

中南林业科技大学学报

Journal of Central South University of Forestry & Technology

ISSN 1673-923X，CN 43-1470/S

《中南林业科技大学学报》2026年第6期

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923X.2026.06.015

论文标题： 广西余甘子天然群体遗传多样性及其与生境因子的相关性

作　　者： 王彩云，尹明宇，吴俊多，等

收稿日期： 2025-06-27

引文格式： 王彩云,尹明宇,吴俊多,等.广西余甘子天然群体遗传多样性及其与生境因子的相关性[J]. 中南林业科技大学学报,2026,46(6):153-163.

WANG C Y, YIN M Y, WU J D, et al. Genetic diversity of natural populations of *Phyllanthus emblica* and its correlation with habitat factors in Guangxi[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(6):153-163.

相关论文推荐

Recommended articles

杨树无性系表型性状及ISSR分子标记遗传多样性分析

Phenotypic traits and ISSR genetic diversity analysis of poplar clones

基于SSR标记分析浙西南香椿天然居群的遗传多样性

Genetic diversity analysis of *Toona sinensis* natural populations in southwest Zhejiang based on SSR markers

基于SSR的四川主要香椿种源遗传多样性分析

Genetic diversity of *Toona sinensis* provenances in Sichuan province revealed by SSR markers

基于SSR标记的黑老虎种质资源的遗传多样性和遗传结构

Genetic diversity and genetic structure of *Kadsura coccinea* germplasm resources revealed by SSR markers

基于SSR标记的白蜡群体遗传多样性和群体结构分析

Analysis of the genetic diversity and population structure of *Fraxinus* spp. populations based on SSR markers

杉木不同世代育种群体遗传多样性回溯分析与核心种质构建

Genetic diversity retrospective analysis and core collection construction for different generations of *Cunninghamia lanceolata* breeding population

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923x.2026.06.015
http: //qks.csuft.edu.cn

广西余甘子天然群体遗传多样性及其与生境因子的相关性

王彩云[1, 2]，尹明宇[1]，吴俊多[3]，刘子哲[1]，郭俊杰[1]，曾　杰[1]
（1. 中国林业科学研究院热带林业研究所，广东 广州 510520; 2. 南京林业大学，江苏 南京 210037；
3. 中国林业科学研究院热带林业实验中心，广西 凭祥 532600）

摘　要：【目的】基于 SSR 标记分析广西余甘子天然群体的遗传多样性及遗传结构，揭示影响其遗传多样性的生境因子，为余甘子种质资源保护和良种选育提供理论依据。【方法】本研究以广西 18 个余甘子天然群体 398 个单株为对象，采用 13 对引物开展 SSR 分析，运用 PolyGene、GenAlEx 和 STRUCTURE 软件揭示余甘子群体遗传多样性和遗传结构，应用 R 语言进行相关性热图分析。【结果】13 个 SSR 位点共检测出 145 个等位基因，平均每个位点有 11.154 个等位基因。平均观察杂合度（H_o）、期望杂合度（H_e）、多态性信息含量（PIC）和 Shannon-Wiener 多样性指数（I）分别为 0.515、0.635、0.595 和 1.412。18 个群体中，BSLL 群体的遗传多样性最高，其 H_e 和 I 分别为 0.630 和 1.327，而 GLPL 群体遗传多样性最低，H_e、I 分别为 0.494、0.875。干热河谷群体的 H_e、I 显著高于湿润区。余甘子遗传多样性与温度相关的因子（最冷月份最低温 Bio6、最湿季度平均温度 Bio8、最冷季度平均温度 Bio11）呈显著正相关，与降水相关的因子呈显著负相关（年平均降水量 Bio12、最湿月份降水量 Bio13、最冷季度降水量 Bio19）。分子方差分析结果表明，9.134% 的变异来自群体间，90.866% 的变异来自群体内。当 Delta K 取值为 2、3 和 4 时，干热河谷群体均聚为一个类群，显著区别于湿润区群体。【结论】广西余甘子天然群体遗传多样性水平中等，群体间存在明显的遗传分化，尤其是干热河谷和湿润区群体间遗传多样性存在显著差异，与两者间温度和降水因子差异有关。因此，建议针对干热河谷、湿润区等不同生态型群体实施保护以及种质资源收集、保存和应用，以有效保护其遗传多样性并促进种质资源的合理利用。

关键词：余甘子；遗传分化；分子标记；生境因子
中图分类号：S718.46　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1673-923X(2026)06-0153-11

Genetic diversity of natural populations of *Phyllanthus emblica* and its correlation with habitat factors in Guangxi

WANG Caiyun[1,2], YIN Mingyu[1], WU Junduo[3], LIU Zizhe[1], GUO Junjie[1], ZENG Jie[1]

(1. Research Institute of Tropical Forestry, Chinese Academy of Forestry, Guangzhou 510520, Guangdong, China;
2. Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, Jiangsu, China;
3. Experimental Center of Tropical Forestry, Chinese Academy of Forestry, Pingxiang 532600, Guangxi, China)

Abstract:【Objective】This study utilized SSR markers to assess the genetic diversity and structure of natural *Phyllanthus emblica* populations in Guangxi, China, and revealed habitat factors influencing genetic variation, aiming to provide a theoretical foundation for germplasm conservation and elite variety breeding of *P. emblica*.【Method】Genetic diversity and population structure of *P. emblica* were analyzed across 18 natural populations (398 individuals) from Guangxi using 13 SSR primer pairs. Genetic analyses were performed with PolyGene, GenAlEx and STRUCTURE software, and correlation heatmaps were generated using R software.【Result】A total of 145 alleles were detected across 13 SSR loci, with an average of 11.154 alleles per locus. The mean observed heterozygosity (H_o), expected heterozygosity (H_e), polymorphism information content (PIC), and Shannon-Wiener diversity index (I) for each locus were 0.515, 0.635, 0.595, and 1.412, respectively. Among the 18 populations, BSLL exhibited the highest genetic

收稿日期（Received）：2025-06-27　　**修订日期**（Revised）：2025-08-24
基金项目：中央级科研院所基本科研业务费专项（CAFYBB2020ZB003，CAFYBB2025QF013）。
第一作者：王彩云（1170939325@qq.com），博士研究生。　　**通信作者：**郭俊杰（guojunjie@caf.ac.cn），研究员，博士。
引文格式：王彩云 , 尹明宇 , 吴俊多 , 等 . 广西余甘子天然群体遗传多样性及其与生境因子的相关性 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2026, 46(6):153-163.
WANG C Y, YIN M Y, WU J D, et al. Genetic diversity of natural populations of Phyllanthus emblica and its correlation with habitat factors in Guangxi[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(6):153-163.

diversity, with H_e and I of 0.630 and 1.327, while GLPL showed the lowest, with H_e and I of 0.494 and 0.875, respectively. Dry-hot valley populations displayed significantly higher H_e and I than humid area populations. Genetic diversity was significantly positively correlated with temperature-related factors (Bio6: minimum temperature of the coldest month; Bio8: mean temperature of the wettest quarter; Bio11: mean temperature of the coldest quarter) and negative correlation with precipitation-related variables (Bio12: Annual precipitation; Bio13: precipitation of the wettest month; Bio19: precipitation of the coldest quarter). Analysis of molecular variation (AMOVA) indicated that 9.134% of genetic variation occurred among populations, while 90.866% within populations. STRUCTURE analyses (Delta K=2, 3, 4) consistently group dry-hot valley populations into a distinct cluster, demonstrating significant differentiation from humid area population.【Conclusion】Natural *P. emblica* populations in Guangxi possess moderate genetic diversity, with significant inter-population differentiation. Notably, dry-hot valley populations are genetically distinct from humid area populations, driven by divergent temperature and rainfall regimes. Therefore, it is recommended to implement targeted conservation strategies, including germplasm collection, preservation, and utilization-specific to distinct ecotypes such as dry-hot valley and humid area populations. This approach will effectively conserve genetic diversity and facilitate the rational exploitation of germplasm resources for future breeding programs.

Keywords: *Phyllanthus emblica*; genetic differentiation; molecular markers; habitat factors

遗传多样性是物种长期进化的产物，反映物种适应环境变化的能力。遗传多样性高的物种通常更能应对复杂环境变化，维持群体稳定 [1]。研究遗传多样性和群体遗传结构对于理解物种进化历史、指导种质资源保护与利用至关重要 [2-4]。研究表明，生境因子显著影响植物的遗传多样性 [5]。例如，年降水量、温度相关因子以及海拔等显著影响油松 *Pinus tabulaeformis* 遗传多样性 [6]；温度和速效磷含量是影响中国科尔沁沙地小叶锦鸡 *Caragana microphylla* 遗传变异的主要环境因子 [7]；海拔、温度和经度是影响中国柽柳 *Tamarix chinensis* 群体遗传变异的主要因子，且低海拔、温暖、近海的湿润地区群体表现出更高的遗传多样性 [8]。因此，深入研究植物遗传多样性及其与生境因子的关系，对于其优良种质选育与生态恢复具有关键意义。

广西地处中亚热带和南亚热带季风气候区，年均气温 16.5 ～ 23.1℃，呈现由南向北、河谷平原至丘陵山区递减的趋势 [9]。该区域年降水量为 1 080 ～ 2 760 mm，但时空分布极不均匀。右江、左江、南盘江等干热河谷地区常年降雨较少，干热河谷高温、低湿和强辐射的气候条件可能对植物群体造成显著的遗传选择压力。相比之下，湿润区水热条件较为理想，但种内竞争可能导致生态位分化加剧。这种生境异质性可能导致群体间等位基因频率差异以及适应性位点的分化 [10]。

余甘子 *Phyllanthus emblica* L. 为叶下珠科叶下珠属植物，天然分布于亚洲热带和南亚热带地区 [11]。余甘子为异花授粉植物，染色体数目存在变异（2*n*=28、52、98、100 和 104），包含 2 倍体、四倍体、七倍体和八倍体 [12-13]。余甘子果实富含维生素 C、五没食子酰基葡萄糖、没食子酸和单宁酸等成分 [14-17]，具有抗氧化、抗肿瘤、降血糖和治疗咽喉肿痛等多种药理活性 [18-19]，不仅可鲜食，还被广泛应用于加工果脯、果汁以及药物和保健品领域。近年来，余甘子种植规模不断扩大，良种需求日益迫切。遗传多样性研究是性状改良和品种选育的基础，已有研究应用 ISSR[20-21]、SRAP[22]、SNP 和 InDel[23]、SSR[24-25] 标记开展余甘子种质资源或天然群体遗传多样性分析。然而，有关余甘子遗传多样性与生境因子间关系的研究仍鲜见报道。目前仅有 Liu 等 [26] 利用 EST-SSR 标记探讨了云南干热河谷与广西湿润区余甘子天然群体间的遗传多样性差异。

鉴于此，本研究以广西余甘子天然群体为对象，应用 SSR 分子标记分析其遗传多样性水平，比较干热河谷和湿润区 2 种类型生境群体的遗传结构差异，揭示遗传多样性与生境因子间的关系，探明影响遗传变异的关键环境因素，为其种质资源保护和优良种质选育提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2023 年和 2024 年 9—10 月，于广西各市县开展余甘子天然群体调查。共选取 18 个群体（图 1），采集 398 个单株的无病虫害嫩叶样品，经硅胶快速干燥后保存，用于后续 DNA 提取。各群体详细信息见表 1。依据生境类型，BSLL、BSTL、BSYJ、CZPX 和 CZFS 五个群体位于干热河谷，其余群体分布于湿润区。各群体采样单株数量为 13 ～ 28 个，单株间距 50 m 以上。

1.2 DNA 提取、引物筛选及 PCR 扩增

取约 3 g 干燥叶片，经粉碎后，采用 Zeng 等 [27] 改良的 CTAB 法提取 DNA。选用课题组前期开发

出扩增产物多态性较高的 13 对 SSR 引物（表 2），采用 M13-tailed 荧光标记法检测 SSR 多态性。引物合成时在其 5′ 端装载 M13 通用序列（5′-CACGACGTTGTAAAACGAC-3′），用蓝（FAM）、绿（VIC）、黑（NED）、红（ROX）4 种荧光进行修饰。PCR 扩增体系总体积为 10 μL：50 ng DNA 模板，150 μM dNTPs，2.0 μM $MgCl_2$, 0.5 μM 正向和反向引物，1×PCR 缓冲液（天根生化科技有限公司）和 0.04 U/μL of Taq DNA 聚合酶（天根生化科技有限公司）。PCR 扩

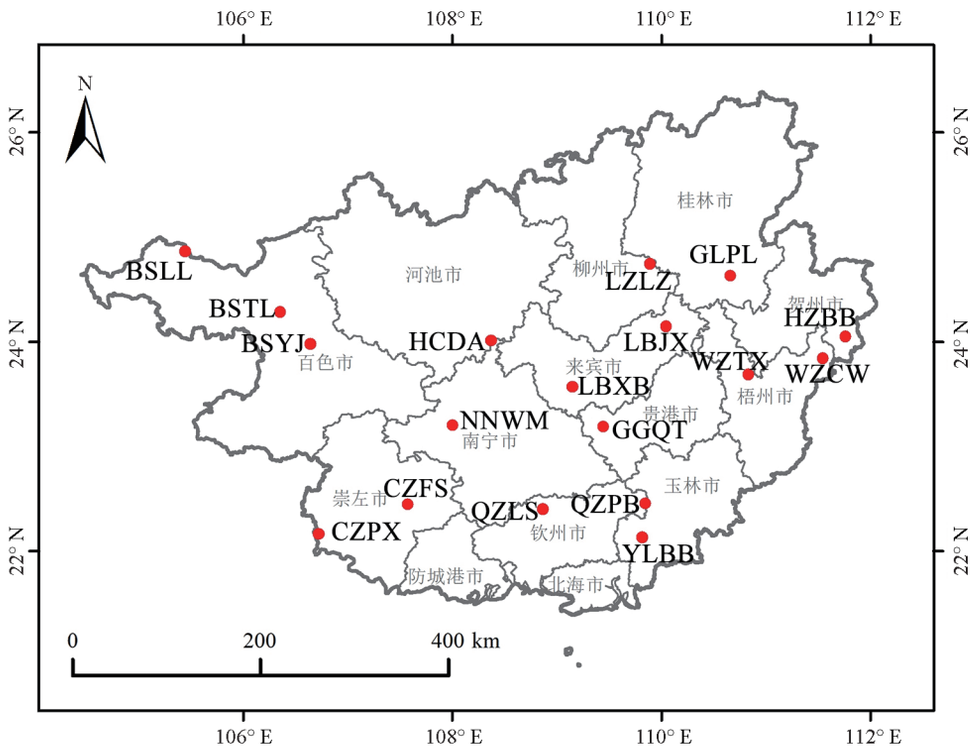


图 1　广西余甘子天然群体位置

Fig. 1　Location of natural *Phyllanthus emblica* populations in Guangxi

表 1　广西 18 个余甘子天然群体采样信息

Table 1　General information of 18 natural *Phyllanthus emblica* populations from Guangxi

序号 No.	采样地 Sample site	群体 Population	数量 Sample size / 个	经度 Longitude E	纬度 Latitude N	海拔 Altitude /m	生境类型 Site type
1	百色市隆林县	BSLL	28	105°26'25.08"	24°51'55.44"	452	干热河谷
2	百色市田林县	BSTL	23	106°21'17.28"	24°17'13.92"	334	干热河谷
3	百色市右江区	BSYJ	21	106°38'25.44"	23°58'51.60"	154	干热河谷
4	崇左市凭祥市	CZPX	22	106°43'09.48"	22°09'43.92"	144	干热河谷
5	崇左市扶绥县	CZFS	25	107°34'19.20"	22°26'50.28"	117	干热河谷
6	河池市都安县	HCDA	27	108°22'16.68"	24°00'49.32"	163	湿润区
7	南宁市武鸣区	NNWM	21	108°00'16.92"	23°12'06.12"	222	湿润区
8	贵港市覃塘区	GGQT	22	109°26'47.40"	23°11'18.60"	187	湿润区
9	玉林市博白县	YLBB	25	109°49'00.12"	22°07'53.04"	145	湿润区
10	桂林市平乐县	GLPL	19	110°39'41.04"	24°37'53.40"	193	湿润区
11	柳州市鹿寨县	LZLZ	14	109°53'36.24"	24°44'49.20"	198	湿润区
12	来宾市兴宾区	LBXB	13	109°08'51.72"	23°34'16.32"	175	湿润区
13	来宾市金秀县	LBJX	24	110°02'39.12"	24°09'04.32"	216	湿润区
14	钦州市灵山县	QZLS	26	108°51'50.40"	22°24'14.04"	114	湿润区
15	钦州市浦北县	QZPB	18	109°50'54.96"	22°27'19.80"	194	湿润区
16	梧州市藤县	WZTX	16	110°50'09.24"	23°41'25.08"	195	湿润区
17	梧州市苍梧县	WZCW	28	111°32'41.64"	23°50'33.72"	67	湿润区
18	贺州市八步区	HZBB	26	111°45'44.64"	24°03'04.68"	103	湿润区

表 2 余甘子 13 个 SSR 位点的特征分析 †

Table 2 Characteristics of 13 SSR loci in *Phyllanthus emblica*

位点 Locus	引物序列（5′ → 3′） Primer sequence (5′ → 3′)	重复基元 Repeat motif	等位基因范围 Allele size range /bp	N_a	A_p	H_o	H_e	PIC	I	GenBank accession No.
PEH02	F:TGCCACCACTCAACAGTTAGTT R:GGAATACTTGTGCTCACCCTCA	$(GTAT)_7$	209 ～ 285	23	5	0.445	0.831	0.813	2.165	MK017818
PEH05	F:TTCCCTACACACCACTACTCCA R:GCAGAGCTTCAAAGAAAGGTGG	$(AGCC)_4$	261 ～ 285	4	0	0.673	0.652	0.580	1.109	MK017800
PEH07	F:CCTCTTGTTGTTGCTGAGAAGC R:CTCCAGACAGAACAGAAGGTGT	$(TCAA)_4$	117 ～ 137	9	2	0.567	0.656	0.596	1.324	MK017799
PEH12	F:GACAGCCTCAACCCTTTTCAAC R:TGTTAATTGTAATCCCACGCGC	$(CCT)_7$	284 ～ 302	7	1	0.203	0.577	0.501	1.077	MK017801
PEH31	F:TTTGCCAAATACTGATCCCCGA R:TGCCTTTACACTGCACCATTCT	$(TG)_{10}$	110 ～ 164	11	0	0.606	0.720	0.685	1.583	MK017802
PEH32	F:TCCTGCTTCTGAGTTCCATTCA R:CTAGCACAATGGCAAGGCATAC	$(AG)_{10}$	147 ～ 201	20	3	0.762	0.869	0.856	2.304	MK017803
PEH37	F:AGACAGGTTTATCACATCCACTGT R:ACAGCCATGTAGTTAACCGTGT R:GTTTTTCCCTGCCACCAACTAC	$(AT)_9$	123 ～ 139	9	1	0.403	0.471	0.442	0.980	MK017804
PEH47	F:ATTGTTTACGCACAGTGGTTGG R:GACAGGTATTATGGAGGTGGCT	$(TG)_8$	143 ～ 155	6	1	0.467	0.548	0.502	1.062	MK017806
PEH51	F:AGTGTGAGTGTGTTGTCCTGTT R:AACACTAACACTCCCCCTTTCC	$(TG)_7$	141 ～ 151	5	0	0.333	0.537	0.492	1.039	MKO17807
PEH56	F:AATACCCGAACCAACGATTCCA R:GGCTTTGCCGTTTTAGTTCACT	$(CT)_7$	240 ～ 274	11	0	0.338	0.392	0.380	0.946	MK017809
PEH75	F:ACAGCACAACACACTTCTCTGA R:CCCGGTGTCATATCAGTCGAAT	$(TC)_8$	196 ～ 222	11	4	0.590	0.612	0.533	1.110	MK017810
PEH79	F:TCACCCATAGCCAAATACCACA R:AAGAAGCTGTCTTTTCGCAAGC	$(GT)_6$	115 ～ 131	10	1	0.415	0.468	0.442	1.014	MK017811
PEH96	F:CGTCCATTTCAAAACGTCTCCT R:AATGACCTCGAAGTTGGTGGAA	$(TC)_{10}$	154 ～ 200	19	1	0.894	0.921	0.916	2.637	MK017813
Mean				11.154	1.462	0.515	0.635	0.595	1.412	

† 退火温度（T_a）为 60 ℃；N_a，每位点等位基因数；A_p，特有等位基因；H_o，观察杂合度；H_e，期望杂合度；PIC，多态性信息含量；I，Shannon-Wiener 多样性指数。

The annealing temperature (T_a) was set at 60 ℃; N_a, number of alleles per locus; A_p, number of private alleles; H_o, observed heterozygosity; H_e, expected heterozygosity; PIC, polymorphism information content; and I, Shannon-Wiener diversity index.

增程序在 Applied Biosystems Veriti 仪器上运行，设置如下：94 ℃预变性 4 min，94 ℃变性 30 s，60 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 30 s，31 个循环；72 ℃延伸 10 min，PCR 产物置于 4 ℃下保存。产物通过 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测扩增是否成功，PCR 产物在 ABI 3730 XL 自动测序仪上进行毛细管电泳检测，使用 GeneMarker V2.2.0 软件判读电泳图谱。

1.3 数据分析

使用 Excel 2010 软件整理基因分型数据并统计特有等位基因。利用 PolyGene v1.7 软件计算每位点等位基因数（N_a）、观察杂合度（H_o）、期望杂合度（H_e）、Shannon-Wiener 多样性指数（I）、多态性信息指数（PIC）。使用 R 语言 Poppr 包将基因型数据转换成二进制格式，应用 GenAlEx 6.51 软件进行分子方差分析（AMOVA）和主成分分析（PCoA），并计算 Nei’s 遗传距离。基于 Nei’s 遗传距离，运用 MEGA 7 绘制 UPGMA 聚类图。应用 STRUCTURE 软件进行余甘子群体遗传结构分析，设置 burn-in 和 Markov chain Monte Carlo（MCMC）为 10 000，亚群数（K）为 1 ～ 18，每个 K 值重复运行 10 次。将 STRUCTURE 运行结果上传至网站 https://lmme.ac.cn/StructureSelector/index.html，确定最优 Delta K 值，使用 Clump1.1.2 软件对重复运行结果进行一致性聚类分析，应用 Origin 软件绘制群体遗传结构图。

生境因子数据包括经纬度、海拔、生物气候和土壤因子。其中，经纬度和海拔为野外实测。19 个生物气候因子数据来源于世界气候数据库（WorldClim，http://www.worldclim.org/），空间分辨率为 30”，为 1970—2000 年的平均值。18 个土壤因子数据来源于世界土壤数据库（HWSD，https://www.fao. org/soils-portal/），为 1971—1981 年的平均值。利用 ArcGIS 软件提取各采样点对应的气候和土壤因子数据，应用 SPSS 23.0 软件对不同生境类型（如干热河谷和湿润区）的生境因子进行独立样本 t 检验。采用 R 语言进行遗传多样

性参数与生境因子间的相关性分析，并绘制相关性热图。

2　结果与分析

2.1　遗传多样性

基于 13 个 SSR 位点对广西 18 个余甘子天然群体 398 个单株的分析，共检测到 145 个等位基因。其中，PEH02 位点等位基因最多（23 个），而 PEH05 位点最少（4 个），每位点平均等位基因数（N_a）为 11.154（表 2）。PEH02 位点检测到的特有等位基因最多（5 个），PEH05、PEH31、PEH51 和 PEH56 位点未检测到特有等位基因，平均每位点具有 1.462 个特有等位基因。各 SSR 位点的观察杂合度（H_o）、期望杂合度（H_e）变化范围分别为 0.203 ～ 0.894、0.392 ～ 0.921，平均值为 0.515、0.635。值得注意的是，所有位点的期望杂合度均高于观察杂合度。多态性信息含量（PIC）、Shannon-Wiener 多样性指数（I）在 PEH96 位点达到最大值（0.916 和 2.637），在 PEH56 位点降至最小值（0.380 和 0.946）。

在群体水平上（表 3），QZLS 群体每位点等位基因数最多（N_a=7.385），GLPL 群体最少（N_a=3.769），所有群体 N_a 平均值为 6.239。18 个群体中共检测到 19 个特有等位基因，BSYJ、GGQT 群体最多（A_p=3），干热河谷所有 5 个群体均出现特有等位基因，而湿润区 13 个群体中仅 5 个具有特有等位基因。各群体 H_o 的变化范围为 0.458（CZFS）～ 0.568（BSLL）（均值为 0.514），H_e 的变化范围为 0.494（GLPL）～ 0.630（BSLL）（均值为 0.586）。PIC 和 I 的变化范围分别为 0.433（GLPL）～ 0.603（QZLS）和 0.875（GLPL）～ 1.327（BSLL），其平均值为 0.543 和 1.205。整体而言，BSLL 群体遗传多样性最高，而 GLPL 群体遗传多样性最低。

表 3　广西余甘子天然群体的遗传多样性 †

Table 3　Genetic diversity of natural populations of *Phyllanthus emblica* in Guangxi

群体 Population	N_a	A_p	H_o	H_e	PIC	I
BSLL	7.308	2	0.568	0.630	0.586	1.327
BSTL	6.538	2	0.531	0.627	0.578	1.289
BSYJ	6.769	3	0.498	0.597	0.554	1.253
CZPX	6.385	2	0.515	0.609	0.561	1.262
CZFS	6.385	2	0.458	0.606	0.499	1.213
干热河谷群体平均值 Mean for dry-hot valley populations	6.677±0.386	2.200±0.447	0.514±0.041	0.614±0.014	0.556±0.034	1.269±0.042
HCDA	6.846	1	0.525	0.610	0.573	1.270
NNWM	6.923	0	0.553	0.624	0.568	1.281
GGQT	6.615	3	0.483	0.583	0.523	1.204
YLBB	6.231	2	0.523	0.592	0.566	1.235
GLPL	3.769	1	0.485	0.494	0.433	0.875
LZLZ	5.231	0	0.506	0.565	0.528	1.120
LBXB	5.615	0	0.489	0.549	0.509	1.050
LBJX	6.077	0	0.547	0.600	0.567	1.259
QZLS	7.385	0	0.567	0.519	0.603	1.308
QZPB	5.231	0	0.459	0.531	0.483	1.000
WZTX	6.385	0	0.560	0.612	0.577	1.276
WZCW	6.077	0	0.463	0.627	0.520	1.227
HZBB	6.538	1	0.528	0.581	0.545	1.241
湿润区群体平均值 Mean for humid area populations	6.071±0.940	0.615±0.961	0.514±0.036	0.576±0.042	0.538±0.046	1.180±0.131
总体均值 Mean	6.239	1.056	0.514	0.586	0.543	1.205
2 种类型群体间差异显著性 Significance between two types of populations				*		*

† N_a：每位点等位基因数；A_p：特有等位基因；H_o：观察杂合度；H_e：期望杂合度；PIC：多态性信息含量；I：Shannon-Wiener 多样性指数。“*”表示差异显著水平，$P < 0.05$。

N_a: number of alleles; A_p: number of private alleles; H_o: observed heterozygosity; H_e, expected heterozygosity; PIC, polymorphism information content; I: Shannon-Wiener diversity index. “*” indicates significant difference at $P < 0.05$.

2.2 遗传结构

对广西 18 个余甘子天然群体的分子方差分析（AMOVA），结果表明群体间的遗传变异占总变异的 9.134%，而群体内的变异占 90.866%，表明变异主要来源于群体内（表 4）。群体间的遗传分化值（PhiPT）变化范围为 0.012 ～ 0.136（表 5），GLPL 群体与其他群体的遗传分化均较大。

表 4 广西余甘子天然群体分子方差分析

Table 4 Analysis of molecular variance of natural *Phyllanthus emblica* populations in Guangxi

变异来源 Source of variation	自由度 *df*	平方和 SS	均方 MS	估计方差 Estimation variance	总变异百分比 Percentage of total variation %	
群体间 Among populations	17	846.269	49.781	1.555	9.134	$P < 0.001$
群体内 Within populations	380	5 879.570	15.473	15.473	90.866	
合计 Total	397	6 725.839		17.028	100	

表 5 广西余甘子天然群体间遗传分化值 (PhiPT)

Table 5 Genetic differentiation values (PhiPT) of paired natural populations of *Phyllanthus emblica* in Guangxi

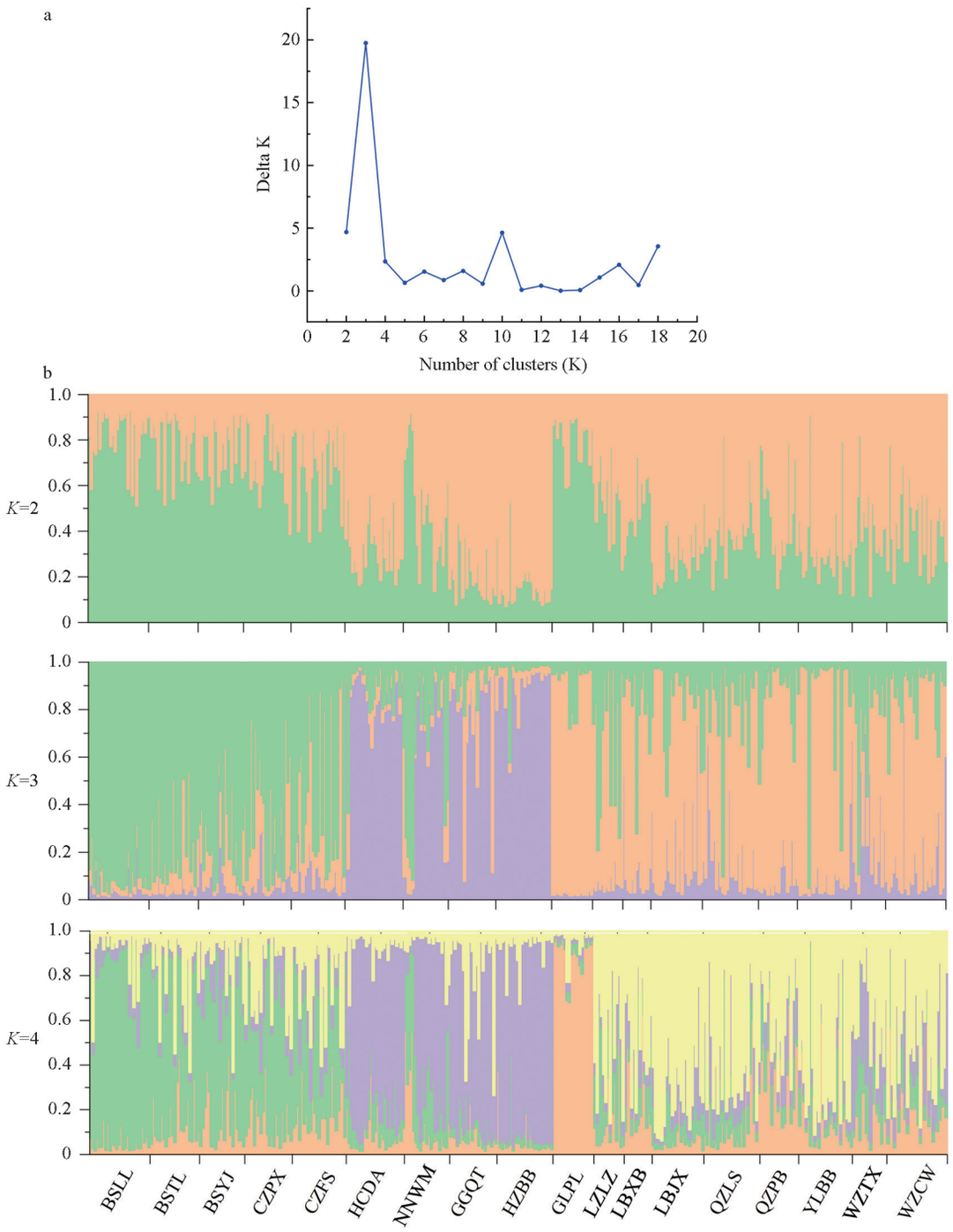
群体 Population	BSLL	BSTL	BSYJ	HCDA	LZLZ	GLPL	CZPX	CZFS	NNWM	LBXB	LBJX	QZLS	QZPB	YLBB	GGQT	WZTX	WZCW
BSTL	0.020																
BSYJ	0.012	0.016															
HCDA	0.066	0.056	0.060														
LZLZ	0.072	0.041	0.073	0.061													
GLPL	0.136	0.097	0.111	0.124	0.121												
CZPX	0.026	0.019	0.030	0.054	0.049	0.103											
CZFS	0.045	0.021	0.035	0.044	0.031	0.096	0.022										
NNWM	0.042	0.040	0.027	0.032	0.076	0.105	0.051	0.045									
LBXB	0.061	0.033	0.054	0.049	0.020	0.095	0.031	0.027	0.054								
LBJX	0.068	0.061	0.066	0.064	0.048	0.136	0.068	0.061	0.069	0.045							
QZLS	0.051	0.030	0.044	0.039	0.031	0.108	0.039	0.037	0.051	0.022	0.019						
QZPB	0.100	0.055	0.087	0.064	0.036	0.088	0.055	0.038	0.081	0.031	0.068	0.044					
YLBB	0.069	0.040	0.061	0.055	0.026	0.092	0.044	0.040	0.051	0.017	0.039	0.018	0.030				
GGQT	0.092	0.072	0.067	0.029	0.069	0.110	0.071	0.049	0.036	0.064	0.077	0.047	0.061	0.048			
WZTX	0.060	0.046	0.050	0.037	0.040	0.102	0.043	0.036	0.051	0.028	0.033	0.019	0.047	0.035	0.040		
WZCW	0.073	0.043	0.066	0.043	0.029	0.102	0.036	0.028	0.063	0.013	0.054	0.025	0.031	0.017	0.043	0.036	
HZBB	0.107	0.081	0.088	0.029	0.066	0.136	0.084	0.064	0.055	0.060	0.076	0.052	0.065	0.056	0.024	0.051	0.052

STRUCTURE 分析结果显示，当 *K*=3 时 Delta *K* 的值最大（图 2a），可将 18 个天然群体 398 个单株遗传组分划分为 3 个类群（图 2b）。其中，类群一为全部干热河谷群体 BSLL、BSTL、BSYJ、CZPX、CZFS；类群二为 HCDA、NNWM、GGQT、HZBB 群体；类群三为 GLPL、LZLZ、LBXB、LBJX、QZLS、QZPB、YLBB、WZTX、WZCW 群体。值得注意的是，当 *K*=2 时，干热河谷群体和 GLPL 聚为一类，其余群体聚为另一类；当 *K*=4 时，GLPL 单独为一类，其他群体的划分与 *K*=3 时一致。从 UPGMA 聚类图可以看出（图 3），在遗传距离为 0.015 处可将 18 个群体划分为 4 类，与 *K*=4 时 STRUCTURE 分析结果一致。

2.3 余甘子遗传多样性与生境因子间的关系

对 6 个遗传多样性参数与 37 个生境因子进行的 Pearson 相关性分析，结果如（图 4）所示，N_a 与昼夜温差与年温差比值（Bio3）、最湿季度平均温度（Bio8）呈显著正相关，与温度季节性（Bio4）、年温变化范围（Bio7）、年平均降水量（Bio12）、最湿月份降水量（Bio13）、最干月份降水量（Bio14）、最干季度降水量（Bio17）、最冷季度降水量（Bio19）显著负相关（$P < 0.05$）。A_p 与 Bio3、季节性降水（Bio15）显著正相关，与经度（Lon）、Bio14、Bio19 显著负相关。H_o 与粘性层土壤阳离子交换能力（T cecclay）显著负相关。H_e 与 Bio12、Bio13 呈显著负相关。PIC 与最冷月份最低温（Bio6）、Bio8 显著正相关，

与 Bio4、Bio7、Bio13、 Bio19 显著负相关。*I* 与 Bio6、Bio8、最冷季度平均温度（Bio11）显著正相关， 与 Bio7、Bio12、Bio13、Bio14、Bio17、Bio19 显著负相关。



a，余甘子类群数 *K* 与 Delta *K* 的关系；b，广西余甘子群体遗传结构

a, Relationship between clusters and the number (*K*) of *Phyllanthus emblica* and Delta *K*; and b, genetic structure plot of *Phyllanthus emblica* populations

图 2　广西余甘子天然群体遗传结构

Fig. 2　Genetic structure of natural populations of *Phyllanthus emblica* in Guangxi

进一步比较可以看出（表 3），干热河谷和湿润区群体间遗传多样性存在显著差异。干热河谷群体的 H_e 和 *I* 显著大于湿润区，而 N_a、A_p、H_o 和 PIC 在两者间差异不显著。这与 2 种类型生境在地理、气候和土壤因子上的显著差异有关（表 6）。气候因子方面，干热河谷地区的年平均温度（Bio1）、Bio3、最干季度平均温度（Bio9）显著高于湿润区。土壤因子方面，湿润区的土壤淤泥含量（T silt）和土壤有效水含量（T awc class）显著高于干热河谷；而干热河谷的有机碳含量（T oc）显著高于湿润区。

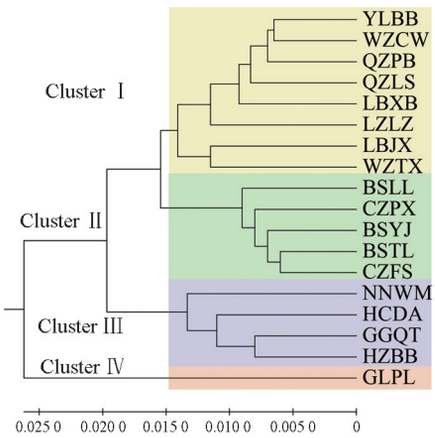


图 3 基于 Nei 氏遗传距离的广西余甘子天然群体 UPGMA 聚类

Fig. 3 UPGMA cluster of natural *Phyllanthus emblica* populations in Guangxi based on Nei's genetic distances

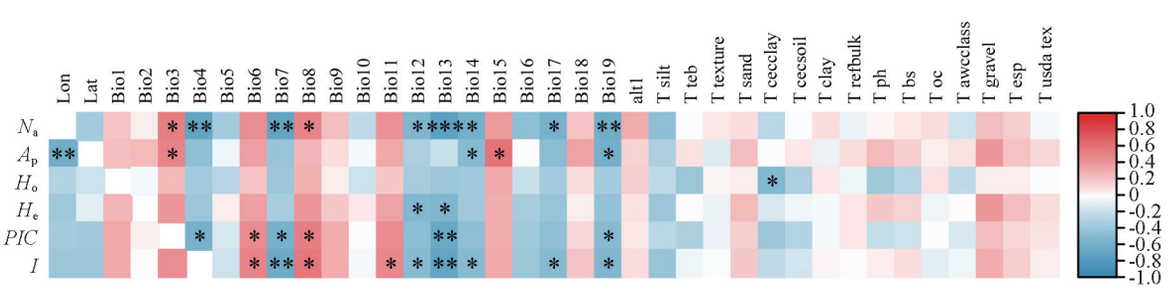
3 讨 论

3.1 余甘子遗传多样性及其对生境因子的响应

本研究采用 13 对 SSR 引物分析了广西 18 个余甘子天然群体的遗传多样性。在物种水平上，群体平均观察杂合度（H_o）和期望杂合度（H_e）分别为 0.514 和 0.590。这与 Pandey 等 [24] 基于 5 个 SSR 位点评估的泰国 2 个群体的 H_o（0.548）和 H_e（0.619）相近。然而，本研究的遗传多样性水平低于 Liu 等 [26] 使用 20 个 EST-SSR 位点估算的云南和广西 10 个天然群体的 H_o（0.617）和 H_e（0.796），也低于本课题组采用 16 个 SSR 位点分析的云南 18 个天然群体（H_o=0.790，H_e=0.666；数据暂未发表）。这可能与云南地区复杂的地形和多样的气候更有利于维持和促进植物遗传多样性有关。广西喙核桃 *Annamocarya sinensis* 群体的遗传多样性（H_o=0.310，H_e=0.286）[28] 显著低于云南群体（H_o=0.597，H_e=0.622）[29]。这些结果表明，地理环境差异是塑造物种遗传多样性的重要因素。

物种对环境变化的适应性响应通常体现在遗传变异上，这是自然选择作用于群体内遗传多样性的结果。本研究显示，广西干热河谷群体的遗传多样性（H_e 和 I）显著高于湿润区群体，这与 Liu 等 [26] 对云南干热河谷群体与广西湿润区群体的对比研究结论一致。值得注意的是，本研究还发现干热河谷群体特有等位基因数大于湿润地区，但差异未达到统计显著性。这可能源于两类群体的样本数量相差较大以及湿润区多数群体缺乏特有等位基因所导致的数据不平衡，进而影响了统计效力。未来研究应扩大干热河谷采样范围并优化抽样设计，从而更可靠地评估生境差异对余甘子遗传多样性的影响。无论如何，干热河谷具有高温、低湿、季节性干旱等极端环境特征，此类环境对植物形成强烈的选择压力，可能加速植物群体的进化速率，进而促进群体遗传变异和多样性的积累 [30-31]，并通过正向选择或平衡选择保留更多与耐旱、耐热相关的等位基因 [32-33]。尽管干旱是植物生长的一个限制因素，但长期的适应性进化使干旱环境下的植物能够演化出不同的抗旱机制 [34]。此外，温度和降水被广泛认为是影响物种遗传多样性的关键气候因子，如在油松 *Pinus tabulaeformis*[6]、柽柳 *Tamarix chinensis*[8]、香橼 *Citrus medica*[35] 等物种中均有体现。本研究进一步证实，多种温度和降水因子均与余甘子群体遗传多样性参数显著相关。

本研究还探讨了土壤对余甘子遗传多样性的影响，结果表明只有 H_o 与粘性层土壤阳离子显著负相关，可能与所用土壤数据（HWSD）的空间分辨率相对较低（约 1 km），难以精确反映群体所在微生境的土壤特征有关。未来研究需结合实地多点采样，测定关键土壤理化性质指标，以更准确地解析土壤特性与遗传多样性的潜在关联。



差异显著性水平，“*”，$P < 0.05$；“**”：$P < 0.01$；“***”：$P < 0.001$。
Significance level, “*”, $P < 0.05$; “**”: $P < 0.01$; “***”: $P < 0.001$.

图 4 广西余甘子天然群体遗传多样性与生境因子的相关性

Fig. 4 Correlation between genetic diversity and site factors of natural *Phyllanthus emblica* populations in Guangxi

表 6　2 种类型生境间地理、气候和土壤因子差异
Table 6　Differences in habitat variables between two site types

变量 Variable	生境因子 Site factors	干热河谷 Dry-hot valley	湿润区 Humid region	*P* 值 *P* value	生境因子 Site factors	干热河谷 Dry-hot valley	湿润区 Humid region	*P* 值 *P* value
Bio1	年平均温度	21.01±1.6	20.5±1.0	0.043	淤泥含量 T silt	21.0±1.0	22.0±2.2	0.027
Bio2	昼夜温差月值	8.0±0. 3	7.4±0.4	0.188	交换性钠盐 T teb	3.5±1.0	5.4±5.3	0.405
Bio3	昼夜温差与年温差比值	35.8±0.3	30.4±1.4	0.016	顶层土壤质地 T texture	2.6±0.5	2.5±0.5	0.624
Bio4	温度季节性	553.0±18.3	633.5±41.6	0.122	沙含量 T sand	39.8±14.0	14.8±9.5	0.369
Bio5	最热月份最高温	31. 3±1.4	31.6±0.9	0.112	粘性层土壤阳离子交换能力 T cecclay	10.6±2.5	17.8±10.2	0.369
Bio6	最冷月份最低温	8.8±1.8	7.4±1.3	0.128	土壤阳离子交换能力 T cecsoil	11.0±5.6	11.2±5.6	0.446
Bio7	年温变化范围	22.5±0.7	24.2±1.4	0.069	黏土含量 T clay	39.2±13.1	36.3±13.1	0.770
Bio8	最湿季度平均温度	27.1±1.5	26.0±1.7	0.638	土壤容重 T ref_bulk	1.3±0.1	1.3±0.1	0.977
Bio9	最干季度平均温度	14.1±2.3	13.9±1.2	0.029	酸碱度 T pH	5.0±0.2	5.1±0.5	0.220
Bio10	最暖季度平均温度	27.1±1.5	27.5±0.7	0.080	基本饱和度 T bs	35.4±14.3	40.7±16.2	0.871
Bio11	最冷季度平均温度	13.6±1.7	12.2±1.3	0.221	有机碳含量 T oc	1.9±1.1	1.4±0.5	0.006
Bio12	年平均降水量	1 345.4±153.9	1 601.3±95.2	0.365	土壤有效水含量 T awc class	1.0±0.1	1.9±1.8	0.050
Bio13	最湿月份降水量	256.6±22.1	286.6±26.2	0.704	碎石体积百分比 T gravel	18.2±9.2	14.8±9.5	0.907
Bio14	最干月份降水量	18.0±7.4	36.6±5.5	0.642	可交换钠盐 T esp	1.8±1.1	1.5±0.9	0.288
Bio15	季节性降水	81.2±4.3	67.4±2.4	0.066	土壤质地分类 T usda tex	5.8±3.8	6.0±3.4	0.655
Bio16	最湿季度降水量	729.4±89.3	763.0±56.5	0.476	经度 Longitude	106.5±0.8	109.9±1.1	0.346
Bio17	最干季度降水量	71.4±21.4	127.1±15.2	0.609	纬度 Latitude	23.6±1.2	23.5±0.8	0.177
Bio18	最暖季度降水量	729.4±89.3	694.7±76.7	0.638	海拔 Altitude	393.4±283.1	233.4±143.1	0.009
Bio19	最冷季度降水量	74.0±22.9	166.4±23.0	0.845				

3.2　余甘子的遗传结构

本研究中，百色和崇左的余甘子天然群体被划分为同一类群，这些群体均位于干热河谷地区，长期处于高温、低湿的气候胁迫下[36]，经历了特定的适应性进化，形成了与环境相适应的独特遗传结构[37]。HZBB 群体未与地理上邻近的群体聚在一起，而与 HCDA、NNWM 和 GGQT 群体归为一类。HZBB 群体则位于合面狮水库库心岛，该水库作为自然屏障，可能明显限制了物种迁移和基因交流，导致其形成了相对独特的遗传结构。GLPL 群体位于广西东北部的平乐县，作为边缘分布群体，在遗传结构分析中（如 *K*=4 时的 STRUCTURE 分析和 UPGMA 聚类）均被单独划分为一类。该群体不仅表现出最低水平的遗传多样性，而且与其他群体的遗传分化普遍较高。平乐县地处喀斯特地貌区，地形复杂，其温度季节性（Bio4）、年温变化范围（Bio7）和年平均降水量（Bio12）均相对较高。据此推测，这种独特的环境异质性结合其边缘分布位置，是导致 GLPL 群体与广西其他区域群体之间遗传分化显著的重要原因。类似现象也出现在毛叶青冈 *Quercus kerrii* 的研究中也有报道，田中线（Tanaka line）两侧长期的地理隔离和环境异质性导致了显著的群体遗传分化[38]。

4　结　论

本研究基于 13 个 SSR 位点分析了广西 18 个余甘子天然群体的遗传多样性和遗传结构，结果表明广西余甘子天然群体具有中等水平的遗传多样性，且群体间存在显著的遗传分化，遗传变异主要来源于群体内。温度和降水是影响群体遗传多样性水平的关键环境因子，干热河谷群体具有独特性，其遗传多样性显著高于湿润区群体，这与两类生境在气候和土壤因子上的显著差异密切相关。鉴于不同生态型群体的遗传特征差异，建议针对干热河谷、湿润区群体分别制定并实施差异化的保护策略，系统性地推进种质资源收集、保存与应用。本研究可为余甘子种质资源的科学保护和可持续利用以及遗传育种提供理论依据。

参考文献：

[1]　YAO X H, DENG J Y, HUANG H W. Genetic diversity in *Eucommia ulmoides* (Eucommiaceae), an endangered traditional

Chinese medicinal plant[J]. Conservation Genetics,2012,13: 1499-1507.

[2] SUN Y, WEN X Y, HUANG H W. Genetic diversity and population structure of two important medicinal plant species *Schisandra chinensis* and *Schisandra sphenanthera* revealed by nuclear microsatellites[J]. Genetica,2011,139:497-503.

[3] 李思广 , 陈少瑜 , 付玉嫔 , 等 . 基于 SSR 标记的黑老虎种质资源的遗传多样性和遗传结构 [J]. 中南林业科技大学学报 , 2024,44(5):156-166.
LI S G, CHEN S Y, FU Y P, et al. Genetic diversity and genetic structure of *Kadsura coccinea* germplasm resources revealed by SSR markers[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2024,44(5):156-166.

[4] ZULFIQAR S, ASLAM M M, DITTA A, et al. Evaluation of genetic diversity and population structure of the Chinese chestnut (*Castanea mollissima*) by using NR-SSR markers[J]. Genetic Resources and Crop Evolution,2025,72:2445-2457.

[5] 徐振朋 , 宛涛 , 蔡萍 , 等 . 裸果木种群遗传多样性特点及与地理气候因子关联研究 [J]. 草地学报 ,2018,26(1):70-76.
XU Z P, WAN T, CAI P, et al. Study on the relevance between genetic diversity of *Gymnocarpos przewalskii* populations and geographic climatic factors[J]. Acta Agrestia Sinica,2018,26(1): 70-76.

[6] 李明 , 王树香 , 高宝嘉 . 油松天然次生林居群遗传多样性及与产地地理气候因子的关联分析 [J]. 生态学报 , 2013,33(12):3602-3610.
LI M, WANG S X, GAO B J. Analysis of genetic diversity of Chinese pine (*Pinus tabulaeformis*) natural secondary forest populations and correlation with theirs habitat ecological factors[J]. Acta Ecologica Sinica,2013,33(12):3602-3610.

[7] HUANG W D, ZHAO X Y, ZHAO X, et al. Effects of environmental factors on genetic diversity of *Caragana microphylla* in Horqin sandy land, northeast China[J]. Ecology and Evolution,2016,6:8256-8266.

[8] 孙丽坤 , 刘光琇 , 张宝贵 , 等 . 环境因子对中国柽柳遗传变异的影响 [J]. 草业学报 ,2019,28(10):178-186.
SUN L K, LIU G X, ZHANG B G, Effects of environmental factors on population genetic diversity of *Tamarix chinensis*[J]. Acta Prataculturae Sinica,2019,28(10):178-186.

[9] 邓立宝 , 何新华 , 李天文 , 等 . 广西西北部高原地区柿种质资源调查及遗传多样性分析 [J]. 园艺学报 ,2012,39(2):215-224.
DENG L B, HE X H, LI T W, et al. Investigation and analysis on the genetic diversity of persimmon germplasms in plateau of northwest Guangxi[J]. Acta Horticulturae Sinica,2012,39(2): 215-224.

[10] JUMP A S, HUNT J M, MARTÍNEZ-IZQUIERDO J A, et al. Natural selection and climate change: temperature-linked spatial and temporal trends in gene frequency in *Fagus sylvatica*[J]. Molecular Ecology,2006,15:3469-3480.

[11] HOFFMANN P, KATHRIARACHCHI H, WURDACK K J. A phylogenetic classification of *Phyllanthaceae* (*Malpighiales*; *Euphorbiaceae sensu* lato)[J]. Kew Bulletin,2006,61:37-53.

[12] SOONTORNCHAINAKSAENG P, CHAIYASUT K. Cytogenetic investigation of some Euphorbiaceae in Thailand[J]. Cytologia,1999,64:229-234.

[13] RAHMAN M S, SULTANA S S, HASSAN, M A. Variable chromosome number and ploidy level of five *Phyllanthus* species in Bangladesh[J]. Cytology,2021,86(2):143-148.

[14] JAIN S K, KHURDIYA D S. Vitamin C enrichment of fruit juice based ready-to-serve beverages through blending of Indian gooseberry (*Emblica officinalis* Gaertn.) juice[J]. Plant Foods for Human Nutrition,2004,59:63-66.

[15] TARWADI K, AGTE V. Antioxidant and micronutrient potential of common fruits available in the Indian subcontinent[J]. International Journal of Food Sciences and Nutrition,2007,58(5): 341-349.

[16] KRISHNAIAH D, DEVI T, BONO A, et al. Studies on phytochemical constituents of six Malaysian medicinal plants[J]. Journal of Medicinal Plants Research,2009,3(2):67-72.

[17] 宋志姣 , 梁凤鸣 , 章金龙 , 等 . 余甘子果实不同发育阶段品质比较 [J]. 食品与发酵工业 ,2024,50(9):255-261.
SONG Z J, LIANG F M, ZHANG J L, et al. Comparison of nutritional quality during fruit development of *Phyllanthus emblica*[J]. Food and Fermentation Industries,2024,50(9): 255-261.

[18] VARIYA B C, BAKRANIA A K, PATEL S S. *Emblica officinalis* (Amla): a review for its phytochemistry, ethnomedicinal uses and medicinal potentials with respect to molecular mechanisms[J]. Pharmacological Research,2016,111:180-200.

[19] CHAPHALKAR R. APTE K G, TALEKAR Y, et al. Antioxidants of *Phyllanthus emblica* L. bark extract provide hepatoprotection against ethanol-induced hepatic damage: a comparison with silymarin[J]. Oxidative Medicine and Cellular Longevity, 2017(1):3876040.

[20] 李巧明 , 赵建立 . 云南干热河谷地区余甘子居群的遗传多样性研究 [J]. 生物多样性 ,2007,15(1):84-91.
LI Q M, ZHAO J L. Genetic diversity of *Phyllanthus emblica* populations in dry-hot valleys in Yunnan[J]. Biodiversity Science, 2007,15(1):84-91.

[21] 郭林榕 , 周平 , 陈志峰 .22 份余甘子核心种质资源遗传多样性的 SRAP 分析 [J]. 热带作物学报 ,2014,35(7):1382-1387.
GUO L R, ZHOU P, CHEN Z F. Analysis of genetic diversity

of 22 *Phyllanthus emblica* germlasms with SRAP markers[J]. Chinese Journal of Tropical Crops,2014,35(7):1382-1387.

[22] 邵雪花 , 刘牛 , 赖多 , 等 .28 份余甘子品种遗传多样性的 ISSR 分析及指纹图谱构建 [J]. 西北农林科技大学学报 (自然科学版),2020,48(8):129-136.
SHAO X H, LIU N, LAI D, et al. Genetic diversity analysis and DNA fingerprint mapping of 28 varieties of *Phyllanthus emblica* L. based on ISSR molecular marker[J]. Journal of Northwest A and F University,2020,48(8):129-136.

[23] 普天磊 , 金杰 , 何璐 , 等 . 基于 SNP 和 InDel 标记的余甘子群体遗传分析 [J]. 果树学报 ,2023,40(5):875-883.
PU T L, JIN J, HE L, et al. Population and genetic analysis of *Phyllanthus emblica* by SNP and InDel markers[J]. Journal of Fruit Science,2023,40(5):875-883.

[24] PANDEY M, CHANGTRAGOON S. Isolation and characterization of microsatellites in a medicinal plant, *Phyllanthus emblica* (Euphorbiaceae)[J]. American Journal of Botany,2012,99(12):e468-e469.

[25] 王建超 , 张小艳 , 张立杰 , 等 . 基于 SSR 标记余甘子遗传多样性分析与核心种质构建 [J]. 果树学报 ,2025,42(8):1-21.
WANG J C, ZHANG X Y, ZHANG L J, et al. Genetic diversity analysis and core collection construction of *Phyllanthus emblica* based on SSR markers[J]. Journal of Fruit Science,2025, 42(8):1-21.

[26] LIU X F, MA Y P, WAN Y M, et al. Genetic diversity of *Phyllanthus emblica* from two different climate type areas[J]. Frontiers in Plant Science,2020,11:580812.

[27] ZENG J, ZOU Y P, BAI J Y, et al. Preparation of total DNA from 'recalcitrant plant taxa'[J]. Acta Botanica Sinica,2002,44(6): 694-697.

[28] 邓丽丽 , 邹蓉 , 杨一山 , 等 . 广西极小种群野生喙核桃遗传多样性分析 [J]. 热带亚热带植物学报 ,2025,33(1):25-32.
DENG L L, ZOU R, YANG Y S, et al. Genetic diversity analysis of *Annamocarya sinensis*, a wild plant with extremely small populations in Guangxi[J]. Journal of Tropical and Subtropical Botany,2025,33(1):25-32.

[29] ZHANG Z Y, PANG X M, HAN J W, et al. Conservation genetics of *Annamocarya sinensis* (Dode) Leroy, an endangered endemic species[J]. Genetic and Molecular Research,2013,12(3): 3965-3974.

[30] 郑元 , 高柱 , 罗明灿 , 等 . 元江干热河谷牛角瓜种质资源调查及果实性状的多元统计分析 [J]. 中南林业科技大学学报 , 2015,35(9):13-21.
ZHENG Y, GAO Z, LUO M C, et al. Investigation on germplasm resources and multivariate statistical analysis on fruit characters of *Calotropis gigantea* in Yuanjiang dry-hot valley in Yunnan[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2015,35(9):13-21.

[31] CHEN Y P, SUNOJKUMAR P, SPICER R A, et al. Rapid radiation of a plant lineage sheds light on the assembly of dry valley biomes[J]. Molecular Biology and Evolution,2025,42:1-17.

[32] TIFFIN P, ROSS-IBARRA J. Advances and limits of using population genetics to understand local adaptation[J]. Trends in Ecology & Evolution,2014,29(12):673-680.

[33] FANG Y Y, WANG D, XIAO L, et al. Allelic variation in transcription factor *PtoWRKY68* contributes to drought tolerance in *Populus*[J]. Plant Physiology,2023,193:736-755.

[34] TREJO-CALZADA R, O'CONNELL M A. Genetic diversity of drought responsive genes in populations of the desert forage *Dactylis glomerata*[J]. Plant Science,2005,168:1327-1335.

[35] MAURYA A, MISHRA B P, MOHAN R, et al. Analysis of genetic diversity and environmental associations of wild citron (*Citrus medica* L.) in northeast India[J]. Scientia Horticulturae,2024,338: 113690.

[36] 朱华 , 谭运洪 , 杨永平 . 中国西南干热河谷萨王纳植被综述 [J]. 植物科学学报 ,2024,42(5):682-696.
ZHU H, TAN Y H, YANG Y P. Review on savanna vegetation in the dry hot river valleys of southwestern China[J]. Plant Science Journal,2024,42(5):682-696.

[37] CECCARELLI S, GRANDO S. Drought as a challenge for the plant breeder[J]. Plant Growth Regulation,1996,20:149-155.

[38] JIANG X L, AN M, ZHENG S S, et al. Geographical isolation and environmental heterogeneity contribute to the spatial genetic patterns of *Quercus kerrii* (Fagaceae)[J]. Heredity,2018,120: 219-233.

[本文编校：吴　彬]