

中国特有种大苞山茶的群落结构与物种多样性特征*

王孟琪¹, 李绪杰², 张雪娇¹, 何春梅³, 钟智明⁴,
莫刚毅⁵, 邹艳丽⁶, 赵万义², 廖文波², 凡强²

1. 深圳大鹏半岛国家地质自然公园管理处, 广东 深圳 518121
2. 广东省逆境生物学重点实验室 / 中山大学生命科学学院, 广东 广州 510275
3. 广东省林业科学研究院, 广东 广州 510520
4. 广东紫金白溪省级自然保护区管理处, 广东 河源 517400
5. 广东封开黑石顶省级自然保护区管理处, 广东 肇庆 526536
6. 深圳市环境科学研究院, 广东 深圳 518022

摘要: 大苞山茶 (*Camellia granthamiana*) 为中国特有种, 种群数量稀少, 为广东省重点保护种, 针对其群落结构的研究对于保护和管理具有重要意义。选取广东省内 5 个大苞山茶群落开展样地调查, 从群落结构、物种多样性与系统发育结构三个维度进行生存现状分析和评估, 结果表明: (1) 在 5 个群落中, 大苞山茶种群的年龄结构均呈增长型, 在紫金白溪 (BX-1、BX-2) 和黑石顶样地 (HSD-1) 中, 大苞山茶在群落中构成乔木中下层的优势种或共优势种, 且种群更新良好; 而在深圳七娘山样地 (QNS-1、QNS-2) 中大苞山茶种群数量稀少, 主要为伴生种; (2) QNS-1 群落具有最高的物种丰富度、均匀度, 群落结构最稳定; BX-1 中大苞山茶优势度较高, 而均匀度较低。 (3) QNS-1 与 QNS-2 群落的深层次系统发育结构趋于聚集, 生境过滤在群落构建中起主导作用; BX-1、BX-2 和 HSD-1 的群落深层次系统发育结构趋于发散, 竞争排斥在群落构建中起主导作用。浅层次系统发育结构中, QNS-2、BX-1 与 BX-2 样地趋于聚集, 反映生境过滤对群落中近缘种组成的筛选作用; 而 QNS-1 与 HSD-1 样地表现为发散, 表明竞争排斥主要作用于近缘物种之间。 (4) QNS-1 样地位于亚热带与北热带的过渡带, 具有最高的系统发育多样性和最复杂的物种组成。研究表明, 大苞山茶的濒危状态是其狭窄地理分布、脆弱的种群更新能力、人为干扰以及环境筛选共同作用的结果。本研究系统地从事群落生态学与系统发育学角度揭示了大苞山茶天然群落的结构特征与构建机制, 为开展就地保护与种群恢复提供了理论依据。

关键词: 大苞山茶 (*Camellia granthamiana*); 群落结构; 物种多样性; 系统发育多样性

中图分类号: Q14 **文献标志码:** A **文章编号:** 2097-0137(XXXX)XX-0001-12

Characteristics of structure and species diversity of the Chinese endemic species *Camellia granthamiana* community

Wang Mengqi¹, Li Xujie², Zhang Xuejiao¹, He Chunmei³, Zhong Zhiming⁴,
Mo Gangyi⁵, Zou Yanli⁶, Zhao Wanyi², Liao Wenbo², Fan Qiang²

1. Management Office of Shenzhen Dapeng Peninsula National Geopark, Shenzhen 518121, China
2. Guangdong Provincial Key Laboratory of Stress Biology / School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275, China

* 收稿日期: 2026-01-21 录用日期: 2026-04-21 网络首发日期: 2026-05-XX

基金项目: 深圳大鹏半岛国家地质公园资助项目 (HT-99982024-0371); 广东省科技计划项目 (2023A1111110001);
生态环境部广东省生态环境监测科技项目 (GPEEMC-2025-023)

作者简介: 王孟琪 (1969 年生), 男; 研究方向: 自然保护与生态学;
E-mail: wangmq@isc.szpl.gov.cn

通信作者: 凡强 (1978 年生), 男; 研究方向: 分类学与植物资源学;
E-mail: fanqiang@mail.sysu.edu.cn



ZR20260030



ZR20260030

3. Guangdong Academy of Forestry, Guangzhou 510520, China
4. Guangdong Zijin Baiji Provincial Nature Reserve, Heyuan 517400, China
5. Guangdong Heishiding Provincial Nature Reserve, Zhaoqing 526536, China
6. Shenzhen Academy of Environmental Sciences, Shenzhen 518022, China

Abstract: *Camellia granthamiana* is a plant species endemic to China with a small population, and is listed as a key protected species in Guangdong Province. Studies on its community structure are of great significance for its conservation and management. In this research, plot surveys were conducted in five *C. granthamiana* communities distributed in Guangdong Province, and the survival status of the species was analyzed from three dimensions: Community structure, species diversity, and phylogenetic structure. The results showed that: (1) Among the five communities, the age structure of *C. granthamiana* populations was of the growing type. In Baiji of Zijin County (BX-1, BX-2) and Heishiding (HSD-1), *C. granthamiana* was the dominant species in the lower and middle layers of the arbor layer, with sound population regeneration; whereas in the community of Mount Qiniangshan in Shenzhen (QNS-1, QNS-2), the species had a very small population size and existed mainly as an associated species. (2) QNS-1 had the highest species richness and evenness, with the most stable community structure; by contrast, BX-1 had a high dominance of *C. granthamiana* but a relatively low species evenness. (3) The deep-level phylogenetic structure of QNS-1 and QNS-2 tended to be clustered, indicating that habitat filtering played a leading role in community assembly. On the other hand, the deep-level phylogenetic structure of BX-1, BX-2 and HSD-1 showed a divergent pattern, suggesting that competitive exclusion was the dominant process in community assembly. For the shallow-level phylogenetic structure, the plots QNS-2, BX-1 and BX-2 exhibited a clustered distribution, which reflected the filtering effect of environmental conditions on the composition of closely related species in the community; while the plots QNS-1 and HSD-1 showed a divergent pattern, indicating that competitive exclusion mainly acted among closely related species. (4) The plot QNS-1 is located in the transition zone between the southern subtropical and northern tropical zones, which had the highest phylogenetic diversity, and the most complex species composition. This study reveals that the endangered status of *C. granthamiana* is the combined result of its narrow geographic distribution, fragile population regeneration ability, human interference and environmental screening. In summary, this study systematically clarifies the structure and construction mechanisms of the natural communities of *C. granthamiana* based on the data of community ecology and phylogenetics, providing a theoretical basis for the implementation of in-situ conservation and population restoration.

Key words: *Camellia granthamiana*; community structure; species diversity; phylogenetic diversity

大苞山茶 (*Camellia granthamiana*) 是山茶科 (Theaceae) 山茶属 (*Camellia*) 的常绿小乔木, 其天然种群分布范围小, 数量少, 被列为 IUCN 红色名录易危种 (VU) 和广东省重点保护植物。大苞山茶于 1955 年发现于香港九龙大雾山, 后相继在粤西封开县、粤东河源紫金县、粤东南深圳七娘山发现其分布点 (陈朋等, 2019; 杨建芬等, 2013; 林春惠, 2023)。当前, 针对大苞山茶的研究主要集中于营养繁殖技术体系的开发与遗传多样性领域。具体而言, 杨建芬等 (2013) 与陈朋等 (2019) 分别以幼嫩叶片和幼胚子叶为外植体, 成功建立了其组培快繁

体系。Li et al. (2018) 及 Jiang et al. (2019) 则完成了其叶绿体全基因组测序与系统发育位置分析; Chen et al. (2023) 进一步基于 RAD-seq 数据揭示了其种群遗传结构与分化模式。然而, 相较于上述微观研究, 关于大苞山茶在自然生境中的群落生态学特征, 尤其是其野外种群结构、物种多样性及系统发育多样性的研究则明显匮乏, 目前仅见林春惠等 (2023) 对广东省河源市紫金县的大苞山茶群落进行了种群结构与动态分析。对于生境破碎化的濒危物种而言, 单一区域的群落调查难以揭示其在不同生境下的生态适应策略差异, 而生态适应机制的

厘清是制定差异化保护策略的前提。将群落生态学与系统发育学相结合,通过量化不同种群的系统发育结构,能够明确生境过滤与竞争排斥作用在群落构建中的相对贡献,从生态过程的层面揭示物种濒危的驱动机制。

为解决上述问题,本研究选取广东省内 5 个代表性的大苞山茶自然群落,通过系统的野外样方调查,分析其群落物种组成、优势种重要值、种群年龄结构、物种多样性指数(Berger-Parker 优势度指数、Menhinick 丰富度指数、Margalef 丰富度指数、Simpson 多样性指数、Shannon-Wiener 多样性指数、Pielou 均匀度指数)以及系统发育多样性(NRI、NTI、PDI)。基于此,旨在:(1)阐明大苞山茶群落的物种组成、群落结构与多样性水平;(2)基于系统发育多样性揭示其群落构建机制;(3)探讨导致其濒危状态的主要因素。以期为制定针对性的就地保护与种群恢复策略提供理论依据与数据支撑。

1 研究区与方法

1.1 研究区概况

本研究的 5 个样地分布于广东省 3 个自然保护区内,分别为深圳大鹏半岛国家地质自然公园、广东紫金白溪省级自然保护区和广东封开黑石顶省级自然保护区。

深圳大鹏半岛国家地质自然公园位于大鹏半岛中南部(22°29'—22°33' N, 114°31'—114°37' E),三面环海,属亚热带海洋性季风气候区(王丰年等, 2019)。该区年平均气温 22.3 °C,1 月平均气温 15.2 °C,7 月平均气温 27.9 °C;年降水量约 2 000 mm,雨热同期,降水主要集中于 4—9 月。公园内最高峰海拔 869.7 m,地貌以低山和丘陵侵蚀地貌为主,局部可见海积与海蚀地貌。土壤类型以酸性、质地黏重的赤红壤、红壤和冲积土为主(陈志晖等, 2020)。

白溪省级自然保护区地处广东省紫金县东北部(23°40'—23°45' N, 115°08'—115°17' E),属中亚热带湿润季风气候。区内年平均气温 20.5 °C,年降水量 1 733.9 mm(4—9 月集中)。地形以山地和丘陵为主,土壤有机质含量丰富且呈酸性,主要分布有赤红壤、山地红壤、山地黄壤和山地草甸土等类型。保护区动植物资源丰富,珍稀濒危物种多样,记录有桫欏(*Alsophila spinulosa*)、苏铁蕨(*Brainea insignis*)、紫纹兜兰(*Paphiopedilum purpuratum*)、金线兰(*Anoectochilus roxburghii*)、锈枝红豆(*Ormosia ferruginea*)及伯乐树(*Bretschneidera sinensis*)等(杜晓洁等, 2017;叶钦良, 2019;钟智明等, 2020;黄启华, 2021)。

黑石顶自然保护区位于广东省封开县中南部(23°25'—23°29' N, 111°49'—111°55' E),属南亚热带湿润季风气候,干湿季较明显。年平均气温 19.6 °C,1 月平均气温 10.6 °C,7 月平均气温 28.4 °C;年均降雨量 1 743.8 mm,多集中于春夏季节。土壤以酸性黄壤和红壤为主,伴少量赤红壤。地带性植被为南亚热带常绿阔叶林(刘蔚秋等, 2003)。

1.2 研究方法

1.2.1 样地设置与调查 在广东省内的大鹏半岛国家地质公园七娘山、白溪省级自然保护区、黑石顶省级自然保护区 3 个大苞山茶野生分布区域共设置 5 个样地(样地基本信息见表 1)。每个样地以 10 m × 10 m 的小方格样方为基本单元开展调查,调查样方内胸径≥1.5 cm 或高度≥1.5 m 的乔灌木层所有个体,采用每木调查法(方精云等, 2009),记录其种名、高度、胸围、冠幅等信息,在每个 10 m × 10 m 方格样方内设置 1 个 2 m × 2 m 的小样方来调查草本层,记录草本和乔灌木幼苗的种名、高度、株数、盖度等信息。

表 1 广东省 5 个大苞山茶样地基本信息
Table 1 Basic information of five plots of *Camellia granthamiana* in Guangdong Province

样地	地点	经度	纬度	海拔/m	面积/m ²
QNS-1	七娘山	114°32'30.56"	22°31'27.65"	440	1 200
QNS-2	七娘山	114°32'32.55"	22°31'29.10"	433	1 200
BX-1	白溪	115°11'54.25"	23°42'29.13"	55	900
BX-2	白溪	115°18'41.44"	23°44'17.05"	551	1 200
HSD-1	黑石顶	111°56'54.20"	23°26'36.80"	262	800

1.2.2 重要值分析 对各群落物种的优势度采用重要值(IV, importance value)指标进行分析(任晴等, 2020; 丁茂等, 2023), 相应地: 相对频度(RF, relative frequency)、相对显著度(RD, relative dominance)、相对多度(RA, relative abundance)计算公式如下

$$IV = \frac{RF + RD + RA}{3},$$

$$RF = \frac{\text{某个物种的频度}}{\text{所有物种的总频度}} \times 100\%,$$

$$RD = \frac{\text{某个物种胸高断面积之和}}{\text{所有物种胸高断面积之和}} \times 100\%,$$

$$RA = \frac{\text{某个物种的株数}}{\text{所有物种的株数}} \times 100\%.$$

1.2.3 种群年龄结构划分 采用径级结构代替年龄结构的方法, 分析种群的年龄结构特征(胡尔查等, 2013)。群落的年龄结构总体特征按胸径(DBH)进行分级, 每增加 2 cm 为 1 级, 根据样地的实际调查情况, 径级分级可分为 12 级, 第 1 级为 $DBH \leq 1.5$ cm, 第 2 级为 $1.5 < DBH \leq 3.5$ cm, 第 3 级为 $3.5 < DBH \leq 5.5$ cm, 第 4 级为 $5.5 < DBH \leq 7.5$ cm, 第 5 级为 $7.5 < DBH \leq 9.5$ cm, 第 6 级为 $9.5 < DBH \leq 11.5$ cm, 第 7 级为 $11.5 < DBH \leq 13.5$ cm, 第 8 级为 $13.5 < DBH \leq 15.5$ cm, 第 9 级为 $15.5 < DBH \leq 17.5$ cm, 第 10 级为 $17.5 < DBH \leq 19.5$ cm, 第 11 级为 $19.5 < DBH \leq 21.5$ cm, 第 12 级为 $DBH > 21.5$ cm。依据物种生长阶段划分, 第 1 级为幼苗, 第 2 级为幼树, 第 3~4 级为小树($3.5 < DBH \leq 7.5$ cm), 第 5~11 级($7.5 < DBH \leq 21.5$ cm)为中树, 第 12 级为大树。

1.2.4 物种多样性分析 使用 Berger-Parker 优势度指数、Menhinick 多样性指数、Margalef 丰富度指数、Simpson 多样性指数、Shannon-Wiener 多样性指数、Pielou 均匀度指数等 6 个常用多样性指标(苏宇乔等, 2017; 方精云等, 2009; 丁茂等, 2023), 综合分析样地群落的多样性水平, 其中 Berger-Parker 指数与 Margalef 指数作为表征群落优势度的指标, 对群落多样性变化具有较高的敏感性与区分能力; Menhinick 指数则能有效反映样方尺度上的物种丰富度变化(苏宇乔等, 2017)。Shannon-Wiener 指数同时考量物种数量及其相对多度, 可较全面地评估生物多样性水平; Simpson 指数能够反映优势物种对群落多样性格局的影响, 并间接指示优势种的稳定性(赵中珂等, 2026)。此外, Pielou 均匀度指数进一步刻画了物种个体数在群落中的分布均匀程度,

可用于区分物种数目相近但分布格局差异显著的群落结构(Muir et al., 2021)。各指标计算公式为

$$\text{Berger-Parker 优势度指数: } D_{B-P} = N_{\text{Max}}/N,$$

$$\text{Menhinick 多样性指数: } D_{mn} = S/\sqrt{N},$$

$$\text{Margalef 丰富度指数: } D_{\text{Margalef}} = (S - 1)/\ln N,$$

$$\text{Simpson 多样性指数: } P = 1 - \sum_{i=1}^S P_i^2,$$

$$\text{Shannon-Wiener 多样性指数: } H' = -\sum_{i=1}^S P_i \ln P_i,$$

$$\text{Pielou 均匀度指数: } E = H'/\ln S,$$

式中 N_{Max} 表示样地物种的最多个体数, N 为样地个体总数, S 为样地乔灌木层、灌木层或草本层的物种数, P_i 表示第 i 种物种的相对多度。

1.2.5 系统发育多样性分析

系统发育树构建: 基于标准化后的群落物种信息, 使用 R 4.2.3 中的“V.PhyloMaker2”包构建系统发育树(Jin et al., 2022)。树的主干 GBOTB.extended.LCVP.tre 基于 LCVP 命名法标准化物种系统, 并包括 GenBank 中的基因序列数据(Zanne et al., 2014; Smith et al., 2018)。群落样地中出现的 169 种植物均匹配到“GBOTB.extended.LCVP.tre”。5 个大苞山茶群落 169 个物种的系统发育树如增强出版: 附图 1 所示。

群落系统发育多样性和系统发育结构的计算: 群落系统发育多样性和系统发育结构主要通过 PD (phylogenetic diversity) 及系统发育多样性指数 PDI (phylogenetic diversity index)、净亲缘关系指数 NRI (net relatedness index) 和净最近亲缘关系指数 NTI (nearest taxon index) 4 个指数来呈现。本研究中采用 R 4.2.3 中的 PhyloMeasures 包及 Picante 包实现对 PD、PDI、NRI、NTI 的计算(Kembel et al., 2010; Tsirogianis et al., 2016)。有关各指数的具体计算方法如下:

PD 是指一个群落中所有物种的系统发育分支长度的总和(Faith, 1992)。为了解释物种丰富度的影响, 本研究使用 PD 的零模型标准化效应指数 PDI 大小来量化每个物种组合的系统发育多样性(Kembel et al., 2010)。这里 PDI 的定义如下

$$PDI = \frac{PD_{\text{observed}} - PD_{\text{randomized}}}{sdPD_{\text{randomized}}},$$

式中 PD_{observed} 表示观测到的 PD 值, $PD_{\text{randomized}}$ 代表随机组合 999 次获得的期望 PD, $sdPD_{\text{randomized}}$ 是随机期望 PD 的标准差。

NRI 是衡量系统发育亲缘关系的最常用指标(Webb, 2000; Lu et al., 2018; Qian et al., 2019),

本研究使用 NRI 来量化不同群落间的系统发育相关性。NRI 基于零模型测量了群落内所有物种对的平均谱系距离(MPD)的标准化效应大小,它通过评估一个群落中所有物种对之间的平均系统发育相关性,反映系统发育较深层次的结构。NTI 则是基于零模型测量了群落内每个物种平均最近谱系距离(MNTD)的标准化效应大小,反映系统发育较浅的部分(Webb et al., 2002)。NRI 和 NTI 的计算方法如下

$$NRI = \frac{-(MPD_{observed} - MPD_{randomized})}{sdMPD_{randomized}},$$
$$NTI = \frac{-(MNTD_{observed} - MNTD_{randomized})}{sdMNTD_{randomized}},$$

式中 $MPD_{observed}$ 指观测到的 MPD, $MPD_{randomized}$ 指随机组合 999 次获得的期望 MPD, $sdMPD_{randomized}$ 指随机期望 MPD 的标准差。 $MNTD_{observed}$ 指观测到的

$MNTD$, $MNTD_{randomized}$ 指随机组合 999 次获得的期望 MNTD, $sdMNTD_{randomized}$ 指随机期望 MNTD 的标准差。

2 结 果

2.1 群落物种组成

根据大苞山茶的野外分布记录,对生长有野生大苞山茶群落 5 个样地(七娘山、白溪、黑石顶)进行调查。调查的物种组成情况如表 2 所示。从物种丰富度来看,七娘山 2 个群落(QNS-1、QNS-2)的维管植物物种数量最为丰富,分别记录 116 种(59 科 96 属)和 107 种(59 科 91 属);白溪群落次之,其中 BX-2 物种数达 114 种(53 科 79 属),而 BX-1 生境为低海拔次生林,受人为干扰影响,物种数相对较少,仅 79 种(38 科 58 属);黑石顶群落(HSD-1)的样地面积最小,为 800 m²,物种数也最低,为 74 种(41 科 58 属)。

表 2 广东省 5 个大苞山茶群落维管植物物种数量统计
Table 2 Species composition of five communities of *Camellia granthamiana* in Guangdong Province

样地	地点	蕨类植物(科/属/种)	种子植物(科/属/种)	总计(科/属/种)
QNS-1	七娘山	3/3/3	56/93/113	59/96/116
QNS-2	七娘山	8/9/9	51/82/98	59/91/107
BX-1	白溪	3/4/4	35/54/75	38/58/79
BX-2	白溪	3/4/4	50/75/110	53/79/114
HSD-1	黑石顶	4/5/5	37/53/69	41/58/74

2.2 群落重要值分析

重要值是体现某个种群在群落的地位与作用的综合性数量指标(丁茂等, 2023), 5 个群落乔灌木各主要优势树木种群的重要值如表 3~5 所示。

七娘山 2 个群落(QNS-1、QNS-2, 表 3)在优势种组成上较为相似,但优势度分配有所差异。香花枇杷在 2 个群落中均为最优势种,但其重要值在 QNS-2(38.32)中远高于在 QNS-1(20.50),表明香花枇杷在 QNS-2 中的优势地位更为突出。在乔木中上层,两群落均以华润楠、两广梭罗树、黄樟等为共优势种,呈现出多物种共优势的格局。大苞山茶在 2 个群落中的重要值均较低(分别为 2.84 和 4.80),在群落中作为伴生种存在。

白溪 2 个群落(BX-1、BX-2, 表 4)的优势种格局截然不同。BX-1 呈现典型的单优势种格局, 黧蒴锥以 61.50 的重要值占据绝对优势,伴生种木荷、杉木等均为次生林常见先锋树种,群落次生性特征显著。大苞山茶重要值为 14.54(第 5 位),在乔木中下层及灌木层占有一定优势。与之相比, BX-2 以浙江润楠

(36.69)和大苞山茶(33.64)占优势,虎皮楠(28.32)和鹅掌柴(23.97)是群落中的主要伴生树种。在该样地中,大苞山茶在该群落中的重要值高达 33.64,多度和频度均居首位,是群落的核心优势种之一。

黑石顶群落(HSD-1, 表 5)呈现壳斗科树种主导的共优势格局,米楮(36.90)、烟斗柯(25.23)、粉绿柯(24.20)构成乔木层主体。大苞山茶重要值为 16.11(第 5 位),种群多度和频度均较高,在乔木中下层占据稳定生态位。

综合来看, 5 个群落可归纳为 3 种类型:七娘山群落 QNS-1、QNS-2 为典型的亚热带常绿阔叶林,以香花枇杷为主要建群种,多物种共优势,大苞山茶为伴生种;白溪群落 BX-1 为低海拔分布、处于快速恢复演替中的次生林,单优势种主导,先锋树种占优,群落结构简化;白溪群落 BX-2 与黑石顶群落 HSD-1 为地带性演替的成熟群落,多科属物种共优势,群落结构完整,大苞山茶在其中占据稳定优势地位。重要值分析表明,大苞山茶在群落中的地位与群落的演替阶段及受干扰程度密切相关:在受干

表3 七娘山2个大苞山茶群落主要优势种群的重要值
Table 3 Importance value of dominant population of two communities of *Camellia granthamiana* in Qiniangshan

序号	物种名(QNS-1)	重要值	序号	物种名(QNS-2)	重要值
1	香花枇杷 <i>Eriobotrya fragrans</i>	20.50	1	香花枇杷 <i>Eriobotrya fragrans</i>	38.32
2	两广梭罗树 <i>Reevesia thyrsoidea</i>	16.87	2	鹅掌柴 <i>Heptapleurum heptaphyllum</i>	14.61
3	华润楠 <i>Machilus chinensis</i>	15.87	3	华润楠 <i>Machilus chinensis</i>	14.05
4	黄樟 <i>Camphora parthenoxylon</i>	15.02	4	亮叶槭 <i>Acer lucidum</i>	11.79
5	岭南山竹子 <i>Garcinia oblongifolia</i>	11.34	5	密花树 <i>Myrsine seguinii</i>	9.95
6	罗浮柿 <i>Diospyros morrisiana</i>	10.30	6	黄樟 <i>Camphora parthenoxylon</i>	9.55
7	乌材 <i>Diospyros eriantha</i>	9.19	7	中华杜英 <i>Elaeocarpus chinensis</i>	8.33
8	肉实树 <i>Sarcosperma laurinum</i>	7.89	8	两广梭罗树 <i>Reevesia thyrsoidea</i>	7.83
9	山油柑 <i>Acronychia pedunculata</i>	7.46	9	天料木 <i>Homalium cochinchinense</i>	7.71
10	岭南山茉莉 <i>Huodendron biaristatum</i> var. <i>parviflorum</i>	7.07	10	岭南山竹子 <i>Garcinia oblongifolia</i>	7.42
11	九节 <i>Psychotria asiatica</i>	6.97	11	假苹婆 <i>Sterculia lanceolata</i>	7.09
12	鹅掌柴 <i>Heptapleurum heptaphyllum</i>	5.98	12	猴欢喜 <i>Sloanea sinensis</i>	6.98
13	水团花 <i>Adina pilulifera</i>	5.52	13	厚壳桂 <i>Cryptocarya chinensis</i>	6.90
14	狗骨柴 <i>Diplospora dubia</i>	5.28	14	鱼骨木 <i>Psydrax dicocca</i>	6.14
15	山蒲桃 <i>Syzygium levinei</i>	5.26	15	鼠刺 <i>Itea chinensis</i>	5.88
16	罗伞树 <i>Ardisia quinqueгона</i>	5.24	16	罗浮买麻藤 <i>Gnetum luofuense</i>	5.68
17	白桂木 <i>Artocarpus hypargyreus</i>	5.24	17	变叶榕 <i>Ficus variolosa</i>	5.52
18	鼠刺 <i>Itea chinensis</i>	4.92	18	肉实树 <i>Sarcosperma laurinum</i>	5.49
19	华南皂荚 <i>Gleditsia fera</i>	4.62	19	大头茶 <i>Polyspora axillaris</i>	5.30
20	大苞山茶 <i>Camellia granthamiana</i>	2.84	20	大苞山茶 <i>Camellia granthamiana</i>	4.80

扰的次生林中可快速占据生态位,成为优势种,而在结构复杂的地带性常绿阔叶林中则多作为伴生种或稳定共存种存在。

2.3 群落年龄结构

植物群落内树木种群的径级结构是指群落内优势树种的株数按径级大小的分配状况,它是植物群落的重要结构特征之一,能够综合反映植物生长、群落演替和环境之间的关系(倪瑞强, 2014)。对5个大苞山茶群落优势种群径级结构的分析结果如下:

七娘山群落-1(QNS-1)呈现复杂的种群演替动态(图1a)。最优势种香花枇杷的径级结构呈典型增长型(1~3级幼苗、幼树占比高,12级大树数量充足),预示其优势地位将持续保持。两广梭罗树种群各径级分布均匀,呈稳定型。华润楠与黄樟种群则呈现衰退型特征——12级大树占绝对优势,缺乏幼苗幼树作为更新层,表明其在群落中的优势地位正逐渐削弱。与之相对,岭南山竹子种群以1~3级幼苗和小树为主,呈增长型,有望在未来演替中取代华润楠等衰退种的地位。大苞山茶种群以2~8级

幼树、小树、中树为主,缺乏大树个体,但幼苗幼树储备充足,整体呈增长型,将继续作为群落伴生种存在。

七娘山群落-2(QNS-2)整体结构稳定性较高(图1b)。最优势种香花枇杷各径级分布连续,呈增长型,未来仍将保持优势地位。鹅掌柴、华润楠种群虽以12级大树为主,但仍保有一定数量的更新层个体,整体呈稳定型。亮叶槭、密花树及大苞山茶种群均以1~3级幼苗幼树为主,呈增长型。大苞山茶在此群落中以1级幼苗占比最高,种群更新潜力优于QNS-1。

白溪群落-1(BX-1)呈现典型的次生演替特征(图1c)。绝对优势种黧蒴锥及其次优种木荷、杉木均以2~4级幼树小树为更新主体,同时保有相当数量的5~8级中大树,种群呈增长型。大苞山茶在此群落中更新良好,以1~2级幼苗幼树为主,呈增长型。群落整体以小径级个体占绝对优势,大径级个体稀缺,表明群落处于快速恢复的次生演替中期阶段。

白溪群落-2(BX-2)呈现成熟林稳定结构与局

表4 白溪2个大苞山茶群落主要优势种群的重要值

Table 4 Importance values of dominant populations of two communities of *Camellia granthamiana* in Baixi

序号	物种名(BX-1)	重要值	序号	物种名(BX-2)	重要值
1	鰐蒴锥 <i>Castanopsis fissa</i>	61. 50	1	浙江润楠 <i>Machilus chekiangensis</i>	36. 69
2	木荷 <i>Schima superba</i>	24. 23	2	大苞山茶 <i>Camellia granthamiana</i>	33. 64
3	杉木 <i>Cunninghamia lanceolata</i>	21. 94	3	虎皮楠 <i>Daphniphyllum oldhamii</i>	28. 32
4	吊皮锥 <i>Castanopsis kawakamii</i>	15. 67	4	鹅掌柴 <i>Heptapleurum heptaphyllum</i>	23. 97
5	大苞山茶 <i>Camellia granthamiana</i>	14. 54	5	榕叶冬青 <i>Ilex ficoidea</i>	10. 41
6	毛锥 <i>Castanopsis fordii</i>	13. 92	6	细枝柃 <i>Eurya loquaiana</i>	8. 63
7	毛棉杜鹃 <i>Rhododendron moulmainense</i>	12. 21	7	罗伞树 <i>Ardisia quinquegona</i>	8. 53
8	浙江润楠 <i>Machilus chekiangensis</i>	11. 89	8	香花枇杷 <i>Eriobotrya fragrans</i>	8. 46
9	烟斗柯 <i>Lithocarpus corneus</i>	11. 63	9	爪哇脚骨脆 <i>Casearia velutina</i>	7. 99
10	黄樟 <i>Camphora parthenoxylon</i>	8. 70	10	山杜英 <i>Elaeocarpus sylvestris</i>	6. 32
11	罗浮柿 <i>Diospyros morrisiana</i>	6. 92	11	罗浮柿 <i>Diospyros morrisiana</i>	6. 23
12	毛冬青 <i>Ilex pubescens</i>	6. 55	12	桃叶石楠 <i>Photinia prunifolia</i>	6. 19
13	杨桐 <i>Adinandra millettii</i>	6. 30	13	光叶山矾 <i>Symplocos lancifolia</i>	6. 08
14	网脉山龙眼 <i>Helicia reticulata</i>	4. 98	14	山矾 <i>Symplocos sumuntia</i>	5. 90
15	白花苦灯笼 <i>Tarenna mollissima</i>	4. 82	15	乌材 <i>Diospyros eriantha</i>	5. 67
16	鹅掌柴 <i>Heptapleurum heptaphyllum</i>	4. 48	16	川桂 <i>Cinnamomum wilsonii</i>	5. 34
17	福建青冈 <i>Quercus chungii</i>	4. 29	17	绒毛润楠 <i>Machilus velutina</i>	5. 19
18	细齿叶柃 <i>Eurya nitida</i>	4. 04	18	黄绒润楠 <i>Machilus grijsii</i>	4. 19
19	黑柃 <i>Eurya macartneyi</i>	3. 96	19	藤黄檀 <i>Dalbergia hancei</i>	3. 72
20	蕈树 <i>Altingia chinensis</i>	3. 85	20	钟花樱 <i>Prunus campanulata</i>	3. 34

表5 黑石顶1个大苞山茶群落主要优势种群的重要值

Table 5 Importance values of dominant populations of two communities of *Camellia granthamiana* in Heishiding

序号	物种名(HSD-1)	重要值	序号	物种名(HSD-1)	重要值
1	米槠 <i>Castanopsis carlesii</i>	36. 90	11	吊皮锥 <i>Castanopsis kawakamii</i>	9. 89
2	烟斗柯 <i>Lithocarpus corneus</i>	25. 23	12	鹿角锥 <i>Castanopsis lamontii</i>	7. 51
3	粉绿柯 <i>Lithocarpus glaucus</i>	24. 20	13	鸭公树 <i>Neolitsea chui</i>	6. 33
4	鹅掌柴 <i>Heptapleurum heptaphyllum</i>	17. 70	14	木荷 <i>Schima superba</i>	6. 02
5	大苞山茶 <i>Camellia granthamiana</i>	16. 11	15	杉木 <i>Cunninghamia lanceolata</i>	5. 90
6	黄杞 <i>Engelhardia roxburghiana</i>	15. 25	16	黄毛冬青 <i>Ilex dasyphylla</i>	5. 14
7	罗伞树 <i>Ardisia quinquegona</i>	12. 12	17	罗浮柿 <i>Diospyros morrisiana</i>	5. 13
8	显脉新木姜子 <i>Neolitsea phanerophlebia</i>	11. 63	18	红鳞蒲桃 <i>Syzygium hancei</i>	4. 84
9	罗浮锥 <i>Castanopsis faberi</i>	10. 52	19	野含笑 <i>Michelia skinneriana</i>	4. 45
10	广东润楠 <i>Machilus kwangtungensis</i>	10. 30	20	紫玉盘柯 <i>Lithocarpus uvariifolius</i>	4. 08

部更新并存的特征(图 1d)。乔木上层优势种浙江润楠、虎皮楠、鹅掌柴均以中、大树为主,更新层个体较少,呈稳定型,构成群落的主体框架。与之形成鲜明对比的是,大苞山茶在此群落中表现出极强的更新能力——1~3 级幼苗幼树数量达 156 株,占绝对优势,呈典型增长型,成为灌木层及乔木下层的主要更新物种。这种“上层稳定、下层活跃”的年龄结构配置,反映出群落良好的垂直分层与资源分层利用特征。

黑石顶群落-1(HSD-1)呈现多物种共优势的稳

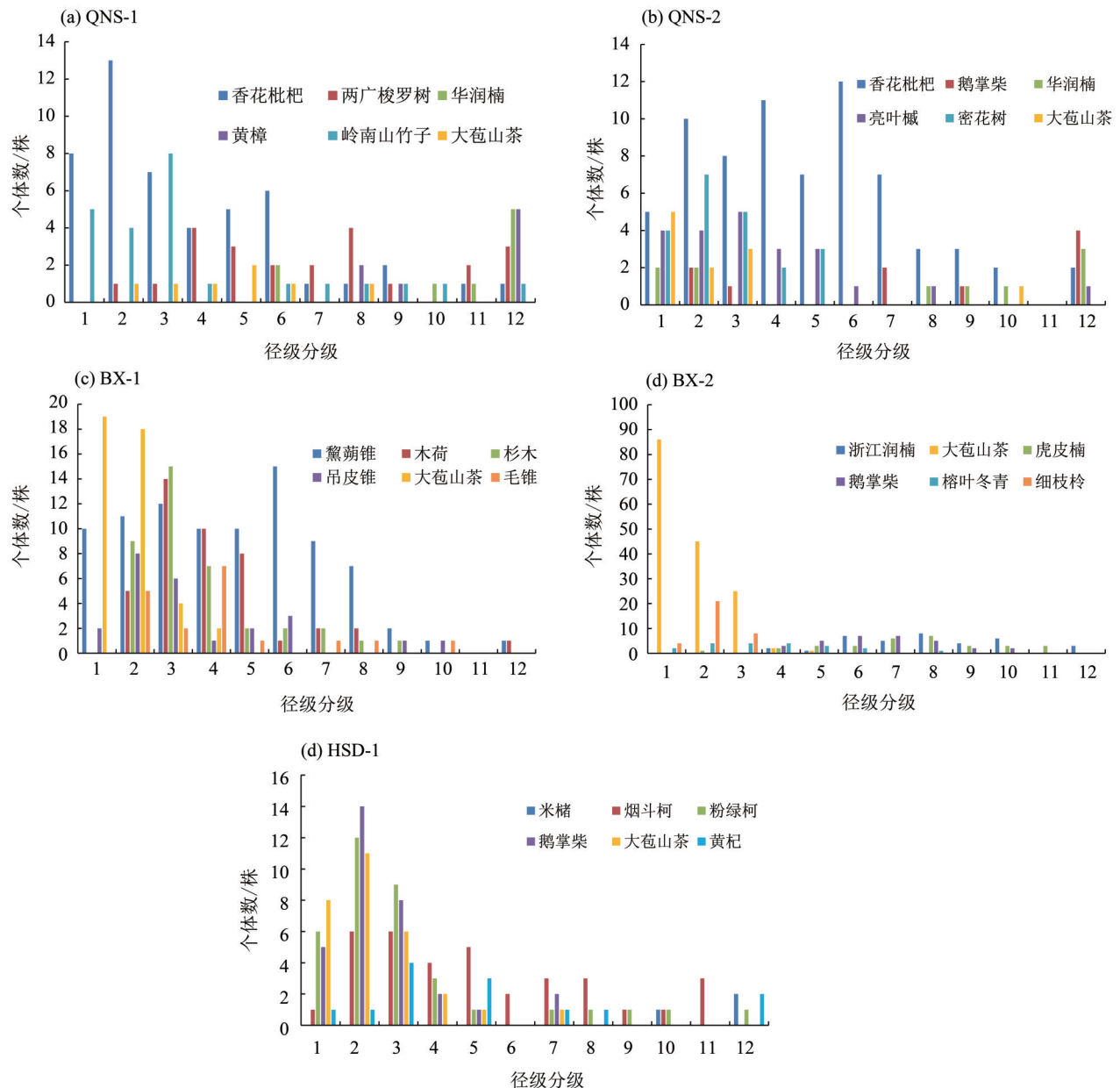


图1 广东省5个大苞山茶群落优势种群年龄结构

Fig. 1 Age structure of dominant populations in five communities of *Camellia granthamiana* in Guangdong Province

定群落特征(图1e)。米槠、烟斗柯、粉绿柯等壳斗科优势种均以1~4级更新层个体最为丰富,同时保有相当数量的中大树乃至大树,种群呈增长型,预示着其优势地位将持续保持。大苞山茶与鹅掌柴种群以1~4级幼苗幼树为主,年龄结构呈增长型。黄杞种群各径级分布相对均匀,呈稳定型。群落整体各径级个体配置合理,更新层储备充足,表现出良好的自我更新能力与演替稳定性。

2.4 群落的物种多样性

如表3~5所示,从物种丰富度来看,QNS-1样地的物种数(79种)与Margalef指数(12.82)均最高,表明其乔灌木层物种数量最多且物种组成最为复杂。

相比之下,BX-1与HSD-1样地的乔灌木层物种数最低(均为53种),但HSD-1样地的Menhinick指数较高(3.21),说明其群落中有限的个体数(272)支撑了相对较高的物种数,群落资源利用效率较高。

优势度与均匀度分析揭示了群落中物种的优势度和分布差异。Berger-Parker指数显示,QNS-1与HSD-1样地的值最低(均为0.11),说明群落无明显单一优势种,群落物种存在共优势现象;而其余样地(如BX-1、BX-2)的Berger-Parker指数较高(0.17~0.18),表明存在较明显的优势种。Pielou均匀度指数进一步显示,QNS-1的均匀度最高(0.90),说明其物种个体分布最为均衡;BX-2的均匀度最

低(0.84),其群落资源可能更集中于少数优势种。

Shannon-Wiener指数和Simpson指数作为最常用的综合多样性指标,其结果能更全面反映群落多样性水平。Shannon-Wiener指数(兼顾丰富度与均匀度)最高值出现在QNS-1样地(3.92),最低值在BX-1样地(3.41)。Simpson指数5个样方均普遍较高(0.95~0.97),表明所有群落优势度均较高。

综合分析表明(表6),QNS-1、QNS-2与HSD-1属于“高均匀度、低优势度”型,群落结构复杂,多物种共优势特征明显;BX-1与BX-2属于“中低均匀

度、高优势度”型,存在1~2个明显优势种,群落资源集中度较高。这一多样性格局差异与各群落的生境条件、干扰历史及演替阶段密切相关:QNS-1、QNS-2生境异质性高,干扰少,发育为结构复杂的地带性顶极群落;HSD-1同为保护良好的成熟群落,但受低海拔(262 m)资源条件限制,物种丰富度相对较低;BX-1受人为干扰影响,呈现次生林特征,优势种突出;BX-2虽保存完好,但浙江润楠等上层优势种的优势度较高,导致均匀度偏低。

表6 广东省5个大苞山茶群落乔灌木层物种多样性指数

Table 6 Species diversity index of tree and shrub layer of five communities of *Camellia granthamiana* in Guangdong Province

样地	物种数	个体数	Berger-Parker 指数	Menhinick 指数	Margalef 指数	Simpson 指数	Shannon-Wiener 指数	Pielou 指数
QNS-1	79	438	0.11	3.77	12.82	0.97	3.92	0.90
QNS-2	61	388	0.17	3.10	10.07	0.96	3.66	0.89
BX-1	53	506	0.17	2.36	8.35	0.95	3.41	0.86
BX-2	63	529	0.18	2.74	9.89	0.95	3.49	0.84
HSD-1	53	272	0.11	3.21	9.28	0.96	3.47	0.87

2.5 群落的系统发育多样性

广东省5个大苞山茶样地的系统发育多样性指数如表7和图2所示。群落的系统发育多样性结果揭示了不同群落间的进化历史差异与群落构建机制分化。QNS-1样地的PD值(5 927.70)显著高于其他样地,表明该群落不仅具有较高的物种丰富,还保存了更广泛的谱系多样性。其余样地的PD值相对接近,介于3 891.24至4 728.44之间,这些群落的系统发育多样性差异不大。

在系统发育结构分析中,深层次系统发育结构呈现聚集趋势($NRI > 0$)的样方共有2个(QNS-1、

QNS-2);而 $NRI < 0$ 的样方则有3个(BX-1、BX-2、HSD-1),表明这些大苞山茶群落样方的深层次系统发育结构趋于发散。在浅层次系统发育结构方面, $NTI > 0$ 的样方有3个(QNS-2、BX-1、BX-2),其系统发育结构趋于聚集;反之, $NTI < 0$ 的样方有2个(QNS-1、HSD-1),其浅层次系统发育结构呈发散特征。进一步从系统发育多样性指数(PDI)来看,QNS-1样地的PDI值最高,表明该群落内物种组成较为复杂,系统发育差异较大;其余4个样地的PDI值则相对较低,说明其物种组成相对简单,群落内物种间的系统发育差异较小。

表7 广东省5个大苞山茶群落系统发育多样性指数

Table 7 Phylogenetic diversity index of five communities of *Camellia granthamiana* in Guangdong Province

样地	PD	NRI	NTI	PDI
QNS-1	5 927.70	0.91	-0.99	0.97
QNS-2	4 728.44	0.40	0.43	-0.04
BX-1	3 891.24	-0.28	1.56	-1.27
BX-2	4 654.58	-0.36	1.63	-0.61
HSD-1	4 270.66	-0.78	-0.31	-0.10

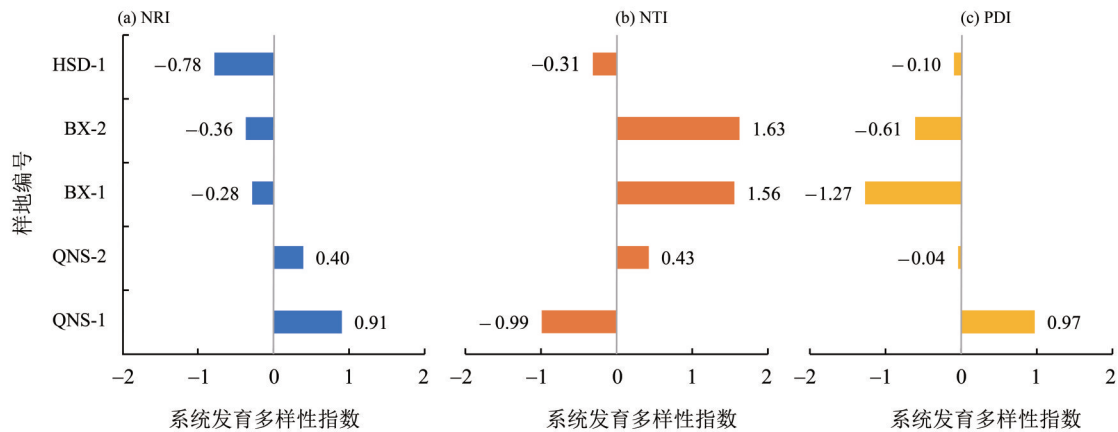


图2 广东省5个大苞山茶群落系统发育多样性指数

Fig. 2 Phylogenetic diversity index of five communities of *Camellia granthamiana* in Guangdong Province

3 讨论

3.1 不同生境的大苞山茶的群落结构特征差异

研究显示,大苞山茶的群落结构特征因生境而异。在深圳七娘山的2个群落(QNS-1、QNS-2)中,大苞山茶为伴生种;在紫金白溪(BX-1、BX-2)及黑石顶群落(HSD-1)中,大苞山茶则为优势种或共优势种,种群呈现明显的增长潜力。这说明濒危物种在不同生境中表现出迥异的生态策略。七娘山群落(QNS-1、QNS-2)处于南亚热带与北热带的过渡带,水热条件充足,样地位于山体中海拔段,群落结构复杂,物种丰富度高,大苞山茶在与香花枇杷、华润楠等优势种的竞争中处于劣势,生态位被压缩;而在白溪及黑石顶群落,BX-1样地为低海拔段次生林群落,BX-2的样地位置靠近山道,易受到一定的人为干扰,HSD-1样地则位于低海拔段,受环境资源限制。这些群落的种间竞争较小,大苞山茶成功占据乔木中下层的优势生态位,与上层高大乔木形成资源分层利用的共存格局。

尽管大苞山茶种群均呈增长型年龄结构,但其种群个体以幼苗和幼树为主,缺少大树个体,这说明大苞山茶可能存在“成体瓶颈”——即个体在从小树向大树过渡的阶段面临较高的死亡率。在大苞山茶从幼苗到大树的生长阶段中,容易受到栖息地环境限制、种间竞争、人为干扰等因素影响(Guo et al., 2005; Lyu et al., 2022; Pham et al., 2022),导致大树的成活率低,从而限制了种群的增长。野外调查发现,大苞山茶群落乔木上层的优势种现象明显,大苞山茶和这些优势的高大乔木存在较强的竞争关系,目前记录的大苞山茶的群落分布位置距离山道较近,其栖息地环境和种群数量在一定程度上受到人为干扰影响。

3.2 大苞山茶群落的多样性与群落构建过程

物种多样性分析显示,QNS-1群落具有最高的物种丰富度、均匀度及综合多样性,说明其群落结构复杂,是稳定性高的地带性顶极群落;而BX-1等受干扰群落则呈现优势种突出、均匀度偏低的次生性特征,其群落可能受历史伐木与造林干扰影响。

群落构建的生态位理论(niche theory)认为群落中的物种占据不同的生态位,群落组装过程主要由生境过滤和竞争排斥作用主导(Hutchinson, 1959; Vandermeer, 1972; Silvertown, 2004)。基于生态位保守理论(如物种原位快速分化、扩散限制等),群落中亲缘关系越近的物种,其生态相似性越高,当群落的系统发育结构表现为聚集,说明环境对物种生态位起筛选作用,生境过滤主导了群落构建过程;反之,当群落系统发育结构表现为离散,说明物种间的竞争排斥使得生态位相似的物种不能共存于群落中,群落内的物种亲缘关系较远,物种间的竞争排斥作用主导了群落构建过程(Wiens et al., 2005)。简单来说,群落系统发育结构的聚集和离散可以反映群落构建过程中生境过滤机制和物种间竞争排斥机制的相对作用(Webb et al., 2002; Swenson et al., 2006)。生境过滤和扩散限制在塑造珍稀濒危植物群落方面具有重要作用(张东等, 2025)。大苞山茶群落的系统发育结构结果表明:深层次系统发育结构在七娘山群落-1(QNS-1)与七娘山群落-2(QNS-2)表现为聚集($NRI > 0$),生境过滤可能在这些群落构建中起主导作用;而白溪群落-1(BX-1)、白溪群落-2(BX-2)与黑石顶群落-1(HSD-1)样地的深层次结构趋于发散($NRI < 0$),说明竞争排斥作用可能影响群落中的物种共存。浅层次系统发育结构在不同大苞山茶样地间亦呈现分化,其中

QNS-2、BX-1、BX-2 样地表现为聚集($NTI > 0$), 反映了生境过滤作用对群落中近缘种组成的影响。QNS-1 与 HSD-1 样地的浅层次系统发育结构表现为发散($NTI < 0$), 竞争排斥作用主要影响群落中近缘物种的组成。QNS-1 样地的 PDI 值最高, 其群落内物种组成最复杂, 系统发育多样性最高。

3.3 大苞山茶群落保护策略

大苞山茶群落是极易受到干扰影响的生长型群落, 这与许多珍稀濒危树种的种群结构特征一致(何斌等, 2022; 何巧萍, 2023; 陈绪辉, 2023)。大苞山茶的生存威胁可能主要来自以下两点: 一是其种群狭窄的地理分布与破碎化的生境, 使其极易受环境资源限制和人类活动影响; 二是不同种群面临差异化的生态压力。本研究基于以上结果, 针对不同生境的种群面临的核心威胁, 实施“一地一策”的差异化保护策略, 以期实现大苞山茶的有效保护与种群恢复。

七娘山种群(QNS-1、QNS-2): 该区域具有最高的物种多样性与系统发育多样性, 是亚热带常绿阔叶林的典型代表, 生态价值突出。但大苞山茶在此为伴生种, 种群更新基数有限, 且面临与香花枇杷等优势种的激烈竞争。保护策略应以就地保护为主, 重点维护其生境完整性与自然演替过程, 避免人为

干扰; 同时, 可考虑在竞争压力较小的林窗或林缘区域开展辅助播种或幼苗移栽, 扩大其种群规模。

白溪种群(BX-1、BX-2): 该区域大苞山茶为优势种或共优势种, 种群更新潜力较强, 特别是 BX-2 群落中幼苗幼树的更新层极为丰富。保护策略应实行“分区施策”: BX-2 群落结构完整、更新良好, 应以就地保护为主, 保持其自然更新过程; BX-1 受人为干扰影响, 群落次生性特征明显, 可适度开展生境修复和林分优化, 如控制蕨类先锋树种的过度扩张, 为大苞山茶的生长释放空间, 并注重保护大苞山茶幼苗个体, 提高其存活率。

黑石顶种群(HSD-1): 该群落为典型的地带性森林群落, 大苞山茶为稳定的共优势种, 年龄结构呈增长型, 种群自我更新能力较强。保护策略应以就地保护为核心, 重点维持其生境连通性, 防止栖息地破碎化加剧; 同时, 由于群落的物种数较低, 可考虑适度引入邻近地理种群的优良种质, 提升其遗传多样性与环境适应潜力。

未来研究可进一步结合土壤、气候等环境因子, 开展多视角的群落构建机制模拟, 并加强遗传多样性与群落生态过程的关联分析, 为该物种的长期保护与恢复提供更系统的科学支撑。

参考文献:

- 陈朋, 杨蕾蕾, 张苏州, 等, 2019. 大苞白山茶胚性愈伤的诱导及植株再生[J]. 植物生理学报, 55(6): 767-773.
- 陈绪辉, 2023. 珍稀濒危植物江南油杉群落特征与种群动态研究[D]. 福州: 福建农林大学.
- 陈志晖, 谷超, 关开朗, 等, 2020. 深圳七娘山黄桐和乌檀所在风水林群落特征分析[J]. 生态科学, 39(6): 167-174.
- 丁茂, 汪宇坤, 何煜然, 等, 2023. 安徽鹞落坪国家级自然保护区落叶阔叶林树种多样性、种间联结及群落稳定性变化[J]. 生态学报, 43(7): 2818-2830.
- 杜晓洁, 易绮斐, 叶钦良, 等, 2017. 濒危植物紫纹兜兰群落特征及其保护[J]. 植物科学学报, 35(6): 844-850.
- 方精云, 王襄平, 沈泽昊, 等, 2009. 植物群落清查的主要内容、方法和技术规范[J]. 生物多样性, 17(6): 533-548.
- 何斌, 张萍, 李青, 等, 2022. 珍稀濒危植物黄杉种群结构与空间分布格局[J]. 热带亚热带植物学报, 30(4): 461-471.
- 何巧萍, 2023. 珍稀濒危植物狭叶坡垒群落结构与叶功能性状研究[D]. 南宁: 广西大学.
- 胡尔查, 王晓江, 张文军, 等, 2013. 乌拉山自然保护区白桦种群的年龄结构和点格局分析[J]. 生态学报, 33(9): 2867-2876.
- 黄启华, 2021. 广东紫金白溪省级自然保护区蕨类植物资源调查及区系分析[J]. 湖南林业科技, 48(2): 80-83+96.
- 林春惠, 顾惠怡, 叶钦良, 等, 2023. 珍稀濒危植物大苞山茶种群结构与动态特征[J]. 植物生态学报, 47(12): 1684-1692.
- 刘蔚秋, 余世孝, 王永繁, 等, 2003. 粤西黑石顶自然保护区杉木林与次生常绿阔叶林群落特征比较[J]. 内蒙古大学学报(自然科学版), 34(3): 318-324.
- 倪瑞强, 2014. 长白山典型针阔混交林群落结构与动态研究[D]. 北京: 北京林业大学.
- 任晴, 袁位高, 吴初平, 等, 2020. 浙江省红楠生境地群落数量分类和环境解析[J]. 生态学报, 40(15): 5277-5287.
- 苏宇乔, 张毅, 贾小容, 等, 2017. 几种多样性指标在森林群落分析中的应用比较[J]. 生态科学, 36(1): 132-138.
- 王丰年, 薛文强, 张崧, 等, 2019. 深圳大鹏半岛国家地质公园旅游发展研究[J]. 惠州学院学报, 39(1): 112-118.
- 杨建芬, 刘金梅, 黄云香, 等, 2013. 不同植物生长调节剂对大苞白山茶叶片愈伤组织诱导的影响[J]. 广东农业科

- 学, 40(7): 152–154+237.
- 叶钦良, 2019. 紫金植物[M]. 北京: 中国林业出版社.
- 张东, 宋帅帅, 史红文, 等, 2025. 环境过滤与扩散限制对青藏高原东缘珍稀濒危植物群落构建的影响[J]. 植物科学学报, 43(2): 201–209.
- 赵中珂, 王斌, 李冬兴, 等, 2026. 喀斯特季节性雨林物种多样性空间变异及其时间动态[J]. 生态学报, 46(4): 1669–1683.
- 钟智明, 张志坚, 李玉峰, 等, 2020. 广东紫金白溪省级自然保护区野生动植物景观资源及评价[J]. 山东林业科技, 50(3): 40–44.
- Chen S, Li W, Li W, et al, 2023. Population genetics of *Camellia granthamiana*, an endangered plant species with extremely small populations in China [J]. Front Genet, 14: 1252148.
- Faith D P, 1992. Conservation evaluation and phylogenetic diversity[J]. Biol Conserv, 61(1): 1–10.
- Guo Q, Kelly M, Graham C H, 2005. Support vector machines for predicting distribution of Sudden Oak Death in California[J]. Ecol Model, 182(1): 75–90.
- Hutchinson G E, MacArthur R H, 1959. A theoretical ecological model of size distributions among species of animals [J]. Am Nat, 93(869): 117–125.
- Jiang Z, Jiao P, Qi Z, et al, 2019. The complete chloroplast genome sequence of *Camellia granthamiana* [J]. Mitochondrial Dna B, 4(2): 4113–4115.
- Jin Y, Qian H, 2022. V. PhyloMaker2: An updated and enlarged R package that can generate very large phylogenies for vascular plants[J]. Plant Divers, 44, 335–339.
- Kembel S W, Cowan P D, Helmus M R, et al, 2010. Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology [J]. Bioinformatics, 26(11): 1463–1464.
- Li W, Shi X, Guo W, et al, 2018. Characterization of the complete chloroplast genome of *Camellia granthamiana* (Theaceae), a Vulnerable species endemic to China[J]. Mitochondrial Dna B, 3(2): 1139–1140.
- Lu L M, Mao L F, Yang T, et al, 2018. Evolutionary history of the angiosperm flora of China [J]. Nature, 554 (7691): 234–238.
- Lyu S, Alexander J M, 2022. Competition contributes to both warm and cool range edges [J]. Nat Commun, 13 (1) : 2502.
- Muir A M, Krueger C C, Hansen M J, et al, 2021. The Lake Charr *Salvelinus namaycush*: Biology, ecology distribution, and management[M]. Switzerland: Springer International Publishing: 69–117.
- Pham C H, Price J J, Tallant J M, et al, 2022. Climate change is predicted to reduce sympatry among North American wood-warblers [J]. Ornithol Appl, 124 (4) : 1–12.
- Qian H, Deng T, Jin Y, et al, 2019. Phylogenetic dispersion and diversity in regional assemblages of seed plants in China[J]. PNAS, 116(46): 23192–23201.
- Silvertown J, 2004. Plant coexistence and the niche [J]. Trends Ecol Evol, 19(11): 605–611.
- Smith S A, Brown J W, 2018. Constructing a broadly inclusive seed plant phylogeny [J]. Am J Bot, 105 (3) : 302–314.
- Swenson N G, Enquist B J, Pither J, et al, 2006. The problem and promise of scale dependency in community phylogenetics[J]. Ecology, 87(10): 2418–2424.
- Tsirogiannis C, Sandel B, 2016. PhyloMeasures: A package for computing phylogenetic biodiversity measures and their statistical moments [J]. Ecography, 39 (7) : 709–714.
- Vandermeer J H, 1972. Niche theory[J]. Annu Rev Ecol Evol S, 3(1): 107–132.
- Webb C O, 2000. Exploring the phylogenetic structure of ecological communities: An example for rain forest trees[J]. Am Nat, 156(2): 145–155.
- Webb C O, Ackerly D D, McPeck M A, et al, 2002. Phylogenies and community ecology[J]. Annu Rev Ecol Evol S, 33(1): 475–505.
- Wiens J J, Graham C H, 2005. Niche conservatism: Integrating evolution, ecology, and conservation biology [J]. Annu Rev Ecol Evol S, 36: 519.
- Zanne A E, Tank D C, Cornwell W K, et al, 2014. Corrigendum: Three keys to the radiation of angiosperms into freezing environments[J]. Nature, 514(7522): 394–394.

(责任编辑 张 冰)