•研究报告•

基于DNA条形码评估西双版纳国家级自然保护区对樟科植物进化历史的保护

侯勤曦^{1,2} 慈秀芹^{1,2} 刘志芳^{1,2} 徐武美³ 李捷^{1*}

1 (中国科学院西双版纳热带植物园综合保护中心植物系统发育与保护生物学实验室, 昆明 650223)

2 (中国科学院大学, 北京 100049)

3 (云南师范大学能源与环境科学学院, 昆明 650500)

摘要: 为评估西双版纳国家级自然保护区对樟科这一重要植物类群进化潜力的保护情况, 揭示将物种进化历史纳入生物多样性保护评估的重要性, 本研究通过对西双版纳地区长期的野外调查并查阅标本记录与文献资料, 整理出该地区樟科13属121种物种的具体分布信息, 以植物条形码ITS序列作为分子标记构建了反映整个西双版纳地区樟科植物系统发育关系的系统发育树。我们以此为基础, 从物种层面分析了各物种的进化特异性(evolutionary distinctiveness, ED), 从区域层面分析了自然保护区内、外以及32个行政乡镇的系统发育多样性(phylogenetic diversity, PD), 并结合物种丰富度(species richness, SR)与物种濒危等级, 综合探讨了西双版纳国家级自然保护区对樟科植物进化历史的保护情况。研究发现, 西双版纳国家级自然保护区仅拥有整个西双版纳地区54.5%的樟科物种数, 却保护了该地区樟科植物约88.8%的进化历史, 没有被列入保护范围但却拥有高系统发育多样性的区域有打洛镇、易武乡等。就物种而言, 进化特异性相对较高的19个物种中, 有5种(26.3%)在自然保护区内没有分布; 濒危等级高的54个物种中, 有20种(37.0%)在自然保护区没有分布, 同时拥有高进化特异性和濒危等级的物种仅有1种不在保护区内分布。结果表明, 虽然西双版纳国家级自然保护区对樟科这一植物类群的系统发育多样性以及高保护价值物种的保护较好, 但仍有部分重要樟科植物的进化历史没有涵盖在现有自然保护区范围内; 按照传统方法设定的自然保护区虽能在一定程度上保护樟科物种的进化历史, 但仍然存在与标准化系统发育多样性保护策略相矛盾的地方。因此, 今后在建立自然保护区时, 应将系统发育多样性考虑在内, 以保护生物多样性应对环境变化的潜力。

关键词: 进化历史; 系统发育多样性; 进化特异性; 自然保护区; DNA条形码; 樟科

Assessment of the evolutionary history of Lauraceae in Xishuangbanna National Nature Reserve using DNA barcoding

Qinxi Hou^{1,2}, Xiuqin Ci^{1,2}, Zhifang Liu^{1,2}, Wumei Xu³, Jie Li^{1*}

1 Laboratory of Plant Phylogenetics and Conservation, Center for Integrative Conservation, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049

3 School of Energy and Environment Science, Yunnan Normal University, Kunming 650500

Abstract: Global biodiversity is diminishing at an unprecedented rate due to anthropogenic changes in the environment and establishing nature reserve is one of the most effective strategies for reducing biodiversity loss. Xishuangbanna, located in Southwest China, is a famous biodiversity hotspot and Lauraceae plants play an important role in the composition of its forest vegetation. To assess the role of Xishuangbanna National Nature Reserve (XNNR, established in 1958) in the conservation of evolutionary history of Lauraceae and to demonstrate the importance of combining phylogenetic information with biodiversity conservation, the evolutionary distinctiveness (ED), phylogenetic diversity (PD), species richness (SR), and endangerment categories

收稿日期: 2017-12-25; 接受日期: 2018-02-24

基金项目: 国家自然科学基金(31770569, 31500454)和中国科学院战略生物资源服务网络计划生物多样性保护策略(ZSSD-013)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: jieli@xtbg.ac.cn

of Lauraceae plants in Xishuangbanna were investigated. Results show that XNNR conserves only half of Lauraceae species (54.5%) found in Xishuangbanna, while 88.8% of PD was protected. However, there are still some areas (e.g. Daluo Town and Yiwu Town) with high PD that are not listed as conservation areas. A total of 19 species with high ED values (> 0.1) were found in Xishuangbanna, of which five species (26.3%) were not conserved in the XNNR, while 20 (37.0%) of 54 endangered species were not distributed in the nature reserve. Only three species with both high ED and endangerment categories were not found in the nature reserve. Our study shows that the XNNR has protected a large proportion of PD and species with high conservation value, however, some important evolutionary history and endangered species of Lauraceae are still not conserved in the XNNR, indicating that the traditional assessment solely based on species richness could not incorporate phylogenetic information completely. We therefore conclude that PD should be considered in establishing nature reserves to maximize the evolutionary potential in an uncertain future.

Key words: evolutionary history; phylogenetic diversity; evolutionary distinctiveness; nature reserve; DNA barcoding; Lauraceae

随着全球气候变化、人口增长和人类活动加剧,生物多样性正以前所未有的速度发生变化(De Vos et al, 2015),这将会威胁生态系统的服务功能(Mace et al, 2012; Oliver et al, 2015)。对于生物多样性丰富的地区,保存生物多样性最有效的方法就是通过建立自然保护区保护当地自然生态系统(Rodrigues & Gaston, 2002),但如何选择保护区域和确定保护优先顺序是生物多样性保护的重大挑战之一(Forest et al, 2007)。

目前,已建立的自然保护区多是考虑物种多样性(Rodrigues et al, 2005)。但是,基于物种多样性的保护假设所有物种都是等价的,并没有考虑物种在进化历史上积累的差异(Qian et al, 2017)。如果仅以物种多样性来评估现有自然保护区的保护现状,就无法估测自然保护区中生物类群的进化历史及其在进化潜力上的价值(Faith, 1992),且易忽略那些蕴藏有大量进化历史但物种多样性不丰富的地区(Mooers & Atkins, 2003; Soutullo et al, 2005; Yek et al, 2009; Laity et al, 2015)。Forest等(2007)通过比较南非好望角东、西部地区的植物物种丰富度和系统发育多样性发现,虽然西部地区的物种多样性比东部地区高,但由于系统发育结构较为聚集,其系统发育多样性比预计的低,据此提出东部地区具有更高的保护价值。因此,生物多样性保护策略的制定以及对现有自然保护区物种保存现状的评估应该更多地结合物种在进化上的差异,并考虑生物多样性进化潜力,也就是需要结合物种的系统发育关系进行评估(Mishler et al, 2014)。

将生物类群的系统发育关系纳入生物多样性的保护评估主要有两种方法,即基于物种和基于区

域的方法(Rolland et al, 2012)。基于物种的评估是计算每个物种的进化特异性(evolutionary distinctiveness, ED),ED值是按其终端分支的长度加上共同祖先分支的加权值来计算,体现了每个物种对总进化历史的贡献率(Redding & Mooers, 2006)。ED考虑了系统发育关系相近的物种中存在的进化冗余,使得那些较少与其他物种共享进化历史的物种拥有更大的保护价值(Isaac et al, 2007)。Abellán等(2013)以西班牙伊比利亚半岛国家公园中的4种鞘翅目水生动物为研究对象,综合分析了各物种的进化特异性与受威胁程度,结果发现伊比利亚半岛特有水生动物的进化特异性与其受威胁程度之间无相关性,并且大部分极易受到威胁且进化特异性高的分类群并没有被国家公园所覆盖,提出增加新的保护区域以保护这4种鞘翅目水生动物的进化历史。基于区域的评估则是计算整个区域的系统发育多样性(phylogenetic diversity或phylodiversity, PD),以度量所关注类群最小距离路径(minimum spanning path)的分支支长总和来体现(Faith, 1992),因此系统发育多样性能够辨别出累积有深远进化历史的类群(Forest et al, 2007)。Pollock等(2015)针对澳大利亚维多利亚地区的自然保护区开展研究,以森林林冠优势树种桉树(*Eucalyptus robusta*)为研究对象,分析了它在该地区的系统发育多样性,模拟得出如果将保护区的面积扩大5%,系统发育多样性的值将增加30%左右,说明这些新增的小区域正好是保护桉属物种进化潜力的关键地区。

区域的系统发育多样性依赖于该区域的生命之树来进行计算分析,依据分子数据获取研究区域内物种间准确的进化关系,构建高解析度的生物类

群系统发育树,即从进化维度评估地区生物多样性(慈秀芹和李捷, 2017)。DNA条形码能够提供一个通用的分子标记来计算一个群落或区域内所有类群较为真实的分支长度,能为系统发育树末端分支提供准确的系统发育位置(葛学军, 2015),得到高精度的系统发育树和较为确定的物种间进化关系(Chen et al, 2010),这使其成为构建与评估区域系统发育多样性的有力技术手段(Kress et al, 2009)。

西双版纳地区拥有我国现存面积最大的热带森林,带有大陆东南亚热带北缘的性质和特点(朱华和闫丽春, 2012)。西双版纳国家级自然保护区(100°16′–101°50′ E, 21°10′–22°24′ N)地跨西双版纳傣族自治州的景洪市和勐腊、勐海两县,由地域上相近而又互不相连的勐养、勐仑、勐腊、尚勇和曼稿等5个子保护区组成。该保护区面积仅占云南省总面积的0.6%,占全国陆地总面积的0.026%,而保护区内的种子植物种数分别占云南的17.9%和全国的10.0%,物种多样性极为丰富(西双版纳自然保护区综合考察团, 1987)。但近年来,随着社会经济的迅速发展以及人类活动的急剧增多,重要热带经济作物如茶叶、砂仁,尤其是橡胶种植的大力发展,自然保护区面临着前所未有的威胁。西双版纳地区原始森林的面积以极快的速度减少,森林覆盖率由1976年的70%,下降至2003年的不足50%,热带季雨林共损失了约139,576 ha (Li et al, 2007)。另据最新研究,1988–2010年的短短20多年间,西双版纳自然保护区有近10%的保护区域被橡胶种植所侵占,伴随着森林面积减少的同时,这些区域的生物多样性正在大量丢失(Chen et al, 2016)。因此,有必要对西双版纳自然保护区生物多样性保护状况进行评估,以利于有效地实施保护。

樟科作为热带森林区系中常见且广泛分布的重要植物类群,在西双版纳的热带季节性雨林、热带山地雨林、热带山地常绿阔叶林等森林植被中均为植物区系的重要组成部分(朱华等, 2015)。樟科植物种类具有较高的经济价值,可作为芳香油、木材、调味料等(西双版纳国家级自然保护区管理局和云南省林业调查规划院, 2005)。本研究拟通过对整个西双版纳地区和西双版纳国家级自然保护区中樟科植物系统发育多样性进行对比研究,评估现有的自然保护区是否很好地保护了樟科植物的进化历史和进化潜力,发掘被遗漏的樟科植物系统发育多

样性高的地区,并结合物种丰富度和濒危保护物种在自然保护区的分布情况,综合分析西双版纳地区对樟科植物的保护情况,以期对樟科植物的可持续利用提供参考。

1 方法

1.1 研究区域

西双版纳傣族自治州位于云南省最南端,介于99°58′–101°50′ E, 21°09′–22°36′ N之间,总面积19,690 km²。该地区由于受印度洋季风控制,属于热带季风气候,全区年平均气温15.1–21.7℃,年降水量1,193–2,491 mm,降雨的时空分配不均,有明显的干湿季之分和东湿西干的特征(朱华和闫丽春, 2012)。本研究以西双版纳地区的32个行政乡镇以及勐仑、勐养、勐腊、尚勇、曼稿等5个子自然保护区为研究亚区(附录1),对西双版纳地区的樟科植物系统发育多样性进行系统评估。

1.2 西双版纳地区樟科物种分布调查

基于长期野外考察并查阅相关标本馆(包括数字标本馆)馆藏结合已发表的文献资料和西双版纳森林生态系统国家野外科学观测研究站长期监测数据,并通过咨询长期在西双版纳地区从事野外科考工作的专家,调查樟科各物种在西双版纳32个行政乡镇以及西双版纳国家级自然保护区内的具体分布情况。标本馆馆藏包括中国科学院西双版纳热带植物园标本馆(HITBC)、昆明植物研究所标本馆(KUN)、中国数字植物标本馆(CVH, <http://www.cvh.org.cn/>)中关于西双版纳地区樟科植物的标本记录;文献资料包括《西双版纳野生种子植物》(朱华和闫丽春, 2012)和《西双版纳国家级自然保护区》(西双版纳国家级自然保护区管理局和云南省林业调查规划院, 2005)中所记载的西双版纳地区樟科植物物种名录。最终整理形成樟科物种在西双版纳地区与各研究亚区的具体分布信息。

1.3 DNA条形码数据的整理与补充

基于前期利用4个植物条形码(叶绿体基因 *rbcL*、*matK*、*trnH-psbA*与核基因ITS)对中国樟科植物进行系统发育重建的研究结果,发现ITS序列较其他3个条形码具有更好的解析能力(Liu et al, 2017)。整理来自GenBank中西双版纳樟科植物的ITS序列后,对缺乏分子数据的樟科物种进行补充。在野外采集用于DNA提取的叶片材料及凭证标本,

使用改良CTAB法提取总DNA (Porebski et al, 1997), 并对目标物种进行ITS片段扩增(高连明等, 2012), 扩增产物送华大基因科技有限公司(BGI)完成测序。测序结果使用软件Sequencher 4.14 (Gene Codes Corporation, Ann Arbor, Mich.)进行比对和人工校对, 并在Geneious 6.1.5 (Biomatters Ltd.)中选择Clustal X (Larkin et al, 2007)进行排序。

1.4 系统发育树的构建

将比对、排序后得到的ITS矩阵导入CIPRES超级远程计算机(Miller et al, 2010), 利用RAxML程序(Stamatakis, 2006)进行最大似然法(maximum likelihood, ML)分析, 构建西双版纳地区樟科植物的系统发育树。对23个因缺少材料而没有得到分子数据的物种, 采用Pollock等(2015)的方法, 人为插入到该种所在的属的单系分支中(末端支长设为0)。由于木姜子属(*Litsea*)为并系类群, 因此将没有分子数据的木姜子属物种结合形态学特征插入到其形态相近种所在的支系中, 最终得到樟科植物系统发育树。

1.5 系统发育多样性分析

利用构建的系统发育树, 使用R软件的picante包计算整个西双版纳地区、32个行政乡镇、自然保护区以及5个子保护区的樟科类群的Faith系统发育多样性(PD_{Faith}, Faith, 1992; Kembel et al, 2010; R Development Core Team, 2013)。为探讨各研究区域系统发育多样性是否高于或低于随机模型预测值, 本研究还计算了标准化的Faith系统发育多样性指数(standardized effect size of PD, PD_{SES}), 计算方法如下(Webb et al, 2008):

$$PD_{SES} = \frac{PD_{observed} - PD_{randsample}}{SD(PD_{randsample})} \quad (1)$$

式中, PD_{observed}为系统发育多样性观测值, 也就是PD_{Faith}, PD_{randsample}是从整个西双版纳地区樟科植物为基础的物种库中随机进行999次同等物种数量抽样结果的平均值, SD为随机抽样结果的标准差。PD_{SES} > 0说明该区域的PD值比随机预期值高; PD_{SES} < 0表示该区域的PD值比随机预测值低。

1.6 物种保护价值综合评估

为了评估西双版纳地区樟科每一个物种的保护价值, 对各物种的进化特异性(ED)和濒危等级进行综合分析。ED的计算在R软件的picante包中完成(Redding & Mooers, 2006); 濒危保护等级按照

IUCN (International Union for Conservation of Nature)物种红色名录的濒危等级标准, 分为绝灭(EX)、野外绝灭(EW)、极危(CR)、濒危(EN)、易危(VU)、近危(NT)、无危(LC)、数据缺乏(DD)和未予评估(NE) 9个等级(IUCN, 2017); 并根据《中国物种红色名录》(汪松和解焱, 2004)和“西南-云贵渝地区本土植物清查与保护”的调查结果^①进行统计。西双版纳地区有记录的樟科植物主要有极危、濒危、易危3个等级, 最终确定西双版纳地区受威胁樟科植物的分布情况并评估其受保护程度。

2 结果

2.1 西双版纳地区樟科植物的物种丰富度与系统发育多样性

汇集标本馆馆藏信息、西双版纳地区相关文献资料以及各类科考记录, 我们整理得到了西双版纳地区樟科13个属共计121种的物种名录和分布信息, 并基于这121种樟科植物的ITS序列构建了系统发育树(图1)。基于系统发育树分析得到樟科植物在西双版纳国家级自然保护区与各子保护区的物种丰富度和系统发育多样性及各自所占比例(表1)。结果显示, 西双版纳地区樟科植物的总系统发育多样性为6.51, 在西双版纳国家级自然保护区为5.78, 占整个西双版纳地区樟科植物系统发育多样性的88.8%, 而自然保护区的樟科物种数为66, 占整个西双版纳地区樟科物种数的54.5%。在自然保护区的5个子保护区中, 勐腊子保护区的樟科物种数为53, 系统发育多样性为5.64, 为5个子保护区中最高的; 曼稿子保护区的樟科物种数为36, 系统发育多样性为4.97, 是5个子保护区中最低的; 勐养子保护区与尚勇、勐仑子保护区相比, 虽物种丰富度较高, 但系统发育多样性低于后两个子保护区。另外, 将各子保护区的PD值标准化后发现其值均高于期望值(PD_{SES} > 0), 其中曼稿子保护区的PD_{SES}值最高, 勐养子保护区最低。

比较樟科植物在西双版纳32个乡镇的物种丰富度与系统发育多样性发现(表2), 各区域的系统发育多样性与物种丰富度呈极显著的正相关关系(图2, $r = 0.75$, $P = 1.61e^{-11}$), 因为系统发育多样性在一定程度上受物种多样性的影响。而将各乡镇的PD值进

① 引自中国植物园联盟建设项目(KFJ-1W-NO1)“本土植物全覆盖保护(试点)计划(KFJ-1W-NO1-1)”中子课题“西南-云贵渝地区本土植物清查与保护(KFJ-1W-NO1-11)”的总结报告。

图 1 利用 ITS 序列构建西双版纳地区 121 种樟科物种的系统发育进化树。每个节点支持率数值用星号(≥ 85%, 高度支持)、菱形(70–84%, 中度支持)、圆形(50–69%, 较弱支持)表示。人为插入的 23 个没有分子信息的物种用灰色条块突出。带颜色的圆形代表了物种在 5 个子保护区的分布情况, 红色代表在勐养子保护区有分布, 绿色代表在勐仑子保护区有分布, 紫色代表在勐腊子保护区有分布, 黑色代表在尚勇子保护区有分布, 蓝色代表在曼稿子保护区有分布。

Fig. 1 A phylogenetic tree of 121 species of Lauraceae in Xishuangbanna based on a maximum likelihood analysis of ITS sequence data. Nodes with strong (≥ 85%), moderate (70–84%) and weak (50–69%) bootstrap support are indicated by an asterisk, a diamond and a round, respectively. The 23 species without molecular information were highlighted with gray bars. Round filled with red, green, purple, black, blue represent the distribution of the species in Mengyang sub-reserve, Menglun sub-reserve, Mengla sub-reserve, Shangyong sub-reserve, and Mangao sub-reserve, respectively.

行标准化处理后,发现 PD_{SES} 值与物种丰富度无明显的相关性(图3),其中普文镇的 PD_{SES} 值最高,而该区域的樟科物种数为17,仅占整个西双版纳地区樟科物种数的18%;其次,易武乡、勐往乡、打洛镇、尚勇镇、勐混镇的 PD_{SES} 值也较高;而勐宋乡、勐海镇、勐罕镇、勐腊县的勐满镇、关累镇、西定布朗族哈尼族乡的 PD_{SES} 值较低(图4)。另外,虽然勐腊镇、勐龙镇、勐仑镇、基诺山基诺族乡以及格朗和哈尼族乡物种丰富度和 PD_{Faith} 值都较高($SR > 40$, $PD_{Faith} > 4$),但这些区域的 PD_{SES} 值为负,表明实际的PD值比期望值低。

2.2 西双版纳地区樟科物种保护价值的综合评估

综合西双版纳地区樟科各物种的ED值与保护等级,我们得到了它们的保护价值综合评估表(表3),鉴定出19种ED值相对较高的物种($ED > 0.1$),其中无根藤(*Cassytha filiformis*)的最高(1.08)。而这些ED值较高的物种中有5种(26.3%)在自然保护区内没有分布。根据《中国物种红色名录》和“西南-云贵渝地区本土植物清查与保护”调查结果综合统计发现,西双版纳地区樟科植物濒危等级在易危(VU)及以上(EX、CR、EN)的物种共有54种,其中有20种(37.0%)在自然保护区没有分布。

3 讨论

3.1 西双版纳地区樟科植物的物种丰富度与系统发育多样性

西双版纳是全球生物多样性保护的关键和热点地区之一,其热带湿润气候造就了丰富的物种多样性(朱华等, 2015),其中樟科植物种类有121种,占全国(Li et al, 2008)的27.4%。20世纪60年代建立

的西双版纳国家级自然保护区保护了整个西双版纳地区樟科植物54.5%的物种和88.8%的系统发育多样性,在樟科植物进化历史的保护方面发挥了重要作用。这可能是由于自然保护区内约80%的植被亚型为季风常绿阔叶林(西双版纳国家级自然保护区管理局和云南省林业调查规划院, 2005),而樟科作为该森林类型的代表植物类群,种类较为丰富,自然保护区内分布的樟科植物涵盖了西双版纳地区所有13个属的樟科植物(图1),较为全面地保存了樟科植物类群各支系的进化历史,且包含了无根藤、思茅木姜子(*Litsea pierrei* var. *szemois*)、新樟属(*Neocinnamomum*)这些支长明显较长的物种。

西双版纳自然保护区的5个子保护区因各自的面积、地势与植被类型等不同而对樟科植物进化历史的保护贡献不尽相同。曼稿子保护区虽然物种丰富度和系统发育多样性最低($SR = 36$, $PD = 4.97$),但其 PD_{SES} 值最大(1.54),该区域所保护的樟科物种在系统发育树中较为发散,既有较为原始的类群,又有较为进化的种类,在保护物种较少的情况下保护了较多的进化历史,使得保护成效最大化。勐养子保护区是5个子保护区中面积最大的,但由于其中约有12%的竹林、16%的人工经济林和农地,对樟科进化历史($PD = 5.41$, $PD_{SES} = 1.15$)的保护价值比其他4个子保护区低,因此保护面积的扩大并非是生物多样性保护的最佳对策。

在西双版纳地区的32个乡镇中,位于自然保护区以外的打洛镇拥有高的PD值和 PD_{SES} 值,该区域位于中缅边境,受人为干扰较少,且拥有大面积的森林斑块($> 10 \text{ km}^2$),种植橡胶的面积较少,可作为保护区以外的重点补充区域。此外,易武乡的樟科

表1 西双版纳国家级自然保护区及各子保护区樟科的系统发育多样性与物种丰富度及各自所占的比例

Table 1 Phylogenetic diversity (PD_{Faith}), species richness (SR) and their proportions of Lauraceae in Xishuangbanna National Nature Reserve and each sub-reserve

区域 Region	物种丰富度 SR (%)	系统发育多样性 PD_{Faith} (%)	标准化系统发育多样性 Standardized effect size of PD (PD_{SES})	P
西双版纳国家级自然保护区 Xishuangbanna National Nature Reserve	66 (54.5)	5.78 (88.8)	—	—
勐养子保护区 Mengyang sub-reserve	49 (40.5)	5.41 (83.1)	1.15	0.85
勐仑子保护区 Menglun sub-reserve	47 (38.8)	5.49 (84.3)	1.35	0.89
勐腊子保护区 Mengla sub-reserve	53 (43.8)	5.64 (86.6)	1.21	0.88
尚勇子保护区 Shangyong sub-reserve	47 (38.8)	5.49 (84.3)	1.32	0.89
曼稿子保护区 Mangao sub-reserve	36 (29.8)	4.97 (76.3)	1.54	0.92
西双版纳地区(总) Xishuangbanna region (Total)	121	6.51	—	—

表2 西双版纳32个行政乡镇的樟科物种丰富度(SR)、系统发育多样性(PD_{Faith})和标准化系统发育多样性(PD_{SES})
Table 2 Species richness (SR), phylogenetic diversity (PD_{Faith}) and the standardized effect size of PD (PD_{SES}) of Lauraceae in 32 administrative towns in Xishuangbanna

西双版纳行政乡镇 Administrative towns in Xishuangbanna		SR	PD _{Faith}	PD _{SES}	P
勐海县 Menghai County	勐满镇 Mengman Town	39	4.96	1.16	0.87
	勐阿镇 Menga Town	24	3.72	1.00	0.82
	勐往乡 Mengwang Town	26	4.63	2.06	0.97
	西定布朗族哈尼族乡 Xiding Blang Hani Ethnicity Town	17	2.00	-0.91	0.17
	勐遮镇 Mengzhe Town	20	3.13	0.51	0.70
	勐海镇 Menghai Town	12	1.24	-1.46	0.06
	勐宋乡 Mengsong Town	26	2.27	-1.49	0.04
	打洛镇 Daluo Town	30	4.83	1.95	0.96
	勐混镇 Menghun Town	31	4.64	1.57	0.93
	格朗和哈尼族乡 Gelanghe Hani Ethnicity Town	45	4.10	-0.43	0.35
	布朗山布朗族乡 Bulangshan Blang Ethnicity Town	13	2.12	-0.08	0.55
景洪市 Jinghong City	景讷乡 Jingne Town	29	3.64	0.25	0.59
	普文镇 Puwen Town	17	4.07	2.59	0.99
	勐旺乡 Mengwang Town	21	3.62	1.16	0.87
	大渡岗乡 Dadugang Town	22	3.35	0.62	0.74
	景洪 Jinghong	14	2.29	0.02	0.58
	勐养镇 Mengyang Town	38	4.92	1.20	0.87
	基诺山基诺族乡 Jinuoshan Jinuo Ethnicity Town	52	4.33	-0.65	0.26
	嘎洒镇 Gasa Town	20	2.71	-0.11	0.53
	勐罕镇 Menghan Town	16	1.78	-1.13	0.07
	景哈哈尼族乡 Jingha Hani Ethnicity Town	15	2.23	-0.20	0.48
	勐龙镇 Menglong Town	53	4.39	-0.58	0.30
勐腊县 Mengla County	象明彝族乡 Xiangming Yi Ethnicity Town	43	5.02	0.99	0.83
	易武乡 Yiwu Town	26	4.58	2.11	0.97
	勐仑镇 Menglun Town	63	5.04	-0.42	0.33
	关累镇 Guanlei Town	28	2.74	-0.98	0.17
	瑶区瑶族乡 Yaoqu Yao Ethnicity Town	14	2.10	-0.28	0.47
	勐伴镇 Mengban Town	38	4.00	-0.03	0.50
	勐捧镇 Mengpeng Town	15	2.15	-0.30	0.46
	勐腊镇 Mengla Town	66	4.92	-0.76	0.21
	勐满镇 Mengman Town	15	1.73	-1.09	0.08
	尚勇镇 Shangyong Town	29	4.62	1.77	0.95

图2 西双版纳地区32个乡镇的系统发育多样性与物种丰富度的相关性($r = 0.75, P = 1.61e^{-11}$)
Fig. 2 Correlation between phylogenetic diversity (PD_{Faith}) and species richness for 32 towns in Xishuangbanna where $r = 0.75, P = 1.61e^{-11}$

图3 西双版纳地区32个乡镇的标准化系统发育多样性与物种丰富度与的相关性
Fig. 3 Correlation between standardized effect size of phylogenetic diversity (PD_{SES}) and species richness for 32 towns in Xishuangbanna

图4 西双版纳傣族自治州32个乡镇的标准化系统发育多样性
Fig. 4 PD_{SES} of 32 towns in Dai Autonomous Prefecture of Xishuangbanna

表3 西双版纳地区樟科各物种的进化特异性(ED)和珍稀濒危等级(根据《中国物种红色名录》(I)和“西南-云贵渝地区本土植物清查与保护”调查结果(II))以及各物种在保护区内的分布情况
Table 3 Evolutionary distinctiveness (ED) and endangered levels (based on China Species Red List (I) and the result of Endemic Plants Inventory and Protection in Southwest China (II)) of Lauraceae in Xishuangbanna and distribution in the nature reserve

物种 Species	ED	I	II	分布 Distribution	物种 Species	ED	I	II	分布 Distribution
思茅黄肉楠 <i>Actinodaphne henryi</i>	0.11	EN	-	+	无根藤 <i>Cassytha filiformis</i>	1.08	-	VU	+
勐海黄肉楠 <i>A. menghaiensis</i>	0.02	-	VU	-	滇南桂 <i>Cinnamomum austro-yunnanense</i>	0.06	VU	VU	+
倒卵叶黄肉楠 <i>A. obovata</i>	0.06	-	-	+	钝叶桂 <i>C. bejolghota</i>	0.06	-	-	+
马关黄肉楠 <i>A. tsaii</i>	0.05	-	CR	-	阴香 <i>C. burmannii</i>	0.02	-	-	-
毛叶油丹 <i>Alseodaphne andersonii</i>	0.07	-	-	+	肉桂 <i>C. cassia</i>	0.02	-	-	-
长柄油丹 <i>A. petiolaris</i>	0.19	-	VU	+	坚叶樟 <i>C. chartophyllum</i>	0.04	EN	VU	+
山潺 <i>Beilschmiedia appendiculata</i>	0.05	-	-	-	聚花桂 <i>C. contractum</i>	0.06	-	-	-
勐仑琼楠 <i>B. brachythyrso</i>	0.12	EN	VU	+	云南樟 <i>C. glanduliferum</i>	0.03	-	-	+
白柴果 <i>B. fasciata</i>	0.03	EN	-	+	大叶桂 <i>C. iners</i>	0.06	-	-	+
李榄琼楠 <i>B. linocieroides</i>	0.03	VU	-	+	爪哇肉桂 <i>C. javanicum</i>	0.02	-	-	-
少花琼楠 <i>B. pauciflora</i>	0.06	EN	VU	+	毛叶樟 <i>C. mollifolium</i>	0.02	EN	VU	+
厚叶琼楠 <i>B. percoriacea</i>	0.03	-	-	+	黄樟 <i>C. parthenoxylon</i>	0.02	-	-	+
紫叶琼楠 <i>B. purpurascens</i>	0.03	EN	VU	+	网脉桂 <i>C. reticulatum</i>	0.03	-	-	-
粗壮琼楠 <i>B. robusta</i>	0.04	-	-	+	卵叶桂 <i>C. rigidissimum</i>	0.02	-	VU	-
桐琼楠 <i>B. roxburghiana</i>	0.03	-	-	-	香桂 <i>C. subavenium</i>	0.04	-	VU	+
红毛琼楠 <i>B. rufohirtella</i>	0.09	EN	VU	-	柴桂 <i>C. tamala</i>	0.04	-	-	+
滇琼楠 <i>B. yunnanensis</i>	0.17	-	-	-	细毛樟 <i>C. tenuipilum</i>	0.03	-	-	+

表 3 (续) Table 3 (continued)

物种 Species	ED	I	II	分布 Distribution	物种 Species	ED	I	II	分布 Distribution
樟 <i>C. camphora</i>	0.06	—	—	—	假柿木姜子 <i>L. monopetala</i>	0.09	—	—	+
尖叶厚壳桂 <i>Cryptocarya acutifolia</i>	0.08	—	—	+	香花木姜子 <i>L. panamonja</i>	0.06	—	—	—
短序厚壳桂 <i>C. brachythyrso</i>	0.17	EN	—	+	红皮木姜子 <i>L. pedunculata</i>	0.01	—	—	—
岩生厚壳桂 <i>C. calcicola</i>	0.06	—	—	+	思茅木姜子 <i>L. pierrei</i> var. <i>szemois</i>	0.45	EN	VU	+
黄果厚壳桂 <i>C. concinna</i>	0.08	—	—	—	红叶木姜子 <i>L. rubescens</i>	0.02	—	—	—
丛花厚壳桂 <i>C. densiflora</i>	0.17	—	—	+	黑木姜子 <i>L. salicifolia</i>	0.05	—	—	—
贫花厚壳桂 <i>C. depauperata</i>	0.10	—	—	—	桂北木姜子 <i>L. subcoriacea</i>	0.01	—	—	—
海南厚壳桂 <i>C. hainanensis</i>	0.04	—	EN	—	伞花木姜子 <i>L. umbellata</i>	0.02	—	—	+
斑果厚壳桂 <i>C. maculata</i>	0.17	CR	—	+	轮叶木姜子 <i>L. verticillata</i>	0.03	—	—	—
云南厚壳桂 <i>C. yunnanensis</i>	0.23	EN	—	+	绒叶木姜子 <i>L. wilsonii</i>	0.05	—	—	—
香面叶 <i>Iteadaphne caudata</i>	0.15	—	—	+	云南木姜子 <i>L. yunnanensis</i>	0.15	—	VU	—
乌药 <i>Lindera aggregata</i>	0.02	—	—	—	长梗润楠 <i>Machilus longipedicellata</i>	0.02	—	—	—
香叶树 <i>L. communis</i>	0.07	—	—	+	黄心树 <i>M. bombycina</i>	0.01	—	—	+
绒毛钓樟 <i>L. floribunda</i>	0.02	—	VU	—	枇杷叶润楠 <i>M. bonii</i>	0.04	—	—	—
团香果 <i>L. latifolia</i>	0.02	—	—	—	簇序润楠 <i>M. fasciculata</i>	0.04	CR	—	—
山柿子果 <i>L. longipedunculata</i>	0.04	VU	—	—	秃枝润楠 <i>M. kurzii</i>	0.01	—	VU	—
滇粤山胡椒 <i>L. metcalfiana</i>	0.06	—	—	—	暗叶润楠 <i>M. melanophylla</i>	0.04	CR	VU	+
网叶山胡椒	0.04	—	—	+	小花润楠 <i>M. minutiflora</i>	0.01	EN	VU	+
<i>L. metcalfiana</i> var. <i>dictyophylla</i>					粗壮润楠 <i>M. robusta</i>	0.02	—	—	+
勐海山胡椒 <i>L. monghaiensis</i>	0.02	CR	VU	+	红梗润楠 <i>M. rufipes</i>	0.02	—	—	+
勐仑山胡椒	0.02	—	VU	+	柳叶润楠 <i>M. salicina</i>	0.03	—	—	+
<i>L. nacusua</i> var. <i>monglunensis</i>					瑞丽润楠 <i>M. shweliensis</i>	0.03	VU	—	—
无梗假桂钓樟	0.02	—	VU	+	细毛润楠 <i>M. tenuipila</i>	0.02	—	VU	+
<i>L. tonkinensis</i> var. <i>subsessilis</i>					柔毛润楠 <i>M. villosa</i>	0.03	—	—	—
假辣子 <i>Litsea balansae</i>	0.01	VU	—	—	滇润楠 <i>M. yunnanensis</i>	0.01	—	—	—
大萼木姜子 <i>L. baviensis</i>	0.07	—	VU	+	滇新樟 <i>Neocinnamomum caudatum</i>	0.49	—	—	+
沧原木姜子 <i>L. cangyuanensis</i>	0.01	—	—	—	海南新樟 <i>N. lecomtei</i>	0.49	—	VU	+
金平木姜子 <i>L. chinpingensis</i>	0.01	—	VU	+	下龙新木姜子 <i>Neolisea alongensis</i>	0.02	—	CR	—
山鸡椒 <i>L. cubeba</i>	0.03	—	—	+	团花新木姜子 <i>N. homilantha</i>	0.02	—	—	—
五桠果叶木姜子 <i>L. dilleniifolia</i>	0.04	EN	VU	+	大叶新木姜子 <i>N. levinei</i>	0.05	—	VU	—
黄丹木姜子 <i>L. elongata</i>	0.02	—	—	+	勐腊新木姜子 <i>N. menglaensis</i>	0.02	CR	VU	+
近轮叶木姜子	0.16	—	—	—	多果新木姜子 <i>N. polycarpa</i>	0.02	—	—	—
<i>L. elongata</i> var. <i>subverticillata</i>					绒毛新木姜子 <i>N. tomentosa</i>	0.11	EN	—	+
清香木姜子 <i>L. euosma</i>	0.02	—	—	+	沼楠 <i>Phoebe angustifolia</i>	0.03	—	CR	—
滇南木姜子 <i>L. garrettii</i>	0.03	—	—	+	山楠 <i>P. chinensis</i>	0.05	—	—	—
潺槁木姜子 <i>L. glutinosa</i>	0.03	—	—	+	披针叶楠 <i>P. lanceolata</i>	0.05	—	—	+
白野槁树 <i>L. glutinosa</i> var. <i>bridellifolia</i>	0.12	—	—	—	大果楠 <i>P. macrocarpa</i>	0.03	EN	VU	—
华南木姜子 <i>L. greenmaniana</i>	0.01	—	—	—	大萼楠 <i>P. megacalyx</i>	0.04	EN	VU	+
红河木姜子 <i>L. honghoensis</i>	0.06	EN	—	+	滇楠 <i>P. nanmu</i>	0.03	EN	VU	+
秃净木姜子 <i>L. kingii</i>	0.05	—	—	—	普文楠 <i>P. puwenensis</i>	0.03	EN	—	+
剑叶木姜子 <i>L. lancifolia</i>	0.08	—	—	—	红梗楠 <i>P. rufescens</i>	0.03	EN	VU	+
椭圆果木姜子	0.01	—	—	—	紫楠 <i>P. sheareri</i>	0.06	—	—	+
<i>L. lancifolia</i> var. <i>ellipsoidea</i>					景东楠 <i>P. yunnanensis</i>	0.03	EN	VU	—
有梗木姜子 <i>L. lancifolia</i> var. <i>pedicefata</i>	0.18	—	—	+					
大果木姜子 <i>L. lancilimba</i>	0.01	—	VU	—					
圆锥木姜子 <i>L. liyuyingii</i>	0.03	—	—	+					
长蕊木姜子 <i>L. longistaminata</i>	0.03	VU	—	—					
玉兰叶木姜子 <i>L. magnoliifolia</i>	0.01	—	VU	—					
毛叶木姜子 <i>L. mollis</i>	0.04	—	—	—					

EN: 濒危; VU: 易危; CR: 极危。

EN, Endangered; VU, Vulnerable; CR, Critically Endangered.

PD_{SES}值也较高,虽然也位于国家级自然保护区外,但由于拥有良好的森林植被而设有易武州级自然保护区,同样对樟科植物类群的进化潜力保护起到一定的作用。

从本研究可以看出,虽然物种丰富度与系统发育多样性呈现一定的正相关性,但是物种丰富度与标准化系统发育多样性无明显相关性。Mishler等(2014)以澳大利亚金合欢属(*Acacia*)植物系统发育关系为切入点,发现尽管一些因物种多样性高而划定的保护区域也体现出高的系统发育多样性,但仍有一些系统发育多样性高的地区并未划入其中,现有的保护区域未能最大化地保护金合欢属植物的系统发育多样性。就西双版纳地区樟科植物这一特定类群来说,那些拥有大量近缘种的区域,如勐腊镇、勐龙镇,即使物种丰富度高,PD_{SES}值却为负;有的区域内分布的物种亲缘关系较远,如曼稿子保护区、勐往乡、打洛镇,却能涵盖系统发育树上较多的分支,表现为较高的标准化系统发育多样性,保存了樟科物种更多的进化历史,一旦这些进化历史丢失,将会造成某些独立支系的消失而直接降低其系统发育多样性。因此,在建立保护区时,除考虑物种多样性外,还应该将系统发育多样性考虑在内。

3.2 西双版纳地区樟科物种保护价值综合评估

自然保护区的设立不仅要对一个区域的生物多样性起到保护作用,还要对其中那些具有高保护价值的物种实施保护。本研究从物种进化价值(ED)和濒危等级两个方面对西双版纳地区樟科内各物种的保护价值开展评估,结果显示物种的进化特性与濒危等级并无明显的相关性,但这两个变量评估物种保护价值时又是互补的。因此,我们应该重点关注那些不在保护区内分布但ED值高(5种)或被列为极危、濒危、易危的樟科物种(20种),其中云南木姜子(*Litsea yunnanensis*) ED值较高(0.15)同时又被列为易危,勐海黄肉楠(*Actinodaphne menghaiensis*)作为西双版纳地区的特有种被列为易危,应该引起足够的重视。

对西双版纳地区樟科植物中各特定类群(属)进化历史的保护至关重要。寄生缠绕草本、异于木本樟科其他物种的无根藤由于其进化历史较长,ED值远高于其他物种,其次新樟属、琼楠属(*Beilschmiedia*)、厚壳桂属(*Cryptocarya*)以及木姜子属和油

丹属(*Alseodaphne*)的个别物种进化历史也较长;而润楠属(*Machilus*)和樟属(*Cinnamomum*)的物种间亲缘关系较近,进化特异性普遍较低。木姜子属是西双版纳地区樟科植物中物种数最多的属,但该属各物种的进化特异性相差较大,因此在考虑保护重点时应有所侧重。例如ED值较高的近轮叶木姜子(*Litsea elongata* var. *subverticillata*),虽然它是黄丹木姜子(*Litsea elongata*)的变种,但在进化历史上的价值远高于黄丹木姜子。本文采用的将进化关系与濒危等级相结合确定保护物种的方法能更加全面有效地保护一个类群或一个区域的生物多样性。

在全球生物多样性保护实践中,尽管根据进化历程来实施保护行动的提议频繁地被提及,但却很少被真正地运用到保护计划实施过程中(Klein et al, 2009; Winter et al, 2013)。主要生物类群系统发育树的可用信息在过去20年呈指数增长(Lyubetsky et al, 2014),加之全面的物种分布数据在近期也得到了补充完善(Laity et al, 2015),使得将系统发育的方法应用到生物多样性保护计划中的可行性正在增加。在全球生物多样性锐减的背景下,保护计划应最大化地涵盖生物响应环境变化的能力,而保护区域的进化历史是实现该计划的重要途径(Faith, 1992; Moritz, 2002)。

3.3 不足与展望

区域系统发育多样性的评估主要依赖于物种分布信息的搜集和生命之树的构建,本研究虽竭力完善西双版纳樟科物种的分布情况,但仍有部分区域由于野外调查难度较大而无法获取物种信息,尤其是靠近边境的乡镇(如西定布朗族哈尼族乡、布朗山布朗族乡、景哈哈尼族乡等),希望未来凭借更细致可靠的野外科考来补充完善。在构建生命之树方面,虽然ITS序列是目前解决樟科植物系统发育关系能力最好的DNA条形码,但利用它所构建的系统发育树仍有许多未能解决的多歧分支,今后希望能采用基因组测序技术获得更多的分子序列信息,增加系统树的精确度,使得系统发育多样性评估更加准确。另外,本研究仅分析了西双版纳国家级自然保护区对樟科这一个特定重要类群的保护情况,若要进一步分析自然保护区对整个区域生物多样性的保护状况,需要将研究类群扩大到整个被子植物或组成森林生态系统的多个重要类群。

致谢: 物种分布数据的获取得到了中国科学院西双版纳热带植物园标本馆、中国科学院昆明植物所标本馆、云南西双版纳森林生态系统国家野外科学观测研究站、以及中国科学院西双版纳热带植物园李剑武, 谭运洪两位野外科考专家的协助; 野外考察得到了西双版纳国家级自然保护区管理局和中国科学院西双版纳热带植物园园林园艺部的大力支持; 物种鉴定得到中国科学院昆明植物研究所李锡文研究员鼎力协助, 在此一并表示感谢。

参考文献

- Abellán P, Sánchez-Fernández D, Picazo F, Millán A, Lobo JM, Ribera I (2013) Preserving the evolutionary history of freshwater biota in Iberian National Parks. *Biological Conservation*, 162, 116–126.
- Chen HF, Yi ZF, Schmidt-Vogt D, Ahrends A, Beckschäfer P, Kleinn C, Ranjitkar S, Xu JC (2016) Pushing the limits: The pattern and dynamics of rubber monoculture expansion in Xishuangbanna, SW China. *PLoS ONE*, 11, e0150062.
- Chen S, Yao H, Han JP, Liu C, Song JY, Shi LC, Zhu YJ, Ma XY, Gao T, Pang XH, Luo K, Li Y, Li XW, Jia XC, Lin YL, Leon C (2010) Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS ONE*, 5, e8613.
- Ci XQ, Li J (2017) Phylogenetic diversity and its application in floristics and biodiversity conservation. *Biodiversity Science*, 25, 175–181. (in Chinese with English abstract) [慈秀芹, 李捷 (2017) 系统发育多样性在植物区系研究与生物多样性保护中的应用. *生物多样性*, 25, 175–181.]
- De Vos JM, Joppa LN, Gittleman JL, Stephens PR, Pimm SL (2015) Estimating the normal background rate of species extinction. *Conservation Biology*, 29, 452–462.
- Faith DP (1992) Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61, 1–10.
- Forest F, Grenyer R, Rouget M, Davies TJ, Cowling RM, Faith DP, Balmford A, Manning JC, Proches S, Bank M, Reeves G, Hedderson TAJ, Savolainen V (2007) Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. *Nature*, 445, 757–760.
- Gao LM, Liu J, Cai J, Yang JB, Zhang T, Li DZ (2012) A synopsis of technical notes on the standards for plant DNA barcoding. *Plant Diversity and Resources*, 34, 592–606. (in Chinese with English abstract) [高连明, 刘杰, 蔡杰, 杨俊波, 张挺, 李德铎 (2012) 关于植物DNA条形码研究技术规范. *植物分类与资源学报*, 34, 592–606.]
- Ge XJ (2015) Application of DNA barcoding in phylofloristics study. *Biodiversity Science*, 23, 295–296. (in Chinese) [葛学军 (2015) DNA条形码在植物系统发育区系学研究中的应用. *生物多样性*, 23, 295–296.]
- Isaac NJB, Turvey ST, Collen B, Waterman C, Baillie JEM (2007) Mammals on the EDGE: Conservation priorities based on threat and phylogeny. *PLoS ONE*, 2, e296.
- IUCN (2017) The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2017-3. <http://www.iucnredlist.org/>. (accessed on 2017-12-05)
- Kemmel SW, Cowan PD, Helmus MR, Cornwell WK, Morlon H, Ackerly DD, Blomberg SP, Webb CO (2010) Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics*, 26, 1463–1464.
- Klein C, Wilson K, Watts M, Stein J, Berry S, Carwardine J, Smith MS, Mackey B, Possingham H (2009) Incorporating ecological and evolutionary processes into continental-scale conservation planning. *Ecological Applications*, 19, 206–217.
- Kress WJ, Erickson DL, Jones FA, Swenson NG, Perez R, Sanjurjo O, Bermingham E (2009) Plant DNA barcodes and a community phylogeny of a tropical forest dynamics plot in Panama. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 106, 18621–18626.
- Laity T, Laffan SW, González-Orozco CE, Faith DP, Rosauer DF, Byrne M, Miller JT, Crayn D, Costion C, Moritz CC, Newport K (2015) Phylodiversity to inform conservation policy: An Australian example. *Science of The Total Environment*, 534, 131–143.
- Larkin MA, Blackshields G, Brown NP, Chenna R, McGettigan PA, McWilliam H, Valentin F, Wallace IM, Wilm A, Lopez R, Thompson JD, Gibson TJ, Higgins DG (2007) Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, 23, 2947–2948.
- Li HM, Aide TM, Ma YX, Liu WJ, Cao M (2007) Demand for rubber is causing the loss of high diversity rain forest in SW China. *Plant Conservation and Biodiversity*, 16, 1731–1745.
- Li HW, Li J, Huang PH, Wei FN, Cui HB, van der Werff H (2008) Lauraceae. In: *Flora of China*, Vol. 7 (eds Wu ZY, Raven PH, Hong DY), pp. 102–254. Science Press, Beijing and Missouri Botanical Garden Press, St. Louis.
- Liu ZF, Ci XQ, Li L, Li HW, Conran JG, Li J (2017) DNA barcoding evaluation and implications for phylogenetic relationships in Lauraceae from China. *PLoS ONE*, 12, e0175788.
- Lyubetsky V, Piel WH, Quandt D (2014) Current advances in molecular phylogenetics. *BioMed Research International*, 2014, 596746.
- Mace GM, Norris K, Fitter AH (2012) Biodiversity and ecosystem services: A multilayered relationship. *Trends in Ecology & Evolution*, 27, 19–26.
- Miller MA, Pfeiffer W, Schwartz T (2010) Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees. *Gateway Computing Environments Workshop*, 14, 1–8.
- Mishler BD, Knerr N, González-Orozco CE, Thornhill AH, Laffan SW, Miller JT (2014) Phylogenetic measures of biodiversity and neo- and paleo-endemism in Australian Aca-

cia. *Nature Communications*, 5, 4473.

- Mooers AØ, Atkins RA (2003) Indonesia's threatened birds: Over 500 million years of evolutionary heritage at risk. *Animal Conservation*, 6, 183–188.
- Moritz C (2002) Strategies to protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. *Systematic Biology*, 51, 238–254.
- Oliver TH, Heard MS, Isaac NJB, Roy DB, Procter D, Eigenbrod F, Freckleton R, Hector A, Orme CD, Petchey OL, Proença V, Raffaelli D, Suttle KB, Mace GM, Martín-López B, Woodcock BA, Bullock JM (2015) Biodiversity and resilience of ecosystem functions. *Trends in Ecology & Evolution*, 30, 673–684.
- Pollock LJ, Rosauer DF, Thornhill AH, Kujala H, Crisp MD, Miller JT, McCarthy MA (2015) Phylogenetic diversity meets conservation policy: Small areas are key to preserving eucalypt lineages. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 370, 20140007.
- Porebski S, Bailey LG, Baum BR (1997) Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Molecular Biology Reporter*, 15, 8–15.
- Qian H, Jin Y, Ricklefs RE (2017) Phylogenetic diversity anomaly in angiosperms between eastern Asia and eastern North America. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 114, 11452–11457.
- Redding DW, Mooers AØ (2006) Incorporating evolutionary measures into conservation prioritization. *Conservation Biology*, 20, 1670–1678.
- R Development Core Team (2013) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <http://www.R-project.org>. (accessed on 2017-11-30)
- Rodrigues ASL, Brooks TM, Gaston KJ (2005) Integrating phylogenetic diversity in the selection of priority areas for conservation: Does it make a difference? In: *Phylogeny and Conservation* (eds Purvis A, Gittleman JL, Brooks T), pp. 101–119. Cambridge University Press, London.
- Rodrigues ASL, Gaston KJ (2002) Maximising phylogenetic diversity in the selection of networks of conservation areas. *Biological Conservation*, 105, 103–111.
- Rolland J, Cadotte MW, Davies J, Devictor V, Lavergne S, Mouquet N, Pavoine S, Rodrigues A, Thuiller W, Turcati L, Winter M, Zupan L, Jabot F, Morlon H (2012) Using phylogenies in conservation: New perspectives. *Biology Letters*, 8, 692–694.
- Soutullo A, Dodsworth S, Heard SB, Mooers AØ (2005) Distribution and correlates of carnivore phylogenetic diversity across the Americas. *Animal Conservation*, 8, 249–258.
- Stamatakis A (2006) RAxML-VI-HPC: Maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics*, 22, 2688–2690.
- Wang S, Xie Y (2004) China Species Red List, Vol.1: Red List. Higher Education Press, Beijing. (in Chinese) [汪松, 解焱 (2004) 中国物种红色名录, 第1卷: 红色名录. 高等教育出版社, 北京.]
- Webb CO, Ackerly DD, Kembel SW (2008) Phylocom: Software for the analysis of phylogenetic community structure and trait evolution. *Bioinformatics*, 24, 2098–2100.
- Winter M, Devictor V, Schweiger O (2013) Phylogenetic diversity and nature conservation: Where are we? *Trends in Ecology & Evolution*, 28, 199–204.
- Xishuangbanna Nature Reserve Comprehensive Investigation Group (1987) Xishuangbanna National Nature Reserve Comprehensive Investigation Reports. Yunnan Science and Technology Press, Kunming. (in Chinese) [西双版纳自然保护区综合考察团 (1987) 西双版纳自然保护区综合考察报告集. 云南科技出版社, 昆明.]
- Xishuangbanna National Nature Reserve Management Bureau, Yunnan Institute of Forest Inventory and Planning (2005) Xishuangbanna National Nature Reserve. Yunnan Education Publishing House, Kunming. (in Chinese) [西双版纳国家级自然保护区管理局, 云南省林业调查规划院 (2005) 西双版纳国家级自然保护区. 云南教育出版社, 昆明.]
- Yek SH, Williams SE, Burwell CJ, Robson SKA, Crozier RH (2009) Ground dwelling ants as surrogates for establishing conservation priorities in the Australian wet tropics. *Journal of Insect Science*, 9, 12.
- Zhu H, Wang H, Li BG, Zhou SS, Zhang JH (2015) Studies on the forest vegetation of Xishuangbanna. *Plant Science Journal*, 33, 641–726. (in Chinese with English abstract) [朱华, 王洪, 李保贵, 周仕顺, 张建侯 (2015) 西双版纳森林植被研究. 植物科学学报, 33, 641–726.]
- Zhu H, Yan LC (2012) Native seed plants in Xishuangbanna of Yunnan. Science Press, Beijing. (in Chinese) [朱华, 闫丽春 (2012) 云南西双版纳野生种子植物. 科学出版社, 北京.]

(责任编辑: 葛学军 责任编辑: 黄祥忠)

附录 Supplementary Material

附录1 西双版纳国家级自然保护区及西双版纳傣族自治州32个乡镇区域图

Appendix 1 Xishuangbanna National Nature Reserve and 32 towns in Dai Autonomous Prefecture of Xishuangbanna

<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017336-1.pdf>