

DOI:10.13275/j.cnki.lykxyj.2021.02.019

麻栎天然群体种子表型变异分析

吕 锋¹, 解孝满², 韩 彪², 乔 婕², 董 昕²,
吴 丹², 陆 璐², 李文清^{2*}

(1. 山东师范大学生命科学学院, 山东 济南 250014; 2. 山东省林木种质资源中心, 山东 济南 250102)

摘要: [目的] 揭示麻栎种子变异程度和变异规律, 为促进麻栎种质资源保护和遗传改良提供科学依据。[方法] 采用方差分析、聚类分析和相关分析等分析方法对 7 个天然群体麻栎种子的表型性状进行分析比较。[结果] 在群体间和群体内, 不同群体麻栎种子的长度、宽度、长宽比、表面积、体积和千粒质量存在极显著差异, 各性状变异系数范围为 10.34%~28.18%, 平均表型分化系数为 78.84%, 表明群体间变异为主要变异来源。各表型性状间呈极显著相关关系; 利用系统聚类可将 7 个群体分为 2 个组群。[结论] 麻栎种子在群体间和群体内都存在丰富的表型变异, 聚类分析结果显示与各个群体的地理位置分布无明显相关性, 此研究为麻栎多样性种质资源保护和利用提供了理论依据。

关键词: 麻栎; 种子; 表型变异

中图分类号: S792.181

文献标志码: A

文章编号: 1001-1498(2021)02-0174-06

麻栎 (*Quercus acutissima* Carruth.) 属于壳斗科 (Fagaceae) 栎属 (*Quercus*) 植物, 在我国分布十分广泛, 是一种重要的珍贵用材树种^[1], 可作为木材、菌材和薪炭材, 具有较高的经济价值和利用价值; 其种子富含淀粉和脂肪油, 可酿酒、制作饲料, 也可食用, 具有非常广阔的发展前景。种子是植物有性生殖最重要的器官, 是联系上下代植物体不可替代的纽带^[2]。20 世纪 50 年代以来, 种子的微形态特征被一些学者应用于植物系统学和分类研究, 证明了种子微形态特征在科、属、种等不同层次上具有分类学意义^[3-5]。已知的大多数森林树种是通过种子发育生长为生殖成熟的个体, 从而周而复始的繁殖下去, 生长在不同环境中的林木经过漫长的演化过程形成了对各自生境的适应性, 各部分器官具有多样的形态变异, 其中, 种子的形态变异蕴含了许多较为稳定的可遗传变异, 因此, 种子是研究林木天然群体遗传变异的重要材料。

目前, 对麻栎种质的相关研究主要集中在组织培养及快速繁殖技术^[6], 苗期生长特性^[7], 优良家

系的选择^[8]和群体遗传多样性^[9-10]等, 对表型多样性的研究鲜有报道。表型变异是基因型与环境相互作用的结果, 是探索群体遗传分化和变异来源的重要层面。因此, 本研究通过对 7 个麻栎天然群体种子表型变异进行分析, 以期揭示麻栎表型变异大小及规律, 为促进麻栎种质资源保护和遗传改良提供科学依据。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

供试的麻栎种子于 2019 年 9 月至 10 月分别采自麻栎自然分布区 (25°21'~39°49' N, 100°54'~121°59' E) 的 7 个天然群体。麻栎林中选择优势树种作为母树, 采种母树之间相距 50 m 以上, 每一群体选取 20~30 株母树采集种子作为 1 份, 每份种子不少于 300 粒, 将采集的所有种子进行充分混合, 然后将其用作群体的种子样品, 为增加实验的准确性, 将每个地理种源都使用了 GPS 定位软件进行定位。种子来源情况详见表 1。

收稿日期: 2020-06-22 修回日期: 2020-12-21

基金项目: 山东省农业良种工程“特色生态树种种质资源收集保存与精准鉴定”(项目编号: 2019LZGC01805)

* 通讯作者: 李文清, 研究员. 主要研究方向: 林木种质资源收集、保护与利用. Email: liwenqing0686@shandong.cn

表1 麻栎群体采种母树来源

Table 1 The source of the mother trees collected by the population of *Quercus acutissima*

编号 Code	群体 Population	纬度(N) Latitude/(°)	经度(E) longitude/(°)	海拔 Altitude/m	种质份数 Amounts of fruits
GDX	贵州贵定县	26.35	107.26	1 017	1
XYX	云南祥云县	25.35	100.92	1 976	2
ZTS	山西中条山	35.01	111.53	930	3
TBX	河南桐柏县	32.32	113.33	309	14
PLD	辽宁普兰店区	39.45	121.98	59	7
HDQ	山东黄岛区	35.77	119.98	180	6
LFS	河北联峰山	39.82	119.45	70	1

1.2 表型性状测定及分析

对不同群体的种子长、种子宽、种子长宽比、表面积和体积等利用扫描仪 Epson/V700 PHOTO 测定表型性状, 采用 winseedle Pro 2013b 软件可获得表型性状指标, 使用 1/100 电子天平测定千粒质量, 从每组样品分别随机选取 50 粒种子称质量, 重复 3 次, 取其平均值。

采用巢式线性模型对麻栎群体间和群体内的表型变异进行方差分析。用变异系数 (CV) 表示表型性状的离散程度。计算表型分化系数 (V_{st}) 来表示麻栎群体的表型分化程度, 即群体间方差分量与方差总量的比值。计算公式分别为: $CV = (\delta/\bar{x}) \times 100\%$, 其中, δ 为标准差, \bar{x} 为群体平均值, $V_{st} = [\delta_{ts}^2 / (\delta_{ts}^2 + \delta_s^2)] \times 100\%$, 其中, δ_{ts}^2 为群体间的方差分量, δ_s^2 为群体内的方差分量^[1]。采用 Excel 2010 软件对数据进行统计, 用 SPSS 21 软件对各项指标进行分析, 其中, 采用 Pearson 相关分析双变量相关性, 并根据各性状在群体间的欧氏距离进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 麻栎种子性状的群体间变异

由表 2 的方差分析结果可知: 在群体间和群体内, 种子长、宽、长宽比、表面积、体积及千粒质量均差异极显著 ($P < 0.01$), 说明麻栎种子表型性状在群体间存在一定程度的变异。

根据表 3 可以看出: 各群体种子长度的平均值为 1.63~2.32 cm, 其中, 最大的是云南祥云县群体, 最小的是贵州贵定县群体; 各群体种子宽度的平均值为 1.33~1.84 cm, 贵州贵定县群体最小, 云南祥云县群体最大; 长宽比最大的是山西中条山群体, 最小的是河北联峰山群体; 种子体积的平均值为 1.48~4.15 cm³, 其中, 最小的是贵州贵定县群体, 最大的是云南祥云县群体; 种子表面积平均值为 5.19~10.41 cm², 最小的是贵州贵定县群体, 最大的是云南祥云县群体; 种子千粒质量差异最大, 平均变幅为 1.74~4.82 kg, 贵州贵定县群体最小, 云南祥云县群体最大。

表2 麻栎群体种子表型性状方差分析表

Table 2 Table of variance analysis of phenotypic traits of *Quercus acutissima* populations seeds

表型性状 Phenotypic trait	均方 Mean square			F值 F value	
	群体间 Among populations	群体内 Within population	随机误差 Random errors	群体间 Among populations	群体内 Within population
种子长 Seed length	20.093	1.633	0.037	544.521**	44.262**
种子宽 Seed width	10.859	1.128	0.028	386.434**	40.128**
长宽比 Length-width ratio	0.944	1.336	0.006	148.223**	209.654**
体积 Volume	298.025	36.764	0.700	425.611**	52.502**
表面积 Surface area	1 102.154	108.469	2.178	506.070**	49.805**
千粒质量 1 000-grain weight	12.615	3.055	0.299	42.239**	10.229**

注: **表示差异极显著。

Note: **means the difference is significant

表3 麻栎群体种子的平均值和标准差

Table 3 Mean and standard deviation of *Quercus acutissima* population seeds

群体 Population	种子长 Seed length/cm	种子宽 Seed width/cm	长宽比 Length-width ratio	体积 Volume/cm ³	表面 Surface area/cm ²	千粒质量 1 000-grain weight/kg
GDX	1.63 ± 0.17	1.33 ± 0.13	0.82 ± 0.09	1.48 ± 0.38	5.19 ± 0.88	1.74 ± 0.09
XYX	2.32 ± 0.20	1.84 ± 0.19	0.79 ± 0.09	4.15 ± 1.04	10.41 ± 1.69	4.82 ± 0.15
ZTS	1.96 ± 0.18	1.81 ± 0.18	0.92 ± 0.05	3.35 ± 0.88	8.67 ± 1.52	4.10 ± 0.47
TBX	2.21 ± 0.23	1.83 ± 0.18	0.90 ± 0.15	3.94 ± 1.04	9.95 ± 1.75	4.37 ± 1.10
PLD	1.99 ± 0.18	1.78 ± 0.18	0.90 ± 0.06	3.34 ± 0.91	8.72 ± 1.58	3.77 ± 0.57
HDQ	1.73 ± 0.23	1.49 ± 0.21	0.87 ± 0.06	2.08 ± 0.80	6.37 ± 1.62	2.37 ± 0.60
LFS	1.84 ± 0.21	1.52 ± 0.14	0.69 ± 0.14	2.24 ± 0.63	6.86 ± 1.35	2.46 ± 0.12

2.2 麻栎种子性状的群体内变异

分析和比较不同表型性状时,性状的离散程度用变异系数来表示^[12],变异系数越大,性状的变异程度越大;变异系数越小,性状的变异程度越小。由表4可知:在麻栎的6个表型性状中,平均变异

系数最大的为种子体积,达28.18%,其次是种子表面积(18.79%),变异系数最小的为种子长(10.34%),表明种子长的变异程度最小,而种子体积这一性状的变异程度最大。

表4 麻栎群体种子表型性状变异系数

Table 4 Table of variation coefficient of phenotypic traits in *Quercus acutissima* population seeds

群体 Population	种子长 Seed length/cm	种子宽 Seed width/cm	长宽比 Length-width ratio	体积 volume/cm ³	表面积 Surface area/cm ²	千粒质量 1 000-grain weight/kg	平均值 Mean	%
GDX	10.43	9.77	10.98	25.68	16.96	5.17	13.17	
XYX	8.62	10.33	11.39	25.06	16.23	3.11	12.46	
ZTS	9.18	9.94	5.43	26.27	17.53	11.46	13.30	
TBX	10.41	9.84	16.67	26.40	17.59	25.17	17.68	
PLD	9.04	10.11	6.67	27.25	18.12	15.12	14.39	
HDQ	13.29	14.09	6.90	38.46	25.43	25.32	20.58	
LFS	11.41	9.21	20.29	28.13	19.68	4.88	15.60	
平均值Mean	10.34	10.47	11.19	28.18	18.79	12.89	15.31	

2.3 麻栎种子表型性状的群体间分化

由表5可以看出:在表型性状的总方差分量占比中,群体间方差分量占比51.29%,群体内方差分量占比13.64%,机误占比35.07%。从群体间表型性状的变异幅度看,群体间种子长宽比的方差分量百分比最小,为41.67%;而千粒质量的方差分量百分比最大,为72.20%。从群体内表型性状的变异幅度看,种子宽的方差分量百分比最大,其次为种子长,最小的是长宽比。种子表型分化系数(Vst)为73.17%~84.34%,其中,千粒质量的 Vst 最大,种子宽的 Vst 最小;表型分化系数的平均值为78.84%,表明麻栎群体78.84%的变异来自群体间。

2.4 表型性状间的相关分析

根据表6可知:各种子表型性状中两两性状具有极显著的相关关系,其中,千粒质量与长宽比的相关系数较小,为0.289;而种子宽和种子体积的相关系数达0.907。说明选择的6个表型性状进行麻栎种子表型性状分析是可行的。

2.5 麻栎群体表型聚类分析

利用欧氏平方距离系数对麻栎群体进行聚类,图1表明:以欧氏距离10为阈值,7个麻栎群体可以划分为2大类,第1类包括山西中条山、辽宁普兰店区、河南桐柏县、云南祥云县群体,第2类包括贵州贵定县、山东黄岛区、河北联峰山群体。

表 5 麻栎群体种子表型性状方差分量及表型分化系数

Table 5 Table of variance components of phenotypic traits and phenotypic differentiation coefficient of *Quercus acutissima* population seeds

表型性状 Phenotypic trait	方差分量 Variance component			方差分量百分比 Percentage of variance component/%			表型分化系数 Phenotypic differentiation coefficient/%
	群体间 Among populations	群体内 Within population	机误 Random errors	群体间 Among populations	群体内 Within population	机误 Random errors	
种子长 Seed length	0.045	0.014	0.031	50.00	15.56	34.44	76.27
种子宽 Seed width	0.030	0.011	0.023	46.88	17.19	35.94	73.17
长宽比 Length-width ratio	0.005	0.001	0.006	41.67	8.33	50.00	83.33
体积 Volume	0.715	0.204	0.615	46.61	13.30	40.09	77.80
表面积 Surface area	2.646	0.740	1.867	50.37	14.09	35.54	78.15
千粒质量 1 000-grain weight	1.018	0.189	0.203	72.20	13.40	14.40	84.34
平均值 Mean	0.743	0.193	0.458	51.29	13.64	35.07	78.84

表 6 麻栎种子表型性状的相关分析和差异显著性检验

Table 6 Correlation analysis and difference significance test of phenotypic traits of *Quercus acutissima* seeds

表型性状 Phenotypic trait	种子长 Seed length	种子宽 Seed width	长宽比 Length-width ratio	体积 Volume	表面积 Surface area	千粒质量 1 000-grain weight
种子长 Seed length	1.000	0.774**	0.136**	0.853**	0.901**	0.696**
种子宽 Seed width		1.000	0.445**	0.907**	0.904**	0.688**
长宽比 Length-width ratio			1.000	0.378**	0.341**	0.289**
体积 Volume				1.000	0.985**	0.703**
表面积 Surface area					1.000	0.716**
千粒质量 1 000-grain weight						1.000

注: **表示在0.01水平上极显著相关。

Note: ** indicates a very significant correlation at level 0.01

3 讨论

3.1 麻栎群体种子表型变异多样性

表型变异既是生物遗传变异最直接的表现形式,也是遗传多样性研究的重要内容之一^[13-14]。通常分布范围广泛的树种都具有丰富的表型变异,本研究以麻栎群体种子为材料进行表型性状变异的分析,可以在一定程度上反映其群体遗传多样性水平^[15-16]。

由巢式方差分析结果可知:7个麻栎群体种子表型性状在群体间和群体内均差异极显著,表明麻栎种子遗传变异较丰富,不同群体的地理环境不同使得麻栎种子性状变异差异明显,为下一步进行优良种源和家系的选择奠定了基础。麻栎群体间的变异大于群体内,这与许洋等^[17]、刘志龙等^[18]及张元燕等^[19]的研究结论相反,可能是与遗传因素和环境因素的共同作用有关。此外,麻栎结实有明显的“大小年”现象,而且不同群体间种子的成熟期不一致,可能会造成个体的差异,所以,群体间的变

异程度也可能与个体的差异有关。各个不同性状中,种子体积的变异系数最大,为28.18%,种子长的变异系数最小,为10.34%,说明种子长这一性状较稳定,这与常恩福等^[20]、梁德洋等^[21]及厉月桥等^[22]对锥连栎和蒙古栎的研究基本上一致。7个群体中,平均变异系数最大的是青岛黄岛区群体,为20.58%,平均变异系数最小的是贵州贵定

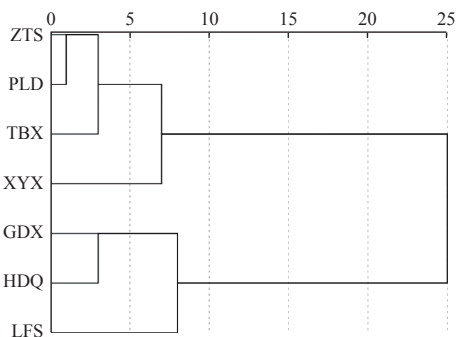


图 1 麻栎群体表型性状聚类树系图

Fig. 1 Cluster tree of phenotypic traits of *Quercus acutissima* population

县群体,为13.17%,说明山东黄岛区麻栎群体的生境条件相对复杂。麻栎群体平均表型分化系数为78.84%,表明麻栎群体表型变异在群体间的贡献率为78.84%,变异来源以群体间为主,群体间差异反映了地理隔离和生殖隔离的差异,群体间多样性是物种内多样性的重要组成部分^[23]。因此,在麻栎种质资源保护工作中应当注意对群体间的变异进行合理利用。

3.2 麻栎表型性状的地理变异

相关性分析结果表明:麻栎种子长和种子宽、千粒质量均呈极显著正相关关系,这与厉月桥等^[24]对不同种源蒙古栎种子表型性状的研究结果相近,说明种子长增加,其种子宽和千粒质量也极显著的增加。根据聚类分析结果,将7个麻栎群体划分成2个组群,发现麻栎群体并没有完全按照地理距离远近而聚类,与地域没有明显相关性,这可能与不同的地理环境有关,此结果与栎属的其他树种白栎^[25]、铁橡栎^[26]和栓皮栎^[27]的种子表型性状的研究基本吻合。千粒质量可以作为检测种子品质的一个指标,千粒质量越大,种子品质越好,将麻栎群体聚成了2类,第1类代表千粒质量大的,包括山西中条山、辽宁普兰店区、河南桐柏县、云南祥云县群体;第2类代表千粒质量较小的,包括贵州贵定县、山东黄岛区、河北联峰山群体。不同种源麻栎种子千粒质量具有一定的地理变异模式,可能与分布区域的环境因素有关,如光照、温度、经纬度、降雨及海拔等因素相互作用造成了不同群体麻栎种子千粒质量的不同变异模式^[28]。

表型变异既受遗传控制,也受环境因素的影响^[29-31],表型多样性是遗传和环境影响的结果。然而,表型变异中有多少遗传成分可以被利用,需要进一步深入研究,下一步有必要选择合适的分子标记开展麻栎分子水平的变异分析,为有效保护麻栎种质资源提供可靠的理论依据,提高麻栎的利用价值。

4 结论

麻栎天然群体种子在群体间和群体内都达到了极显著的水平,其遗传变异较丰富,是遗传因素和环境因素共同作用的结果,且群体间的变异大于群体内。研究表明,各表型性状间呈极显著相关关系。聚类分析将7个群体分为2个组群,与各个群体的地理位置分布无明显相关性。麻栎天然群体

表型变异的研究,为麻栎多样性种质资源保护和利用提供了理论依据。

参考文献:

- [1] Xu L. Developments in population and evolutionary genetics within genus *Quercus* L. [J]. J Nanjing Forestry Uni, 2002, 26(6): 73-77.
- [2] 张建国,段爱国,张俊佩,等.不同品种大果沙棘种子特性研究[J].林业科学研究,2006,19(6):700-705.
- [3] Garrett E. Crow. The systematic significance of seed morphology in *Sagina* (Caryophyllaceae) under scanning electron microscopy [J]. Brittonia, 1979, 31(1): 52-63.
- [4] Barthlott W. Epidermal and seed surface characters of plants, systematic applicability and some evolutionary aspects [J]. Nordic Journal of Botany, 1981, 1(3): 345-355.
- [5] Chuang T I, Heckard L R. Seed coat morphology in *Cordylanthus* (Scrophulariaceae) and its taxonomic significance [J]. American Journal of Botany, 1972, 59(3): 258-265.
- [6] 赵丹.麻栎组培和扦插繁殖技术研究[D].南京:南京林业大学,2010.
- [7] 董章凯,邢世岩,王亚明,等.麻栎半同胞家系苗期特性分析[J].东北林业大学学报,2011,39(4):27-28.
- [8] 董玉峰.麻栎群体内变异性和优良家系、无性系选择研究[D].泰安:山东农业大学,2008.
- [9] 叶青雷,曾宪云.麻栎SRAP-PCR体系优化与遗传多样性分析[J].生物技术,2009,19(3):24-27.
- [10] 彭礼琼,金则新,祁彩虹.麻栎ISSR-PCR扩增条件的优化[J].江苏农业科学,2011,39(4):30-32.
- [11] 葛颂,王明麻,陈岳武.用同工酶研究马尾松群体的遗传结构[J].林业科学,1988,24(4):399-409.
- [12] 顾万春著.统计遗传学[M].北京:科学出版社,2004.
- [13] Pinsky M L, Palumbi S R. Meta-analysis lower genetic diversity in overfished populations [J]. Molecular Ecology, 2014, 23(1): 29-39.
- [14] Soares M P, Weiss G. The Iron age of host-microbe interactions [J]. EMBO Reports, 2015, 16(11): 1482-1500.
- [15] 乔谦,丰震,任红剑,等.元宝枫天然种群种实表型多样性[J].生态学报,2017,36(10):2707-2715.
- [16] 王旭军,张日清,许忠坤,等.红榉不同种源种子形态性状变异[J].中南林业科技大学学报,2015,35(1):1-7.
- [17] 许洋,李迎超,冯慧,等.不同种源麻栎种子表型性状的变异分析[J].林业科技通讯,2015(9):8-12.
- [18] 刘志龙,虞木奎,唐罗忠,等.不同种源麻栎种子形态特征和营养成分含量的差异及聚类分析[J].植物资源与环境学报,2009,18(1):36-41.
- [19] 张元燕,虞木奎,方炎明.麻栎不同种源的表型性状变异分析[J].植物资源与环境学报,2014,23(3):36-44.
- [20] 常恩福,肖桂英,李品荣,等.同一种源锥连栎的种子形态特征及变异[J].西部林业科学,2019,48(2):159-164.
- [21] 梁德洋,蒋路平,张秦徽,等.辽宁省11个蒙古栎种源及家系种子性状变异[J].东北林业大学学报,2019,47(11):1-5.
- [22] 厉月桥,汪泽军,刘亚丽,等.北京延庆蒙古栎天然群体种实性状变

- 异[J]. 林业科技开发, 2012, 26 (6): 24-26.
- [23] Daniel L H, Andrew G C. Principles of population genetics[M]. Sinauer Associates: Inc., Sunderland, U. K., 2017: 1-670.
- [24] 厉月桥, 李迎超, 吴志庄. 不同种源蒙古栎种子表型性状与淀粉含量的变异分析[J]. 林业科学研究, 2013, 26 (4): 528-532.
- [25] 熊仕发, 吴立文, 陈益存, 等. 不同种源白栎果实形态特征和营养成分含量变异分析[J]. 林业科学研究, 2020, 33 (2): 93-102.
- [26] 常恩福, 张 清, 肖桂英, 等. 铁橡栎不同种源及家系种子的形态特征及变异[J]. 种子, 2020, 39 (6): 53-58.
- [27] 陈素传, 肖正东, 金笑龙, 等. 不同种源栓皮栎种子形态和营养成分差异分析[J]. 林业科技开发, 2012, 26 (1): 17-21.
- [28] 韩照祥, 张文辉, 山 仓. 栓皮栎种群的性状分化与地理变异性研究[J]. 西北植物学报, 2005, 25 (9): 1848-1853.
- [29] Milošević T, Milošević N, Glišić I, *et al.* Characteristics of promising apricot(*Prunus armeniaca* L.) genetic resources in Central Serbia based on blossoming period and fruit quality[J]. Horticultural Science, 2010, 37(2): 46-55.
- [30] Mratinić E, Popovski B, Milošević T, *et al.* Analysis of morphological and pomological characteristics of apricot germplasm in FYR Macedonia[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2011, 13(4): 1121-1134.
- [31] Yu H, Liang D, Tian E, *et al.* Plant geographic phenotypic variation drives diversification in its associated community of a phytophagous insect and its arasitoids[J]. Evolutionary Biology, 2018, 18(1): 134-145.

Phenotypic Variation Analysis of *Quercus acutissima* Natural Population Seeds

LYU Feng¹, XIE Xiao-man², HAN Biao², QIAO Jie², DONG Xin²,
WU Dan², LU Lu², LI Wen-qing²

(1. College of Life Science, Shandong Normal University, Ji'nan 250014, Shandong, China;

2. Shandong Tree Germplasm Resource Center, Ji'nan 250101, Shandong, China)

Abstract: [Objective] To reveal the variation and regularity of *Quercus acutissima* seeds and provide references for the conservation and genetic improvement of *Q. acutissima* germplasm resources. [Method] Variance analysis, cluster analysis and correlation analysis were used to analyze and compare the phenotypic traits of *Q. acutissima* seeds from seven natural populations. [Result] Significant differences were found in the length, width, aspect ratio, surface area, volume and thousand-grain quality of *Q. acutissima* seeds among and within groups. The coefficient of variation of each trait ranged from 10.34% to 28.18%, and the average phenotypic differentiation coefficient was 78.84%, indicating that inter-population variation is the main source of variation. The phenotypic traits showed extremely significant correlations; using hierarchical clustering. The seven groups could be divided into two groups. [Conclusion] There are abundant phenotypic variations in *Q. acutissima* seeds among and within these populations, and the result of cluster analysis showed no obvious correlation with the geographical distribution of each population. This study can provide a theoretical basis for the protection and utilization of diversified *Q. acutissima* germplasm resources.

Keywords: *Quercus acutissima*; seed; phenotypic variation

(责任编辑: 张 研)