 浓度、PCR 扩增成功率较其他干燥方式高, 且苔藓植物烘干处理与传统的阴干处理的样品在宏观、微观形态特征上均未发现明显差异。这一结果提示, 在野外

采集时使用 40℃烘干干燥法对被子植物进行干燥处理、使用 40℃-80℃烘干干燥法对苔藓植物标本进行干燥处理可避免标本中 DNA 快速降解,同时解决硅胶干燥法存在的污染问题,还可以节省携带、更换大量硅胶材料的成本。

在分子标本长期保藏方式实验中,选取葎草 (*Humulus scandens*) 和地钱 (*Marchantia polymorpha*) 两种植物作为实验材料,设置干燥叶片和 DNA 两种保存形式,以及-20℃、4℃和常温三种保存温度,对植物分子标本进行保存。分别于保存后 1 天、2 天、4 天、7 天、15 天、30 天、2 个月、4 个月、9 个月、2 年时对其进行检测。提取叶片标本的总 DNA,使用琼脂糖凝胶电泳法检测 DNA 的总量及品质,并选取适合的引物进行 PCR 扩增以检验 DNA 片段的扩增成功率。结果显示,使用叶片保存的分子材料提取的长片段 DNA 浓度、PCR 扩增成功率高于 DNA 保存的分子材料,-20℃保存的分子材料提取的长片段 DNA 浓度、PCR 扩增成功率高于 4℃、常温保存的分子材料。不过使用叶片作为分子标本保存可保留更多的特征信息,如叶片宏观形态、叶表皮细胞排列、气孔器结构、叶脉样式、叶超微结构特征等。因此,我们认为以叶片的形式于-20℃条件下保存分子材料是上述方法中最佳的保存方式。但是叶片-20℃保存可能并非最好的分子标本保存方式,-80℃保存、液氮保存、真空保存、叶片研磨后保存等方式或许比叶片-20℃保存效果更好,进一步研究正在进行,而相对于较好的保存条件与所花费成本、耗费人力、可能的意外造成影响等的权衡更值得进一步讨论。

真藓目叶绿体 DNA 条形码筛选及引物设计

王江敏¹ 张毅杰¹ 吴平² 周世良² 赵建成¹ 李琳^{1*} 石硕^{1*}

1 河北师范大学生命科学学院系统与进化植物学实验室, 石家庄 050024

2 中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京 100093

*通讯作者: E-mail: 石硕, shishuo@hebtu.edu.cn; 李琳, lilin7812@126.com

真藓目是藓类植物一重要类群, 真藓目物种分类和鉴定长期以来存在着很多问题, 特别体现在仅使用形态特征鉴定物种存在困难。分子数据及相应分析手段应用于分类鉴定是对传统基于形态特征鉴定方法的有益补充, 尤其是 DNA 条形码技术的出现为物种鉴定提供了新的思路; 使用 DNA 条形码技术鉴定真藓目类群可以有效提高物种鉴定稳定性、缩短鉴定时间、降低物种鉴定技术门槛。因为叶绿体基因是母系遗传, 相对保守, 从叶绿体基因中筛选出适用于真藓目的 DNA 条形码是可行的, 并且将具有较广泛的应用前景; 而 DNA 条形码的研究与应用中, 选择适合的引物是关键一环, 所以本研究着眼于寻找适用真藓目植物鉴定的叶绿体备选 DNA 条形码及其引物。本研究的数据来源为 GenBank 上下载的 1975 条以及本研究中生产的 616 条真藓目叶绿体序列, 共计 2591 条; 数据包含了真藓目类群 7 科、33 属、204 种, 涉及 43 个叶绿体基因片段。我们利用已有的诸多数据分析软件和自行设计的分析程序, 对这 2591 条序列进行整理、统计和处理, 按基因对数据进行归类, 在比对和手工调整后, 通过建树和序列分析相结合的方式找出基因的保守区和高变区, 筛选出了 11 个真藓目叶绿体 DNA 条形码备选条码, 对这些备选条码进行了引物设计。本研究针对真藓目叶绿体 DNA 条形码进行筛选和引物设计的工作, 有助于后续研究者更快速、准确地鉴定真藓目材料。

亚洲黄檀属分类学修订

李世晋

中国科学院华南植物园，广州，510520

豆科黄檀属植物是有重要经济价值的高级木材原植物。作者在详细研究亚洲、欧洲和美洲数个大型标本馆共 19 000 余份馆藏黄檀属标本的基础上，经过文献、标本研究，辅以相关实验研究，确认亚洲产黄檀属植物 92 种。将 *Dalbergia burmanica* Prain 等 27 个名称处理为新异名。为 *D. collettii* Prain 等 26 个名称指定了后选模式。出版了《亚洲黄檀》，书中涵盖了绝大部分亚洲黄檀属植物，解决了数个疑难类群的分类学问题，考证各类群的模式标本、主要性状变异范围。详细描述了每种的形态学特征、分布区域、与近缘种区别特征，每个种配有模式标本照片、线描图。本研究是完成世界范围内黄檀属分类学修订及该属系统学研究的重要一环。

毛茛科白头翁属 (*Pulsatilla*) 条形码研究

李秋洁^{1,2}, 赵亮^{1,2*}

1 西北农林科技大学, 生命科学学院, 杨凌, 712100

2 西北农林科技大学, 植物标本馆, 杨凌, 712100

白头翁属隶属于毛茛科, 广泛分布于欧洲、亚洲及美洲地区, 全球约 40 种, 我国分布有 11 种。该属植物具有重要的药用价值和极高观赏价值, 但由于属内复杂的形态特征、种间杂交、不完全谱系分选等因素的影响, 该属物种用传统分类方法较难鉴定。DNA 条形码技术是一种快速有效地鉴别物种的方法。本研究选取了全世界白头翁属 19 个代表性物种的 52 个样品, 采用引物通用性、遗传距离、序列相似性、系统发育树等指标对四个通用条形码片段 (ITS、*rbcL*、*matK*、*trnH-psbA*) 的鉴别能力进行评估。结果表明, 本研究所用条形码对白头翁属多数物种具有较强的鉴别能力。四个单片段条形码中, ITS 具有最大的种间遗传距离(0.1161)和最高的序列相似性正确辨别率(79.06%)。11 个条形码组合中, 叶绿体片段组合 *rbcL*+*matK*+*trnH-psbA* 具有最高的物种分辨率 (PWG: 70.73%, BI tree: 58.54%), 其次是条形码组合 *rbcL*+*matK* (PWG: 68.29%, BI tree: 48.78%)。根据研究结果, 我们建议将 ITS / *rbcL*+*matK*+*trnH-psbA* 分别作为白头翁属的单一/组合条形码, 也为我们进一步开发白头翁属的超级条形码奠定了基础。

Taxonomic research on *Epimedium* L. (Berberidaceae)

Yanjun Zhang, Guanwan Hu, Jianqiang Li, Ying Wang, Qiong Liang

Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074

Epimedium L. is the largest herbaceous genus of Berberidaceae. Due to the medicinal and horticultural values, the plants of the genus have obtained increasing attention. However, *Epimedium* is intractable in taxonomy with many controversies. Based on our extensive studies on *Epimedium* plants in herbaria, the field, and cultivation, we recognized that the genus of *Epimedium* comprises ca. 61 species, ca. 51 species of which were distributed in China. Four new *Epimedium* species, *E. shennongjiaense*, *E. jinchengshanense*, *E. xichangense* and *E. zhaotongense* were published. Five *Epimedium* species with unifoliolate leaves, *E. simplicifolium*, *E. baojingensis*, *E. zhushanense*, *E. glandulosopilosum* and *E. elachyphyllum*, were revised. The *Epimedium wushanense* species complex were clarified. Three *Epimedium* species controversial on their flower characters were also revised, and five species and one variation of *Epimedium* were reduced into synonym. Furthermore, molecular phylogenetic studies based on AFLP demonstrated that the relationships of Chinese *Epimedium* species were closely related with floral characters. In addition, the phylogenetic studies based on AFLP and the complete chloroplast genome sequences showed accordance with the updated system of the genus on the whole, but remaindered that the evolutionary relationships and the divisions of the genus need further investigation applying more evidences.

基于分子系统学和形态学证据的石蝴蝶属分类学修订

邱志敬

深圳市中国科学院仙湖植物园 广东 深圳 518004

qiuzhijing@foxmail.com

石蝴蝶属隶属于苦苣苔科，目前为止已经修订过 2 次（1985 年第二次修订），近 30 多年来该属有大量的新种发表（20 种），作者在研究中发现，在石蝴蝶属的属下组的划分以及种间的系统发育关系存在着诸多问题，为了探明属下组的划分形态和分子依据以及种间的系统发育关系，作者利用 6 个叶绿体基因和 2 个核基因构建系统发育树，并对形态特征进行详细分解，构建了形态树，通过分子钟和地理分布分析，推断石蝴蝶属的分化时间和分化中心。结果表明，石蝴蝶属的分子系统树和形态树都将石蝴蝶属划分为 5 个大的分支，且具有很高的支持率，作者通过分析找到了这 5 个分支各自的共裔特征，基于以上证据作者对石蝴蝶属进行了修订，将石蝴蝶属划分为 5 个组，即滇泰石蝴蝶组、石蝴蝶组、小石蝴蝶组、髯毛石蝴蝶组和中华石蝴蝶组，对组间以及种间的系统发育关系进行了分析，并制作了检索表，并且结合地理分布和分子钟分析，推测石蝴蝶属起源于横断山脉-云南高原地区，并在造山运动后期逐渐分化，形成了目前的地理分布。

基于核 DNA 和叶绿体 DNA 序列的丝瓜藓属系统发育分析

牛敬媛^{1,2} 王丹¹ 刘永英³ 赵建成¹ 石硕^{1*} 李琳^{1*}

1 河北师范大学生命科学学院, 石家庄 050024

2 新乡医学院基础医学院, 新乡 453003

3 焦作高等师范专科学校生物系, 焦作 454001

*通讯作者: E-mail: 石硕, shishuo@hebtu.edu.cn; 李琳, lilin-hbnu@hebtu.edu.cn

丝瓜藓属 (*Pohlia* Hedwig) 是藓类中的大属之一, 基于传统的形态学分类, 丝瓜藓属常常被置于真藓科内, 属下分类也经历了复杂的变化。但基于分子数据的系统发育树的研究表明, 丝瓜藓属与同属真藓目的提灯藓科以及缺齿藓科的关系更为密切, 而且丝瓜藓属并不是一个独立的自然类群。鉴于前期学者并没有针对丝瓜藓属进行专门的分子系统学研究, 所涉及的分子片段和样品数量也较少, 上述结果并不具有强的说服力。课题组以丝瓜藓属 31 种, 近缘的真藓科 4 种, 提灯藓科 6 种和缺齿藓科 5 种, 以及 4 个外类群种为实验材料, 使用 1 个核基因片段 (ITS) 和 4 个叶绿体基因片段 (*atpB-rbcL*、*rps4*、*trnG*、*trnL-F*) 采用了 MP, BI, ML 三种方法进行了建树分析。结果表明, 3 种方法构建的系统发育树具有相似的拓扑结构, 反映出的丝瓜藓属系统发育关系基本一致, 传统的真藓科种类 *Brachymerium nepalense*、*Anomobryum julaceum*、*Bryum caespiticiun* 和 *Bryum dichotomum* 很好的聚为一个单系支, 丝瓜藓属、缺齿藓属和小叶藓属构成的复合类群聚为一个具有较高支持率的大分支, 提灯藓科 *Plagionium intrgrum*, *Plagionium rostratum*, *Mnium heterophyllum*, *Mnium thomsonii*, *Rhiomnium striatulum* 和 *Trachycystis ussuriensis* 聚成一个单系分支, 与上述复合类群分支构成姐妹群。这一结果提示: (1) 相对于真藓科, 丝瓜藓属与提灯藓科以及缺齿藓科的关系更为密切; (2) 丝瓜藓属不是一个单系, 31 种丝瓜藓属植物被分至三个分支。传统分类中属于丝瓜藓属广口藓组的物种 *Pohlia tapintzense*, *Pohlia melanodon*, *Pohlia ludwigii* 和 *Pohlia wahlenbergii* 与 *Epipterygium tozeri* 和 *Epipterygium wrightii* 聚为 Clade A 分支; 传统分类中属于直蒴组的 *Pohlia andalusica*、*Pohlia andrewsii*、*Pohlia annotina*、*Pohlia camptotrachela*、*Pohlia drummondii*、*Pohlia flexuosa*、*Pohlia proliger*、*Pohlia leucostoma*、*Pohlia bulbifera* 及 *Pohlia gracilis* 聚成一个单系分支 Clade B; Clade C 包含了传统分类中属于丝瓜藓组的物种, 且又分为 Clade C1 和 C2 两个小分支, 分支 Clade C1 包含 *Pohlia elongata*、*Pohlia lescuriana*、*Pohlia geddeana*、*Pohlia minor*、*Pohlia crudoides*、*Pohlia revolvens*、*Pohlia nutans* 及 *Pohlia sphagnicola*, 且缺齿藓属下三个种嵌套在该分支中, 说明缺齿藓属与丝瓜藓属的亲缘关系较近, 分支 Clade C2 由 *Pohlia timmioides*、*Pohlia*

longicolla、*Pohlia oerstediana*、*Pohlia macrocarpa*、*Pohlia hyaloperistoma* 及 *Pohlia bolanderi* 以较高的支持率聚成一支。综合单基因分子系统发育树及多基因组合的各个分子系统发育树的拓扑结构，鉴于 Clade C1 分支中包含了丝瓜藓属的模式种丝瓜藓 *Pohlia elongata*，研究建议将 Clade C 分支由丝瓜藓组提升为属，并将该属内两个姐妹支作为属下两组处理；建议将 Clade A 中无环带分化的广口藓组物种与小叶藓属 *Epipterygium* 合并，将 Clade B 分支中具有芽胞的直蒴组提升为属。本研究为探明丝瓜藓属的系统学地位提供了重要依据，今后将增加丝瓜藓属及其近缘类群代表物种的样品进行更深入的系统学研究，为最终解决真藓目，特别是缺齿藓科的系统学和分类学问题奠定基础。

臭樱 *Maddenia hypoleuca* 和臀果木 *Pygeum topengii* (蔷薇科) 的花

器官发生——特别强调花被片的实质

汪熙^{1,2}, 赵亮^{1,2*}

1 西北农林科技大学, 生命科学学院, 杨凌, 712100

2 西北农林科技大学, 植物标本馆, 杨凌, 712100

蔷薇科 Rosaceae 植物具有重要的经济价值和观赏价值, 该科绝大多数植物都具有明显分化的萼片和花瓣。臭樱属和臀果木属植物却长期被描述为花被片不分化, 然而其花器官的发育过程仍不清楚。我们利用扫描电镜对臭樱 *Maddenia hypoleuca* 和臀果木 *Pygeum topengii* 的花器官发生发育过程进行了研究。结果表明, 二者的 10 枚花被片原基可以分为 5 枚宽阔的萼片原基和 5 枚圆球形的花瓣原基; 均具倒生双胚珠, 单珠被; 二者雄蕊原基多轮发生。臭樱的雄蕊为 23–30 枚, 雄蕊原基分三轮以 $10 + x + x$ 的模式发生; 心皮光滑, 胚珠具胎座附属物。臀果木的雄蕊为 30–40 枚, 由于花托密被毛, 雄蕊发生模式不明, 心皮基部也密被毛, 胚珠无附属结构。臭樱和臀果木的萼片和花瓣在后期由于趋同发育, 导致所有花被片的成熟形态极其相似。本研究证明了臭樱和臀果木的花被片实际上是分化的, 其成熟时的花瓣形态与其他李属植物不同可能与花瓣中 B 类基因的表达减少相关。我们讨论了花瓣的演化问题, 并支持将臭樱属 *Maddenia* 和臀果木属 *Pygeum* 囊括于广义李属 *Prunus* L. 中。

地榆属（蔷薇科）花发育形态学研究

王俊茹^{1,2}, 赵亮^{1,2*}

西北农林科技大学, 生命科学学院, 杨凌, 712100;

2. 西北农林科技大学标本馆, 杨凌, 712100

蔷薇科植物的花常具有五枚萼片和五枚花瓣。地榆族地榆亚族植物的花小且无花瓣, 花为三基数或四基数, 常风媒传粉。相比于蔷薇科的其他类群, 地榆亚族的花器官发育形态学研究较为匮乏。本文利用扫描电子显微镜, 观察了地榆属 *Sanguisorba* 中小白花地榆 *S. tenuifolia* var. *alba*、地榆 *S. officinalis* 和 *S. hakusanensis* 花序和花的发育过程。结果表明, 三个物种中的穗状花序均由大量无柄小花组成, 小花由花序基部向顶部发生, 但小白花地榆和地榆的小花的成熟顺序为由顶部向基部, 而 *S. hakusanensis* 则由基部向顶部成熟。花器官均向心发生, 4 枚花被片十字交叉发生。*S. tenuifolia* var. *alba* 和 *S. officinalis* 的 4 枚雄蕊十字交叉发生、并与花被片对生, 在发育过程中逐渐呈一轮排列, 而 *S. hakusanensis* 在第一轮雄蕊发育后产生第二轮雄蕊。花发育过程中没有观察到花瓣原基的发生。一枚心皮最后发生, 并随被丝托的形成而凹陷, 被丝托喉部收紧并形成盘状结构; 花柱从盘状结构的中央伸出。心皮内具胚珠一枚, 半倒生, 单珠被, 无附属物。地榆属植物花序和花发育形态学特征显示出较丰富的多样性, 增加了我们对蔷薇科植物物种分化和传粉式样的理解。

南京花的发现及其对植物系统学的启示

王鑫^{1*}

1 中国科学院南京地质古生物研究所, 南京, 210008

*通讯作者 E-mail: xinwang@nigpas.ac.cn

按照 Arber 和 Parkin 1907 年提出的假说, 原始的被子植物应该是和现代的本木类似。虽然按照该假说中, 木兰类心皮是由现在知道其实根本就不存在的所谓边缘上长胚珠的大孢子叶演化而来的, 但是当 APG 系统出现以后情况变得更加糟糕了: 关于最为原始的无油樟的心皮的来源干脆连一个像样的解释都没了! 很多古植物学家宁愿相信被子植物只在白垩纪才开始出现。但是这种说法正面临着不断增加的化石证据的冲击。南京花是在对二百多块化石的观察的基础上建立的。南京花的诸多特征(包括花萼、花瓣、树状花柱、下位子房、被包裹的胚珠)表明, 南京花虽然出现在 1.74 亿年前, 但却是一个货真价实的被子植物。很显然, 南京花的特征组合让很多植物演化理论家大跌眼镜。重新检视以前所谓的支持大孢子叶理论的证据发现, 实际情况远非这些理论家所声称的那样完美、无懈可击。虽然 Arber 和 Parkin 最初说他们的假说是借助于古植物学上关于两性本内苏铁的重要发现, 但是 Parkin 1925 年承认化石证据并不支持他们的理论, 但是他还坚称自己的理论是合理的。Canright 1960 年通过对木兰科的心皮和果实的研究为大孢子叶理论提供了重要的支持, 但是现在重新检查发现 Canright 对仅有数据进行了修改、使得看起来是支持他的结论的。Dilcher 和 Crane 1984 年发表的重要化石古花 *Archaeanthus* 当时是被认为为大孢子叶理论提供了重要的支持(对折心皮、腹面着生的种子和木兰类一样), 但是实际上至少有些种子是着生在果实的背面的。类似的错误解读后来再次发生在古果 *Archaeofructus* 身上: 轮生的果实被解读成螺旋排列的、背面着生的种子被解读成腹面着生的。关于 *Monetianthus*, 虽然作者声称其胚珠具有两层珠被, 但是这个说法即使按照他们自己的说法也都只能算是无稽之谈。随着这似乎是支持大孢子叶理论的证据的消失, 人们逐渐认识到这个所谓的大孢子叶理论其实是一个持续了一百多年的大骗局! 无数植物学家被忽悠了, 甚至至死都没意识到自己在骗局中扮演的角色。近来对木兰科植物的心皮的研究表明, 其实所谓的心皮是由长胚珠的枝及其下面的叶子共同组成的复合器官。木兰科如此, 无油樟亦然。现在看来, 被子植物在种子植物中并没有什么太特殊的、不是石头缝里蹦出来的怪物。统观整个陆地植物的演化历史, 所有的生殖器官, 要么是枝构成的, 要么是枝叶组成的复合体。

Reconstructing the phylogenetic history of the pteridophyte flora of Kenya

Hong Mei Liu¹, Tao Wan², Harald Schneider³

1 Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Menglun, Yunnan 666303, China

2 Shenzhen Key Laboratory of Southern Subtropical Plant Diversity, Fairylake Botanical Garden, Shenzhen and Chinese Academy of Sciences, Shenzhen 518004, China

3 Centre for Integrative Conservation, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Menglun, Yunnan 666303, China

Compared to the Greater Cape Region and Madagascar, relatively little attention was given to the plant of the Eastern Afromontane Biodiversity hotspot (EAB) except the sky-islands formed by volcanic activity. Here, we explore the phylogenetic-spatial history of the fern and lycophyte diversity of this biodiversity hotspot with special emphasis on the flora of Kenya. To assess alternative hypotheses we aim to establish a spatial-temporal model that is based on existing observations of the spatial structuring of the pteridophyte floras of Afromadagascar that incorporates both geological and climatic evidence. By reconstructing the phylogenetic history of ferns and lycophytes occurring in this region, we aimed to test the fitting of three hypotheses. The first hypothesis—arguably the 0-hypothesis—the EAB is considered as a sink of biodiversity with assembling via migration and local survival as the main process. The second hypothesis—local cradle of biodiversity—considers local adaptive radiations as a second major process, whereas the third hypothesis—global cradle of biodiversity—proposes the EAB as a cradle of not only local but also regional and global diversity. These hypotheses are discussed based on the phylogenetic history of pteridophyte lineages contributing different proportions to the EAB pteridophyte floras. Finally, we aim to establish a generalized hypothesis explaining the diversification of land plants in the EAB by comparing the results obtained for ferns and lycophytes with reports on selected lineages of angiosperms and bryophytes.

Phylogeny of *Spiraea* (Rosaceae) based on plastid and nuclear molecular data: implications for morphological character evolution and systematics

于胜祥

中国科学院植物研究所, 北京, 100093

Spiraea (Rosaceae) is a plant genus of great horticultural value, comprising 50-80 species distributed throughout the northern hemisphere, seemingly with particular affinity to eastern Asia. Phylogenetic relationships within the genus have not been well studied and patterns of evolution of morphological characters remain unclear. Here, we present the first comprehensive phylogenetic analysis of the genus based on one nuclear and two plastid markers. Phylogenetic analysis was done using maximum parsimony, maximum likelihood, and Bayesian inference on the plastid DNA sequences (2446 bp), composed of the contiguous *trnL-F* region and *matK*, the nuclear internal transcribed spacer (727 bp), and the concatenated datasets (3173 bp). Separate analyses of the plastid, nuclear and concatenated datasets yielded five well-supported major clades within *Spiraea* that also received high support from morphological characters. Our results suggest that reliance on a few morphological characters in past classifications failed to recover monophyletic infrageneric taxa. All previous sections are recognized as paraphyletic or polyphyletic except section *Spiraea* which is nested within section *Calospira*. Character evolution analyses indicate that the trait, inflorescence type, was over-emphasized in earlier taxonomic treatments, which artificially divided the genus into three groups. Our analyses indicate that characters such as leaf blade margin, development of reproductive shoots, and flower color are valuable for infrageneric classification, while others, such as number of bud scales, shape of branchlets, and leaf blade shapes are of limited value.

Phylogenetic positions of *Cyrtandromoea* and *Wightia* revisited: a new tribe in Phrymaceae and a new family in Lamiales

Bing Liu¹, Yun-Hong Tan², Su Liu³, Richard G. Olmstead⁴, Bo Li^{5*}

1 State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, P. R. China.

2 Center for Integrative Conservation, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla 666303, Yunnan, P. R. China.

3 Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai 201602, P. R. China.

4 Department of Biology and Burke Museum, University of Washington, Seattle, Washington 98195-5325, USA.

5 College of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, Jiangxi, P. R. China

*Corresponding Author: Tel:(+86)13732968608, Email: hanbolijx@163.com

The familial placement of *Cyrtandromoea* and *Wightia*, two small and enigmatic Southeast Asian genera, have long been controversial in Lamiales. Here we adopt a two-step approach to resolve their phylogenetic positions. We initially reconstructed a large-scale phylogeny of Lamiales using six plastid markers (*atpB*, *matK*, *ndhF*, *psbBTNH*, *rbcL*, and *rps4*). The results showed that both *Cyrtandromoea* and *Wightia* emerged in the LMPO clade, comprising of Lamiaceae, Mazaceae, Phrymaceae, Paulowniaceae, and Orobanchaceae. Based on a second set of six chloroplast markers (*atpB*, *matK*, *ndhF*, *rbcL*, *rps16*, and *trnL-F*) and two nuclear regions (ETS and ITS), the second analyses focusing on the LMPO clade revealed that *Cyrtandromoea* consistently nested within Phrymaceae, while *Wightia* was supported as sister to Phrymaceae by cpDNA data or sister to Paulowniaceae by nrDNA data. Morphological and anatomical evidence fully support the inclusion of *Cyrtandromoea* in Phrymaceae, and an updated tribal classification for Phrymaceae was proposed with five tribes recognized, viz., Cyrtandromoeae Bo Li, Bing Liu, Su Liu & Y. H. Tan, trib. nov., Diplaceae Bo Li, Bing Liu, Su Liu & Y. H. Tan, trib. nov., Leucocarpeae, Mimuleae, and Phrymeae. The conflicting phylogenetic position of *Wightia* indicated by different genome markers results in difficulty placing the genus in either Phrymaceae or Paulowniaceae. Considering the distinct differences among *Wightia* and other families in the LMPO clade, we here propose a new family, Wightiaceae Bo Li, Bing Liu, Su Liu & Y. H. Tan, fam. nov., to accommodate it. It is the 26th family recognized in Lamiales, the third largest orders in flowering plants.

Different species or genetically divergent populations? Integrative species delimitation of the *Primulina hochiensis* complex from isolated karst habitats

Lihua Yang^{1,3,a}, Hanghui Kong^{1,a}, Jen-Pan Huang², Ming Kang^{1,*}

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

2 Integrative Research Center, The Field Museum, Chicago, IL 60605-2496, USA

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

*Corresponding Author: Tel: +86-20-37082193; E-mail: mingkang@scbg.ac.cn

a These authors contributed equally.

To consistently and objectively delineate species-level divergence from population subdivision has been a challenge in systematics. This is particularly evident in naturally fragmented and allopatric systems in which small population size often leads to extreme population structuring. Here we evaluated the robustness of the species delimitation methods implemented in BEAST, BPP, and iBPP in the *Primulina hochiensis* complex comprising four described and one candidate species (five taxa in total) distributed in karst landscapes of southern China. We analyzed levels of molecular and morphological divergence among species using multilocus sequence data (nine chloroplast loci and 10 nuclear loci), and morphological data (16 quantitative and 12 qualitative traits), for 124 individuals from 25 populations of the complex. Independent analyses of cpDNA and nDNA sequence data revealed high levels of genetic differentiation among the five taxa. Both BPP and iBPP delimited five candidate species, which correspond to the five genetic clusters recovered with population structure analysis. In contrast, morphological differences among populations were more limited, so that results from principal component analysis (PCA) recovered only three distinct clusters. We ruled out the possibility of morphologically cryptic species because reciprocally monophyletic groups were not supported among the morphologically un-differentiated taxa. Our results represent a case where extreme population genetic structuring leads to oversplit of species diversity by molecular data using the multispecies coalescent (MSC) methods. The observed congruence across multiple analyses corroborates the recognition of a new species *P. lianpingensis* and indicates its sister species relationship with *P. yingdeensis*. This study highlights the dangers of violating model assumption and the importance of incorporating multiple evidence into species delimitation of a particular system.

广义银莲花属的时空格局与全球高山植物区系的兴起

向坤莉* 王伟

中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京 100093

*通讯作者: 向坤莉 Email: kunlixiang@ibcas.ac.cn

高山植物区系孕育了丰富的生物多样性和较高的特有性。随着全球气候变暖, 很多物种向高纬度或高海拔地区迁移。高山由于受空间局限是受全球气候变暖影响最大的区域, 但高山植物区系在全球尺度上是何时兴起的尚不清楚。广义银莲花属 (*Anemone* s.l.) 包括 200 余种, 既有分布低海拔的物种, 也有分布高山的物种, 且在每个大陆的高山上均有分布。因此, 它为我们研究高山植物区系的进化提供了一个很好的机会。我们选取了 178 个物种, 利用 4 个叶绿体(*atpB-rbcL*、*trnL-F*、*matK* 和 *rbcL*) 和 1 个核 (ITS) 的 DNA 序列为广义银莲花属重建了置信度较高的系统发育树。广义银莲花属包括三个支系: 獐耳细辛属 (*Hepatica*)、*Anemonastrum* 和狭义银莲花属 (*Anemone* s.s.), 其中獐耳细辛属和 *Anemonastrum* 聚为一支, 而狭义银莲花属与铁线莲属 (*Clematis*) 和罂粟莲花属 (*Anemoclema*) 形成一个单系群。整合系统发育、时间分化、生境演化和生物地理分析, 我们发现广义银莲花属约在 31 Ma 起源于东亚, 并分化成三个支系。獐耳细辛属于中新世末在欧洲和北美分化, 随后又从北美迁移到东亚和北亚; *Anemonastrum* 于早中新世在东亚分化, 在中新世中期扩张到青藏高原、北亚、北美和南美; 狭义银莲花属于早中新世在东亚分化, 随后扩展到其他地区。广义银莲花属的最近共同祖先栖息于非高山的生境中, 自中新世中期以来, 至少发生了 35 次从非高山生境到高山生境的扩张: 东亚 5 次, 青藏高原 5 次, 北亚 7 次、欧洲 6 次、北美 5 次、南美 4 次、澳洲 1 次、非洲 2 次等。我们的研究表明全球高山植物区系自中新世中期开始兴起, 这与该时期世界造山运动剧烈以及全球气候变冷相关。

真蕨类植物起源与适应性演化—谱系年代学方法

李春香

中国科学院南京地质古生物研究所, cxli@nigpas.ac.cn

本文运用谱系年代学方法探讨了肿足蕨属 *Hypodematium* Kunze (肿足蕨科 Hypodematiaceae)、石韦属 *Pyrrosia* Mirbel (水龙骨科 Polypodiaceae) 和小叶海金沙 *Lygodium microphyllum* (Cavanilles) R. Brown (Lygodiaceae 海金沙科) 的起源与适应性演化。一, 肿足蕨属植物起源于富钙沉积的白垩纪, 现存的肿足蕨属植物依然只分布于富钙的石灰岩地区, 依然不能改变其对高钙的生长环境的依赖, 或者说肿足蕨属植物依然保留对高钙环境的适应性。二, 青藏高原快速隆升造成的地理和生态隔离促进了物种多样性分化和成种在肿足蕨属和石韦属中均有表现。三, 小叶海金沙种内叶绿体基因组 *trnL+trnF-L* 区存在较高的遗传变异, 系统发育分析的结果支持来自非洲的分类群单独为一分支, 位于系统树的基部。谱系年代学分析结果显示来自非洲的分类群由于地理隔离而在晚中新世形成隐种。

Floristic composition and endemism pattern of seed plants in Ethiopia and Eritrea

Shengwei Wang^{1,2,§}, Biyansa H. Boru^{1,2,§}, Antony W. Njogu^{1,2}, Anne C. Ochola^{1,2},
Guangwan Hu^{1,3}, Yadong Zhou^{1,3,*}, Qingfeng Wang^{1,3}

¹ Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, Hubei, 430074, PR China

² University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, PR China

³ Sino-Africa Joint Research Center, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, Hubei, 430074, PR China

[§] These authors contributed equally to this work

* Corresponding authors: Yadong Zhou (zhouyd@wbcas.cn)

Traditional attempts to delineate floristic regions typically based on the qualitative analysis of species distribution, often ignoring the phylogenetic relationship among their taxa have been frequently employed. Ethiopia and Eritrea are among the horn of Africa, known as one of the biodiversity hotspots. Here, we quantitatively classified the flora of Ethiopia and Eritrea into meaningful geographical units by analyzing the taxonomic and phylogenetic β -diversity at genera, total species and endemic species levels at a scale of $0.5^\circ \times 0.5^\circ$ grid cells. Hierarchical clustering was used to quantitatively delimitate the flora and ANOSIM was used to test the significant difference between the derived groups in taxonomic composition and phylogenetic relatedness. In total, two floristic sub-provinces, five floristic districts and thirteen floristic sub-districts, as well as three centers of species endemism associated with three floristic sub-districts were identified. Our results also showed that the species diversity, endemism and turnover of the highlands in Ethiopia and Eritrea were much higher than the lowlands, so that the floristic differences may closely relate to the topography especially the East African Rift. In this study, we provided a scientific framework for the composition and relationships of the floristic units in the horn of Africa, and similarly provided a scientific basis for a better conservation of the diversity in this region.

菊科帚菊属灌木类群的分类学研究

张彩飞^{1, 2} 李良千¹ 高天刚^{1*}

¹ 中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京, 100093

² 中国科学院武汉植物园, 武汉, 430074

帚菊属 (*Pertya*) 是菊科帚菊亚科 (Asteraceae: Pertyoideae) 中的一个以灌木和亚灌木为主的属, 约 30 个种, 以我国为分布中心。该属灌木类群具有复杂的枝条生长式样, 但由于之前的分类多依赖于标本馆标本而对植株整个生长阶段的形态变异式样不清楚, 造成了该类群中存在许多分类问题。我们进行了详尽的野外观察、分子系统学研究和性状统计分析, 修订了该群。我们的结果表明帚菊属灌木类群包含了在形态、地理分布上独特的 3 个分支。第一支为分布于横断山区干热河谷的卷叶组 (Sect. *Phylicoides*), 分布集中而且几乎连续, 原承认 3 种, 我们归并了 1 种并发表 1 新种。该组的分类学问题主要由植株在不同生长阶段形态变异复杂所引起的, 我们在连续野外观察后, 这一问题迎刃而解。最广布的针叶帚菊种下变异丰富, 但统计表明其形态性状的变异基本上是连续的, 并没有明显的地理变异式样, 尽管偶有个别孤立小群体形态稍特别, 因此不再划分种下类群。第二支为西北-华北半干旱地区、阿富汗-巴基斯坦接壤地区分布的华帚菊组 (Sect. *Sinenses*), 分布范围广而分散, 原承认 7 种 1 变种, 现承认 4 种 3 亚种, 其中归并 2 种 1 变种, 将 1 种降级为 1 亚种, 新亚种 1 个, 将 1 异种名恢复并降级为亚种。该组的分类学问题主要由群体内个体间及个体内的复杂变异所引起的。此外, 统计分析表明国内分布的 3 个种均呈现出明显的与地理分布相关的变异式样, 因此在这 3 个种下划分了亚种。第三支仅包含巫山帚菊一个种, 为三峡地区特有。该种原仅描述了花后期的植株形态, 我们补充描述了该种其他多个生长年份的植株形态, 并因此高度支持该种独特的系统位置并将该种从卷叶组移出并成立一个新组——巫山帚菊组 (Sect. *Tsoongianae*)。经过修订, 帚菊属灌木类群由 11 种 1 变种变为 8 种 3 亚种。

中国西北干旱区裸果木的遗传结构及其进化史

杨赵平^{1,2} 曹亚男¹ 张云燕¹ 邱英雄^{1*} 傅承新^{1*}

1. 浙江大学生命科学学院系统进化植物学与生物多样性实验室, 浙江杭州, 310058

2. 塔里木大学生命科学学院, 新疆阿拉尔, 843300

裸果木是我国干旱区的一种典型荒漠植物, 中国野生植物保护名录(第二批, 草稿)将其列入珍稀濒危植物, 保护等级为 1 级。然而, 裸果木的种群进化和近期的动态仍然不清。本研究利用已开发的 24 对转录组微卫星引物分析我国西北干旱区裸果木 24 个种群的遗传多样性和进化史, 并利用生态位模型模拟裸果木在不同历史时期的可能分布区。首先, 通过中性位点检测排除了 4 对受选择的微卫星位点, 用 20 对中性位点分析裸果木的遗传多样性、遗传结构和种群动态。24 个种群的遗传多样性($H_e = 0.440$)比同域的灌木稍高, 明显低于乔木树种胡杨及非荒漠区的植物, 17 个种群具有较高的自交率。STRUCTURE 和 PCoA 的聚类分析及 UPGMA 树都显示裸果木的 24 个种群聚类为 2 个清晰的谱系(组东和组西), 组西由塔里木盆地西北部的 8 个种群所构成, 组东由新疆哈密盆地、甘肃河西走廊、宁夏中卫和内蒙乌拉特后旗的 16 个种群所构成。组东的遗传多样性显著高于组西的遗传多样性, 遗传距离与地理距离显著相关($R^2 = 0.5405$, $P < 0.001$)。Migrate 运算的历史基因流和 BayesASS 运算得到的当代基因流都很低, 说明裸果木的生境片段化具较长历史。利用 DIY-ABC 软件的近似贝叶斯运算清晰地支持组东起源于组西, 东西谱系在 1.16 万年前分化。生态位的模型模拟表明裸果木的分布区在末次间冰期分布最广, 末次盛冰期明显收缩, 末次盛冰期到当代分布区略有扩张。历史时期塔里木盆地的西北部有若干条古河流入塔里木河, 再流入罗布泊, 罗布泊分布面积最广时, 东达哈密, 南达瓜州和敦煌, 西达叶城。另一方面, 裸果木的种子成熟时, 宿存的膜质苞片和萼片利于其种子的水媒传播。因此, 本研究推测裸果木在历史时期经塔里木河和罗布泊将西部的种群传播到东部的分布区, 末次盛冰期造成了裸果木显著的谱系分化, 近期气候变暖将进一步加深裸果木的种群分化。

结合谱系地理学与景观遗传学研究探讨短花针茅 (*Stipa breviflora*)

遗传多样性形成及维持机制

任婧¹ 闫冬卿¹ 牛建明^{1*}

¹ 内蒙古大学生态与环境学院草地生态学重点实验室, 呼和浩特 010000

种内遗传多样性是物种进化潜力和适应环境改变能力的基础。历史的气候波动和现代的景观格局共同影响了当代遗传多样性的形成和及其分布格局。通过整合谱系地理学和景观遗传学, 将不同时空尺度下发生的群体分化、适应、遗传多样性格局与过程有机地结合在一起, 阐明物种遗传多样性的演变机理, 并为生物多样性保护提供科学依据。短花针茅, 多年生草本植物, 是荒漠草原的建群种, 研究它的群体进化历史和遗传分化原因对于揭示荒漠草原的发生和进化过程具有重要意义。本研究利用二个叶绿体片段 *psbA-trnH*, *trnL-trnF* 和 14 个 EST-SSR 对 27 个短花针茅群体 (共 810 个个体) 进行了谱系地理、遗传多样性和遗传结构的分析, 并确定了地理距离和环境距离对遗传分化的影响。研究结果表明短花针茅的遗传多样性由分布中心逐渐向分布的边缘地区递减, 符合中心——边缘假说。短花针茅起源于贺兰山东部和青藏高原的东北部地区, 青藏高原的第二次隆升和西北地区的干旱化促进了短花针茅的谱系分化, 而季风造成的黄土沉积为短花针茅群体的扩张提供了有利生境。短花针茅复杂的群体动态历史证实了古气候地质变化对荒漠草原草本植物谱系结构的影响, 进而反应了荒漠草原的发生和扩张。短花针茅群体整体分为东部, 中部和西南三个遗传分组, 昆仑山, 天山和极端干旱的沙漠地带形成的地理障碍阻碍了群体间的基因交流, 而且地理距离在短花针茅的遗传分化的过程中起着十分的作用。本研究通过论证古代气候波动, 地理距离和环境距离对短花针茅群体现代遗传变异空间分布的影响, 阐明了其遗传多样性的形成及维持机制。

Differential quaternary dynamics of evergreen broadleaved forests in subtropical China revealed by phylogeography of *Lindera aggregata* (Lauraceae)

Jun-Wei Ye^{1, 2}, Arndt Hampe³, De-Zhu Li^{1, *}

1. Germplasm Bank of Wild Species, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming, Yunnan, China

2. Natural History Research Centre of Shanghai Natural History Museum, Shanghai Science & Technology Museum, Shanghai, China

3. BioGeCo, INRA, University of Bordeaux, Cestas, France

*Corresponding author: D-Z L, dzl@mail.kib.ac.cn

Palaeo-biome reconstructions have inferred that the subtropical evergreen broadleaved forests (EBLFs) in East Asia contracted to a narrow belt south of 24°N during the Last Glacial Maximum (LGM), whereas various phylogeographical studies of subtropical plants have inferred glacial refugia north of this area. Here, we aim to elucidate the historical dynamics of EBLFs during the Quaternary, using *Lindera aggregata* as a model. Phylogeographic history of *L. aggregata* were investigated based on 19 sampled populations using four chloroplast DNA (cpDNA) fragments, 15 low-copy nuclear genes (LCGs) and ecological niche modelling. We observed a shallow and star-like cpDNA network with one dominant haplotype. The time to the most recent common ancestor (TMRCA) was estimated to be 1.78 Myr by secondary calibrations using four calibration points. The LCGs revealed three distinct genetic clusters that reflected contrasting historical population dynamics. The most ancient cluster was located south of the Nanling and Wuyi Mountain belts and experienced long-term in-situ persistence. The area further north was occupied by two disjunct clusters that dated back to the LGM and showed signatures of a rapid northward expansion. We detected pollen-mediated secondary admixture between all three clusters including somewhat preferential southward gene flow. Our study fully supports and further refines the emerging view that many EBLF taxa could maintain populations in southern subtropical China during the LGM but not further north. The evidence suggests a marked latitudinal gradient in the historical conservation and postglacial re-establishment of EBLFs, which would have benefitted from local sources in the south while depending more strongly on long-distance colonisation further north.

山茱萸目叶绿体系统发育基因组学及生物地理学研究

付超男, 莫智琼, 杨俊波, 葛学军, 李德铎, 向秋云, 高连明

中国科学院昆明植物研究所, 昆明, 650201

山茱萸目是菊分支的基部类群, 这个目相对较小, 包括 10 科 42 属约 605 种, 但形态多样性很高。以前的研究认为, 该目可能在白垩纪经历了快速辐射演化。本研究基于 81 个叶绿体基因组, 包括 67 个新测序个体, 利用系统发育基因组学方法来验证这一假说。我们检测了不同的序列编码方式如密码子位置, 氨基酸序列和核苷酸序列, 兼并核苷酸序列对系统发育分析结果的影响。基于可信的系统发育结果, 我们推断了山茱萸目的分化时间和生物地理, 从而了解山茱萸目在空间和时间上的早期演化历史。基于 79 个叶绿体蛋白质编码基因的氨基酸序列, 核苷酸 1, 2 位密码子, 和兼并核苷酸序列, 利用最大似然法和贝叶斯法, 我们得到了可信的结果。支持 ((Cornaceae-Alangiaceae)-(Curtisiaceae-Grubbiaceae))-(((Nyssaceae-Davidiaceae)-Mastixiaceae)-((Hydrostachyaceae-(Hydrangeaceae-Loasaceae))))这一关系。除了科间关系得到很好的解决, 山茱萸目各科内已获取物种的系统关系也得到了很好的解决。但是水穗草科 Hydrostachyaceae 的位置在不同的分析方法中有所冲突。基于三位密码子和非编码区序列, 水穗草科与刺莲花科 Loasaceae 聚在一起, 但是支持率不高。本研究支持山茱萸目起源于中白垩纪的北半球区域, 并且在 10My 中快速辐射演化形成 5 个主要分支。此后, 多样化速率在非洲分支 Curtisiaceae-Grubbiaceae 中迅速下降, 而在 Hydrangeaceae-Loasaceae-Hydrostachyaceae 分支中迅速上升, 然后在 *Fendlera-Jamesia* 分支中下降, 在 *Philadelphus* 分支中上升。生态, 形态和地理迁移可能促进了山茱萸目的早期分化。

普通油茶野生居群遗传分化的地理格局及近缘种系统发育关系

秦声远 崔相艳 赵耀 邹玉璟 陈凯 戎俊*

南昌大学生命科学研究院流域生态研究所, 南昌 330031

*通讯作者: E-mail: rong_jun@hotmail.com

普通油茶 (*Camellia oleifera*) 是重要的木本油料作物, 其栽培面积和年产油量均居我国木本油料作物首位。油茶籽油的单不饱和脂肪酸——油酸含量高达 80% 以上, 被誉为“东方橄榄油”, 是一种优质健康的食用植物油。大力发展油茶等木本油料作物生产, 可以提高我国食用植物油特别是优质健康食用植物油的供给, 有助于贫困山区的农民脱贫致富, 具有重要的战略意义。普通油茶野生近缘种是宝贵的遗传资源, 但是普通油茶野生居群遗传分化的地理格局及近缘种系统发育关系仍不清楚, 限制了普通油茶野生近缘种遗传资源的有效挖掘与利用。

本研究基于生态位模型预测了野生普通油茶的潜在分布, 对普通油茶野生居群进行了调查; 开发了基于高通量测序的多倍体微卫星基因分型技术, 对六倍体普通油茶进行了准确基因分型; 基于 35 对微卫星分子标记, 分析了 17 个普通油茶野生居群及 65 份主要栽培普通油茶品种的遗传多样性及遗传结构; 对野生普通油茶籽脂肪酸组成等关键化学成分进行了分析; 基于比较转录组分析, 筛选了 450 个直系同源基因, 对山茶属油茶组、短柱茶组、红山茶组和茶组的 22 个物种进行了系统发育分析; 分析了普通油茶及其野生近缘种的地理分布格局与物种多样性。

研究发现, 普通油茶野生居群间存在明显的遗传结构。庐山、越城岭猫儿山野生居群与其他野生居群间有明显的遗传分化。我国东部与西部的野生居群间存在明显遗传分化。野生居群间遗传多样性相近, 没有呈现从南向北的下降趋势。主要栽培普通油茶品种的遗传背景与东部的野生居群相似, 推测可能主要选育自东部的野生居群。野生油茶籽的含油量与纬度呈显著负相关, 多不饱和脂肪酸含量、维生素 E 和茶皂素含量与纬度呈显著正相关。

结果显示, 油茶组物种聚成单独的分支 (包括狭叶油茶、小果油茶、普通油茶、越南油茶、高州油茶和茶梅), 可以独立成组, 部分短柱茶组物种可以归并入油茶组 (包括窄叶短柱茶、落瓣短柱茶、短柱茶); 其余短柱茶组物种不能聚成单独的分支, 不能独立成组, 部分物种 (冬红短柱茶、小果短柱茶) 与红山茶组物种聚在一起。普通油茶近缘种物种多样性较高的区域是南岭山脉、苗岭山脉、武陵山脉、武夷山脉等区域, 这也是野生普通油茶潜在的高适生区, 可能是普通油茶及其野生近缘种潜在的种间杂交带, 可能蕴含丰富的遗传多样性。

本研究为普通油茶野生近缘种的有效挖掘与利用提供了科学依据。

基于细胞器基因组的淡水红藻不同谱系的起源和进化历史研究

南芳茹

山西大学 太原 030006

采集淡水红藻不同谱系的代表类群，利用高通量测序方法，测得三株淡水红藻包括深紫美芒藻（弯枝藻）*Compsopogon caeruleus*、弧形串珠藻 *Batrachospermum arcuatum* 和棘刺红索藻 *Thorea hispida* 的完整叶绿体和线粒体基因组。结合数据库中已发表的细胞器基因组数据，对不同谱系的淡水红藻细胞器基因组特征进行了比较分析，同时基于各基因组中的同源序列对红藻系统发育关系进行重建。

结果显示在所有已发表的多细胞红藻基因组中，淡水深紫美芒藻（弯枝藻）*C. caeruleus* 拥有最大的叶绿体基因组，其中内含子分布广泛。除过该种外，随着谱系进化的发生，红藻细胞器基因组的大小和 GC 含量均显示先扩大后缩小的变化过程。基于细胞器基因组大小、GC 含量、系统发育分析和分歧时间的估算结果，淡水红藻不同谱系具有不同的起源，其中淡水种类深紫美芒藻（弯枝藻）*C. caeruleus* 和河生胭脂藻 *Hildenbrandia rivularis* 均起源于内陆水体并在其中独立演化，而其它淡水种暗紫红毛菜 *Bangia atropurpurea*、弧形串珠藻 *Batrachospermum arcuatum* 和棘刺红索藻 *Thorea hispida* 是从海洋近缘种入侵内陆水体演化而来。淡水红藻典型代表种类串珠藻目 *Batrachospermales* 和红索藻目 *Thoreales* 约在 415-484 百万年前从海洋近缘种掌状红藻 *Palmaria palmata* 发展而来，后期经过独立演化在叶绿体结构上发生了部分区域的重排，而线粒体基因组结构则相对保守。随着更广泛的样本采集和更多的细胞器基因组测序得以完成，淡水红藻的起源和系统演化历史会更加明确。

两种青藏高原特有红景天属物种的比较谱系地理学研究

王子猛

北京大学生命科学学院, 北京 100871

对于青藏高原物种的谱系地理学研究发现, 有些物种冰期时在青藏高原内部避难, 而另一些物种在青藏高原边缘避难并于冰期后回迁至台面上。造成不同物种演化历史差异的原因尚不明确。为了探究不同的生境是否会导致不同的冰期演化历史, 我们选择了青藏高原南部特有的两种红景天属植物 (四轮红景天 *Rhodiola prainii* 和托花红景天 *R. stapfii*) 进行比较谱系地理学研究。它们的分布模式相似, 均为青藏高原南缘与台面内部间断分布; 但是生境不同, 其中四轮红景天分布于石壁、流石滩或林下碎石上, 而托花红景天分布在高寒草甸上。

本研究收集了两个物种共计 19 个居群的样本。通过综合 6 个叶绿体片段、核糖体内转录间隔区 (ITS) 序列和 13 对核基因组 SSR 位点的信息, 我们发现四轮红景天南缘居群与内部居群存在着较大的遗传间断; 台面内部的四轮红景天居群末次冰盛期于雅鲁藏布江中游河谷避难, 并在冰期后向周围扩张, 但是无法到达青藏高原南缘。托花红景天不同居群间没有明显的遗传分化; 托花红景天末次冰盛期于雅鲁藏布江中游河谷或东喜马拉雅地区河谷避难, 冰期后扩张并向西南方向迁移至青藏高原南缘。

通过比较四轮红景天与托花红景天不同的演化历史, 我们发现: 1, 两者末次冰期时避难所的选择相似, 这可能反应了共同的气候变化及地形的影响; 2, 两者冰期后迁移历史不同, 导致了现今不同的遗传格局, 这可能是不同的生境导致的。

多重测序深度解决碗蕨科植物的系统分类

严岳鸿

中科院上海辰山植物科学研究中心, 上海, 201602

碗蕨科植物是世界上分布最为广泛的植物类群之一, 系统位置不定、物种辨别困难。在科属分类单元中, 研究人员通过大尺度的转录组测序, 利用系统基因组学的方法解决了碗蕨科的系统位置, 并重新界定了碗蕨科的内部系统发育结构; 在物种分类单元中, 研究人员采用一代测序手段, 重建了碗蕨科姬蕨属、鳞盖蕨属的系统发育关系, 并结合形态特征, 重建了各类群的性状演化关系; 在种间自然杂交关系上, 研究人员通过简化基因组测序, 确定了碗蕨科鳞盖蕨属内自然杂交起源方式。研究结果表明: (1) 碗蕨科而不是凤尾蕨科和真水龙骨具有更为紧密的起源关系; (2) 碗蕨科内部可分为稀子蕨亚科、蕨亚科和碗蕨亚科等三个亚科; (3) 重建世界姬蕨属的系统发育关系, 发现刺姬蕨不是姬蕨属成员, 应单独发表新属; (4) 重建了世界鳞盖蕨属的系统发育关系, 发现台湾碗蕨不是碗蕨属而是鳞盖蕨属成员, 碗蕨属与鳞盖蕨属的形态差异应重新界定; 过去被归并的瑶山鳞盖蕨、罗浮鳞盖蕨等大量物种应恢复原有的物种分类地位; (5) 简化基因组学证据显示, 岭南鳞盖蕨是边缘鳞盖蕨与华南鳞盖蕨的自然杂交后代。

基于叶绿体基因组重建苔类植物重要支系间的系统发育关系

俞英¹, 杨俊波², 马文章³, Silvia Pressel⁴, 吴玉环¹, Harald Schneider⁵

1 生命与环境科学学院, 杭州师范大学, 杭州下沙学林街 16 号, 311121

2 西南野生生物种质资源库植物种质资源库, 中国科学院昆明植物研究所昆明植物研究所, 昆明黑龙潭 132 号, 650201

3 东亚植物多样性与生物地理学重点实验室, 中国科学院昆明植物研究所昆明植物研究所, 昆明黑龙潭 132 号, 650201

4 生命科学部, 英国自然历史博物馆, 英国伦敦, SW7 5BD

5 综合保护中心, 中国科学院西双版纳热带植物园, 西双版纳勐腊, 666303

苔类植物, 全球分布约 7,000 种, 是早期陆生植物的重要代表之一。构建苔类植物的系统发育关系无疑是研究陆生植物多样性动态演化的重要研究内容之一。不仅如此, 对苔类植物的研究也将为了解陆生生态系统中植物的成功繁衍、扩张和分化提供新的认识和见解。尽管如此, 在当前的苔类植物系统框架中, 仍有部分系统关系存在较大争议, 如 Ptilidiales 的系统地位。本研究中, 我们对来自苔类植物 3 纲 12 目 30 科的 32 个分子样本进行了首次二代测序。结合已发表的三个苔类植物的叶绿体基因组, 基于 83 个叶绿体蛋白编码基因及最大似然法和贝叶斯法, 重建了苔类植物的系统发育框架。同时为研究核苷酸组成异质性的影响, 也对氨基酸序列矩阵 (通过翻译) 和模糊编码的核苷酸序列矩阵进行了系统发育分析。研究表明苔类植物三大纲都为单系起源类群, 支持近期发表的大部分的苔类植物分子系统关系, 且认为 Ptilidiales 和 Jungermanniales 是姐妹支系关系。研究进一步探讨了苔类植物中叶绿体基因组进化速率的可能影响机制, 并建议在今后的系统发育关系研究中, 采用合理的进化模型或者分子矩阵以减少核苷酸组成的异质性是必要的。

横断山蝇子草属的细胞地理进化研究

孙文光^{1,2}, 胡仲萌^{1,2}, 底远哲^{1,2}, 王海霞^{1,2}, 胡晶晶^{1,2}, 饶培瑜^{1,2}, 李志敏^{1,2*}

1 云南师范大学, 生命科学学院; 2 云南师范大学, 生物能源持续开发利用教育部工程研究中心, 云南 昆明 650500

蝇子草属 (*Silene* L.) 隶属于石竹科, 全球约有 600 种, 中国有 110 种, 横断山地区有 49 种。国外对蝇子草属的细胞学研究历史较久, 已完成染色体计数的物种占有所有国外种类的 84.49%, 而国内则较为滞后, 仅有 11 个物种有报道, 而西南横断山地区的研究更亟待加强。本研究共开展了横断山蝇子草属及其近缘物种 20 种 29 居群植物的核型研究, 其中有 16 个种的核型为首次研究, 并发现部分种有居群内和居群间的倍性变化。属内染色体基数稳定, 都为 $x = 12$; 在此基础上, 根据蝇子草属的核型实验结果探讨了核型分化及其核型进化规律, 根据核型数据, 用 M_{CA} 与 CV_{CL} 和 THL 与 CV_{CI} 探讨了不对称性系数的相关性。结果发现, 蝇子草属及其近缘类群的 M_{CA} 与 CV_{CL} 没有明显的相关性, 而 THL 与 CV_{CI} 根据倍性有明显聚集。通过构建 ITS 时间树, 结合已知的物种单倍体染色体数据, 推演祖先物种的染色体进化关系, 以及预测未知物种的染色体数目。同时探究蝇子草属物种的细胞地理分布规律, 从多倍化水平在横断山区出现的频率检测了倍性变化规律。研究的所有横断山居群物种的二倍体占 34.48%, 多倍体的比例占到 65.52%, 其中四倍体占 37.93%, 六倍体占 27.59%, 蝇子草属物种整体呈现多倍化占主要倍性的现象。最后, 通过收集已有的全球蝇子草及其近缘物种的染色体报道, 结合分子系统框架, 构建了染色体进化树, 初步探讨该属的染色体进化与核型进化规律, 得出该属通过整倍性变化也是其核型进化的主要手段的结论。

东亚大百合属的亲缘地理学与群体遗传学研究

卢瑞森 陈阳 李攀 邱英雄*

浙江大学生命科学学院, 植物系统进化与生物多样性研究室, 杭州, 310058

中国-日本森林植物亚区拥有世界上最丰富的温带成分, 其物种多样性形成机制一直是生态与进化领域研究的热点问题。第四纪气候震荡、青藏高原隆升、以及海平面的升降导致的陆桥构造变化对该地区的物种分化以及在地区间的迁移与杂交渐渗产生了重要影响。大百合属 *Cardiocrinum* (Liliaceae) 间断分布于中国喜马拉雅至日本北海道, 仅包含三个多年生草本种, 其中大百合 (*C. giganteum*) 主要分布在喜马拉雅至华中地区, 荞麦叶大百合 (*C. cathayanum*) 分布于华中及华东地区, 日本大百合 (*C. cordatum*) 分布在日本列岛。因此, 基于广泛的类群采样, 对该类群进行系统发育基因组学、群体遗传学以及物种分化历史分析, 对理解东亚地区物种分化、植物多样性形成机制具有重要指导意义。

本研究中, 我们首先对大百合属 24 个个体进行了简化基因组 (RAD-seq) 测序, 并通过 ipyrad 软件筛选了 3,750 个非连锁 SNP 用于系统发育分析, 结果显示, 大百合、荞麦叶大百合、日本大百合各自聚为一枝, 支持了独立种的地位, 日本大百合和荞麦叶大百合为姐妹类群。此外, 基于 19 个微卫星标记的群体遗传学分析表明大百合的遗传多样性最高 (e.g. $H_S = 0.505$)。STRUCTURE 和 DAPC 分析将大百合属分为 3 个组, 也支持了该属 3 个种的分类学地位。历史基因流分析表明荞麦叶大百合与大百合, 荞麦叶大百合与日本大百合之间均存在双向基因流; 而物种间的当代基因流十分有限。基于 SSR 和 RAD 数据的 DIY-ABC 分析都支持了青藏高原的隆升造成了大百合属的异域分化, 而东海陆桥的连接促进了荞麦叶大百合与日本大百合之间的次生接触。

龙胆属多枝组的物种分化

付鹏程 孙姗姗

洛阳师范学院 生命科学学院 洛阳 471022

龙胆属 (*Gentiana* L.) 广布于全世界温带地区的高山地带, 以中国-喜马拉雅地区为分布中心和分化中心。龙胆属多枝组 (Sect. *Kudoa*) 植物是常用的藏药, 也可作为优良的庭园观赏植物。多枝组是近期分化的类群, 其系统分类、物种分化等进化问题尚不清楚。因此, 我们在多枝组开展了如下工作 (1) 基于多枝组 8 个物种的叶绿体全基因组序列构建系统发育树, 发现多枝组并不是单系群, 密叶系与多枝组其余两个系 (华丽系和轮叶系) 为并系类群, 且华丽系和轮叶系在系统发育树中无法分开。叶绿体全基因组结构比较发现, 华丽系和轮叶系的类群缺失了所有的 *ndh* 基因, 但密叶系中所有的 *ndh* 基因均存在。(2) 基于一个 *cpDNA* 片段和 12 对 *nSSR*, 对华丽系分布最广的两个种—线叶龙胆和蓝玉簪龙胆共 63 个居群进行了群体遗传结构、种群历史、遗传分化等分析。研究发现, 线叶龙胆在分布区域东南半边的种群与西北半边的种群存在明显的遗传分化。造成这一分布格局的原因主要在于, 线叶龙胆在青藏高原东南边缘和西北高原台面均存在冰期避难所, 冰期后的独立扩张形成了如今的分布格局。尽管蓝玉簪龙胆与线叶龙胆在叶绿体全基因组中差异甚小, 但两个物种的群体存在明显的遗传分化, 且种间存在大量的基因流。同时, 基于 *cpDNA* 片段和 *nSSR* 的群体遗传研究表明, 长萼龙胆与近缘种线叶龙胆并无遗传分化, 加之两者在形态上差异是连续的数量性状, 长萼龙胆作为变种更合适。(3) 基于一个 *cpDNA* 片段和 *ITS* 序列, 对密叶系的短柄龙胆和大花龙胆共 38 个居群进行了群体遗传结构、种群历史、遗传分化等分析。研究发现两个物种存在显著的遗传分化, 在 *cpDNA* 和 *ITS* 中均不存在共享单倍型。(4) 基于一个 *cpDNA* 片段对轮叶系 4 个物种 (六叶龙胆、三叶龙胆、四叶龙胆和五叶龙胆) 共 14 个居群进行了系统发育关系、群体遗传结构和遗传分化分析, 发现该类群的物种用叶绿体片段无法有效区分, 种间分化不明显。

The phylogeographic history of *Juglans* and phylogenomics of Juglandodeae

Peng Zhao^{1*}, Huijuan Zhou¹, Yiheng Hu¹, Meng Dang¹, Aziz Evrahimi¹, Xiaojia Feng¹, Yiwei Sun¹, Xiang Luo⁴, Saman Zulfiqar¹, Maria E. Malvolti⁵, Daniel Potter³, Keith Woeste²

1 Key Laboratory of Resource Biology and Biotechnology in Western China, Ministry of Education, College of Life Sciences, Northwest University, Xi'an, Shaanxi 710069, China

2 USDA Forest Service Hardwood Tree Improvement and Regeneration Center (HTIRC), Department of Forestry and Natural Resources, Purdue University, 715 West State Street, West Lafayette, Indiana, 47907, USA

3 Department of Plant Sciences, University of California, Davis, CA, 95616

4 Zhengzhou Fruit Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450009, China.

5 C.N.R. Institute of Agro-environmental and Forest Biology, viale Marconi 2, 05010, Porano, Terni, Italy.

* 通讯作者: Peng Zhao, E-mail: pengzhao@nwu.edu.cn

† This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 41471038; No. 31200500) and the Program for Excellent Young Academic Backbones funding by Northwest University

Genomic data are a powerful tool for elucidating the processes involved in the evolution and divergence of species. Phylogenetic relationships in the Juglandaceae are problematic, and their historical diversification has not been clarified, in part because of frequent hybridization. Based on analysis of six of the eight genera representing all clades of Juglandoideae and fifteen members of five families as outgroups, we analyzed plastomes attempt to reconstruct deep relationships and reveal temporal diversification of this family. Our results identified and characterized the genetic variation in plastomes of the Juglandoidea, including pseudogenes and divergence hotspots. Six clades representing genera were strongly supported as monophyletic, and their deep relationships were fully resolved at all nodes. Juglandaceae were estimated to have originated during the late Cretaceous, while Juglandoideae were estimated to have originated during the Paleocene, with evidence for rapid diversification events during several glacial and geological periods. The major lineages rapidly diversified in warm and dry habitats during the mid Paleocene and early Eocene. Rapid species diversification within *Juglans* occurred in warm and dry environments during the Miocene and later. The robust phylogenetic backbone and time estimates we provide establish a framework for future comparative studies of evolution in Juglandaceae and Fagales. The speciation among *Juglans* species in the world remain unclear. Here, we used results from phylogenomic and population genetic analyses, transcriptomics, Genotyping-By-Sequencing (GBS), whole chloroplast genomes (Cp genome), whole genome resequencing, and microsatellites (SSRs) data to infer processes of lineage formation among the most important species of the walnut genus (*Juglans*, Juglandaceae), a widespread, economically important group. Our study has clarified previously unresolved phylogenetic relationships among

species of *Juglans* and show a close relationship between *J. cinerea* and to sect. *Rhysocaryon*, and whole chloroplast genome data promise to generate adequate variation for phylogenetic reconstruction among species. We found that the processes of isolation generated diversity during glaciations, but that the recent range expansion of *J. regia*, probably from multiple refugia, led to hybrid formation both within and between sections of the genus. In southern China, human dispersal of *J. regia* brought it into contact with *J. sigillata*, which we determined to be an ecotype of *J. regia* that is now maintained as a landrace. In northern China, walnut hybridized with a distinct lineage of *J. mandshurica* to form *J. hopeiensis*, a controversial taxon (considered threatened) that our data indicate is a horticultural variety. Comparisons among whole chloroplast genomes and nuclear data analyses provided conflicting evidence for the timing of the divergence of Chinese *Juglans* taxa. *J. cathayensis* and *J. mandshurica* are poorly differentiated based our genomic data. Reconstruction of *Juglans* evolutionary history indicate that episodes of climatic variation over the past 4.5 to 33.80 million years, associated with glacial advances and retreats and population isolation, have shaped Chinese walnut demography and evolution, even in the presence of gene flow and introgression.

Sympatric speciation of *Ricotia lunaria* at “Evolution Canyon” Mount Carmel, Israel

Chaoju Qian¹, Xia Yan^{1,2}, Hengxia Yin³, Xiao-Fei Ma^{1*}

1 Key Laboratory of Stress Physiology and Ecology in Cold and Arid Regions, Department of Ecology and Agriculture Research, Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou, China;

2 Key Laboratory of Eco-hydrology and of Inland River Basin, Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou, China;

3 State Key Laboratory of Plateau Ecology and Agriculture, Qinghai University, Xining, China.

As one of the most important modes of biodiversity origin, sympatric speciation attracts numerous insights as the reproductive barriers occurred in situ between the contiguous populations, which was extraordinary hard to be proved in plant species. “Evolution Canyon” (EC I) (Lower Nahal Oren, Mount Carmel, Israel), as one of the most promising models to address the sympatric speciation, is an ideal place for its high level of micro-climatic divergence between interslopes. In EC 1, major adaptive complexes on the tropical “African” slope [(AS), also called south-facing slope (SFS)] are related to solar radiation, heat, and drought, whereas those on the temperate “European” slope [(ES), also called north-facing slope (NFS)] are related to shade stress for photosynthesis, and interslope species divergence further led to the incipient sympatric speciation in a diversity of organisms, such as rat and drosophila flies. Unfortunately, little is known about how the microclimatic heterogeneity affected the phenotypic differentiation and even the genomic divergence between plant ecotypes from the two slopes of EC 1. Previous studies showed that *Ricotia lunaria*, inhabits both contrasting slopes of EC I, differed significantly between interslope ecotypes for both the genetic diversity and transcriptome expression pattern, suggesting that the expression patterns diverged between interslopes due to the interslope environmental heterogeneity. Based on the investigation of both flowering time phenology and transcriptomes of two ecotypes of *R. lunaria*, which inhabited on the opposite slopes of EC I (Lower Nahal Oren, Mt. Carmel, Israel) separated with only 100 meters, we further investigated the phenotypic and genomic divergence between the two ecotypes from the opposite slopes of EC 1. Results that flowering time of the ecotype from the dry tropical slope population #3 (SFS3) was significantly three months ahead of the temperate slope #5 (NFS5). On the other hand, comparative transcriptomes analysis showed that 1,064 unigenes were differentially expressed between the two ecotypes, which mostly enriched in four pathways involved in multiple stresses responses, as flavonoid biosynthesis, α -linolenic acid metabolism, plant-pathogen interaction and linoleic acid metabolism. Furthermore, based on Ka/Ks analysis, nine up-stream regulation genes were proved to be involved in the ecological divergence between

the two ecotypes, whose homologs functioned in RNA editing, ABA signaling, photoprotective response, chloroplasts protein-conducting channel, and carbohydrate metabolism in *Arabidopsis thaliana*. Among them, four genes, namely, *SPDS1*, *FCLY*, *Tic21* and *BGLU25*, also showed adaptive divergence between *R. lunaria* and *A. thaliana*, suggesting that these genes could play an important role in plant speciation, at least in the family of Brassicaceae. Based on the results of both the flowering time phenology and comparative transcriptome analysis, we hypothesized that after long-time local adaptation to the micro-climatic environments between the opposite slopes, molecular functions of those nine adaptive genes could have been diverged, which might differentially regulate the expression patterns the genes involved into multiple stresses, and further induced the differentiation of the flowering time between the ecotypes. Thus, we believed that sympatric speciation could be a byproduct of the local adaptation to the micro-environment heterogeneity.

Spatial phylogenetics of the angiosperm flora of Yunnan, China

Rong Li

Key Laboratory for Plant Diversity and Biogeography of East Asia, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China

Corresponding author: Tel.: 15925136378; E-mail: lirong@mail.kib.ac.cn

Understanding spatial patterns of floristic diversity is critical for conservation planning, particularly given rapid habitat loss and global climatic change. Floristic studies typically use taxa (e.g., families, genera, and species) or more recently phylogenetic diversity as their analysis unit and produce a single map of observed diversity. However, observed floristic diversity is not necessarily an indicator of significant diversity and therefore is inadequate to fully understand the patterns of floristic diversity. In this study, using a genus-level phylogeny of the Yunnan angiosperm flora and their geographic distributions, we calculated phylogenetic diversity (PD) and relative phylogenetic diversity (RPD). Also, a spatial randomization test was performed to assess statistical significance of phylogenetic diversity and relative phylogenetic diversity across the Yunnan area. The results indicated that observed PD patterns were almost concordant with known patterns of taxon richness. However, when considering statistically significant departures from the expected correlation, different patterns are apparent. The northwestern Yunnan showed significantly low PD, suggesting phylogenetic clustering, an indication of phylogenetic conservatism in niche preference. RPD was also significantly low, indicating that shorter phylogenetic branches are present than expected, and suggesting recent radiations have occurred in this area. The southern Yunnan showed significantly high PD and RPD, meaning that the area has an over-representation of long branches, indicating the presence of relictual taxa.

Out of South China: phylogeny and biogeography of the East Asian genus *Atractylodes* (Asteraceae) revealed by RAD-seq

Pan Li¹, Minqi Cai¹, Luxian Liu², Zheng Li¹, Zhechen Qi³, Kenneth Cameron⁴,
Chengxin Fu^{1,*}

¹ College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310058, China

² College of Life Sciences, Henan University, Kaifeng, Henan 475000, China

³ College of Life Sciences, Zhejiang Sci-Tech University, Hangzhou, Zhejiang 310018, China

⁴ Department of Botany, University of Wisconsin, Madison, WI 53706, USA

E-mail: panli_zju@126.com; cxfu@zju.edu.cn

Atractylodes DC. (tribe Cardueae, Asteraceae) is a small genus endemic to temperate East Asia. Previous studies showed a complex and unresolved phylogeny in this genus. To revisit the molecular phylogeny and historical biogeography of *Atractylodes* with RAD-seq, we sampled all the extant species, including 78 samples from 37 localities across their entire geographical ranges. The phylogeny of *Atractylodes* was fully resolved, with a topology of (*A. carlinoides* + (*A. macrocephala* + (*A. japonica* + (*A. koreana* + (*A. chinensis* + *A. lancea*))))). *Atractylodes ovata* was clearly nested within the *A. japonica* clade, and thus should be treated as a synonym of *A. japonica*. The genus originated in South China during the Late Miocene (c. 8.66 Ma), where acted as the source area for dispersals to other areas of East Asia. With multiple dispersal and vicariance events, *Atractylodes* expanded into the peninsulas around the Bohai Sea and Yellow Sea (c. 5.86 Ma) and into North China (c. 3.27 Ma), then to the Japanese archipelago (c. 2.73 Ma) and eventually to Northeast China (c. 1.62 Ma) from the peninsulas. Extensive introgressions were detected between *A. chinensis* and *A. lancea*, as well as between *A. chinensis* and *A. koreana*. Frequent introgression among them may account for the difficulty in resolving the phylogeny within the so-called ‘*A. lancea* complex’ in previous studies. However, the large number of SNPs from RAD-seq overwhelms the discordant phylogenetic signals in the data and allowed us to generate a fully resolved phylogeny for the genus.

真双子叶植物基部类群（basal eudicot）系统基因组学研究进展

孙延霞

中国科学院武汉植物园 武汉 430100

根据 APG IV 分类系统，真双子叶植物基部类群（basal eudicot）包含 13 个科：领椿木科（Eupteleaceae）、罂粟科（Papaveraceae）、木通科（Lardizabalaceae）、星叶草科（Circaeasteraceae）、防己科（Menispermaceae）、毛茛科（Ranunculaceae）、小檗科（Berberidaceae）、清风藤科（Sabiaceae）、莲科（Nelumbonaceae）、山龙眼科（Proteaceae）、悬铃木科（Platanaceae）、昆栏树科（Trochodendraceae）和黄杨科（Buxaceae）。这 13 个科分属于 4 个目：毛茛目、山龙眼目、昆栏树目和黄杨目。为了探讨真双子叶植物基部类群（1）不同分类级别系统发育关系（2）叶绿体基因组结构进化趋势，我们开展了一系列系统基因组学研究（1）昆栏树目系统基因组学研究（2）真双子叶植物基部类群 12 科系统基因组学研究（3）星叶草科系统基因组学研究（4）小檗科系统基因组学研究，我们发现（1）叶绿体基因组全序列可以有效解决真双子叶植物基部类群科间/属间系统发育关系；（2）近缘类群往往在叶绿体基因组结构上表现出极高同源性；（3）叶绿体基因组系统基因组学研究可为相关类群的谱系地理学研究或适应性进化研究提供有效信息。

Spatial-temporal dimension and underlying mechanism of lineage divergence of wild radish in East Asia

Qingxiang Han^{1, 2, *}, Hiroaki Setoguchi²

¹ Zaozhuang University, Shandong, 277160, China; ² Kyoto University, Kyoto, Japan

Abstract: The distribution range and genetic pattern of species are deeply affected by geological history events and environmental changes. The role of the East China Sea land bridge in species migration in glacial period is still controversial. East Asian wild radish (*Raphanus sativus* var. *raphanistroides* Makino) distributed across the East China Sea, represents a short life cycle and high sensitivity to environmental changes, and shows a unique evolutionary pattern in Japan, thus it is an ideal material to study the East Asian flora species formation and evolutionary history. In this study, Mig-seq techniques was used to detect the genetic diversity and lineage divergence of wild radish, to identify the population dynamics history, and to reveal the migration route and refugia during the glacial period. In addition, ecological niche model and landscape genetic methods was combined to simulate and analyse the potential distribution of wild radish in each period (LGM, current and future), to address the driving factors for adaptive genetic variation of species, to reveal the effects of geological history events and ecological factors on the speciation and evolution of wild radish, and to clarify the role of the East China Sea land bridge in the migration of wild radish in glacial period. This study will provide new insights into underlying mechanism of speciation and adaptive evolution of plants in East Asia.

Tropical Asian origin, boreotropical migration and long-distance dispersal in the Nettles (Urticaceae tribe Urticeae)

Xian-Han Huang

Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming, Yunnan, China

Nettles (Urticaceae tribe Urticeae) are a diverse, globally distributed group (12 genera and approximately 200 species) centered mainly in the tropics, including tropical Asia, Africa and South America. It is an ideal group to test hypotheses regarding the processes underlying tropical intercontinental disjunctions (recent transoceanic long-distance dispersal versus ancient dispersal across landmasses at high northern latitudes-i.e. the boreotropics hypothesis). Phylogenetic relationships were reconstructed based on nuclear ITS and four plastid DNA regions (rbcL, trnL-F, matK and rpl14-rpl36) using Bayesian inference and maximum parsimony approaches. Divergence times were inferred by Bayesian uncorrelated lognormal relaxed molecular clock model and ancestral areas were estimated using the divergence-extinction-cladogenesis (DEC) model. Our results indicated a tropical Asian origin of the tribe during late Paleocene. Subsequently, dispersal events to Eurasia, South America and Africa occurred mainly during the Oligocene and Miocene. However, several long-distance dispersal events, including dispersals from Asia to Hawaii or Australasia, were inferred to have occurred from the Miocene onwards. The fleshy fruits and winged diaspores of several taxa would enable such long-distance events in Urticeae.

葡萄属植物系统发育、生物地理学及网状进化

马志尧

华中农业大学 武汉 430100

葡萄 (*Vitis vinifera*) 是世界主要的栽培果树作物之一, 具有重要的经济和社会文化价值, 葡萄属 (*Vitis*) 植物全世界约 70 种, 其分类、系统发育和生物地理学问题得到了国内外学者的密切关注。本研究利用比较解剖学方法和全基因组重测序技术, 以葡萄属植物为材料, 探究了葡萄属植物的形态分类问题, 并基于 2064 个单拷贝直系同源基因重建了葡萄属的系统发育关系。在此基础上进一步推导了葡萄属的生物地理学历史。基于限制酶切位点相关的 DNA 测序 (RAD-seq) 简化基因组技术, 系统地检测了 4 种葡萄属植物间的自然杂交与基因渐渗情况, 探究了葡萄属植物的网状进化模式。

鬼臼亚科的系统发育和生物地理学研究

叶文清¹, 李攀¹, Shota Sakaguchi², 邱英雄^{1,*}

¹ 浙江大学生命科学学院, 杭州, 浙江, 310058

² 京都大学人类与环境研究所, 京都, 日本, 606-8501

*通讯作者: qyxhero@zju.edu.cn

小檗科 (Berberidaceae) 鬼臼亚科 (Podophylloideae) 是包含八角莲属 (*Dysosma*, 7 个种)、足叶草属 (*Podophyllum*, 1 个种)、桃儿七属 (*Sinopodophyllum*, 1 个种) 和山荷叶属 (*Diphylleia*, 3 个种) 4 属 12 种的一个小类群, 呈典型的东亚—北美东部 (EA—ENA) 间断分布, 此外, 与北美东部相比, 东亚具有较高的物种多样性 (10/12), 且物种分布的森林植被类型多样。因此, 通过对该类群进行系统发育重建以及生物地理分析等, 对理解东亚—北美植物的间断分布格局的起源、演化过程和机理有重要的启示意义。

本研究基于全面的类群取样, 并利用系统发育基因组学方法, 重建了鬼臼亚科类群的系统发育关系。研究表明: 鬼臼亚科、八角莲属和山荷叶属是很好的单系 (BS = 100%, PP = 1); 桃儿七属是最早分化出来的类群, 其次为山荷叶属, 而足叶草属与八角莲属为姐妹类群 (BS = 100%, PP = 1), 这一结果颠覆了过去认为足叶草属与桃儿七属为姐妹类群的传统认知。化石校正的松散分子钟以及祖先分布区重建结果显示: 该亚科可能于中新世 (Miocene) 早期起源于喜马拉雅地区, 中新世中期的青藏高原隆升及隆升引起的环境变化驱使该亚科不同属发生了快速的辐射分化, 分化的祖先类群逐渐向日本和北美迁移, 并进化出适应不同气候特征与森林类型的种类而得以生存, 从而形成了当前的多样性与地理分布格局。

总之, 系统发育重建支持将该亚科分为 3 个组 (Section), 桃儿七属与足叶草属非姐妹类群, 它们相似的形态特征可能是趋同进化的结果。生物地理分析表明鬼臼亚科起源于喜马拉雅和青藏高原地区。

New insights to the origin of land plants

Harald Schneider

Centre for Integrative Conservation, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences,
Menglun, Yunnan 666303, China

Resolving the origin of land plants is crucial not only to improve the calibration of diversification time estimates of more recently diverging land plant lineages but also to inform studies aiming to elucidate the impact of land plants on the geochemical processes such as the carbon- and nitrogen cycles. Traditionally, the fossil record was used as the main source to obtain information about the early history of terrestrial life, but more recently the access to genomic evidence—especially DNA sequence based divergence time estimates—expanded the information used to reconstruct the early history of land plants. Here, we report new insights on two key-issues namely the phylogenetic relationships of the four main lineages of land plants and new estimates of the age of land plants generated by state-of-the-art integration of the fossil record into DNA-based divergence time estimates. Based on a brief summary of our current understanding of the early divergences of land plants, the presentation will stress out the challenges and perspectives of these results to future studies on the origin of land plants, the divergence of land plant through time, and the impact of land plants on the establishment of terrestrial environments including the geochemical processes shaping the response of global ecosystems to human activities in the anthropocene. Special emphasis will be taken to explore the consequences of the new understanding of the early divergence of land plants to studies aiming to reconstruct the evolution of plant genomes and plant body plans through time.

Phylogenomics and comparative population genomics of *Dipteronia* (Sapindaceae)

Yu Feng^a, Hans Peter Comes^b, Xin-Peng Zhou^a, Ying-Xiong Qiu^{a,*}

^aKey Laboratory of Conservation Biology for Endangered Wildlife of the Ministry of Education, and College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310058, China

^bDepartment of Biosciences, Salzburg University, A-5020 Salzburg, Austria

*Authors for correspondence:

Ying-Xiong Qiu, E-mail: qyxhero@zju.edu.cn

Dipteronia Oliv. is an ancient relict woody genus endemic to Southwestern and Central China with two extant species. As sharing numerous morphological characters, *Dipteronia* and *Acer* have long been considered as sister group forming the traditional family Aceraceae. However, molecular phylogenies have generally not resolved the phylogenetic placement of *Dipteronia*, especially not in its expected position as sister to *Acer*. In this study, we present a large-scale, phylogenomic perspective to resolving the phylogenetic relationship of *Dipteronia* and *Acer* using complete chloroplast (cp) genome sequences and a large amount of co-orthologous genes predicted from transcriptomes of 13 Sapindaceae species. Corroborating classical morphology-based classifications, both cp genome and nuclear datasets (2,466 co-orthologous genes and 273 co-SCNGs) recovered *Dipteronia* and *Acer* as mutually monophyletic groups. In addition, our fossil-calibrated molecular phylogenies suggest that the origin of the two extant *Dipteronia* species dates back to the Paleocene/Eocene boundary, implying that these morphologically highly similar taxa are amongst the oldest ‘living fossils’ of the East Asian Flora. Restriction site-associated DNA sequencing (RADseq) loci generated from 22 populations ($n=107$) of *Dipteronia* throughout its range and three *Acer* species as outgroups confirmed the ancient origin of the two *Dipteronia* species, but much more recent intraspecific lineage diversification. Within each species, STRUCTURE clustering identified three clades for *D. dyeriana* and two for *D. sinensis*. To design effective conservation actions for the two narrow palaeoendemics, our future work will focus on the comparative analyses of the evolutionary processes and drivers that lead to population divergence of both *Dipteronia* species.

Exon junction complex (EJC) core genes play multiple developmental roles in *Physalis floridana*

Pichang Gong¹, Jing Li^{1,2}, Chaoying He^{1,2,*}

¹ State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093 China;

² University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049 China

The exon junction complex (EJC) plays significant roles in posttranscriptional regulation of genes in eukaryotes. However, its developmental roles in plants are poorly known. We characterized four EJC core genes from *Physalis floridana* that were named *PFMAGO*, *PFY14*, *PFeIF4AIII* and *PFBTZ*. They shared a similar phylogenetic topology and were expressed in all examined organs. *PFMAGO*, *PFY14* and *PFeIF4AIII* were localized in both the nucleus and cytoplasm while *PFBTZ* was mainly localized in the cytoplasm. No protein homodimerization was observed, but they could form heterodimers excluding the *PFY14*-*PFBTZ* heterodimerization. Virus-induced gene silencing (VIGS) of *PFMAGO* or *PFY14* aborted pollen development and resulted in low plant survival due to a leaf-blight-like phenotype in the shoot apex. Carpel functionality was also impaired in the *PFY14* knockdowns, whereas pollen maturation was uniquely affected in *PFBTZ*-VIGS plants. Once *PFeIF4AIII* was strongly downregulated, plant survival was reduced via a decomposing root collar after flowering and Chinese lantern morphology was distorted. The expression of *Physalis* orthologous genes in the *DYT1-TDF1-AMS-bHLH91* regulatory cascade that is associated with pollen maturation was significantly downregulated in *PFMAGO*-, *PFY14*- and *PFBTZ*-VIGS flowers. Intron-retention in the transcripts of *P. floridana dysfunctional tapetum1 (PFDYT1)* occurred in these mutated flowers. Additionally, the expression level of *WRKY* genes in defense-related pathways in the shoot apex of *PFMAGO*- or *PFY14*-VIGS plants and in the root collar of *PFeIF4AIII*-VIGS plants was significantly downregulated. Taken together, the *Physalis* EJC core genes play multiple roles including a conserved role in male fertility and newly discovered roles in Chinese lantern development, carpel functionality and defense-related processes. These¹ data increase our understanding of the evolution and functions of EJC core genes in plants.

猕猴桃基因组进化及育种启示

刘义飞，黄宏文

湖北中医药大学，中国科学院华南植物园

猕猴桃是原产于我国的世界性水果，其商品销售量呈现逐年递增的趋势。我国是猕猴桃的生产与消费大国，同时也是猕猴桃野生物种的资源集中分布区。然而，当前我国及世界猕猴桃产业的发展受限于品种单一、生态适应性差等原因，仍然存在极大的优化提升空间。促进对猕猴桃自然野生资源的遗传评价和发掘利用，培育生态适应性更广、抗性更好的新品种是打破目前产业发展瓶颈的关键。本研究在现有猕猴桃参考基因组资源的基础上，对我国代表性的猕猴桃物种类群开展了基因组的重测序和系统基因组学研究，发现了广泛的物种间的基因流和杂交渐渗情况。在此基础上，进一步对影响整个猕猴桃属物种杂交进化和多样化的骨干物种进行了分析，鉴定识别了约 10 个左右的关键物种。这些物种本身并非杂交起源，但作为亲本影响着其他类群的杂交和网状进化。我们进一步比较分析了三个关键物种的线粒体基因组，从中发现了大量的细胞内和物种间的水平基因转移现象，从核-质的角度共同理解了整个猕猴桃属基因组进化的式样。相关的研究成果，对于猕猴桃遗传育种间杂交亲本的筛选以及自然杂交资源的直接发掘利用具有重要的启示意义，有利于进一步的新品种培育和应用。

平衡选择和祖先多态位点的随机片选对基因组变异的影响

王宝生

中国科学院华南植物园, 广州, 510650

遗传分化产生、导致生殖隔离并最终形成新物种的过程, 是进化生物学关注的热点。随着全基因组测序技术的飞速发展, 越来越多的研究发现遗传变异在基因组上的分布是不均匀的。但是, 导致基因组变异异质性分布的原因尚不清楚。我们对拟南芥一个近缘种 *Boechera stricta* 的 517 个个体进行了全基因组测序。我们在该物种中发现了明显的群体结构, 可以划分为 4 个组。各组在 3-20 万年前陆续分化。每个组都具有很小的祖先群体, 并经历了近期的群体扩张。通过对全基因组的扫描, 我们发现占基因组总长度 10% 的 3 个基因组区域具有极高的遗传变异 (π)。这 3 个区域还同时具有低于基因组水平的群体分化 (F_{ST}) 和高于基因组水平的序列分化 (D_{XY}), 并且富集了大量的免疫相关基因。这说明这些区域受到平衡选择的作用。平衡选择作用于这些区域的免疫相基因, 从而使祖先群体中的单倍型在不同区域的后代群体中得到保留。我们还在基因组上找到了一系列高度分化的区域。中性模拟和群体遗传学参数分析发现这些区域不是由于中性过程、选择性清除和背景选择导致的。此外, 我们在同域和异域的组对间都找到了大量的高分化基因组区域, 说明基因流水平的差异不是导致这些区域形成的主要原因。综合计算机模拟和群体遗传学分析, 我们认为这些基因组高分化区域是由于祖先群体中多态位点的随机偏选所导致。我们的研究系统解析了多种中性和选择因素在基因组分化过程中的作用, 证实了平衡选择是维持基因组变异的重要力量, 加深了我们对适应性分化和物种形成过程的理解。

Transcriptome-derived evidence supports two well-differentiated lineages and their recent reunion (“allopolyploidization”) within the Holly mangrove *Acanthus ilicifolius*

Wuxia Guo¹, Yelin Huang^{1*}

1. State Key Laboratory of Biocontrol and Guangdong Provincial Key Laboratory of Plant Resources, School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou, Guangdong, 510275, China

*Corresponding Author: Tel: (+8620) 84111164; Email: lsshyl@mail.sysu.edu.cn

Mangrove plants constitute an important ecosystem in the tropical coastal areas globally, the origin and diversification of which are of great ecological and scientific significance. As an important evolutionary force driving plant diversification, polyploidy has also been related to the diversification and adaptation of mangroves in ancient times. However, the underlying mechanisms and evolutionary processes remain largely unexplored and no investigations on extant polyploid mangroves have been reported. Different from other studied mangroves, based on our preliminary investigation, *Acanthus ilicifolius* not only showed a major phylogeographic division in its diploid populations but also had recently-formed polyploid individuals/populations, providing an ideal system to investigate the processes and mechanisms that polyploidization might have influenced the mangroves' origin and evolution. In this study, we began with the molecular examination of three morphologically defined *Acanthus* mangrove species (i.e., *A. ilicifolius*, *A. ebracteatus* and *A. volubilis*) and the test of cryptic speciation under morphological stasis in *A. ilicifolius*. Sequence comparison at genomic level verified two well-differentiated lineages in *A. ilicifolius* (i.e., Ail-ED and Ail-WD), which was estimated to be diverged approximately 12.3 (9.8-15) million years ago and exhibited greater inter-lineage divergence than interspecific divergence with *A. ilicifolius* and *A. ebracteatus*. Multi-loci Bayesian species delimitation with BP&P yielded the highest posterior probability for the four-specie model, again supporting the two deep lineages in *A. ilicifolius*. Based on individual whole transcriptomes, high similarity were found in nucleotide sequences and homeologous polymorphisms between tetraploid *A. ilicifolius* and the two diploid parents Ail-ED and Ail-WD, supporting the recent formation of tetraploid *A. ilicifolius* from these two lineages. Further comparison found different patterns of parents-versus-homeologs nucleotide differences between tetraploids from the southern and northern areas (i.e. Ail-ST and Ail-NT), probably indicating different substitution rates of homeologs or independent origins of the tetraploid *A. ilicifolius* from different areas. Besides, although significant homeolog expression bias were found in both Ail-ST and Ail-NT, differences in homeolog expression rewiring patterns were also observed between these two tetraploids.

特异响应冷胁迫的 *DREB1/CBF* 类基因在陆生植物中的演化研究

孙巧玲, 高菲, 张文晶, 康菊清*, 任毅

陕西师范大学生命科学学院, 西安 710119

*通讯作者 E-mail: kangjq@snnu.edu.cn

新基因的产生和基因家族的扩张, 是生物遗传信息变异的重要环节, 亦是生物演化的主要驱动力之一: 新基因的产生或者基因家族扩张后新功能的产生, 均能繁衍出令人吃惊的表型多态性和适应多态性, 最终导致生物多样性的产生和生命形式演化的发生。

DREB1/CBF (*dehydration-responsive-element binding protein 1/C-repeat binding factor*) 类基因是植物特有的 *AP2/ERF* 基因家族中 *DREB* 亚家族中的一个分支, 其编码的转录因子能够特异的识别并结合在下游基因启动子区的 *DRE/CRT* 顺式元件上, 激活基因的表达。在模式植物拟南芥中, 三个 *DREB1/CBF* 类基因能够迅速的响应冷信号表达, 提高植物的抗冻能力。此外, *DREB1/CBF* 类基因在拟南芥不同自然居群中的编码区序列、基因表达水平和编码蛋白质的功能的自然分化均与植物的生境温度和抗冻性, 具有显著的相关性, 这些结果暗示我们, *DREB1/CBF* 类基因与植物对环境(温度)的适应密切相关。同时, 人们在其他陆生植物中也普遍找到了 *DREB1/CBF* 的同源基因; 并且拟南芥与其他植物之间 *DREB* 或 *CBF* 基因的转化实验, 证实了这类基因在植物缺水相关环境胁迫的适应过程中的功能相对保守, 对于提高植物受胁迫后的存活率均起到了重要的作用。

本文在已经完成了全基因组测序的 43 种陆生植物中, 查找得到了 873 条 *DREB* 基因亚家族的序列, 结合 3 条水生藻类的外类群序列, 进行系统发育、序列特征和编码蛋白质的分子功能分析, 系统的揭示了 *DREB1/CBF* 类基因在陆生植物中的演化历史。综合分析结果显示, 专一响应环境冷胁迫的 *DREB1/CBF* 类基因的序列在 *DREB* 亚家族中是最后演化出来的基因类型, 最早出现在现存被子植物的共同祖先中。相比较于 *DREB* 亚家族的其他五个组的成员, 最晚产生的第 VI 组(包含 *DREB1/CBF* 类基因)具有更多的保守性的特征元件, 这很可能代表了更加特化的生物学功能。统计不同植物物种中这类转录因子的数目, 发现在不同的植物中, 该家族基因的拷贝数目差异显著; 在局部植物类群中, 其拷贝数目和蛋白质功能的进一步演化, 很可能受到了正选择的驱动。

水稻赤霉素代谢途径的进化研究

景春艳^{1, 2} 张沙^{1, 2} 张富民^{1, 2}

中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京, 100093

中国科学院大学, 北京, 100093

理解代谢途径的进化机制, 对解释进化生物学基本的表型分化与适应的问题具有重要意义。本研究以水稻粳稻亚种 *Oryza sativa* L. ssp. *japonica* 与野生祖先种 *O. rufipogon* 为研究材料, 以赤霉素代谢途径为研究对象, 从代谢途径基因的序列变异、表达式样和活性赤霉素含量三个方面入手, 开展人工选择作用下赤霉素代谢途径的进化研究。

首先, 利用粳稻与野生祖先种样本的重测序数据, 获得 264 个样本 21 个赤霉素代谢途径基因的序列, 进行群体遗传分析。结果表明, 相比野生祖先种, 粳稻中有 9 个基因的遗传多样性降低的比例显著偏离瓶颈效应, 表明这 9 个基因在驯化过程中受到了强烈的人工选择作用。在这些基因编码的酶中, 有 7 个作用于代谢途径下游重要分支点上, 1 个作用于代谢途径第一步, 1 个直接催化核心产物。其次, 我们利用 qPCR 检测在粳稻及野生祖先种中参与赤霉素代谢途径的基因在幼苗、拔节和孕穗期的表达量, 发现在幼苗和拔节期, 在序列上检测到人工选择信号的基因在粳稻中表达量显著下调, 且绝大部分基因在粳稻中的表达量低于野生种; 但在孕穗期, 在粳稻中表达量高于野生种。最后, 通过测定活性赤霉素 GA₁、GA₃、GA₄ 和 GA₇ 的含量, 发现无论在拔节期还是孕穗期, 野生祖先种中 GA₁ 含量占比较高, 而粳稻中 GA₄ 含量占比较高, 与途径中决定 GA₁ 和 GA₄ 含量分配的 GA13ox 基因在序列和表达水平的变异具有一定的相关性。

综上所述, 在粳稻驯化过程中, 人工选择在基因序列水平上主要作用于赤霉素代谢途径中对代谢通量分配影响最大的下游分支点上, 其次作用在代谢途径的第一步和产生核心产物的环节。

水蕨亚科的多次全基因组复制事件及其对全球环境变化的响应

张娇^{1,2,3}, 汪浩^{1,4}, 张锐¹, 严岳鸿^{1*}

1 Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai Chenshan Plant Science Research Center, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 201602, China

2 Institute of Plant Physiology and Ecology, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200032, China

3 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China

4 College of Life and Environmental Sciences, Shanghai Normal University, Shanghai 200234, China

全基因组复制被认为是物种进化的主要动力，在种子植物中普遍存在，而在蕨类植物中研究甚少。作为核心薄囊蕨类中唯一的水生蕨类植物，水蕨亚科（水蕨属和卤蕨属）与凤尾蕨科其他类群相比，生活环境差异极大，这为凤尾蕨科中开展全基因组复制提供了良好资源。本研究通过对水蕨亚科的代表物种水蕨和卤蕨转录组数据进行 Ks 分析及系统发育分析，探索水蕨亚科的全基因组复制事件。结果显示，1）水蕨亚科至少经历了两次全基因组复制；2）水蕨亚科共同经历了一次全基因组复制，发生在 52-54my，与新生代时期发生的极热事件的发生时期相吻合；3）在 95-97my 森诺曼时期，凤尾蕨科共同经历了一次全基因组复制，这次全基因组复制事件发生可能与全球气候改变有关。4）此外，研究发现在水龙骨科可能还存在一次全基因组复制。5）全基因组复制之后保留下来的基因具有偏倚性，与热响应、压力应答及氧化还原含氧量相关的基因优势保留。本研究为全基因组复制促进水蕨亚科物种多样性的分化及其对环境的适应性提供新证据。

比较转录组分析揭示典型红树植物杯萼海桑高盐适应的分子机制

冯 泉¹, 徐绍华¹, 李建芳¹, 何子文¹, 施苏华^{1*}

¹ 中山大学生命科学学院, 有害生物控制与资源利用国家重点实验室, 广州, 510275

植物的适应性进化是进化生物学领域的热点问题。红树植物作为热带亚热带重要的海滨耐盐木本植物, 生活在高盐、潮汐、高温、缺氧等一系列极端环境中。在千百万年的进化中, 红树植物已经不同程度地适应了这一极端环境, 演化出了一系列适应性的形态和生理生化特征, 如暴露的呼吸根、带有盐腺的叶子和于母体上发育的胚胎等, 是研究适应性进化的理想对象。先前已有大量的研究着眼于红树植物的形态、生理以及基因组水平的适应性进化, 但由于缺少足够的转录组数据, 目前尚无关于红树植物转录调控机制的研究。因此, 我们基于高通量测序技术, 比较了典型红树植物杯萼海桑在低渗、正常、高渗三种环境下, 根和叶的基因表达水平, 以探究其盐适应的转录调控机制。结果表明, 维持和调节细胞内环境稳态是杯萼海桑重要的适应方式。KEGG 富集分析显示高盐环境下的叶组织中, 硫代谢、黄酮和类黄酮合成以及半胱氨酸合成等通路的关键酶编码基因的表达水平显著上调, 以应对高盐环境引起的氧胁迫, 清除氧自由基, 同时调节渗透平衡。转录因子编码基因, 尤其是 AP2/EREBP、NAC、WRKY、bZIP 家族的编码基因在高盐条件下发生差异表达, 大多为显著上调, 这表明转录因子是杯萼海桑盐适应相关的基因调控通路中重要的遗传因子。此外, 部分表达上调基因也受到了正选择, 这可能也在杯萼海桑盐适应过程中扮演着重要角色。总的来说, 比较转录组分析发现了杯萼海桑这一红树植物盐适应性相关的基因和通路, 揭示了其高盐适应的调控机制, 为进一步研究红树植物适应性进化提供了颇具价值的资源和新的切入点。

东亚第三纪“孑遗”植物连香树属的群体基因组学研究

朱珊珊¹ 赵静² 李攀¹ 许吾琴¹ 卢瑞森¹ 邱英雄^{1*}

1 浙江大学生命科学学院系统进化植物学与生物多样性实验室, 杭州, 310058

2 北京诺禾致源科技股份有限公司, 北京, 100015

森林是陆地生态系统的主要组成部分, 能够对气候变化做出最直接的响应, 因此具有重要的生态、经济价值。研究森林广布树种如何适应不同的生态环境对于全球气候变化背景下森林生态系统的保护与管理至关重要。连香树属(*Cercidiphyllum*)为连香树科(*Cercidiphyllaceae*)唯一属, 包含两个现存种, 即连香树(*C. japonicum*)和大叶连香树(*C. magnificum*)。连香树是东亚第三纪孑遗森林的关键类群, 广泛分布于中国和日本(从南到北), 而大叶连香树仅局域分布于日本中部的冷温带/亚高山落叶林。本研究我们利用全基因组测序(*C. japonicum*, 基因组大小 719.31Mb, scaffold N50 为 1.89M)和群体重测序(*C. japonicum*, 83 个个体; *C. magnificum*, 17 个个体)拟揭示连香树属的种群演化过程与适应性进化的遗传基础。比较基因组分析表明连香树基因组只经历过 γ 全基因组复制事件。基因家族分析鉴定到 446 个特有基因家族、10 个扩张基因家族和 26 个收缩基因家族, 其中包含大量的抗病基因(NBS 基因), 这部分基因很可能与连香树的适应性有关。群体遗传结构分析以及种群动态历史模拟(PSMC, Fastsimcoal2)的结果表明, 中新世中期的干冷环境导致了连香树和大叶连香树的物种分化, 而连香树种内中国谱系和日本谱系的分化时间则和上新世-更新世过渡时期的气候变化吻合, 同时该时期寒冷的气候使得连香树属发生了急剧的种群压缩。利用选择清除分析鉴定到 72 个受正向选择的基因, 基因功能富集结果显示这部分基因大多参与植物生长和发育、次生代谢过程以及植物-病原体互作。通过环境因子关联分析发现其中有 21 个基因与温度或降水显著相关, 因此很可能在连香树适应异质性环境中发挥了重要作用。该研究结果揭示了连香树属适应不同环境的演化过程与生态适应机理, 对于理解东亚第三纪孑遗森林如何响应未来全球气候变化以及如何对其实施科学保护有着重要的科学作用。

基于转录组的花瓣状苞片的演化模式研究

余岩

四川大学生命科学学院 成都 610064

苞片是花序结构中的变态叶，部分植物的苞片具有类似花瓣的色彩和形态，能够与花瓣协同（或代替花瓣）实现吸引传粉者等功能，称之为花瓣状苞片。花瓣状苞片体现了植物对环境的高度适应，在一定程度上驱动了物种的分化，对被子植物的多样性的形成具有极为重要的意义。本研究选取了处于被子植物不同世系的四组具有花瓣状苞片的典型类群作为研究对象，包括：多脉四照花 *Cornus multinervosa* 和珙桐 *Davidia involucrata*，掌叶半夏 *Pinellia pedatisecta* 和马蹄莲 *Zantedeschia aethiopica*，一品红 *Euphorbia pulcherrima* 和虎刺梅 *Euphorbia milii*，以及地涌金莲 *Musella lasiocarpa* 和香蕉 *Musa acuminata*，使用比较转录组学和系统发育学的方法对其进行了研究。我们发现：不同的类群的花瓣状苞片的演化模式有很大的差别。四照花和珙桐的苞片所受到的选择压力大于叶片，苞片中高表达直系同源基因对的 Ka/Ks 显著高于叶片，而 Ka/Ks 差异会随着表达量的提高而显著扩大。而在其他几组中，苞片所受到的选择压力小于叶片，这与传统形态学的观点产生了分歧。此外，我们发现在不同的植物不同的器官中，这种选择压力的差异具有一定的规律性，我们对这些演化速率建立了初步的模型，以期对未来深度解读花瓣状苞片的演化有所启发。

黑种草属植物花瓣的复杂化及基本结构形成的分子机制研究

姚序^{1,2}, 程劼^{1,2}, 李旭坤³, 山红艳¹, 孔宏智^{1*}

¹中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京, 100093;

²中国科学院大学, 北京, 100049; ³华南师范大学, 生命科学学院, 广州, 510631

*通讯作者: hzkong@ibcas.ac.cn

花瓣是许多被子植物都具有的花器官, 能够吸引传粉者。大多数植物的花瓣颜色亮丽但结构简单, 对传粉者没有严格要求。然而, 在另外一些植物中, 花瓣的结构非常复杂和怪异, 形成了所谓的“复杂花瓣 (elaborate petals)”。导致复杂花瓣复杂化的原因和机制尚不清楚, 但被认为与花瓣边缘和腹部的修饰有关。毛茛科 (*Ranunculaceae*) 黑种草属 (*Nigella*) 植物的花瓣为二唇形, 具有柄、上唇、下唇、假蜜腺和表皮毛等较为特殊的结构, 而且其形态在属内存在变异, 是研究花瓣复杂化过程、原因和机制的理想材料。本研究采用多种分析和实验手段, 从“进化”和“发育”两个方面对该属植物花瓣复杂化的过程及其分子机制进行了研究, 结果发现: 1) 黑种草属植物花瓣的复杂化是逐步发生的, 既涉及对已有性状的改造和修饰, 也涉及性状的从头起源; 2) 发育重塑与新的形态学事件的获得, 共同导致该属植物的花瓣不断复杂化; 3) 该属植物的二唇形花瓣实际上是一个盾形结构, 上唇的产生与花瓣发育过程中背腹性基因表达范围的重排密切相关。这些结果对于理解植物叶性器官形态和结构复杂化及复杂性状产生的机制具有重要意义。

Resequencing 545 ginkgo genomes across the world reveals evolutionary history of the living fossil *Ginkgo biloba*

Yun-Peng Zhao^{1,5,†}, Guangyi Fan^{2,6,†}, Ping-Ping Yin^{1,2,†}, Shuai Sun^{2,†}, Ning Li^{2,3,11,†},
Xiaoning Hong^{2,12,†}, He Zhang^{2,†}, Gang Hu^{2,†}, Fu-Min Zhang^{3,11}, Jing-Dan Han³,
Ya-Jun Hao^{1,5}, Qiwu Xu², Xianwei Yang², Wenjie Xia², Wenbin Chen⁴, Han-Yang
Lin^{1,5}, Rui Zhang², Jiang Chen², Xiao-Ming Zheng^{1,5}, Simon Ming-Yuen Lee⁶,
Joongku Lee⁷, Koichi Uehara⁸, Jian Wang⁴, Huanming Yang⁴, Cheng-Xin Fu^{1,*}, Xin
Liu^{2,9,*}, Xun Xu^{2,10,*}, Song Ge^{3,11,*}

¹ The Key Laboratory of Conservation Biology for Endangered Wildlife of the Ministry of Education, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China

² BGI-Qingdao, BGI-Shenzhen, Qingdao 266555, China

³ State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China

⁴ BGI-Shenzhen, Shenzhen 518083, China

⁵ Laboratory of Systematic & Evolutionary Botany and Biodiversity, Institute of Ecology and Conservation Center for Gene Resources of Endangered Wildlife, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China

⁶ State Key Laboratory of Quality Research in Chinese Medicine, Institute of Chinese Medical Sciences, University of Macau, Macao, China

⁷ Department of Environment and Forest Resources, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea

⁸ College of Liberal Arts and Sciences, Chiba University, Yayoi-cho, Inage-ku, Chiba 263-8522, Japan

⁹ BGI-Fuyang, BGI-Shenzhen, Fuyang 236009, China

¹⁰ China National GeneBank, BGI-Shenzhen, Shenzhen 518120, China

¹¹ University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

¹² BGI Education Center, University of Chinese Academy of Sciences, Shenzhen 518083, China

[†] These authors contributed equally to this work.

e-mails: gesong@ibcas.ac.cn; xuxun@genomics.cn; liuxin@genomics.cn; cxfu@zju.edu.cn

Living fossils provide, as Darwin anticipated, an excellent opportunity to study major questions involving extinction, competition and adaptation. *Ginkgo* (*Ginkgo biloba* L.) is one of the oldest living plants and a fascinating example of how people saved a species from extinction and helped its resurgence. Here, we resequenced 545 genomes of ginkgo trees sampled from 51 populations across the world and identified four ancient genetic components and three refugia in China. We detected expansion rather than reduction of the ginkgo populations since the last glaciation, and confirmed the glacial admixture of relict populations. Our analysis found human-mediated dispersal of ginkgo populations out of refugia and demonstrates multiple introductions of ginkgo into different continents. We finally characterized bioclimatic variables that affected the geographic distribution of ginkgo and investigated the role of natural selection in ginkgo's adaptation and resilience.

《中国植物分类学纪事》介绍

马金双

中国科学院上海辰山植物科学研究中心、上海辰山植物园, 201602

邮箱: jinshuangma@gmail.com

本书以编年纪事的方式, 记载了当代中国植物分类学的研究机构 (包括中国科学院植物研究所、昆明植物研究所、华南植物园、武汉植物园、西双版纳植物园、沈阳应用生态研究所、西北高原生物研究所、成都生物研究所、新疆地理生态研究所等, 还有地方为主的庐山植物园、南京中山植物园、广西植物研究所, 以及被归并的西北植物研究所等, 以及历任领导等), 主要的植物分类学家 (包括第一代全部、第二代大部分、第三代一部分, 以及个别第四代植物分类学家; 其中, 记载海外留学获得博士者六十多人, 还有他们的毕业学校、论文题目、指导教授以及职业生涯等), 植物分类学的主要成就, 包括图书 (国家级以及各个省市自治区与直辖市以及以上级别的植物志、名录、检索表、图鉴、图册、手册以及各类工具书等)、期刊 (中国行政范围内历史上所有的以植物分类学为主的刊物, 包括已经停刊的; 而且现刊还有历任主编等信息)、重要论著 (如国际植物命名法规以及翻译的中文版出版物等), 全国性 (历届全国性植物学会议以及历任理事会的负责人, 还有青年研讨会、苔藓以及蕨类等专门会议等) 与国际性 (历届国际植物学大会以及中国代表出席情况、部分国际专类会议如蕨类和苔藓等) 植物分类学学术会议, 以及重要的植物学采集 (个人与集体采集收集起点万号, 而国际采集尽可能收录) 等。

全书记载起始时间为 1753 年, 而截至时间为 2017 年 7 月 31 日 (第十九届国际植物学大会闭幕日)。全书附有三个附录: 中国年表、中国植物分类学者新旧名对照、中外主要收集中国植物的标本馆; 另外全书附有六个索引: 即中文人名、中文植物名和中文出版物名, 西文人名、植物学名和西文出版物名。全书以中英文双语对照格式编写, 并配有近 200 幅图片, 多数为首次发表。该书正在出版之中, 预计 2019 年与读者见面。

拟南芥近缘种的适应性进化研究

吴琮¹ 邹玉盼^{1,2} 侯星慧^{1,2} 杨丽^{1,2} 王慧娜^{1,2} 郭亚龙^{1,2*}

1 中国科学院植物研究所, 系统与进化植物学国家重点实验室, 北京, 100093

2 中国科学院大学, 北京, 100049

* 通信作者: Tel: (+8610) 62836298; E-mail: yalong.guo@ibcas.ac.cn

植物如何适应环境是生物学领域一个重大科学问题。特别是在全球气候剧烈变化的大背景下, 这一问题的研究显得尤为重要和迫切。利用拟南芥及其近缘种这一模式系统, 在植物适应性进化方面取得了一些进展。通过拟南芥与荠菜的群体基因组比较, 发现平衡选择这一很少被研究的自然选择方式在植物进化中普遍存在, 平衡选择对于群体里遗传多样性的保持非常关键, 同时对植物适应性进化非常重要。通过群体遗传分析, 揭示了模式植物拟南芥能够成功地扩散到长江流域与其开花时间相关基因 *SVP* 受到正选择密切相关。进化在不同物种或群体里是否可以重复是一个基本的生物学问题, 通过系统比较分析, 我们揭示了进化在一定程度上具有可预测性。

花起源的分子机制

山红艳，孔宏智

中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室，北京，100093

花的起源是植物学和进化生物学中的重要问题，长期以来备受关注。近年来，分子系统学、进化发育生物学和基因组学的兴起和蓬勃发展不仅为花起源的研究带来了新思路，而且更新了人们对该问题的认识。基于这些领域的新进展，人们不仅纠正了前人在理论和模型中的错误、提出了可验证的新假说，而且揭示了花发育 **MADS-box** 基因的进化对花起源的贡献。然而，已有研究只能笼统地解释花作为一个整体是如何起源的，并不足以全面揭示花和花器官起源的根本机制。我们在总结与花和花器官起源相关理论和假说的基础上，介绍人们对花起源问题的新见解，探讨花起源机制的复杂性，指出花的起源和基本结构的建立涉及诸多“小”的关键性状的改变。在已有研究的基础上，我们推测 E 类基因自调控能力的获得可能是其成为“粘合剂”并促进花起源的一个重要因素，而背腹性基因表达模式的重排可能与雄蕊和心皮的起源有关；认为只有对花和花器官起源过程中关键性状改变的分子机制进行研究，才能真正揭示花起源的内在原因。

水仙的叶绿体基因组测序以及系统发育位置初探

李涌福 张成 朱弘 李蒙

南京林业大学 江苏南京 210037

随着生物信息学与第三代测序技术的发展，人们对叶绿体基因组的研究不断深入。从 1986 年首次获得烟草(*Nicotiana tabacum* L.)和地钱(*Marchantia polymorpha* L.)叶绿体基因组的完整序列以来，叶绿体基因组数据库迅速增加，至今已有超过 1000 种植物的叶绿体基因组被测序。叶绿体基因组的研究对揭示叶绿体 DNA 的结构与起源、植物分子标记、物种亲缘关系等具有重要意义。更重要的是，叶绿体基因组研究还可以推动植物在分子育种、遗传转化等叶绿体基因工程方面的研究进程。

水仙(*Narcissus tazetta* var. *chinensis* Roem.)隶属于天门冬目(Asparagales)石蒜科(Amaryllidaceae)。水仙在中国有一千多年的栽培历史，是中国十大传统名花之一，具有重要的观赏价值。本研究使用 *Illumina* 测序平台获得水仙的叶绿体基因组，通过对水仙叶绿体基因组的结构特点、核苷酸多态性以及重复序列等进行研究分析，将为深入研究其在光合调控、植物抗性、气候的适应性物种鉴定及亲缘关系等方面的应用提供基础遗传信息；同时为石蒜科植物的保护、育种、群体遗传学、开发 DNA 条形码、起源进化和多样性研究奠定基础。

此外，利用分子系统学建立类群的系统发育关系已经成为当前研究系统进化的主要手段，然而，目前仍然没有从叶绿体基因组数据的角度研究石蒜科物种间的亲缘关系以及对水仙所处的天门冬目甚至整个单子叶植物的系统进化关系进行探讨。由于石蒜科物种的叶绿体全基因组序列较少，不同分支间的进化关系仍不明朗。

水平转移起源陆生植物 *ICL* 基因功能的初步解析

吕莹莹^{1,2}, 张恩盈^{1,2}, 杨泽峰^{1*}

2.扬州大学农学院/植物功能基因组学教育部重点实验室/江苏省作物遗传生理国家重点实验室建设点/江苏省粮食作物现代产业技术协同创新中心, 江苏扬州, 225009

1.青岛农业大学农学院/青岛市主要农作物种质创新与应用重点实验室, 山东 青岛 266109

通信作者: 杨泽峰: zfyang@yzu.edu.cn

陆生植物在进化的过程中, 通过基因重复、从头起源、水平基因转移等方式产生大量新的功能基因, 并获得了对于干旱、辐射、高温等非生物胁迫的耐受性, 以及新的表型特征和代谢途径以适应陆地的生态环境。*ICL* 基因编码的异柠檬酸裂解酶能够将异柠檬酸催化生成乙醛酸, 是乙醛酸旁路中的关键酶。乙醛酸循环实现了脂肪到糖的转变, 对植物的生长发育起着重要的作用。为了阐明植物 *ICL* 基因的起源和进化模式, 并揭示水稻 *ICL* 基因在水稻胚乳发育中的作用, 本研究将综合利用生物信息学方法、分子生物学、基因组学等研究策略, 明确 *ICL* 基因的起源和进化模式, 解析 *ICL* 基因调控水稻产量和品质性状的遗传生理机制。

陆生植物的基因组中普遍具有 *ICL* 基因, 并且序列具有高度的保守性, 然而陆生植物的祖先绿藻中虽然具有 *ICL* 同源基因, 但与陆生植物的同源性较差, 陆生植物 *ICL* 基因并不是通过垂直遗传的方式起源于绿藻。该基因在苔藓植物中没有同源基因, 但在所有已经测序的陆生植物中均具有同源基因。根据同源基因的相似性, 系统发育树的构建和适应性进化分析, 表明该基因通过水平转移方式起源于真菌。本研究发现该基因在水稻所有器官中的表达量较低, 在胚乳中的表达量随着灌浆过程的发展而表现出急剧升高的特点; 并且发现该基因对高温、低温、ABA、NaCl、H₂O₂、PEG 等胁迫处理均有不同程度的响应。进一步构建了该基因的 Crispr/CAS9 突变体植株和过表达植株, 并对表型进行了鉴定, 发现该基因的突变体植株表现为株高、产量等主要性状显著提高, 而过表达植株则显著降低。

研究结果不仅对揭示陆生植物起源和进化的分子机理具有重要的理论价值, 还对进一步揭示相关基因的功能提供了参考。

芒属及其近缘类群的系统发育、网状进化和分类学评价

马洪峰^{1,2,3}, 陈文俐², 戴思兰³, 葛颂^{2*}

1 天津农学院园艺园林学院, 天津 300384; 2 中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京 100093; 3 北京林业大学园林学院, 北京 100083

* 通讯作者 E-mail: 葛颂: gesong@ibcas.ac.cn

芒属物种因其高生物量特性以及对生物胁迫和非生物胁迫的优秀抗性而被视为重要的培育生物能源作物的种质资源。但在前人研究中, 该属成员与甘蔗复合体类群分类关系混乱, 各类群的分类学地位和进化历史阐述均存在争议。本研究搜集了世界范围内芒属所有物种及其近缘类群的代表性样本, 利用 14 个叶绿体 DNA 片段以及 ITS、*FLO/LFY-like* 和 *Ahd1* 等细胞核 DNA 片段, 进行了芒属及其近缘类群的系统发育和生物地理学研究。本研究对各个样本分子系统学数据、细胞学观察和形态学观察数据进行了综合分析, 以期考察芒属及其近缘类群的进化历史, 并对该类群提出合理的分类学建议。系统发育分析表明所有类群分为三个主要支系, 分别代表东亚芒属、红山茅类群和甘蔗复合体类群。本研究表明, 芒属类群近期起源于中国大陆东南部且经历了复杂的网状进化, 喜马拉雅地区、非洲和美洲的特有类群的分布格局是其祖先经由长距离扩散和隔离分化等过程形成的。基于以上研究结果, 本研究提出芒属分类学建议, 即将东亚芒属类群分支定义为芒属的划分范畴, 将原有归并入芒属却位于其他分支的类群(红山茅类群、双药类群等)重新定义成属。

姬蕨复合群的分子系统学研究

穆雨农^{1,2} 商辉¹ 严岳鸿¹ 刘保东²

1 上海辰山植物园, 中国科学院上海辰山植物科学研究中心, 上海 201602

2 哈尔滨师范大学, 黑龙江省普通高等学校植物生物学重点实验室, 哈尔滨 150025

姬蕨属 (*Hypolepis*) 是碗蕨科 (Dennstaedtiaceae) 最大的属, 姬蕨复合群作为姬蕨属植物的重要分支, 分类学现状一直较为混乱。为理清姬蕨复合群内部的系统分类问题, 本文选取了 2 个叶绿体基因组片段 *rbcL* 和 *rps4* 对姬蕨复合群构建系统发育树, 探讨了姬蕨复合群成员的分类学地位和亲缘关系。结果表明: 腺毛姬蕨 (*Hypolepis glandulosopilosa*)、无腺姬蕨 (*Hypolepis polypodioides*)、亚光姬蕨 (*Hypolepis glabrescens*) 和狭叶姬蕨 (*Hypolepis tenera*) 与姬蕨 (*Hypolepis punctata*) 聚成一个单系, 亲缘关系较近, 确定姬蕨复合群成员为姬蕨、腺毛姬蕨、无腺姬蕨、亚光姬蕨、狭叶姬蕨和马来西亚姬蕨 (*Hypolepis malesiana*), 并计划结合形态和地理分布对其进行相应异名、亚种的处理。本研究为解决姬蕨属分类学问题提供了一定的分子证据, 但对其进行分类修订仍需要进一步研究。

Resolving phylogeny and polyploid parentage using genus-wide genome-wide sequence data from birch trees

Nian Wang^{1,2}, Jasmin Zohren¹, Richard J. A. Buggs^{1,3*}

¹School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, Mile End Road, London E1 4NS, UK.

²School of Forestry, Shandong Agricultural University, Taian 271018, Shandong province, China.

³Royal Botanic Gardens Kew, Richmond, Surrey TW9 3AB, UK.

*Corresponding author: Richard Buggs, Email: r.buggs@kew.org or r.buggs@qmul.ac.uk

Resolving the evolutionary histories of genera containing multiple polyploid species remains a huge challenge for phylogenetics. Polyploid species can have single or multiple origins, can arise from multiple parental species, and can contain multiple ploidy levels within them. The genus *Betula* (birches) contains several polyploid species and until now its phylogeny has been poorly resolved and the parentage of its polyploids unknown. Here, we seek to resolve these issues by using genome-wide assembled sequence data from 27 diploid and 31 polyploid *Betula* species or sub-species. We sequenced restriction-site associated DNA (RAD) libraries with 250 base pair paired-end reads, and assembled the data into contigs of 300bp. We used 50,870 loci to construct the evolutionary relationships among diploid *Betula* species using both supermatrix and supertree methods (ASTIAL-III and ASTRID). We then made a mapping-reference containing homologous contigs from all diploid *Betula* species, and mapped trimmed reads from each polyploid species to this reference. We identified the putative diploid progenitors of each polyploid species by comparing the rates of read-mapping success of each polyploid to each diploid. We then used the putative diploid parent sequences to sort the polyploid reads into different sub-genomes. We assembled these and used the contigs to build new phylogenies containing polyploid sub-genomes. The topology of these phylogenies enabled us to estimate which polyploid species had shared versus multiple origins. These approaches yielded a well-resolved history for the genus *Betula*, including its polyploid taxa.

基于 ITS, *matK* 和 *trnL-F* 基因的鸢尾属植物系统进化研究

余小芳¹ 周永红^{2*}

1 四川农业大学风景园林学院, 成都 611130; 四川农业大学小麦研究所, 成都 611130

鸢尾属植物是重要的观赏和药用植物。然而, 它们的系统发育和分类地位仍然存在争议。以部分鸢尾属植物物种的核糖体内转录间隔区(ITS)和叶绿体成熟酶 K(*matK*)和 *trnL-F* 基因的序列为基础, 采用最大简约法进行系统发育分析, 为鸢尾属植物种间关系提供分子证据。结果表明:(1)支持黄花马蔺 (*Iris lactea* var. *chrysantha* Y. T. Zhao) 和马蔺 (*Iris lactea* var. *chinensis* Koidz.) 作为白花马蔺 (*Iris lactea* Pall.) 的变种;(2)单花鸢尾 (*Iris uniflora* Pallas ex Link.) 和紫苞鸢尾 (*Iris ruthenica* Ker Gawler) 两者都为独立种, 矮紫苞鸢尾 (*Iris ruthenica* var. *nana* Maxim.) 是紫苞鸢尾 (*I. ruthenica*) 的异名;(3)扁竹兰 (*Iris confusa* Sealy)、扇形鸢尾 (*Iris wattii* Baker) 和蝴蝶花 (*Iris japonica* Thunb.) 均为独立种;(4)支持将大锐果鸢尾 (*Iris goniocarpa* var. *grossa* Y. T. Zhao) 从变种提升到种的位置, 细锐果鸢尾 (*Iris goniocarpa* var. *tenella* Y.T.Zhao) 是锐果鸢尾 (*Iris goniocarpa* Baker) 的同物异名。(5)大理鸢尾 (*Iris collettii* var. *acaulis* Noltie) 应该从变种提升到种的位置;(6)四川鸢尾 (*Iris sichuanensis* Y. T. Zhao) 和薄叶鸢尾 (*Iris leptophylla* Lingelsheim) 亲缘关系较近, 但两者能够区分, 应为独立种;(7)甘肃鸢尾 (*Iris pandurate* Maxim.) 和粗根鸢尾 (*Iris tigridia* Bunge ex Ledebour) 聚类分支很远, 两者应该保持独立种的位置;(8)粗壮小鸢尾 (*Iris proantha* var. *valida* Y. T. Zhao) 和小花鸢尾 (*Iris speculatrix* Hance) 从聚类结果来看它们与无附属物亚属的亲缘关系更近, 但两者外轮花被片上的鸡冠状装饰物又与鸡冠状附属物亚属相似, 推测它们可能是这两个亚属间的过渡种。

海桑属植物适应性分化模式初探

袁健，黎新年，谢卫，施苏华

中山大学生命科学学院有害生物控制与资源利用国家重点实验室，广州，510275

红树植物海桑属（*Sonneratia*）是研究物种形成的很好材料。海桑属物种均生长在滨海河流的潮间带中，其中拟海桑是杯萼海桑与海桑的杂交种。三者在我国海南岛均有分布。其中杯萼海桑主要生长在低潮带，耐盐能力较强；海桑主要生长在中潮带，环境盐浓度较低；拟海桑生境则介于两者交界处，个体生长优势明显，但子代存活率极低。三者分布的同域区域为种间杂交提供了可能。杂交是物种形成的一种重要方式。全基因组研究显示杯萼海桑与海桑遗传差异约在 3% 左右。

本研究通过比较转录组分析对海桑属植物对于不同生态环境的适应性分化及物种形成进行了初步研究。我们对海南岛东寨港自然保护区中位置相靠近的海桑、杯萼海桑以及拟海桑共 9 个个体进行转录组测序。通过 TopHat-DESeq2 分析流程计算各物种中转录本的表达量，并找出差异表达基因。我们得到拟海桑与杯萼海桑、海桑都有差异的基因有 334 个。通过 WEGO 功能注释，KEGG 富集分析发现差异基因显著富集在氧化还原过程、代谢过程以及氨基酸代谢、外源性物质降解、次生代谢物生成通路中。富集通路均与提高植物抗逆性、抵抗和消灭病菌功能相关并为植物适应环境发挥重要作用。对不同盐度海水和不同的潮间带生态位的适应可能是导致海桑属物种形成的决定力量。本研究为同域分布的海桑属的物种形成与适应性分化模式提供了转录组水平的证据。

木犀属雄全异株繁育系统的探究

张成

南京林业大学 江苏南京 210037

植物繁育系统是当今生物学的热门研究领域之一，最终目的是探明物种多样性的发生历史、系统发育和维持机理来制定相应的保护策略。植物的繁育系统可简单地分为两性、单性异株和单性同株，也可细分为两性、单性异株、单性同株、雌全同株、雄全同株、雌全异株、雄全异株等 7 类。其中，雄全异株的植物种类在 7 类繁育系统中所占比例最低。

雄全异株在被子植物中极为罕见，是指同一种植物中既有雄性植株又有两性植株的繁育系统。而且其中有不少形态上的雄全异株植物实质为功能性的雌雄异株或雌雄同株物种。所以功能性的雄全异株植物种类就更为罕见。雄全异株在性系统、性表达的演化方面具有特殊意义。目前主要有 2 种观点，一种认为雄全异株是单性异株繁育系统向两性同株繁育系统演化的中间类型；另一种认为雄全异株是两性同株繁育系统向单性异株繁育系统演化的过渡类型。

尽管雄全异株在被子植物中所占的比例极小，但在木犀科流苏树属（*Chionanthus*）、梣属（*Fraxinus*）、*Phillyrea* 等几个属中均有报道存在，尤其在木犀属（*Osmanthus*）中雄全异株现象集中出现。木犀属的模式种桂花（*Osmanthus fragrans*）是我国十大传统名花之一，具有重要的经济价值和观赏价值，在中国有悠久的栽培历史和丰富的种质资源，是研究雄全异株繁育系统的理想材料。通过对桂花雄全异株的研究尝试探明形成这种繁育系统的内在分子机制，有助于重建木犀科属以及属内的系统发育关系；雄全异株这一繁育系统的形成也与传粉者有密不可分的关系，研究也有助于了解全球气候变化与植物与传粉者的互作对繁育系统演化的推动作用。最终结合多方面的证据解释和预测雄全异株繁育系统的形成原因和演化方向。

拟南芥和水稻盐胁迫响应潜在基因的系统发育地层学比较分析

张洛艳¹ 张学杰¹ 王宁¹ 樊守金¹

¹ 山东师范大学 生命科学学院, 山东济南, 250014

土壤盐胁迫正日益严重地威胁农作物产量和植物的生长发育, 探讨植物的逆境响应机制对研究抗逆作物和提高植物抗性有重要意义。在本研究中, 我们首先利用鲁棒性荟萃分析(robust rank aggregation method, RRA)整合了 23 个水稻盐胁迫实验, 鉴定出了 497 个上调和 600 个下调的水稻盐胁迫响应潜在功能基因。并与前期发表的拟南芥盐胁迫响应荟萃分析的结果进行了比较分析, 结果表明有 84 个基因家族在水稻和拟南芥中保守性地上调表达, 196/313 个基因家族被在拟南芥/水稻中特异性地上调表达。进一步通过对保守性和特异性表达基因家族的系统发育地层学(Phylostratigraphy)分析发现: (1) 起源较早的古老基因家族构成了植物类群响应盐胁迫保守性的分子基础, 例如油菜素内酯磺基转移酶(brassinosteroid sulfotransferase)家族和乙醛脱氢酶(aldehyde dehydrogenase)家族; (2) 在植物类群经历了多次重复分化的家族和新基因(orphan genes)家族贡献了单子叶和双子叶代表植物的盐胁迫响应特异性, 例如 MYB、WRKY 和 Tify 家族的部分成员仅在拟南芥中上调表达而 bHLH、C2H2 和 ERF 家族则含有仅在水稻中上调的成员。我们的研究利用系统发育生物学的手段比较拟南芥和水稻盐胁迫分子基础的保守性和特异性有助于从宏观进化的角度理解植物抗逆复杂性状的发生和进化。

土壤盐度影响下的黄河三角洲地区野大豆自然种群遗传结构分析

张学杰¹ 姚燕¹ 李娟¹ 樊守金¹

¹ 山东师范大学 生命科学学院, 山东济南, 250014

探讨作物近缘种响应气候和环境快速适应机制对进化生态学研究 and 作物抗逆性状的改良有重要意义。野大豆(*Glycine soja*)是大豆(*Glycine max*)的祖先和近缘种;黄河三角洲是土壤盐度有很大差异的镶嵌型生境。本研究基于共显性的微卫星分子标记(microsatellite markers, SSR)探讨了来自于中国黄河三角洲地区的 7 个自然种群的 78 个野大豆的遗传结构。研究发现了黄河三角洲地区野大豆种群较强的遗传分化($F_{st} = 0.535$)和较弱的基因流($N_m = 0.217$),遗传差异主要由种群间的遗传分化造成(53.51 %)。虽然种群的遗传多样性随着盐度的增长而下降,本研究筛选出了 6 个基因频率与土壤盐度显著正相关的等位基因:satt146-282-bp、satt268-214-bp、satt386-182-bp、k-49-258-bp、k-64-112-bp 和 satt309-138-bp,上述结果表明野大豆种群间与环境差异显著关联的适应性分化。本地生境的自然条件——盐度是影响黄河三角洲地区野大豆自然种群遗传分化的主要因素。

基于 ITS 序列分析的尾叶樱桃谱系地理学初探

朱弘, 李涌福, 张成, 李蒙, 伊贤贵, 段一凡, 王贤荣

南京林业大学 生物与环境学院, 南方现代林业协同创新中心, 亚热带森林生物多样性保护国家林业局
重点实验室, 南京 210037

尾叶樱桃 (*Cerasus dielsiana* (Schneid.) Yu & Li) 隶属蔷薇科樱属落叶小乔木, 是我国亚热带代表性的野生樱属种质资源之一, 开发利用前景十分广阔, 为揭示该物种的谱系分布格局及其演化过程, 为国产野生樱属种质资源的保护与利用提供理论依据。采用核糖体基因内转录间隔区 ITS 片段对来自川、滇、黔、鄂、湘、赣等 11 省 25 个尾叶樱桃天然居群的 203 个样本进行 PCR 扩增与测序, 并综合运用分子谱系地理学的研究手段对所获得的序列进行遗传多样性与谱系结构分析。结果表明: (1) 尾叶樱桃 ITS 序列比对后的总长度为 633 bp, G+C 含量为 58.20%, 共检测出 13 个变异位点, 定义了 18 个核糖体分型 (Ribotypes, R1~R18), 遗传多样性水平较高 ($H_d = 0.879 \pm 0.012$, $\pi = 3.56 \pm 0.16$)。 (2) 系统发育 NJ 树与中介网络图 (Median network) 可将 25 个尾叶樱桃天然居群划分为 4 个地理组, 按遗传多样性水平排序为北部分组 (秦巴山脉和武陵山脉) > 东部分组 (东南丘陵) > 西部分组 (云贵高原) > 中南部分组 (罗霄山脉和南岭山脉)。 (3) 分子方差分析 (AMOVA) 表明, 居群间 (78.27%) 是遗传变异的主要来源, 居群遗传分化系数 ($N_{st} = 0.837 > G_{st} = 0.585$; $P < 0.05$), 具有明显的谱系结构; 除西部地理分组外, 各居群间的基因流较小, 遗传分化较大。 (4) 中性检验 (Neutrality tests) 的 Tajima's D (0.04799; $P > 0.10$) 和 Fu and Li's D^* (0.14602; $P > 0.10$) 均显示为不显著的正值, 不能排除中性进化模式, 但进一步结合单峰的错配分布分析 (MDA) 和遗传趋势模拟 (Forward simulation) 则暗示尾叶樱桃近期可能经历过局部快速扩张事件。笔者推测尾叶樱桃起源自横断山区, 在第四季冰期存在多个避难所 (云贵高原、武陵山脉、南岭山脉), 南岭山脉在冰期后又成为重要扩散通道; 而亚热带山区特殊的地理环境以及第四纪气候的反复波动使得原有居群总体上没有发生大规模的扩张和迁移, 并导致居群 “高山岛屿效应”, 从而塑造了尾叶樱桃的现代分布格局。

Phylogeny and spatio-temporal diversification of *Prunus* subgenus

Laurocerasus section *Mesopygeum* (Rosaceae) in the Malesian region

Liang Zhao^{1, 2}, Daniel Potter³, Yuan Xu⁴, Gabriel Johnson⁵, Zhao-Yang Chang^{1, 2},
Jun Wen^{5*}

¹College of Life Sciences, Northwest A&F University, Yangling, 712100, China

²Herbarium of Northwest A&F University, Yangling, 712100, China

³Department of Plant Sciences, MS2, University of California, Davis, CA 95616, USA

⁴Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Sustainable Utilization, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou, 510650, China

⁵Department of Botany, National Museum of Natural History, MRC 166, Smithsonian Institution, Washington, DC 20013-7012, USA

Author for correspondence, e-mail: wenj@si.edu

The goals of this study were to reconstruct the phylogeny of *Prunus* subgenus *Laurocerasus* section *Mesopygeum* and to provide a preliminary assessment of its spatio-temporal diversification in the Malesian region. We inferred the phylogeny using nuclear ITS, ETS, and the plastid *psbA-trnH*, *rps16*, *rpl16*, and *trnC-petN* sequences. Our analyses support the monophyly of sect. *Mesopygeum*. Within sect. *Mesopygeum*, we identified four major subclades: (1) a subclade comprising species from areas centered on the Sunda shelf and also a few species from continental Asia and Wallacea; (2) a small subclade of species from the Malayan region; (3) a small subclade of species from continental Asia; and (4) a subclade composed of species from areas of the Sahul shelf, with a small number of taxa also from areas of the Sunda shelf, continental Asia, and the Philippines. We estimated that sect. *Mesopygeum* originated in western Malesia at c. 43.22 Mya (95% HPD: 34.39–51.46). Eight dispersals were inferred in total: Four dispersals were inferred from the Sunda shelf region: two to continental Asia, in the late Eocene and early Oligocene, respectively, one to the Sahul shelf region in the Oligocene, and one to Wallacea in the Miocene. There were four dispersals from the Sahul shelf: two back to the Sunda shelf in the mid-Miocene, one to the Philippines at the Oligocene/Miocene border, and one to continental Asia in the early Miocene. The diversification in sect. *Mesopygeum* was likely driven by active geologic events and orogenies in the Neogene in the Malesian region.

分子标记与几何形态相结合的物种鉴定：以栎类为例

杜芳 李月娟

北京林业大学林学院，北京 100083

栎属植物高水平的遗传和形态变异使其鉴定变得极为困难，尤其是对于同域分布的近缘种间的鉴定。本报告将以槲栎和槲树为例，介绍如何利用分子标记与几何形态学相结合的方法来鉴定物种。首先我们基于 nSSR 数据通过贝叶斯聚类分析将 367 个同域分布的槲栎槲树样本分为纯种与杂交个体；其次选取 13 个标志点对 367 个个体的 1835 片叶子进行了几何形态学分析；最后使用线性回归分析了环境变量和叶形变异之间的相关性。结果表明，分子标记与几何形态学相结合可以很好的区分槲树和槲栎两个近缘种（96.9%的槲栎和 95.9%的槲树可以准确的区分），而杂交个体的叶片形态，介于槲树和槲栎之间，但更接近槲栎。此外，我们还证实了槲栎、槲树以及它们的杂交个体的叶形变异与环境因素相关。这种结合的方法提高了鉴定的可靠性和准确性，可用于区分其他鉴定不明确的物种，并突出其在植物生态学和进化研究中的实用性。

水平转移起源陆生植物 *GH5_11* 基因功能的初步解析

陈茹佳, 杨泽峰*

扬州大学农学院/植物功能基因组学教育部重点实验室/江苏省作物遗传生理国家重点实验室建设点/江苏省粮食作物现代产业技术协同创新中心, 江苏扬州, 225009

通信作者: 杨泽峰: zfyang@yzu.edu.cn

植物在由水生到陆生的进化过程中, 面临着与在水中生存截然不同的生态环境, 如干旱、强烈的紫外线照射和不同于水中的病原微生物等。因而, 在植物登陆过程中需要进化出新的基因和表型特征以适应陆地的生态习性。植物 *GH5_11* 类基因编码一种水解酶, 属于糖苷水解酶家族 5 超级基因家族的一个亚族, 在陆生植物中广泛存在。为阐明陆生植物 *GH5_11* 基因的起源和进化模式, 并初步揭示其在植物生长发育中的作用, 本文采用生物信息学与实验生物学相结合的方法, 对该基因亚族在植物中的起源和进化模式进行了探讨, 并基于水稻和拟南芥中同源基因的表达模式分析, 结合对拟南芥突变体的表型鉴定, 初步探究了陆生植物 *GH5_11* 基因的功能。

GH5_11 基因在水生的绿藻中不具有同源基因, 在绿色植物中最早出现在苔藓植物中, 并在大部分已测序陆生植物中具有同源基因。基于系统进化分析和序列相似性分析, 本研究发现陆生植物与真菌的 *GH5_11* 基因具有高度的序列相似性, 并在系统进化树中位于同一分枝, 表明其通过水平转移的方式起源于真菌。在陆生植物的演化过程中, *GH_11* 基因经历了适应性进化, 并有多次基因重复和丢失。模式植物拟南芥和水稻中分别具有 5 个和 4 个 *GH5_11* 基因, 表达分析发现拟南芥和水稻 *GH5_11* 基因具有不同的组织表达模式, 多个水稻和拟南芥的 *GH5_11* 基因表达受到干旱、高温、盐害和 ABA 等非生物逆境的调控, 表明陆生植物的 *GH5_11* 基因可能产生了明显的功能分化。进一步对 2 个拟南芥 *GH5_11* 基因 (*AtGH5_11a* 和 *AtGH5_11c*) 的突变体进行了分析, 结果发现 2 个基因的突变体表现为莲座叶叶面积增大, 并且 *atgh5_11c* 突变体在短日照条件下开花时间显著延迟。突变体植株中总纤维素酶活性显著降低, 并且纤维素酶的三种类型中只有内切葡聚糖酶在 2 个基因的突变体材料中活性显著降低; 纤维素和木质素含量均显著升高, 葡萄糖和蔗糖含量均显著下降, 而果糖含量显著上升。表明拟南芥 *GH5_11* 可能编码一种新的纤维素酶, 并且作用方式属于内切葡聚糖酶。

研究结果不仅对揭示陆生植物起源和进化的分子机制具有一定的理论意义, 还对进一步功能鉴定具有重要的借鉴意义。

Genetic connectivity and bidirectional gene flow of *Nelumbo nucifera* (Nelumbonaceae) populations from Yangtze River: the roles of dams and flooding events

Yuan-Yuan Chen^{1, 2}; Yang Liu^{1, 2}; Xiang-Rong Fan^{1, 2}; Jun-Yao Sun^{1, 2}; Wei Li^{1, 2}; Yan-Ling Liu¹

1 Key Laboratory of Aquatic Plant and Watershed Ecology, Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, Hubei, P. R. China

2 Hubei Key Laboratory of Wetland Evolution & Ecological Restoration, Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, Hubei, P.R. China

Correspondence:

Yuan-Yuan Chen, Yan-Ling Liu, Key Laboratory of Aquatic Plant and Watershed Ecology, Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, Hubei, P. R. China

Email: liuyanling@wbcas.cn

1. Population connectivity determines gene flow, genetic diversity and genetic structure of aquatic plants. It is difficult to predict the genetic structure of aquatic plants across the rivers when the competing factors (e.g. dams or floods) might work together to influence the dispersal of plants.

2. Wild lotus (*Nelumbo nucifera*) is an important genetic resource and it plays a vital role in maintaining the ecological functions of the aquatic ecosystem. Here, we analyzed the genetic structure of *N. nucifera* based on 22 microsatellite markers and 10 populations from 10 different lakes in the mid-lower reaches of Yangtze River. The study lakes were formerly interconnected with the Yangtze River. During the past several decades (1950s-1970s), there were many floodgates or dams built across the Yangtze River.

3. A high genetic differentiation ($F_{ST} = 0.403$; $G''_{ST} = 0.593$; $\Phi_{pt} = 0.406$) and genetic discontinuity were found among populations. The historical gene flow among populations was much higher (4.802-9.923) than that of the contemporary gene flow (0.122-1.668). The results suggested that the recent habitat fragmentation is accompanied with a greatly decreased gene flow among *N. nucifera* populations, and the seasonal floods were not an effective path of dispersal for the plant. Both historical and contemporary gene flow were bi-directional, and the level of upward gene flow is comparable to that of downward gene flow, suggesting that both river flow and zoochory (or mankind) are the major contributors for the gene exchange.

4. The results of low level of genetic variation ($H_E = 0.273$) and high genetic divergence were due to the decreased gene flow, an inbreeding system and repeated genetic bottlenecks. A conservation strategy for protecting as many populations as possible to maximize genomic representation of the species is proposed.

Resolution of intergeneric relationships within the early-diverging angiosperm family Nymphaeaceae based on chloroplast phylogenomics

Ding-Xuan He^{1,2†}, Andrew W. Gichira^{1, 4, 5†}, Zhi-Zhong Li^{1, 4}, John M. Nzei^{1,4,5},
You-Hao Guo³, Qing-Feng Wang^{1,5}, Jin-Ming Chen^{1*}

¹Key Laboratory of Aquatic Botany and Watershed Ecology, Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, China

²School of Biological and Pharmaceutical Engineering, Xinyang Agriculture and Forestry University, Xinyang, China

³Laboratory of Plant Systematics and Evolutionary Biology, College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan, China

⁴University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, China

⁵Sino-Africa Joint Research Center, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, China

[†]These authors contributed equally to this work

The order Nymphaeales, consisting of three families with a record of eight genera, has gained significant interest from botanists probably due to its position as a basal-angiosperm. The phylogenetic relationships within the order have well been studied and resolved; however, a few controversial nodes still remain in the Nymphaeaceae including the position of the genus *Nuphar*. The position of the genus *Nuphar* and the monophyly of the Nymphaeaceae family remain uncertain. This study adds to the increasing number of completely sequenced plastid genomes of the Nymphaeales and applies large chloroplast gene data set in reconstructing the intergeneric relationships within the Nymphaeaceae. Five complete chloroplast genomes were newly generated, including a first one for the monotypic genus *Euryale*. Using a set of 66 protein coding genes from the chloroplast genomes of 17 taxa, the phylogenetic position of *Nuphar* was determined and a monophyletic Nymphaeaceae family was obtained with a convincing statistical support from both partitioned and unpartitioned data schemes. Although genomic comparative analyses revealed a high degree of synteny among the chloroplast genomes of the ancient angiosperms, key minor variations were evident particularly in the contraction/expansion of the Inverted Repeat regions and in RNA editing events. Genome structure, gene content and arrangement were highly conserved among the chloroplast genomes.

电路理论在植物景观遗传学研究中的应用潜力分析

宁宇^{2,2}, 王义飞^{1,2,3,*}, 李肖夏¹, 玛吉措⁴

1. 中国林业科学研究院湿地研究所, 北京 100091; 2. 四川若尔盖高寒湿地生态系统国家定位观测研究站, 四川 若尔盖 624500; 3 湿地生态功能与恢复北京市重点实验室, 北京 100091; 4. 四川若尔盖湿地国家级自然保护区管理局, 四川 若尔盖 624500

景观遗传学的迅速发展为研究异质性系统中的进化生物学问题提供了新颖的理论和方
法。本文以电路理论 (Circuit theory) 在植物景观遗传研究中的应用为主题, 系统解析理论
框架, 明确其核心概念和生态学过程间的映射关系, 从研究主题、方法和模型验证三方面
综述近十年来的相关文献, 在此基础上归纳该理论的优势和局限性。其优势主要为: (1)
可对多条潜在传播路径进行通盘考察并予以比较, 有助于鉴别影响连接度的关键区域或者
廊道; (2) 对哈迪-温伯格平衡假设和栅格大小不敏感, 保证了模型的适应性; (3) 模型要
求物种对生境无明显经验积累, 并特别适合连续广泛分布的物种, 与许多植物的生物学特
点相契合。该理论要求物种随机漫游和传播各向同性两个前提条件, 限制了生物媒介类植
物的适用度。在传播过程具有方向偏好的生态系统中, 其应用也需慎重考虑。结合未来发
展趋势, 本文认为电路理论在植物景观遗传学研究中具有很好的潜力, 但还需要依据具体
的研究问题, 物种习性, 空间尺度和系统性质来进行科学的应用。

A taxonomic revision of Smilacaceae in Asia based on molecular systematics, DNA barcoding and morphological traits

Xinjie Jin¹ Pan Li¹ Zhechen Qi^{1,2} Chengxin Fu^{1*}

1. Laboratory of Systematic & Evolutionary Botany and Biodiversity, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, China

2. Zhejiang Sci-Tech University, Hangzhou, China *, E-mail: cxfu@zju.edu.cn

On the basis of more than twenty years' research on morphology, molecular systematics and DNA barcoding, we present here a taxonomic revision of Smilacaceae in Asia, where is the diversification center of the family. Following the molecular phylogeny tree of eight DNA fragments, we sequenced and analyzed 310 accessions comprising 2-3 individuals of 85 species from Asia based on standard DNA Barcoding method. The combination of *rbcL* + *matK* + ITS provides the highest discrimination success (80.86%) in Smilacaceae. Therefore, DNA barcoding using *rbcL* + *matK* + ITS can be employed as a supplementary means to make taxonomic revision in Asian Smilacaceae with combining morphological traits. Our revision is as follows: (1) The genus *Heterosmilax* is reduced to be a section of *Smilax*, which makes *Smilax* be a only genus in Smilacaceae; (2) A new taxonomic system of *Smilax* is proposed, which recognizes five subgenera and 22 sections, with about 129 species, 3 subspecies and 5 varieties in Asia; (3) Five new species are proposed: *S. ligneoriparia*, *S. amamiana*, *S. microdonta*, *S. hirtellicaulis*, *S. fui*; (4) A new name, *S. binchuanensis*, is used for *H. yunnanensis*; (5) Six names are treated as synonyms: *S. hypoglauca* as the synonym of *S. corbularia*, *S. jiankunii* as the synonym of *S. pottingeri*, *S. tsinchengshanensis* as the synonym of *S. minutiflora*, *S. munita* as the synonym of *S. myrtillus*, *S. nigrescens* as the synonym of *S. castaneiflora*; (6) Two status are changed: *S. luei* is reduced to be a subspecies of *S. nervo-marginata*, and *S. umbrosa* is raised as an independent species; (7) Five species complexes are revealed: a) *S. ferox* complex (*S. chingii*, *S. ferox*, *S. lebrunii*, *S. ploycolea* and *S. outanscianensis*); b) *S. lanceifolia* complex (*S. lanceifolia*, *S. chapaensis*, *S. hemsleyana* and *S. densibarbata*); c) *S. aberrans* complex (*S. aberrans* and *S. retroflexa*), d) *S. vaginata* complex (*S. stans*, *S. trachypoda* and *S. vaginata*), and e) *S. china* complex (*S. china*, *S. davidiana* and *S. nantouensis*). Although the phylogenetic relationships within the complexes have not been resolved, their taxonomic position is proposed based on the statistical analysis of morphological characters.

Molecular phylogeography of *Scrophularia incisa* complex (Scrophulariaceae): revealing the evolutionary history of desert plants in Northwestern China

Ruihong Wang^{1,2}, Zhaoping Yang³, Pan Li¹, Chengxin Fu^{1*}

1. Laboratory of Systematic & Evolutionary Botany and Biodiversity, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China, *email: cxfu@zju.edu.cn*

2. Zhejiang Province Key Laboratory of Plant Secondary Metabolism and Regulation, College of Life Sciences, Zhejiang Sci-Tech University, Hangzhou 310018, China

3. College of Life Sciences, Talimu University, Alaer, Xinjiang, China

Since the Himalayan orogeny in the late Tertiary, declining sea-levels of Tethyan sea gradually and uplift of the Qinghai-Tibet Plateau (QTP) rapidly in early Pleistocene, promoted the drying and desert expansion of the QTP and adjacent regions and certainly affected the plant geographic distribution and evolutionary history. Most studies focus on the QTP-Hengduan mountains region, but phylogeographic pattern of species widely distributed across Pamirs plateau-Tianshan mountains-QTP-Mongolia plateau remains largely unknown. To understand the population relationship and evolutionary history, phylogeographic analysis were examined from *S. incisa* complex, comprising *S. dentata*, *S. incisa*, and *S. kiriloviana*, dominated in Pamirs plateau-Tianshan mountains-QTP-Mongolia plateau. Thirty-two populations of the three closet relatives were genotyped using chloroplast and ribosomal DNA sequences and microsatellite loci to assess molecular structure and diversity, supplemented by phylogenetic dating, ancestral area reconstructions. Lineages Pamirs vs Tianshan mountains-QTP-Inner Mongolia plateau diverged through vicariance during the middle Pliocene, subsequently lineages Tianshan mountains, Qinghai-Gansu-Inner Mongolia and Tibet diverged respectively during Pleistocene. Our phylogeographic analysis supported the importance of Quaternary climate change, in this case the increase of climate/tectonic vicariance, as a cause of divergence in *Scrophularia incisa* complex as a result of allopatric speciation, hybridization and introgression. These findings highlight the complexity of closest relatives evolution and the importance of the Quaternary climate change in shaping the genetic diversity.

Phylogenetic and comparative analyses of chloroplast genomes of five species of *Wisteria* (Fabaceae)

Maoqing Xia Yunpeng Zhao Chengxin Fu

Laboratory of Systematic & Evolutionary Botany and Biodiversity, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China

Wisteria Nutt. (Fabaceae) is a genus of deciduous woody liana disjunct distribute between eastern North America and eastern Asia. Some species are popular as ornament. In this study, we used sequences from whole chloroplast to compare the differences between five species (*Wisteria sinensis*, *W. villosa*, *W. floribunda*, *W. brachybotrys* and *W. frutescens*) and to enhance *Wisteria* phylogenetic resolution. The chloroplast genomes size of the five species ranged from 130,116 to 131,179 bp in length, and lacked inverted repeat (IR) in structures as those of the Fabaceae reported in IRLC before. Each chloroplast genome contained 110 genes, consisting of 76 protein-coding genes, 30 transfer RNA genes, and 4 ribosomal RNA genes. 13 chloroplast hotspot regions (*trnL-trnF*, *trnN-ycf1*, *rpl33-rps18*, *trnS-trnG*, *clpP-psbB*, *ndhF-trnH*, *rps8-rpl14*, *ndhI-ndhG*, *rps18*, *ndhD-ccsA*, *ycf1*, *trnP-psaJ* and *trnR-trnN*) with the nucleotide variability (Pi) values more than 0.02 were identified.

The phylogenetic analyses supported *Wisteria* is monophyletic, and *Wisteria frutescens* of North America is the sister group of Asian *Wisteria*. According to divergence time analyses, the divergence time of *Wisteria* from *Glycyrrhiza* is 21.17 (20.16-22.3) Mya, and the separation of American wisteria from Asian species at 9.41 (8.18-10.86) Mya in the late Miocene. Our study will provide valuable genetic resources for further phylogeographic studies and population genetics on *Wisteria*.

雌雄异熟减少三叶木通自体授粉

王春晖 汪小凡*

武汉大学 湖北武汉 430072

从达尔文开始，被子植物花部结构的多样性就引起了植物学家的广泛关注。伴随着多样的花部结构，植物拥有复杂的繁殖策略和性别系统。但在雌雄同体植物中，自交、近交衰退及性别干扰等潜在的冲突在植物传粉和交配过程中会时常出现。因此，多数植物拥有一套避免自体授粉的策略，如雌雄异熟和雌雄异位等。作为雌雄异花同花序植物，以往人们普遍认为花序内的雌雄异熟不能完全避免个体内的雌雄花期重叠，依然会带来自体授粉，形成性别干扰。但是，关于带来性别干扰的自体花粉的来源以及雌雄异花同花序花粉对结实的影响大小却只有较少的研究提及。

木通属为雌雄异花同株植物，其果实可作为水果食用，并且具有重要的经济价值，但是野外条件下自然结实率偏低。已有研究表明木通为延迟自交不亲和植物（即自交花粉可以萌发长出花粉管，并且顺利长进胚珠，但是不能形成种子），并且推测雌雄异花同株可以减少性别干扰。我们以同属植物三叶木通为材料，通过自交花粉和异交花粉花粉管生长观察，人工自交、异交、先自交后异交、先异交后自交授粉实验，表明自体授粉会显著减少三叶木通的结实。同时，监测了开花物候，定量评估了花序内雌雄花花期不同重叠天数下，雌花柱头上同花序雄花花粉落置量和花粉落置总量，结果表明花序内的雌雄异熟可以显著降低自体花粉落置，减少性别干扰。通过三叶木通自体花粉对结实产生的影响及同花序内雌雄异熟程度对减少性别干扰的研究，探明了花序内的雌雄异熟可以有效降低雌雄异花同株植物的自体授粉率，同时探讨了三叶木通的繁育策略及对性别干扰的适应性机制，并且和木通形成对比。最终结合木通科各属植物，解释和预测木通科植物适应于繁育系统的花部特征多样性的演化方向。

Population structure and genetic connectivity for a critically endangered tree *Manglietia patungensis* in fragmented forests: implications for conservation

Xiang-Rong Fan^{1,2,3}, Wu-Chao Wang^{1,4}, Xiao-Dong Li¹, Yan-Ling Liu¹,
Yuan-Yuan Chen^{1*}

¹ Key Laboratory of Aquatic Plant and Watershed Ecology, Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, China

² College of Science, Tibet University

³ Research Center for Ecology and Environment of Qinghai-Tibetan Plateau, Tibet University

⁴ University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, People's Republic of China

Correspondence: Yuan-Yuan Chen, Key Laboratory of Aquatic Plant and Watershed Ecology, Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, Hubei, P. R. China, Email: yychen@wbgcas.cn

Analysis of genetic variation and population connectivity plays an important role in protecting endangered species. *Manglietia patungensis* is an endangered tree that is endemic to the mountainous areas East Sichuan-West Hubei in China and is an important horticultural plant. Here, we analyzed the genetic variation and gene flow of *M. patungensis* based on 18 microsatellite markers and the four extant populations. *M. patungensis* exhibited low to moderate level of intra-population microsatellite variations ($HE = 0.247-0.465$), which might be explained by inbreeding, genetic bottlenecks and genetic drift. The F_{ST} and AMOVA indicated consistently the gene differentiation among populations accounted for 20 % of the total genetic diversity. When the small number of populations was considered, the measurement G''_{ST} showed that 34.8% of the genetic variation among populations. The results that historical gene flow ($N_m = 1.006$ and 0.468) was much higher than the first-generation gene flow ($N_m = 0.064$) might infer that recent habitat fragmentation resulted in decreased gene flow. A conservation strategy for protecting as many populations as possible to maximize genomic representation of the species is proposed. In addition, the artificial pollination was recommended in natural populations in case of inbreeding and low rate of seed setting in populations.

Genome skimming data reveals multiple chloroplast capture events between *Tiarella* and *Heuchera*

Luxian Liu¹, Yingxue Du¹, Ryan A. Folk³, Pan Li^{2*}, Douglas E. Soltis³, Chengxin Fu²
¹Key Laboratory of Plant Stress Biology, Laboratory of Plant Germplasm and Genetic Engineering, College of Life Sciences, Henan University, Kaifeng, 475000, China
²Laboratory of Systematic & Evolutionary Botany and Biodiversity, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, 310058, China
³Department of Biology, University of Florida, Gainesville, FL 32611, USA
*Corresponding author

In Saxifragaceae, the *Heuchera* group contains nine herbaceous genera, which presents a particularly valuable model for the analysis of chloroplast capture and its impact on phylogeny reconstruction. In this study, seven species (11 individuals) were selected for genome skimming to assembly their chloroplast (cp) genomes, and investigate the phylogeny of *Tiarella* and chloroplast capture between *Tiarella* and *Heuchera*. These 11 chloroplast genomes exhibited highly similar in overall size (narrowly from 154,407 bp to 155,400 bp), structure, gene order and content (encoding 119 identical genes including 79 protein coding genes, 30 tRNA genes and four rRNA genes). Comparative analysis of chloroplast genomes from twelve representative Saxifragaceae species revealed that size variations of the cp genomes are purely ascribed to the length differences of LSC, SSC, and IRs regions. Using nuclear ETS + ITS and the complete plastid genome, we fully resolved the species relationships of *Tiarella* (BS=100%, PP=1.00), finding that the genus is monophyletic and the Asian species is most closely related to the western North American species. Comparisons of nuclear and plastid phylogenies revealed multiple chloroplast capture events have occurred between *Tiarella* and *Heuchera* through ancient hybridization. We additionally developed numerous molecular markers for *Tiarella* (eg. cp hotspot and nuclear polymorphic SSRs) for population genetics and phylogeography of this disjunct genus.