植物种子传播途径与基因组值和千粒重的相关性*

白成科** 曹 博 李桂双
(陕西师范大学生命科学学院, 西安 710062)

摘 要 种子传播对植物的繁殖、分布和进化至关重要,研究植物基因组、种子千粒重与种子传播途径间相关性,对于揭示植物种子入侵和基因组进化的遗传机制等具有十分重要的意义。本文在前期测定部分植物 C 值、检索植物 C 值数据库和种子数据信息库的基础上,对包含完整基因组信息(染色体条数、倍数、C 值)、种子千粒重和种子传播途径的 235 种植物进行了统计和相关性分析。ANOVA 结果表明,借助水、鸟、风传播的植物 C 值($1C_{水}$ = 1.3 pg, $1C_{鸟}$ = 1.6 pg, $1C_{风}$ = 2.0 pg) 和基因组值($1Cx_{水}$ = 1.1 pg, $1Cx_{鸟}$ = 1.3 pg, $1Cx_{风}$ = 1.6 pg)均显著低于借助动物取食传播植物的($1C_{动}$ = 4.9 pg, $1Cx_{动}$ = 4.7 pg) ($P<0.05$),但无助力扩散和动物携带与其他 4 种传播方式间均无显著差异($P > 0.05$)。235 种植物物种间千粒重相差悬殊,就不同传播方式整体而言,以风力和动物携带为传播途径的植物种子千粒重(分别为 7.2 和 13.5 g)明显低于以动物取食和水为传播途径的植物种子千粒重(分别为 92.5 和 85.8 g),而无助力传播途径与其他 5 种传播途径的千粒重均没有显著差异($P>0.05$)。进一步相关性分析表明,动物取食和水传播方式的植物基因组值和种子千粒重间均呈正相关(相关系数 $\gamma=0.33$),其中动物取食的植物基因组值与千粒重呈显著正相关性($y=0.67\ x + 3.23$, $R^2 = 0.11$, $P = 0.04$),但在其他传播途径中均无显著相关性。研究结果为揭示植物种子传播、分布和基因组进化等提供参考。

关键词 C 值; 基因组值; 种子千粒重; 种子传播途径; 线性相关分析

中图分类号 Q346 **文献标识码** A **文章编号** 1000-4890(2013)4-0832-06

Correlations of plant seed dispersal pattern with genome size and 1000-seed mass. BAI Cheng-ke**, CAO Bo, LI Gui-shuang (*College of Life Sciences*, *Shaanxi Normal University*, *Xi'an* 710062, *China*). *Chinese Journal of Ecology*, 2013, **32**(4): 832-837.

Abstract: Seed dispersal is essential to the reproduction, distribution, and evolution of plants. To study the correlations of plant seed dispersal pattern with genome size and 1000-seed mass is of significance for revealing the invasion of plant seeds and the mechanisms of genome evolution. In this paper, statistics and correlation analysis were conducted on 235 plant species with complete genome information (chromosomes number, ploidy, and C-value), 1000-seed mass, and seed dispersal patterns, based on the previous estimation of some plant species C-values and the searching of plant C-value database and seed information database. The ANOVA analysis indicated that for the plants whose seeds were dispersed by water, bird, and wind, the C-values (C_{water} = 1.3 pg, C_{bird} = 1.6 pg, and C_{wind} = 2.0 pg) and genome sizes ($1Cx_{water}$ = 1.1 pg, $1Cx_{bird}$ = 1.3 pg, and $1Cx_{wind}$ = 1.6 pg) were significantly lower than those whose seeds were dispersed by animal-eating ($1C_{animal}$ = 4.9 pg, and $1Cx_{animal}$ = 4.7 pg) ($P < 0.05$), but no significant differences were observed among the four dispersal patterns and the unassisted dispersal and animal-carrying patterns ($P > 0.05$). The 1000-seed mass of the 235 species varied greatly. The 1000-seed mass of the plants with seed dispersal by wind and animal-carrying (7.2 g and 13.5 g, respectively) were obviously lower than that with seed dispersal by water and animal-eating (85.8 g and 92.5 g, respectively), but the 1000-seed mass of the plants with unassisted dispersal had no significant differences with that of other dispersal patterns. The further correlation analysis

* 国家自然科学基金项目(31100241)和陕西省科技攻关项目(2011K16-02-05)资助。
** 通讯作者 E-mail: baichengke@snnu.edu.cn
收稿日期: 2012-11-28 接受日期: 2013-01-15

showed that there existed positive correlations between the genome size and 1000-seed mass of the plants whose seeds were dispersed by animal-eating and water ($\gamma=0.33$), in which, the correlation for the plants whose seeds were dispersed by animal-eating was significant ($y=0.67\ x+3.23$, $R^2=0.11$, $P=0.04$). These findings would provide references to reveal the mechanisms of plant seed dispersal, distribution, and genome evolution.

Key words: C-value; genome size; 1000-seed mass; seed dispersal pattern; linear correlation analysis.

植物在繁殖过程中需要通过不同的途径将种子传播和扩散到适宜的生境中,这是植物长期适应环境和自身进化的结果。种子传播途径可以划分为动物取食、动物携带、鸟取食传播、风传播、水传播和无助力传播等多种途径(朱金雷和刘志民,2012)。一般来说,依靠动物取食传播种子的植物,大多为具有肉质果(如浆果、核果等)、坚果、球果等大而可食用果实的植物,而依靠风传播的种子普遍较小,且具有适应和利用空气流动的结构,如种翅等(Howe & Smallwood,1982;Schupp *et al.*,2010),依靠水流传播的种子多具冠毛、含油和含气室等特殊组织,或果实由比重较轻的组织(如木栓组织)组成,而无助力传播途径的种子依赖自身特殊的组织或受力不均等结构,成熟时利用弹射或吸胀等方式传播(Schupp *et al.*,2010)。近年来,研究种子传播与植物种群更新(Clark *et al.*,2007)、种子入侵(Buckley *et al.*,2006)、基因流(Bascompte & Jordano,2007)、种群动态变化(Spiegel & Nathan,2007)和景观生态学(Levey *et al.*,2005)等,成为人们关注的热点。

C 值(C-value)是指真核生物配子体细胞核中染色体没有复制时的 DNA 含量,而基因组值(genome size, GS)表示细胞核中一套染色体组的 DNA 含量(Cx)(Swift,1950)。一个物种的染色体数目、倍数、C 值和 Cx 均具有物种的相对稳定性,是生物基因组多样性非常重要的基本参数(Bennett & Leitch,2005)。研究发现,植物 C 值(或基因组)与光合速率(Beaulieu *et al.*,2007)、细胞大小(Beaulieu *et al.*,2008)、气孔密度(Hodgson *et al.*,2010)和基因组进化(Leitch *et al.*,2009;Leitch *et al.*,2010)密切相关。Beaulieu 等(2007)对数据库已有的 1222 种种子植物的基因组值与种子千粒重进行了相关性分析,发现具有较大基因组值的裸子植物种子千粒重较大,而具较小基因组值的被子植物中种子重量较大,但极小种子却不会具有大基因组值,从整个种子植物的角度揭示了基因组值和种子千粒重之间的关系。但是,不同种子传播方式的植物 C 值、基因组值和种子千粒重之间有无差异,以及基因组值与种子千粒重之间的相关性关系如何,目前尚未见相关文献报道。"大数据"(big data)分析已成为网络数据平台共享和利用的必然趋势,利用已有数据库进行交叉学科的相关研究已引起世界各国科研工作者的高度重视(Kattge *et al.*,2011)。本文在检索英国皇家植物园 C 值数据库(Bennett & Leitch,2010)和种子数据库的基础上(http://data.kew.org/sid/sidsearch.html),对具有完整的倍性、C 值、种子千粒重和种子传播途径等数据信息的 235 种植物,进行了统计和线性相关分析,旨在揭示植物基因组进化与种子传播途径之间的相关性,为植物分布、种子入侵和基因组进化等相关研究提供参考。

1 数据检索与统计分析

1.1 数据来源与检索

在前期 514 种植物 C 值测定的基础上(Bai *et al.*,2012),首先对植物 C 值数据库(http://data.kew.org/cvalues/)(Bennett & Leitch,2010)中具有倍性和 C 值等数据信息的物种进行检索和信息下载,存为 Excel 文件。然后根据物种名录,在英国皇家植物园种子信息数据(http://data.kew.org/sid/sidsearch.html)逐一检索上述物种的种子千粒重和传播方式等信息,输入上述表格,保存备用。此次检索,最终获得具有倍数、C 值、千粒重和种子传播方式等完整数据信息的物种 235 个,用于实验建模和统计等相关分析(表 1)。参照 Leitch(2004)的方法,基因组值用如下公式计算:基因组值 Cx = 2C 值/染色体倍数。

参照英国皇家植物园种子信息数据库提供的信息种子传播信息和文献(Howe & Smallwood,1982;Schupp *et al.*,2010),最终将 235 种植物种子传播分为 6 类:动物取食传播(以哺乳动物取食为主)、动物携带传播(种子依靠黏液和倒钩等附着在动物皮毛等传播)、鸟类传播(依靠鸟类取食果实而传播种子)、水传播(种子成熟后依靠雨水或河流等传播种

表1 6种传播途径植物的C值、基因组值和种子千粒重的ANOVA比较分析

Table 1 Analysis results of plant C-value, genome size and 1000-seed mass in six different dispersal ways by ANOVA

传播途径	物种数	C值(pg)					基因组值(pg)					种子千粒重(g)				
		最小值	最大值	范围	变异系数	平均值	最小值	最大值	范围	变异系数	平均值	最小值	最大值	范围	变异系数	平均值
动物取食	34	0.27	76.0	281	2.8	4.9±2.3 a	0.19	76	400	2.9	4.7±2.3 a	0.1	1076	10760	2.4	92.5±38.4 a
动物携带	36	0.46	46.0	100	1.9	4.1±1.3 ab	0.30	46	153	2.5	3.0±1.3 ab	0.1	249	2490	3.1	13.5±6.9 bc
鸟取食	23	0.30	4.45	15	0.7	1.6±0.2 b	0.25	4.45	18	0.9	1.3±0.2 b	0.07	447	6385	1.6	61.4±20.7 ab
风	100	0.15	9.30	62	1.0	2.0±0.2 b	0.15	9.30	62	1.1	1.6±0.2 b	0.03	132	4400	2.7	7.2±1.9 c
水	22	0.15	4.00	27	1.0	1.3±0.2 b	0.15	3.93	26	0.8	1.1±0.2 b	0.2	732	3660	2.1	85.8±37.8 a
无助力扩散	20	0.55	9.30	17	0.8	2.1±0.5 ab	0.30	4.65	16	0.8	1.7±0.3 ab	0.3	571	1903	3.2	38.9±28.2 abc

子)、风传播(翅果或翼果等借助风力传播种子)和无助力传播(依靠果实成熟后具有不均匀受力结构以弹射或喷射等方式传播种子)。

1.2 数据建模和统计分析

按照统计软件JMP 9.0要求格式输入上述检索所得数据(Sall *et al.*,2011),对6种不同传播方式植物的C值、基因组值Cx和种子千粒重等进行ANOVA分析,并分别建立线性分析模型和回归模型等,分析各种种子传播方式的植物基因组值Cx与种子千粒重间的相关性,并作图。

2 结果与分析

2.1 供试235种植物基因组值和种子千粒重分布

按照上述检索方法,最终具有倍数、C值、种子千粒重和传播途径等完整信息的被子植物和裸子植物235种,属于67个科163个属,具有较高的代表性。统计结果表明,借助风力传播的柳叶菜科沼生柳叶菜(*Epilobium palustre*)的基因组值最小,仅有0.15 pg,而借助动物取食传播的桑寄生科的槲寄生(*Viscum album*)具有最大基因组值,高达76.0 pg,其中绝大多数物种(90%)分布于0.30~4.75 pg(图1A)。种子千粒重的变化范围更为广泛,从借助风力传播的茅膏菜科植物中茅膏菜(*Drosera intermedia*)种子千粒重仅有0.03 g,而种子借助动物取食传播的棕榈科海枣(*Phoenix dactylifera*)种子千粒重高达1076 g。235种植物中,仅有不到1%的植物种子千粒重<0.10 g,有92%植物种子千粒重在0.10~100 g,8%植物种子千粒重在100~1000 g。

2.2 不同种子传播途径的植物C值、基因组值和千粒重的ANOVA分析

235种植物的1Cx和C值表现出了相似的规律和极显著的相关性($y=0.96\ x-0.35$, $R^2=0.96$, $P<0.0001$, $\gamma=0.98$)。6种不同传播途径中,以动物取食传播种子的植物C值(4.9 pg)和基因组值(4.7 pg)最大,均分别明显高于风传播植物的(1C=2.0 pg,1Cx=1.6 pg)、鸟取食传播(1C=1.6 pg,1Cx=1.3 pg)和水传播植物的(1C=1.3 pg,1Cx=1.1 pg)($P<0.05$)。但是,动物携带和无助力传播植物之间,以及与其他4种传播途径植物的C值、基因组值均没有显著差异($P>0.05$)。

235种不同传播途径的植物种子千粒重统计分析结果表明,物种间种子千粒重变化范围大,整体而言,动物取食传播和水传播的植物种子千粒重最高,分别高达92.5 g和85.5 g,显著高于风力传播(7.2 g)和动物携带传播的种子千粒重(13.5 g)($P<0.05$),鸟类传播的植物种子千粒重(61.4 g)仅比风传播的高,但无助力传播植物种子千粒重(38.9 g)与其他5种传播均无显著差异($P>0.05$)。由此可知,动物取食传播的植物基因组值

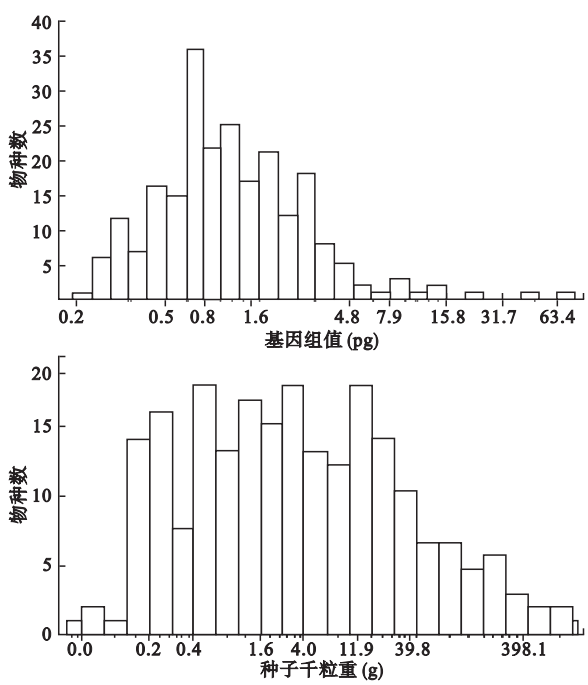


图1 235种植物的基因组值和种子千粒重分布

Fig. 1 Distribution of genome size and 1000-seed mass of 235 investigated plants

表 2 不同传播途径植物基因组值(1Cx)与种子千粒重之间相关性分析

Table 2 Relationships between plant genome size (1Cx) and 1000-seed mass in six dispersal ways

传播途径	对数线性方程及相关参数
动物取食	$y=0.67\ x+3.23, R^2=0.11,\ P=0.04^*, \gamma=0.33$
动物携带	$y=-0.04\ x+2.08, R^2=0.001,\ P=0.94, \gamma=-0.01$
鸟取食	$y=0.26\ x+3.04, R^2=0.01,\ P=0.63, \gamma=0.11$
风	$y=-0.09\ x+0.10,\ R^2=0.001,\ P=0.73, \gamma=-0.04$
水	$y=1.35\ x+2.11, R^2=0.12,\ P=0.10, \gamma=0.33$
无助力扩散	$y=1.04\ x+0.95, R^2=0.07,\ P=0.25, \gamma=0.26$
全部植物	$y=0.34\ x+1.41, R^2=0.11,\ P=0.10, \gamma=0.12$

和千粒重在 6 种传播方式中均最大;风力种子传播的植物千粒重最小,但基因组值却并非最小;相反水传播的植物基因组最小,但千粒重却较大。

2.3 不同种子传播途径的植物基因组值和种子千粒重相关性

植物种子千粒重与基因组值(1Cx)相关性分析表明,千粒重与基因组大小存在较高的正相关($y=1.41+0.34x, \gamma=0.12$)(图 3 A),但未达到显著正相关($P=0.07$),这可能与被研究传播途径的植物分布科属较多、物种复杂而样本量较少有关。6 种不同种子传播途径的植物基因组值与千粒重相关性分析结果表明,除以动物取食传播的植物种子千粒重与基因组值存在显著正相关($y=0.67\ x+3.23$, $R^2=0.11$, $P=0.04$)和相关系数高达 33% 外,其他传播方式的植物基因组值与千粒重均没有显著正、负相关性(表 2)。

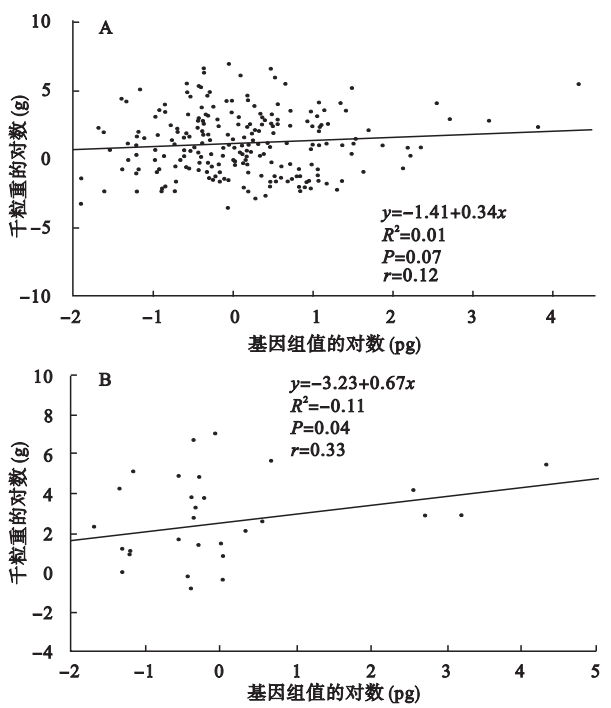


图 2 植物基因组值和种子千粒重相关性

Fig. 2 Relationship between log genome size and log 1000-seed mass

A :235 种植物;B:34 种借助动物取食传播种子的植物。

3 讨 论

3.1 不同种子传播途径的植物千粒重变化规律

种子是植物繁殖后代、传播扩散和生命延续的主要载体,每个物种在长期与环境适应和自然选择过程中,形成了形状多样和大小不一的种子多样性,其中千粒重直接关系到种子的传播、萌发和成活率等。植物与动物在生活史上最大的区别在于,动物可以通过自主活动或迁移来改变自己及后代的生活环境,而植物一旦种子生根发芽,一个生命周期内将无法通过自主移动来改变自己所处的生存环境。但是,植物并非因此就“坐以待毙”,而是在长期自然选择和主动适应性进化过程中,形成了各种借助“外力”进行种子传播的方式,促使后代尽量远离母株降低种内竞争,从而扩大分布范围和生存优势(Howe & Smallwood,1982;Schupp *et al.*,2010)。部分植物形成坚硬的种子外壳,通过哺乳动物、鱼类和蝙蝠等取食后不易被消化,从而排出体外来传播种子(动物取食传播)(Vittoz & Engler,2007)。由于动物取食的范围比较宽泛,导致动物取食传播途径的植物种子千粒重变化较大。有些植物的种子形成钩刺状(如牛蒡子)或表面形成黏液,通过粘附在动物皮毛或人类衣物上传播种子(动物携带),这类植物的种子由于其特殊结构,千粒重一般相对较小,加之结合水等交叉传播途径,种间千粒重差异也悬殊。鸟类喜食多汁味美的果实,部分植物就“投其所好”,把坚硬种子的藏于果实中或者外部包裹一层果肉,通过鸟类取食后排出体外来大范围内传播种子。例如,红豆杉种子传播范围和空间格局主要由鸟类取食特征如停留时间、飞离母树路径和飞行距离等决定(邓青珊等,2008)。鸟类取食的果实受鸟类自身大小和喜好选择较高,加之传播媒介相对单一,因而种子千粒重变异最小,鸟类取食传播的种子千粒重明显比动物取食传播的低,但显著高于风力传播的种子千粒重($P<0.05$)。依赖风传播的植物种子,在形态特征上具有明显的特征,主要体现在在种子大小、种子重量以及种翅的长短及有无等 3 个方面,一般翅比较长、重量小的种子易被风远距离

传播,种群分布范围广,种群数量大(Howe & Smallwood,1982;Schupp *et al.*,2010)。种子千粒重分析结果表明,以风传播的植物种子千粒重最小,显著低于动物取食的种子千粒重($P<0.05$)。

依靠水传播种子途径包括水力传播、流水水面传播、水流传播、雨露传播、雨滴弹射和海水洋流传播等多种传播方式,单纯依靠水传播的植物较少,常结合风传播和动物取食或携带传播等(Boedeltje *et al.*,2003)。因此,种子传播很少依赖于某种单一媒介,且不由离开母体到土壤表面的初始传播决定,而是在随后的二次传播中有多种媒介参与(Chambers & MacMahon,1994)。水传播在多数情况下是作为植物种子传播的二次媒介,这有助于解释水传播途径的植物种子千粒重变异系数较大,千粒重显著高于风传播和动物携带传播等。此外,无助力传播途径包括爆裂传播、跳跃传播、吸涨传播、细胞膨胀传播等(朱金雷和刘志民,2012),该途径多依赖于植物自身内部物理机械力或重力,传播距离一般较短,呈现多种传播机制,这可能是无助力种子千粒重呈现变异系数最大、与其他传播方式的植物千粒重无显著差异的原因。

3.2 植物基因组值、种子千粒重与传播途径的相关性

基因组是生物生长发育和繁育后代必须的遗传信息,基因组值大小具有物种的特异性,研究植物基因组对于阐明植物系统进化具有重要意义(Bennett & Leitch,2010)。种子作为连接母株生殖周期末端与后代种群之间的关键环节,对于植物的生长、生存以及繁殖具有重要影响。种子的传播及其途径,对于植物种群动态和群落结构及动态具有重要影响(Clark *et al.*,2010;Schupp *et al.*,2010)。研究表明,大多数基因组值小的植物染色体条数少、细胞核和细胞体积小,具有生活周期短和种子千粒重小等特点(Jovtchev *et al.*,2006;Lavergne *et al.*,2010),而种子大小和重量与种子传播途径密切相关,如Thomson 等(2011)研究发现,种子传播距离与种子千粒重正相关。Grotkopp 等(2004)研究发现,松属植物传播能力与其基因组值和种子质量负相关,表明种子传播类型和种子千粒重之间的相关性与松属植物的生活史性状密切相关。本研究表明,风传播的植物基因组较小,其千粒重也最小,动物取食传播的植物基因组和千粒重均最大,但水传播、鸟取食和无助力传播的植物的基因组值和千粒重变化并非一致。相关性分析结果表明,除动物携带传播的植物基因组大小与种子千粒重具有显著正相关外,其他传播途径的植物基因组和千粒重均没有显著正相关性。基因组值、千粒重的大小与传播途径并未呈现明显的线性相关性,说明了植物基因组进化、种子大小与传播途径具有复杂的多样性。这既可能与植物在复杂生境和生态系统中,种子的传播往往与多种媒介有关,也可能与目前获得完备信息的物种数量较少有关;或者,三者之间的具体适应性进化机理,还无法用简单的线性相关性来简单解释,有待于进一步研究。

参考文献

邓青珊, 朱琼琼, 鲁长虎. 2008. 南方红豆杉的天然更新格局及食果鸟类对其种子的传播. 生态学杂志, **27**(5): 712–717.

朱金雷, 刘志民. 2012. 种子传播生物学主要术语和概念. 生态学杂志, **31**(9): 2397–2403.

Bai CK, Alverson WS, Follansbee A, *et al.* 2012. New reports of nuclear DNA content for 407 vascular plant taxa from the United States. *Annals of Botany*, **110**: 1623–1629.

Bascompte J, Jordano P. 2007. Plant–animal mutualistic networks: The architecture of biodiversity. *Annual Review of Ecology and Systematics*, **38**: 567–593.

Beaulieu JM, Leitch IJ, Knight CA. 2007. Genome size evolution in relation to leaf strategy and metabolic rates revisited. *Annals of Botany*, **99**: 495–505.

Beaulieu JM, Leitch IJ, Patel S, *et al.* 2008. Genome size is a strong predictor of cell size and stomatal density in angiosperms. *New Phytologist*, **179**: 975–986.

Beaulieu JM, Moles AT, Leitch IJ, *et al.* 2007. Correlated evolution of genome size and seed mass. *New Phytologist*, **173**: 422–437.

Bennett MD, Leitch IJ. 2005. Nuclear DNA amounts in angiosperms progress, problems and prospects. *Annals of Botany*, **95**: 45–90.

Bennett MD, Leitch IJ. 2010. Plant DNA C-values Database (release 5.0, December 2010). http://data.kew.org/cvalues/.

Bennett MD, Leitch IJ. 2011. Nuclear DNA amounts in angiosperms: Targets, trends and tomorrow. *Annals of Botany*, **107**: 467–590.

Boedeltje G, Bakker JP, Bekker RM, *et al.* 2003. Plant dispersal in a lowland stream in relation to occurrence and three specific life-history traits of the species in the species pool. *Journal of Ecology*, **91**: 855–866.

Buckley YM, Anderson S, Catterall CP, *et al.* 2006. Management of plant invasions mediated by frugivore interactions. *Journal of Applied Ecology*, **43**: 848–857.

Chambers JC, MacMahon JA. 1994. A day in the life of a

seed: Movements and fates of seeds and their implications for natural and managed systems. *Annual Review of Ecology and Systematics*, **25**: 263–92.

Clark CJ, Poulsen JR, Levey DJ, *et al*. 2007. Are plant populations seed limited? A critique and meta-analysis of seed addition experiments. *American Naturalist*, **170**: 128–142.

Grotlopp E, Rejmanek M, Sanderson MJ, *et al*. 2004. Evolution of genome size in pines (*Pinus*) and its life-history correlations: Super tree analyses. *Evolution*, **58**: 1705–1729.

Hodgson JG, Sharafi M, Jalili A, *et al*. 2010. Stomatal vs. genome size in angiosperms: The somatic tail wagging the genomic dog? *Annals of Botany*, **105**: 573–584.

Howe HF, Smallwood J. 1982. Ecology of seed dispersal. *Annual Review of Ecology and Systematics*, **13**: 201–228.

Jovtchev G, Schubert V, Meister A, *et al*. 2006. Nuclear DNA content and nuclear and cell volume are positively correlated in angiosperms. *Cytogenetic and Genome Research*, **114**: 77–82.

Kattge J, Diaz S, Lavorel S, *et al*. 2011. TRY: A global database of plant traits. *Global Change Biology*, **17**: 2905–2935.

Lavergne S, Muenke N, Molofsky J. 2010. Genome size reduction can trigger rapid phenotypic evolution in invasive plants. *Annals of Botany*, **105**: 109–116.

Leitch IJ, Beaulieu JM, Chase MW, *et al*. 2010. Genome size dynamics and evolution in monocots. *Journal of Botany*, 2010: 1–18.

Leitch IJ, Bennett MD. 2004. Genome downsizing in polyploid plants. *Biological Journal of the Linnean Society*, **82**: 651–663.

Leitch IJ, Kahandawala I, Suda J, *et al*. 2009. Genome size diversity inorchids: Consequences and evolution. *Annals of Botany*, **104**: 469–481.

Levey DJ, Bolker BM, Tewksbury JJ, *et al*. 2005. Effects of landscape corridors on seed dispersal by birds. *Science*, **309**: 146–148.

Sall J, Creighton L, Lehman A. 2007. JMP start statistics: A guide to statistics and data analysis using JMP (4th edition). SAS institute Inc., Cary, NC, USA.

Schupp EW, Jordano P, Gómez JM. 2010. Seed dispersal effectiveness revisited: A conceptual review. *New Phytologist*, **188**: 333–353.

Spiegel O, Nathan R. 2007. Incorporating dispersal distance into the disperser effectiveness framework: Frugivorous birds provide complementary dispersal to plants in a patchy environment. *Ecology Letters*, **10**: 718–728.

Swift H. 1950. The constancy of desoxyribose nucleic acid in plant nuclei. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **36**: 643–654.

Thomson FJ, Moles AT, Auld TD, *et al*. 2011. Seed dispersal distance is more strongly correlated with plant height than with seed mass. *Journal of Ecology*, **99**: 1299–1307.

Vittoz P, Engler R. 2007. Seed dispersal distances: A typology based on dispersal modes and plant traits. *Botanica Helvetica*, **117**: 109–124.

作者简介 白成科,男,1976 年生,博士,副教授。主要从事植物遗传和药用植物资源方面的研究。E-mail: baichengke@snnu.edu.cn

责任编辑 王 伟