野生植物种质资源的保存利用与 iFlora*

杨湘云, 蔡杰, 张挺, 杜燕

(中国科学院昆明植物研究所中国西南野生生物种质资源库, 云南 昆明 650201)

摘要: 对植物种质资源的保护和可持续利用是人类生存和发展的根基。虽然植物种质资源的收集和保存工作在全球范围内已经取得了阶段性的进展, 但植物物种本身复杂的生物学特性、相关信息的不完整性以及收集保存利用过程中专业人才的缺乏, 在一定程度上制约了野生植物种质资源的保存和利用。本文以中国野生植物多样性的保护现状为例, 探讨了野生植物种质资源收集保存过程中面临的问题, 以及 iFlora 计划的提出和实施对解决这些问题提供的可能解决方案。通过 iFlora 的实施, 将极大地促进和推动我国乃至全球范围内的野生植物多样性保护和利用。作为 iFlora 的重要元素之一, 植物 DNA 条形码的运用已经逐渐成熟, 本文介绍了其在苔藓植物剪叶苔属, 以及种子植物榕属、马先蒿属、蒟蒻薯属、红豆杉属和栝楼属中的应用。

关键词: 植物多样性; 植物种质资源; 保存和利用; DNA 条形码; iFlora

中图分类号: Q 94 - 34, Q 948.2 文献标识码: A 文章编号: 2095 - 0845(2012) 06 - 539 - 07

The Potential Contribution of Plant DNA Barcoding and iFlora to Plant Germplasm Conservation*

YANG Xiang-Yun, CAI Jie, ZHANG Ting, DU Yan

(Germplasm Bank of Wild Species in Southwest China, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China)

Abstract: Plant diversity is the key element of ecosystem, and plays an important role in our daily life and socio-economic prosperity. Preservation and utilization of plant diversity is the cornerstone of human welfare and civilization, and an essential strategy to address global climate change. Although the plant conservation activities have been achieved significantly in the past decades world-wide, there are gaps existent that may minimize the effort to fulfill the Global Strategy for Plant Conservation (2011 - 2020), e.g., the complexity of species origin and evolution, the lack of sufficient species information, and the shrunken taxonomy expertise. We account for the plant conservation achievement in China and point part of constrains for the success of China's strategy for plant conservation, which could be removed with the conceiving and implementation of the next-generation Flora, or iFlora project. DNA barcoding is an important element of iFlora. We brief the application of plant DNA barcoding to accurately identify species in the bryophyte genus *Herbertus* and in a number of genera of seed plants, such as *Ficus*, *Pedicularis*, *Tacca*, *Taxus* and *Trichoshanthes*.

Key words: Plant diversity; Plant germplasm; Conservation and utilization; DNA barcoding; iFlora

植物是一切生命活动的基础。植物不仅能改变人们生活, 而且对维持环境及生态平衡具有重要意义。以植物为第一生产者的自然界丰富的生物种质资源是人类赖以生存的物质基础, 与人

* 基金项目: 国家科技部科技基础工作专项项目; 国家高科技研究发展计划(863计划)(2012AA021801); 中国科学院大科学装置开放研究项目(2009-LSFGBOWS-01)

收稿日期: 2012 - 11 - 08, 2012 - 11 - 13 接受发表

作者简介: 杨湘云(1967 -)女, 博士, 正高级工程师, 主要从事野生植物种质资源的收集保存及种子生物学研究工作。

E-mail: yxy@mail.kib.ac.cn

类的生存和发展密切相关。野生植物种质资源是现有栽培植物的巨大资源库,也是培育新品种的物质基础,如科学家们利用日本的农林号小麦矮秆基因,育成了号称小麦“奇迹”的墨西哥小麦;国际水稻研究所的科学家利用中国低脚乌尖水稻的矮秆基因,培育出了IR8及IR系列水稻品种,从而掀起了闻名世界的“绿色革命”。杂交水稻的大范围推广,就是我国科学家利用野生水稻的不育细胞质特性,大幅度提高水稻产量的范例。面对21世纪世界经济发展的机遇和挑战,以现代生物技术为基础的生物资源开发将是中国未来面对全球生物资源竞争的一个战略重点。在当今科技特别是生物科技迅猛发展的时代,具有自主知识产权的生物科技产业的发展将是本世纪综合国力的重要标志。20世纪50年代末,美国大豆感染了囊孢线虫病,使其大豆生产濒于毁灭,后从野生大豆种质资源中筛选出抗囊孢线虫病的北京小黑豆,育成了高产抗病新品种,从而挽救了美国的大豆产业,并使美国大豆产量跃居世界第一位。从这个意义上说,“一个物种影响一个国家的经济”、“一个基因关系到一个国家的兴盛”并非危言耸听。

人类所面临的粮食、能源、疾病和环境等问题,都与生物种质资源的保护和利用有直接或间接的关系。因此,保护和利用野生生物种质资源,对我国消除贫困、发展经济、实现可持续发展将起到十分积极的作用。

1 植物多样性保护

由于工业化和城市化进程、资源的不合理利用、种植品种单一化、外来物种入侵、气候变化等原因,植物多样性正在以相当于过去地质年代的100~1000倍的速度丧失(Corvalan等,2005),导致了与之相关的生态系统服务功能(食物、燃料、生化产品和纤维等供给)的下降(Euro-pean Communities,2008)。为了应对这些影响,十年期的《全球植物保护战略》于2002年4月19日在海牙《生物多样性公约》签约国会议上获得通过,设立了优先保护的濒危物种和地区,并积极发展提高农作物及野生物种保护方法的标准规范和模型。其余十项关于植物多样性的目标包括理解、保护、持续利用和提升保护行动的教

育和能力建设(CBD,2002)。特有物种分布极其集中,并且其生境正在遭受巨大丧失的地区被认定为生物多样性热点地区。据估计,44%的维管植物仅仅分布于25个生物多样性热点地区,而这些热点地区仅占地球陆地面积的1.4%(Myers等,2000)。Mittermeier等(2005)将全球生物多样性热点地区从过去的25个提升到了34个,其中包括中国西南的横断山地区。我国的生物多样性非常丰富,有31000种维管植物,其中不乏经过了中新世气候变化及更新世冰川进退幸存下来的“活化石”(吴征镒和陈心启,2004;Li,2008)。我国约有2/3的维管植物分布在西南地区,该地区是世界温带植物特有物种分布最丰富的地区,是许多属的分布中心,如杜鹃花属、报春花属、马先蒿属植物;也是壳斗科、樟科、山茶科和木兰科植物等占优势的亚热带常绿阔叶林生态系统的主要分布区。

在过去30年中,我国是世界上经济增长速度最快的国家之一,同时又面临经济高速发展对环境和生物多样性带来的巨大压力。因此只有我国和世界其它生物多样性丰富地区的野生植物种质资源得到有效保护,才可能积极地应对全球气候变化带来的影响。

2 植物多样性保护计划

对植物种质资源的保护,无论是就地保护(*In situ* conservation)还是迁地保护(*Ex situ* conservation),在全球、国家和地区层面都具有非常重要的意义。

生物多样性保护的成功取决于对本底知识的掌握和对这些知识的运用,同时还需要考虑成本效益。更新版的《全球植物保护战略》于2010年10月18日至29日在日本名古屋举行的《生物多样性公约》缔约方第十次会议上获得了采纳,确定了16项至2020年全球植物保护具体目标,其目标之一就是“很好理解、记述和认识植物多样性”,该目标被分解为第1,2,3项具体目标,即“①建立一个涵盖所有已知植物的在线植物志,②对所有已知植物物种的保护状况尽可能进行评估以指导养护行动,③开发和分享执行《战略》所需的信息、研究和相关产出以及方法”;目标二就是“紧急、有效地保护

植物多样性”(CBD,2010)。

《中国植物志》和以《云南植物志》、《西藏植物志》、《海南植物志》等为代表的地方志,国家林业局颁布的1900个物种保护名录,由中国植物专家组根据世界自然保护联盟(IUCN)的标准提出的4408种保护植物名录(中国植物保护战略编委会,2008)等都有助于植物多样性保护的实施。作为中国植物多样性保护工作的行动纲领和《全球植物保护战略》的重要组成部分,国家林业局组织有关专家编制制订了“中国野生植物保护行动计划”,并在此基础上与中国科学院、国家环境保护总局等部门共同合作,围绕《全球植物保护战略》的16项具体目标,于2008年编制完成了《中国植物保护战略》。

虽然既可以通过就地保护也可以通过迁地保护等途径来保护绝大多数的植物,但就地保护可能受到经济发展和土地利用等因素的制约,而迁地保护则会面临技术难题的挑战。

2.1 就地保护

就地保护被普遍认为是生物多样性保护最为有效的方法。就地保护不仅保护了所在生境中的物种个体和群落,还维持了所在区域生态系统中能量和物质运动的过程,保证了物种的正常发育与演化过程,以及物种与其环境间的生态学过程,并保护了物种在原生环境下的生存能力和种类遗传变异。因此,就地保护在生态系统、物种和遗传多样性三个层次上都是最充分、最有效的保护,是保护生物多样性最根本的途径。

自然保护区的建设和管理是植物多样性就地保护的主要手段。我国于1956年在广东省肇庆建立了中国的第一个自然保护区——鼎湖山自然保护区,并自上个世纪70年代末80年代初以来,自然保护区事业发展迅速。截止2010年底,我国已建立各种类型的自然保护区2588个,保护区总面积达14944万公顷,陆地自然保护区总面积约占国土面积的15%(环境保护部国际合作司,2011),这些自然保护区基本覆盖了我国的生物多样性关键地区和重要生态区域。此外,我国还建设了1928处森林公园,总面积达1513万公顷;列入国际重要湿地名录的湿地达30处,总面积34.4万公顷(《中国植物保护战略》编委会,2008)。全国85%的陆地自然生态

系统类型、45%的天然湿地、20%的天然林和65%的高等植物群落类群都在保护区内得到了很好的保护(环境保护部国际合作司,2011)。

我国在建立自然保护区时,已充分考虑到了一些珍稀濒危植物物种的分布区域和保护现状,先后建立了一系列以保护专类植物为主的自然保护区,其中包括大量国家级自然保护区,如新疆塔里木胡杨国家级自然保护区(2006)、新疆甘家湖梭梭林国家级自然保护区(2001)、四川攀枝花苏铁国家级自然保护区(1996)、黑龙江穆稜东北红豆杉国家级自然保护区(2009)、广西防城金花茶国家级自然保护区(1994)、广西雅长兰科植物国家级自然保护区(2009)等,使我国珍稀濒危植物的核心种质资源得到了就地保护。

虽然就地保护发挥了重要作用,但是,自然灾害和人为干扰以及经济发展(如水电、矿产开采,旅游,作物种植开垦,非法砍伐和火灾等)使得处于保护区和非保护区的物种正在面临相当大的压力。

2.2 迁地保护

作为就地保护的重要补充,迁地保护对于某些可能在自然或人类主导的生态系统中丧失的多样性成分进行备份保存,主要通过种质圃的作物品系、基因库中的试管苗、保护站中的树木物种、植物园和/或种子库(常规和超低温)中的种子等方式进行保存。《全球植物保护战略》的第8项目标是,对至少75%的濒危植物通过迁地保护的方式收集保存,最好保存在其原产国,并且其中20%的物种应在生态恢复项目中得到种群重建(CBD,2010)。

目前,我国除青藏高原以外的主要生态区域均建立了各类植物园或树木园,其中规模较大的植物园、树木园160多个,具有较强的科研和植物保护能力。截止2010年,我国10个主要的植物园已收集保存了国产植物2万多种,约占我国本土植物种类的60%(Huang,2010),并建立和完善了苏铁、山茶、木兰科、姜科、兰科、水生植物、药用植物、能源植物、沙漠植物、亚高山植物、蕨类植物等90多个各具特色的植物专类园区。

众多珍稀植物苗圃、种源基地和繁育基地也在野生植物的迁地保护中起到了重要作用。国家

林业局与地方科研机构先后在广东、福建等地建成“国家苏铁种质资源保护中心”、“国家兰科植物种质资源保护中心”、“木兰植物保育基地”和“棕榈植物保育中心”，对我国特有的、极度濒危的、种群数量急剧减少的物种进行了抢救性的保护和繁育。目前，以迁地保护为主要栽培目的的珍稀植物物种已达113种，其中国家Ⅰ级保护植物有31种，栽培规模为15.24万公顷，4.2亿株，国家Ⅱ级保护植物有82种，栽培规模为119.58万公顷，29.81亿株，红豆杉栽培面积已近5000公顷，兰科植物、苏铁等保护植物种群量也不断扩大。此外，农业部还建立农作物及其野生近缘植物种质资源保存圃32个，保存珍稀濒危物种1300多种（《中国植物保护战略》编委会，2008）。

对迁地保护策略需要进行长期探索。在实践中，作为迁地保护的一种有效途径，种子库已被广泛用于保存众多有花植物物种（FAO，1997；Linington和Pritchard，2001），而且种子库通常以国际共识的标准建立（FAO和IPGRI，1994）。种子相对容易采集，能代表物种内的多样性（如果采自不同居群的多个个体），并可以储藏在相对小的空间里。种子库保存无论在设施的规模上（从冰柜到走入式冷库）还是在保存对象的范围上（如以保存成千上万物种的种子为目标）都有很大程度的提升。

人类自从种植第一批作物开始，就保存种子以供将来使用。从这个意义上说，多数种子库都是为农作物和重要经济植物建立的。据联合国粮农组织的统计，目前全世界约有1400座种子库，共保存了超过650万不同品种的种子（Engdahl，2007）。位于美国科罗拉多州福特科林斯的国家遗传资源保护中心拥有世界上最大的种子库，建立于1958年，现已保存50万份农作物种子，并拥有世界最大的苹果种质资源收集量。位于中国北京的国家农作物种质保存中心是一个全国性的种子库网络，目前已收集保存40万份农作物种子。

在1997年英国皇家植物园邱园千年种子库项目（Millennium Seed Bank Project，以下简称“英国千年种子库”）开始之前，国际上很少有针对野生植物种子收集保存和研究的机构。中国

西南地区丰富的生物多样性长期以来为世界所关注。2009年国家重大科学工程“中国西南野生生物种质资源库（以下简称“种质资源库”）的建成，对于我国野生生物种质资源保护和研究起到了积极的推动作用。目前种质资源库已收集保存的野生植物种子7471种，53344份，物种数量达我国有花植物总数的25%。种质资源库下一阶段的目标是，至2020年，收集保存各类野生生物种质资源19000种，190000份，包括植物种子10000种，100000份。英国千年种子库于2009年10月已完成了其收集保存全世界10%有花植物种子的目标，目前已保存31353种，59878份野生植物种子，其下一阶段目标是在2020年以前与其全球的伙伴共同保存全球25%植物物种的种子。这些保护行动为野生植物种质资源的保护和研究奠定了重要基础，并将在野生植物种质资源迁地保护中发挥着不可替代的重要作用（Cohen等，1991）。

种子库等迁地保护方法具有重要价值，然而，有许多因素可能降低迁地保护的成功率，以至于不能达到最佳保护效果。这些因素包括缺乏知识、不能正确应用相关技术以确保物种保护、不愿为探索创新的保护方法投资（Li等，2011a）。

3 野生植物种质资源的保护利用与 iFlora 计划

随着对植物多样性的不断深入认识，人们对植物资源的利用和依赖程度也逐年上升。然而，在全球已知的约30万种植物中，仅有约3000种植物被人们广泛应用于工业、农业、医药等领域；更耐人寻味的是，103个物种提供了全球90%的粮食（淀粉、蛋白质和脂肪）供给（Prescott-Allen和Prescott-Allen，2005）。显而易见，对植物资源的开发和利用仍然有巨大的空间。对植物种质资源进行有效的收集、保存和保护，将对进一步开发和利用植物资源提供重要的实物材料和相关的信息。

《全球植物保护战略2011-2020》的第2、7和8个目标明确指出需要对所有已知植物的种类进行保护状态评估，并使75%的濒危植物物种得到有效的就地保护和迁地保护（CBD，2010）。然而，有些植物类群其起源久远、演化历史复

杂、分布式样特殊, 种间界定不易划分, 这在一定程度上为物种优先保护策略的制定增加了难度, 进而影响到对其种质资源收集保存、保护及相关分支学科的研究和发展。随着分子生物学的发展, DNA 条形码技术的应用为植物物种的鉴定和植物多样性评估提供新的工具 (Kress 等, 2005, 2007; Lahaye 等, 2008; Li 等, 2011b)。将现代植物学、DNA 测序技术与信息技术相结合而产生的新一代植物志 (iFlora) 计划 (李德铎等, 2012), 将为植物多样性认识和植物种质资源收集、保存和保护过程中面临的困难和瓶颈提供新的解决方案。

3.1 疑难植物类群的综合鉴定

传统的植物分类学主要依靠比较形态学的证据来对物种进行认识和鉴定。然而, 很多物种由于缺乏足够的、可靠的形态学性状, 不易进行辨认和鉴定, 或者由于植物本身个体太小, 一些重要的外部形态特征往往容易被忽略 (如苔藓)。因此, 对这些疑难类群的 DNA 条形码研究将提供除形态学以外的分类学信息。以苔藓为例, 全球的苔藓种类约有 14 000 ~ 20 000 种, 由于苔藓植物很小, 加上一些苔藓种类经常混生在一起, 增加了苔藓植物的分类学难度。植物 DNA 条形码技术应用到苔藓植物的分类研究, 不但发现了一系列的隐型种, 为欧洲剪叶苔属植物 *Herbertus* 多样性的重新认识提供了重要依据, 而且一些曾被忽视的形态学性状再次引起分类学家的关注 (Bell 等, 2012)。在蒟蒻薯属 (*Tacca*) DNA 条形码的研究过程中, 赵月梅和张玲 (2011) 发现曾经认为间断分布于我国西藏墨脱和马来西亚的丝须蒟蒻薯 (*T. integrifolia*) 可能为不同的物种, 因为西藏和马来西亚的居群在遗传多样性、比较形态学和物候学等方面均有差异, 西藏的居群可能是一个新种。榕属 (*Ficus*) 是热带、亚热带森林中主要的先锋树种和建群种之一, 其高度多样化的生活型 (乔木、灌木、藤本、寄生、半寄生) 以及与专性榕小峰共生的繁育模式促进了榕属植物的物种分化, 但也使榕属成为分类学上的困难类群之一。Li 等 (2012) 对中国产的 63 种榕属植物进行了 DNA 条形码的研究表明, 使用通用的 DNA 条形码片段 ITS 即可成功的分辨出 45 种榕属植物, 物种分辨率达 75%。由此

可以看出, iFlora 计划中引入 DNA 条形码这一重要的新元素, 将进一步澄清一些分类学上容易混淆的类群, 并使某些类群中被忽视的形态学性状重新被验证和关注, 为后续开展种质资源的收集、保存和保护提供重要的依据和具指导性的行动方案。

3.2 重要珍稀濒危植物的物种界定和优先保护对象的确定

对珍稀濒危物种的认识和保护是植物多样性保护的核心工作之一。植物 DNA 条形码技术的引入, 使人们对珍稀濒危植物有了新的认识。例如, 由于从红豆杉属 (*Taxus*) 植物中分离出的紫杉醇 (taxol) 在治疗癌症方面具有很好的疗效, 使得该类植物具有非常重要的经济价值, 被列为国家一级保护植物, 该属的所有物种也被《濒危绝种野生动植物国际贸易公约》(CITES) 列为保护物种。然而, 红豆杉属植物由于形态差异较小, 其分类研究有较大的争议。通过对欧亚大陆分布的红豆杉种类进行广泛取样和 DNA 条形码研究发现, 在我国秦岭地区、峨眉山区、横断山和北部湾地区的居群均代表不同的遗传实体, 为 4 个尚未被认识的隐型种 (Liu 等, 2011), 将这些最新研究信息整合到 iFlora 中, 将为制定红豆杉属植物的保护策略和确定优先保护区提供重要的参考和指导意义。

3.3 生物多样性热点地区物种的快速鉴定

对一个地区的植物调查和多样性评估, 特别是在物种多样性高度富集的热点地区, 常常依赖植物材料的完整性和植物分类学家的专业知识得以实施。而由于目前植物分类专业人才的缺乏以及对物种的鉴定速度, 往往是制约多样性调查和评估的瓶颈。国内外植物学家已开始尝试将植物 DNA 条形码技术应用于生物多样性热点地区的研究。非洲的南非和中美洲的哥斯达黎加都是世界上植物多样性的热点地区, Lahaye 等 (2008) 对南非克鲁格国家公园 (Kruger National Park) 的树种和哥斯达黎加的兰科植物进行的 DNA 条形码的研究表明, DNA 条形码在分辨上述两个地区植物种间关系的成功率可达 90% 以上。此外一些生物多样性热点地区由于特殊的地质历史事件等因素, 使得某些植物类群经历了快速的辐射分化和高度的平行进化, 在一个地区内具有高

度丰富的物种多样性,如马先蒿属 (*Pedicularis*) 是在中国青藏高原-横断山地区经历快速辐射分化的代表植物类群之一,在该地区约有 364 种 (Yang 等,1998; 郁文彬,2011)。该属大部分物种可以根据花部形态特征进行分类,但果期的标本则非常难以提供准确鉴定的信息。马先蒿属植物在高海拔地区往往是多个物种同域分布,在开展种子采集工作时,很容易因为缺少花部形态特征而将不同的物种混淆,极大地降低了对该类群种质资源收集和保护的效率。Yu 等 (2011) 对该地区 88 种马先蒿进行 DNA 条形码研究表明使用 *rbcL* 和 ITS 的组合,可以达到 89% 的物种分辨率,为马先蒿属植物采集种子的准确鉴定提供了重要依据。随着对高度多样化植物类群中有效 DNA 片段的筛选和获取,iFlora 计划的实施将对植物多样性热点地区的植物物种快速鉴定和保护提供可靠的保障。

3.4 科学采集计划的制定

在野生植物的收集保存工作中,具有重要经济价值的物种 (Economically important)、珍稀濒危物种 (Endangered) 和地区性特有物种 (Endemic) 的“3E”物种通常被认为是需要优先收集保存的对象。对“3E”物种制定科学的采集计划,将极大地提高收集保存的效率,使工作的开展更具有目标性和针对性。英国皇家植物园邱园为指导在非洲和美洲的合作伙伴开展种子采集,制作了一系列针对珍稀濒危植物的采集指南,如博茨瓦纳红色名录植物采集指南 (Far-ington,2007)、墨西哥干旱地区 Taxco and Huautla 山地、Gorda-Río Moctezuma 山地和 Baja California 半岛的植物采集指南 (Way,2007) 等,这些采集指南包含物种的科学名称、地方名、鉴定特征、生境信息、经济用途、物候信息、活体图片及详尽的地理分布信息等,极大的提高了工作效率。然而,一个高质量的采集指南需要对现有植物志信息、相关的标本信息、GIS 地理信息等多个方面的信息源进行收集、整合和编汇,并投入大量的人力和物力。iFlora 不仅包含传统植物志的检索表、物种的描述、地理分布概述,还将整合详细的标本采集记录 (包含 GPS 信息)、图像、DNA 序列数据和系统发育等信息数据库,同时还具有高效的电子化比对和搜索工具功能。

利用 iFlora 强大的信息收集和处理功能,可以高效、便捷地获取目标物种的描述信息、图片资料及详细的地理分布空间信息,从而科学地制定采集策略和采集计划,指导目标物种的精确采集。

4 结语

iFlora 计划拟整合生态学、地理分布、分类系统、DNA 条形码、系统学各分支学科和利用等方面的综合信息,该计划的实施,对实现植物物种快速鉴定、物种界定和优先保护对象的确定将起到重要作用。此外,在目前分类学人才缺乏的情况下,iFlora 计划将可能弥补这一不足,并为进一步开展植物种质资源的收集和保存提供可靠信息,为政府相关部门制定保护行动计划提供科学依据。

在野生植物种质资源的调查、收集和保存过程中产生的数据,也可以进一步补充和更新 iFlora 中相关的物种信息,从而为物种的保护和可持续利用提供重要的信息和资料。在 *Flora of China* 中,仍然有一些重要植物类群缺乏相关的形态学信息,例如,黄芪属 (*Astragalus*) 是中国被子植物第三大属 (吴征镒等,2003),*Flora of China* 中记载了 411 个黄芪属的分类单元,而其中有 74 个分类单元 (占国产黄芪属植物的 18%) 因为没有果实的资料 (标本),而缺乏对果实形态的描述。葫芦科的栝楼属 (*Trichosanthes*) 是我国重要的中药植物资源,而在国产的 33 种栝楼属植物中,仅有 23 种具有雌花的形态描述,约 30% 的种类 (10 种) 尚未报道过雌花的形态特征。随着野生植物种质资源的收集、保存和利用工作的进一步深入,物种的生物学特征将被不断补充,也将有力地促进 iFlora 信息和功能的升级和完善。

致谢 感谢昆明植物研究所王红研究员的建设性意见和对本文的修改。

(参 考 文 献)

- 环境保护部国际合作司主编,2011. 保护人类赖以生存的生命系统 《生物多样性公约》回顾与展望 [M]. 北京: 科学出版社,88—89
- 吴征镒,路安民,汤彦承等,2003. 中国被子植物科属综述

- [M]. 北京: 科学出版社, 1012—1013
- 吴征镒, 陈心启编, 2004. 中国植物志 第 1 卷 [M]. 北京: 科学出版社
- 中国植物保护战略编委会, 2008. 中国植物保护战略 [R]. 广州: 广东科技出版社, 17—18
- Bell D, Long DG, Forrest AD *et al.*, 2012. DNA barcoding of European *Herbertus* (*Marchantiopsida*, *Herbertaceae*) and the discovery and description of a new species [J]. *Molecular Ecology Resources*, **12**: 36—47
- CBD, 2002. *Global Strategy for Plant Conservation, The Secretariat of the Convention on Biological Diversity, Montreal, Canada* [M]
- CBD, 2010. Updated Global Strategy for Plant Conservation 2011—2020 (<http://www.cbd.int/gspc/strategy.shtml>)
- Cohen JI, Williams JT, Plucknett DL *et al.*, 1991. *Ex situ* conservation of plant genetic resources: global development and environmental concerns [J]. *Science*, **253**: 866—872
- Corvalan C, Hales S, McMichael A, 2005. *Millennium Ecosystem Assessment. Ecosystems and Human Well-being: Biodiversity Synthesis* [M]. Washington DC, USA: World Resources Institute
- Engdahl FW, 2007. “Doomsday Seed Vault” in the Arctic—Bill Gates, Rockefeller and the GMO giants know something we don’t [Article]. *Global Research*, December 04, 2007
- European Communities, 2008. *The Economics of Ecosystems and Biodiversity. An interim Report, European Communities* [M]. ISBN-13 978-92-79-08960-2
- FAO, IPGRI, 1994. *Genebank Standards* [R]. Rome: RAO and IPGRI, p. 13, ISBN 92-9043-236-5
- FAO, 1997. *The State of the World’s Plant Genetic Resources for Food and Agriculture* [R], FAO
- Farrington B, 2007. Botanical treasure hunt in Botswana [Newsletter]. *Samara*, **13**: 3—4
- Huang H, 2010. *Ex situ* plant conservation: a key role of Chinese botanical gardens in implementing China’s strategy for plant conservation [J]. *BGjournal*, **7**: 14—19
- Kress WJ, Erickson DL, 2007. A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbcL* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region [J]. *PLoS One*, **2**: e508
- Kress WJ, Wurdack KJ, Zimmer EA *et al.*, 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **102**: 8369—8374
- Lahaye R, Van der Bank M, Bogarin D *et al.*, 2008. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **105** (8): 2923—2928
- Li DZ, 2008. Floristics and plant biogeography in China [J]. *Journal of Integrated Plant Biology*, **50**: 771—777
- Li DZ (李德铎), Yang XY (杨湘云), Pritchard HW, 2011a. Strategies and challenges in plant germplasm conservation [J]. *Plant Diversity and Resources (植物分类与资源学报)*, **33** (1): 11—18
- Li DZ, Gao LM, Li HT *et al.*, 2011b. Comparative analysis of a large dataset indicates that ITS should be incorporated into the core barcode for seed plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **108**: 19641—19646
- Li DZ (李德铎), Wang YH (王雨华), Yi TS (伊廷双) *et al.*, 2012. The next-generation Flora: iFlora [J]. *Plant Diversity and Resources (植物分类与资源学报)*, **34** (6): 525—531
- Li HQ, Chen JY, Wang S *et al.*, 2012. Evaluation of six candidate DNA barcoding loci in *Ficus* (*Moraceae*) of China [J]. *Molecular Ecology Resources*, **12**: 783—790
- Linington SH, Pritchard HW, 2001. Genebanks [A]. In: Levin SA (ed.), *Encyclopaedia of Biodiversity*, Volume 3 [M]. San Francisco: Academic Press, 165—181
- Liu J, Möller M, Gao LM *et al.*, 2011. DNA barcoding for the discrimination of Eurasian yews (*Taxus L.*, *Taxaceae*) and the discovery of cryptic species [J]. *Molecular Ecology Resources*, **11**: 89—100
- Mittermeier RA, Gil PR, Hoffman M *et al.*, 2005. *Hotspots Revisited: Earth’s Biologically Richest and Most Endangered Terrestrial Ecoregions* [M]. Chicago: The University of Chicago Press
- Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG *et al.*, 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities [J]. *Nature*, **403**: 853—858
- Prescott-Allen R, Prescott-Allen C, 1990. How many plants feed the world [J]. *Conservation Biology*, **4**: 365—374. (Article first published online: 20 APR 2005 DOI: 10.1111/j.1523-1739.1990.tb00310.x)
- Way M, 2007. Compiling guides for collecting seed from endemic species for the MSBP [Newsletter]. *Samara*, **13**: 5
- Yang HB, Holmgren NH, Mill RR, 1998. *Pedicularis* Linn [A]. In: Wu ZY, Raven PH (eds.), *Flora of China* [M]. Beijing: Science Press; St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, **16**: 97—209
- Yu WB (郁文彬), 2011. Species divergence and molecular identification of *Pedicularis* L. (*Orobanchaceae*) in the Himalaya-Hengduan Mountains region. Ph. D. Dissertation [D]. Kunming: Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences
- Yu WB, Huang PH, Ree RH *et al.*, 2011. DNA barcoding of *Pedicularis* L. (*Orobanchaceae*): Evaluating four universal barcode loci in a large and hemiparasitic genus [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **49**: 425—437
- Zhao YM (赵月梅), Zhang L (张玲), 2011. Using DNA barcoding in genus *Tacca* (*Dioscoreaceae*) [J]. *Plant Diversity and Resources*, **33**: 674—682