

# 紫丁香天然群体的等位酶遗传多样性分析

廖卉荣<sup>1</sup> 顾万春<sup>2</sup> 明 军<sup>3</sup>

(1 长江大学人事处 2 中国林业科学研究院林业研究所 3 中国农业科学院蔬菜花卉研究所)

**摘要:**紫丁香是原产中国的重要观赏花木。为了解掌握其种质资源现状,揭示其群体遗传多样性结构,对所采集到的紫丁香4个天然群体进行了等位酶聚丙烯酰胺凝胶电泳分析,从28个酶系统中筛选出6个具有多态性的酶系统,标记了8个多态性基因位点、22个等位基因。种级水平的平均等位基因数( $A$ )为2.7813,平均有效等位基因数( $A_e$ )为2.2438,平均Shannon's信息指数( $I$ )为0.8619,平均期望杂合度( $H_e$ )为0.5443,平均观测杂合度( $H_o$ )为0.5716,固定指数 $F$ 均值为-0.0471(偏离0值),平均遗传分化度 $G_{ST}$ 为0.0845。基因流 $N_m=5.7763$ ,表明遗传漂变未成为刻划群体遗传结构的主导因素之一。各群体的遗传一致度较高,平均值为0.8720,遗传距离平均值为0.1392;群体间遗传距离的非加权算术平均聚类方法(UPGMA)的分析结果,将自然分布区内的紫丁香4个群体分为两组,北部群体聚为同一组,五老峰独立为一组,与其地理分布格局大致吻合。多个等位基因位点与群体环境因子相关显著,表明这些多态性酶位点具有明显的生态适应性意义。

**关键词:**紫丁香;等位酶标记;遗传多样性;天然群体

**中图分类号:**S685.26 **文献标志码:**A **文章编号:**1000-1522(2009)05-0084-06

LIAO Hui-rong<sup>1</sup>; GU Wan-chun<sup>2</sup>; MING Jun<sup>3</sup>. **Determining genetic diversity of natural population of *Syringa oblata* using allozyme markers.** *Journal of Beijing Forestry University* (2009) 31(5) 84-89 [Ch, 32 ref.]

<sup>1</sup> Personnel Department, Yangtze University, Jingzhou City, Hubei Province, 434023, P. R. China;

<sup>2</sup> Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing, 100091, P. R. China;

<sup>3</sup> Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, 100081, P. R. China.

*Syringa oblata* is an important ornamental shrub species native to China. Understanding the genetic diversity of the natural populations could help to develop strategies to conserve their genetic resources. Four natural populations of *S. oblata* were assayed using allozyme markers. Eight polymorphic loci and 22 alleles of 6 enzyme systems were assayed by polyacrylamide gelelectrophoresis. The average number of alleles was 2.7813, the effective number of alleles was 2.2438, Shannon's information index ( $I$ ) was 0.8619, the average expected heterozygosity ( $H_e$ ) was 0.5443, and average observed heterozygosity ( $H_o$ ) was 0.5716. The fixation index  $F$  was -0.0471 deviated from zero. The average population differentiation  $G_{ST}$  was 0.0845, the average gene flow was estimated at 5.7763, indicating that genetic drift was not main factor affecting the genetic structure of populations. The average genetic identity was 0.8720, and the average genetic distance was 0.1392. The UPGMA cluster analysis based on Nei's genetic distance divided the four populations into two major groups: northern 3 populations and Wulaofeng population, generally in consistence with geographic distribution of *S. oblata*. Close correlation was found between some loci and geographic locations, suggesting a possible ecological adaptation based on the detected allozyme variation.

**Key words** *Syringa oblata*; allozyme marker; genetic diversity; natural population

收稿日期:2008-08-18

<http://www.bjfujournal.cn>; <http://journal.bjfu.edu.cn>

**基金项目:**国家社会公益研究项目(2005DIB022)、“十五”国家科技攻关计划项目(2001BA511B10)、国家重大基础性工作项目(2001DEA10002)。

**第一作者:**廖卉荣。主要研究方向:信息统计与分析。电话:0716-8060554 Email: [liaohe@yangtzeu.edu.cn](mailto:liaohe@yangtzeu.edu.cn) 地址:434023 湖北省荆州市南环路1号长江大学人事处。

**责任作者:**明军,博士,研究员。主要研究方向:花卉资源与育种。电话:010-82105945 Email: [mingjunmail@yahoo.com.cn](mailto:mingjunmail@yahoo.com.cn) 地址:100081 北京中关村南大街12号中国农业科学院蔬菜花卉研究所。

等位基因编码的等位酶，一般表现为共显性遗传，等位酶的谱带可作为等位基因的遗传标记。它是基因的生化表现型，可以反映生长发育过程中基因表达的情况。等位酶不仅可用于质量性状，而且也适于数量性状的研究，所以，它在植物系统进化、群体遗传结构和遗传多样性等研究中得到了广泛的应用<sup>[1-3]</sup>。孙振雷等<sup>[4]</sup>应用同工酶技术测定紫丁香 (*Syringa oblata*)、暴马丁香 (*S. reticulata* var. *amurensis*)、红丁香 (*S. villosa*) 及紫丁香变种白丁香 (*S. oblata* var. *affinis*) 的过氧化物酶同工酶，分析其相互间的亲缘关系。但目前尚未见应用等位酶技术分析研究丁香属植物天然群体遗传结构和多样性的报道。

木犀科 (*Oleaceae*) 丁香属 (*Syringa*) 植物是世界著名花灌木，还是一种良好的药材和耐寒优良荒山绿化树种。目前对该属植物的认识已涉及到种质资源的分类、分布、系统进化、生化特性、育种繁殖以及植物药学和园林应用等方面，近年来有关丁香相关文献大多集中在药物学和致敏性方面的研究，缺乏对丁香野生资源状况的系统了解和分析<sup>[5-6]</sup>。中国是丁香属植物的起源中心，其丰富的丁香资源对世界，尤其是对欧、美各国的园林事业起了重要作用。丁香属植物作为观赏树木在欧洲得到了较好的资源选育利用、耐旱和耐寒实验观测以及过敏源研究，获得了大量的优良品种及其类型，使其从一个丁香花资源贫乏的地区变成了丁香栽培种类丰富的地区，现丁香园艺品种超过 2 000 个，其中，仅以分布最广的紫丁香为亲本选育的品种达近千个之多<sup>[5]</sup>。

紫丁香是丁香属中分布最广的种之一，由于过去对紫丁香认识不够，在用材和经济林等开发中，作为杂灌木被清除，使得许多原有的分布区域内已经很难找到它的踪迹，我们依据文献和标本记载的 21 个分布点进行野外采样时，仅采集到保存相对基本完好的天然次生群体 4 个，残缺群体 5 个，其资源受损状况远超出我们的意料。基于该物种的“珍稀濒危”性，本研究以紫丁香自然分布区内采集到的 4 个紫丁香天然群体进行了取样，分析了 6 个酶系统的等位基因酶谱，试图了解紫丁香等位酶的等位基因频率分布规律及其遗传多样性，分析其现存天然群体种质资源的群体遗传多样性和群体遗传结构，为紫丁香遗传资源多样性保护和利用研究提供参考。

# 1 材料与amp;方法

## 1.1 试验材料

在紫丁香天然分布区内取位于山西五老峰、内蒙古大黑山、辽宁喀左和辽宁北票的 4 个群体为紫

丁香拟似群体，每个群体选取不少于 30 个间隔不低于 5 倍株高的单株 (丛) 采样，从中再随机选 24 个单株作为本试验供试样品。采样群体的地理位置及取样母树状况见表 1。残缺群体由于样本数量和采样条件不足，未列入相关分析。

本试验样本的群体、家系和个体样本与表型和 AFLP-DNA 分子标记研究为同一套试材<sup>[7-8]</sup>。

表 1 紫丁香采样群体的地理位置及取样母树状况

TABLE 1 Geographic locations and information of populations sampled in the present study				
项目	群体			
	大黑山	北票	喀左	五老峰
经度/(°)	118.97E	120.40E	120.00E	110.30E
纬度/(°)	42.27N	41.55N	41.35N	34.80N
海拔/m	571	171~700	171~700	100~1 900
年均温/℃	6.8	8.3	8.3	10.7
年均降水量/mm	358.1	507.1	507.1	453.5
坡度/(°)	30~45	30~45	30~40	45~65
坡向	N	S, EN	SW	N
地貌类型	低山区	低山区	低山区	中高山区
土壤厚度/cm	5~20	5~50	5~50	5~20
采样株数	34	36	34	38
植株高/m	1.30±0.41	1.54±0.17	1.04±0.24	4.08±0.79
平均地径/cm	1.34±0.41	1.55±0.37	0.87±0.33	14.90±1.94
冠幅/m	EW	1.91±0.37	3.38±0.78	1.30±0.31
	SN	1.80±0.53	3.30±0.52	1.40±0.24
				4.25±0.85

## 1.2 同工酶电泳、染色和酶系统筛选

本试验采用不连续聚丙烯酰胺凝胶系统。分离胶浓度为 7.5% (pH 8.9)，浓缩胶浓度为 3.75% (pH 6.7)，电极缓冲液为 Tris-Gly 缓冲液 (pH 8.3)。同工酶电泳恒温循环装置 (Yuamoto Neocool Dip BE200) 预冷到 2.0℃，上样量每泳道为 10 μL，采取 B·P·B 标记的恒流 103 mA 电泳，37℃ 恒温避光温育。依据不同酶染色，4℃ 过夜 (或 8 h) 固定后封胶。

从 28 个酶系统中筛选出 6 个谱带清晰的酶系统 (见表 2) 进行本次试验。

表 2 酶系统及每个酶系统检测到位点数

TABLE 2 Enzyme systems assayed and loci detected in <i>S. oblata</i>				
序号	酶系统	缩写	EC 代号	位点数
1	丙氨酸氨酐酶	AAP	E.C.3.4.11.1	2
2	氨基肽酶	LAP (AMP)	E.C.3.4.11.1	1~3
3	还原型辅酶 I 心肌黄酶	DIA	E.C.1.6.2.2	2
4	酯酶	EST	E.C.3.1.1. —	2~10
5	谷氨酸脱氢酶	GDH	E.C.1.4.1.2	1
6	维生素 K-3 还原酶	MNR	E.C.1.6.99.2	2

## 1.3 数据处理和遗传分析

以各基因位点的等位基因频率为基本数据，等位基因频率计算<sup>[1]</sup>，统计基因型谱带汇入记录表，采用 Nei<sup>[9]</sup> 的定义，使用 Popgen32 计算出紫丁香各群

体的等位基因频率。

用下述参数进行遗传学方面的分析:① 每个位点平均等位基因数  $A$ ; ②每个位点有效等位基因数  $A_e$ ; ③多态位点百分率  $P$ ; ④平均观测杂合度  $H_o$ ; ⑤平均期望杂合度  $H_e$ , 种内群体间遗传分化采用 Wright 的  $F$  统计量法  $(1-F_{is})(1-F_{st})=1-F_{it}$  来度量<sup>[10]</sup> ( $F_{st}$  为亚群间近交系数,  $F_{is}$  为亚群内近交系数,  $F_{it}$  为总群体的近交系数); ⑥固定指数  $F$ ; 根据  $F=1-H_o/H_e$  计算各群体固定指数<sup>[11]</sup>; ⑦Nei's(72) 遗传距离和遗传一致度, 并应用 NTSYSpc2.1t 软件进行 UPGMA 聚类分析, UPGMA 法构建出表征图<sup>[12]</sup>; ⑧应用 Nei 基因多度法<sup>[11]</sup> 计算遗传分化度 ( $G_{ST}$ ), 其关系式为  $G_{ST}=D_{ST}/H_T$  ( $H_T=H_S+D_{ST}$ ,  $H_T$  为群体杂和度,  $D_{ST}$  为亚群体间基因杂和度,  $H_S$  为亚群体内杂和度); ⑨按照 Wright 计算反映基因流强度的群体每代迁移数 ( $Nm$ )<sup>[13]</sup>, 其关系式为:  $F_{st}=1/(1+4Nm)$ ,  $Nm=(1-F_{st})/(4F_{st})$ , 在此,  $F_{st}$  值等同于  $G_{ST}$ <sup>[14]</sup>; ⑩ Shannon's 遗传多样性指数  $I$ 。

2 结果与分析

2.1 群体遗传多样性、群体间遗传分化与基因流

对 4 个群体的 8 个等位基因位点检测结果表明:种级水平的每个位点的平均等位基因数  $A$  为 2.781 3, 有效等位基因数  $A_e$  为 2.243 8, Shannon's 信息指数 ( $I$ ) 群体间平均为 0.861 9, 多态位点百分率  $P$  为 100%; 高于紫丁香 AFLP-DNA 标记的  $I$  值 (0.35)<sup>[7]</sup>, 在同工酶标记的群体遗传多样性中属较高水平<sup>[14]</sup>。各群体的遗传变异见表 3, 群体在不同位点上的基因多样性的构成和遗传分化结果见表 4。

检验分析显示:  $aap^{-2}$ 、 $dia^{-1}$ 、 $gdh$ 、 $mnr$  和  $est^{-2}$ , 5 个多态位点的观测杂合度 Chi-square 检验和相似率检验符合 Hardy-Weinberg 平衡,  $aap^{-1}$ 、 $dia^{-2}$ 、 $lap$  不符合 Hardy-Weinberg 平衡。紫丁香 4 个群体的单位点杂合度和群体内杂合度平均值分别为: 0.504 2 和 0.533 0, 明显高于广布种的种级和居群水平的平均值 (0.202 和 0.159), 属较高水平<sup>[14]</sup>。

表 3 4 个群体内 8 个等位基因位点的遗传变异及群体内杂合度  
TABLE 3 Genetic variation and heterozygosity statistics for all loci of 4 populations

参数	群体			
	喀左	大黑山	北票	五老峰
等位基因数 $A$	2.625 0±0.517 5	3.000 0±0.000 0	2.875 0±0.353 6	2.625 0±0.517 5
有效等位基因数 $A_e$	2.183 9±0.369 6	2.431 1±0.313 8	2.493 4±0.394 0	1.866 8±0.481 1
Shannon's 信息指数 $I$	0.824 1±0.169 7	0.959 3±0.121 2	0.953 3±0.142 9	0.710 7±0.269 0
观测杂合度 $H_o$	0.515 6±0.299 6	0.734 4±0.240 8	0.583 3±0.195 4	0.453 1±0.268 6
期望杂合度 $H_e$	0.542 2±0.077 8	0.593 5±0.068 4	0.602 4±0.067 5	0.439 2±0.166 1
Nei 杂合度	0.530 9±0.076 2	0.581 2±0.067 0	0.589 8±0.066 1	0.430 0±0.162 7
固定指数 $F$	0.049 0	-0.237 4	0.031 7	-0.031 6

表 4 4 个群体在不同位点上的基因多样性的构成和遗传分化  
TABLE 4 Composing of heterozygosity and gene flow of 4 populations for all loci

位点	观测杂合度	期望杂合度	Nei 杂合度	平均杂合度	固定指数	配子贡献度	遗传分化度	基因流
$aap^{-1}$	0.625 0	0.595 4	0.591 6	0.541 6	-0.154 1	-0.056 4	0.084 6	2.703 6
$aap^{-2}$	0.525 0	0.483 0	0.480 0	0.470 6	-0.115 5	-0.093 8	0.019 5	12.550 0
$dia^{-1}$	0.550 0	0.634 4	0.630 4	0.508 1	-0.082 4	0.127 5	0.194 0	1.039 0
$dia^{-2}$	0.575 0	0.627 4	0.623 5	0.526 6	-0.092 0	0.077 8	0.155 5	1.357 8
$gdh$	0.400 0	0.457 9	0.455 0	0.444 4	0.099 9	0.120 9	0.023 4	10.455 9
$mnr$	0.675 0	0.536 1	0.532 7	0.506 2	-0.333 3	-0.267 0	0.049 7	4.778 8
$est^{-2}$	0.587 5	0.612 3	0.608 4	0.595 6	0.013 6	0.034 4	0.021 1	11.622 0
$lap$	0.725 0	0.508 5	0.505 3	0.440 6	-0.645 4	-0.434 8	0.128 0	1.702 9
平均	0.582 8	0.556 9	0.553 4	0.504 2	-0.163 1	-0.061 4	0.084 5	5.776 3

紫丁香群体间的遗传分化度  $G_{ST}=0.084 5$ , 低于 Hamrick 总结的多年生木本植物的平均值  $G_{ST}=0.141\pm 0.049$ <sup>[15]</sup>, 与短寿多年生木本植物相当 (0.088)<sup>[14]</sup>。

2.2 群体间的遗传距离

各群体的 Nei's (72) 遗传一致度平均值为 0.872 0 (变幅为 0.781 5~0.944 0), Nei's (72) 遗传

距离平均值为 0.139 2 (变幅为 0.057 7~0.216 6)。其中, 遗传距离最大是五老峰与大黑山 0.216 6, 最小是大黑山与喀左 0.057 7。从样本分布的地理位置看: 五老峰与喀左和大黑山的地理距离最远, 遗传距离亦最大; 大黑山和喀左的地理距离最小, 遗传距离也最小。根据各群体间的 Nei 遗传距离, 采用非

加权算术平均聚类方法(UPGMA)对紫丁香 4 个群体进行聚类分析(图 1),总的趋势是与其地理分布格局大致吻合。

2.3 等位基因与群体环境因子的相关性

由表 5 可知:  $lap^{-c}$  和  $lap^{-b}$ 、 $mnr^{-c}$ 、 $est^{-2-b}$  与经度,  $lap^{-a}$ 、 $est^{-2-c}$  和  $lap^{-b}$ 、 $lap^{-c}$ 、 $mnr^{-c}$  与纬度,  $gdh^{-b}$ 、 $mnr^{-a}$ 、 $est^{-2-b}$  和  $gdh^{-a}$ 、 $lap^{-a}$  分别与年均温呈极显著和显著正(负)相关;  $est^{-2-b}$ 、 $mnr^{-a}$  与年降水呈显著正(负)相关;  $dia^{-2}$  与株高和地径呈显著正(负)相关。

表 5 等位基因与群体环境因子的相关性

TABLE 5 Relationship between locus and ecological factors in spatial distribution							
位点		经度	纬度	年均温	年降水	植株高	平均地径
$aap^{-1}$	a	0.858 9	-0.783 4	0.921 3	-0.348 9	0.871 9	-0.816 7
	b	-0.722 3	0.433 8	-0.921 3	0.642 8	-0.871 9	0.798 1
	c	0.391 4	-0.870 1	0.931 0	0.447 9	0.736 4	-0.919 4
$aap^{-2}$	a	-0.778 2	0.870 1	0.174 2	-0.756 0	-0.897 0	0.893 6
	b	0.778 2	-0.786 9	-0.815 2	0.397 1	0.878 7	-0.710 3
$dia^{-1}$	a	-0.634 4	-0.004 5	-0.550 6	-0.067 6	-0.718 7	0.204 2
	b	0.108 9	0.604 8	0.669 3	-0.826 0	0.294 2	0.729 1
	c	0.391 4	-0.870 1	0.931 0	0.447 9	0.736 4	-0.919 4
$dia^{-2}$	a	0.850 7	-0.772 1	0.681 3	0.092 2	-0.989 4*	0.980 9*
	b	-0.788 5	0.194 5	-0.681 3	-0.311 4	0.957 7*	-0.971 5*
	c	-0.778 4	-0.302 6	-0.785 7	-0.866 0	0.954 9*	-0.973 0*
$gdh$	a	-0.773 6	0.765 0	-0.983 8*	0.399 6		
	b	0.773 6	-0.790 9	0.996 6**	-0.672 7		
$mnr$	a	0.763 6	-0.878 8	0.993 4**	0.9707*		
	b	0.885 7	-0.944 8	0.372 3	0.509 5		
	c	0.988 0*	-0.996 1*	0.000 0	-0.803 0		
$est^{-2}$	a	0.619 3	-0.207 6	-0.898 8	0.049 9		
	b	0.961 7*	0.026 0	-1.000 0**	-0.989 2*		
	c	-0.693 6	0.993 6**	-0.924 4			
$lap$	a	-0.823 3	0.999 7**	-0.982 0*			
	b	-0.975 2*	0.988 9*				
	c	-0.993 7**	0.986 6*				

注: \*\* 显著水平  $\alpha=0.01$ , \* 显著水平  $\alpha=0.05$ 。

3 结论与讨论

紫丁香曾经是丁香属中分布最广的种之一,由于过去缺乏认识,人为干预破坏,造成现在天然群体缺失明显。虽然有部分人工栽培群体广泛分布于世界各地城镇园林,但是,大多来源单一,遗传基础较窄。同时,栽培品种选育一般基于栽培群体,所以,一方面天然群体不断丧失,另一方面栽培群体遗传基础较窄。因此,加强该种类保育工作,对保护其种群遗传多样性非常必要。而丁香属植物群体遗传多样性方面研究报道仅见明军等<sup>[7-8]</sup>的两篇文献。

应用等位酶标记技术研究丁香,仅见用聚丙烯酰胺凝胶电泳测定过氧化物酶同工酶,分析 3 个种和 1 个变种的亲缘关系的报道<sup>[4]</sup>,以及应用核糖体 DNA ITS 和 ETS 序列信息进行的丁香属系统演化研

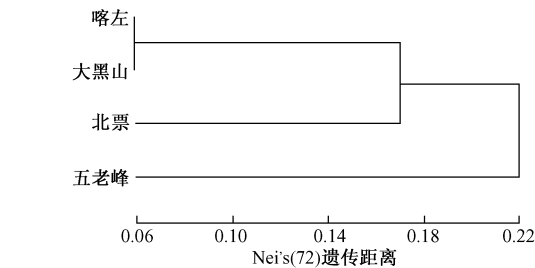


图 1 基于 Nei's(72)遗传距离的紫丁香 4 个群体聚类图  
FIGURE 1 UPGMA cluster based on Nei's(72)original measures of genetic distance of 4 populations

究<sup>[16-17]</sup>。  
3.1 紫丁香天然群体的遗传多样性与遗传分化  
本研究显示,紫丁香天然群体内的杂合度和遗传多样性水平在植物中属较高水平。影响遗传多样性的因素很多,其中自身的交配系统和外部生长环境是影响它的两个主要因素。一般认为异交率高的种为广布种,自交种常常分布于有限区域<sup>[18-19]</sup>。种的分布区域与遗传多样性呈正相关,一般而言,广泛分布且大范围传播种子的种趋向于拥有更高的遗传多样性,而且,杂合度越高群体对环境适应能力和生存能力越强<sup>[20]</sup>。丁香花具有强烈浓重香味,是典型的虫媒传粉植物,且自然分布范围较广的树种,这可能是该树种遗传多样性较高的原因。  
Ellstrand 等<sup>[21]</sup>认为  $G_{ST}>0.1$  意味着群体间变异程度高。紫丁香的  $lap$  (0.128 0)、 $dia^{-1}$  (0.194 0)、

*dia-2*(0.155 5)3 个位点的  $G_{ST}>0.1$ , 其余 5 个位点的  $G_{ST}<0.1$ , 平均值为 0.084 5, 低于蒙古栎 (*Quercus mongolica*) ( $G_{ST} = 0.107 3$ )<sup>[22]</sup>、芸苔 (*Brassica campestris*) 组 5 种植物 ( $G_{ST} = 0.30\sim0.37$ )<sup>[23]</sup> 及兰花 (*Cymbidium goeringii*) ( $G_{ST} = 0.098$ )<sup>[24]</sup>, 与欧洲榛 (*Corylus avellana*) 的平均值(0.089)相当<sup>[25]</sup>, 表明同工酶检测的紫丁香群体分化不高。

群体间分化小于该种表型分析的表型分化系数  $V_{ST}$ (0.439 3) 和 AFLP-DNA 分析的  $G_{ST}$ (0.350 8)<sup>[7-8]</sup>。产生差异的原因可能是同工酶变异只反映编码蛋白基因, 编码序列可在较大的选择压下维持功能的序列。而 DNA 分子标记能够检测出编码和非编码变异, 包括小的、重复、随机序列突变均可能在非编码序列区累积并被检测出来。表型变异包含了遗传与环境双重因素产生的差异, 所以, DNA 和表型标记检测的群体间变异有可能大于同工酶标记的变异<sup>[26]</sup>。

3.2 紫丁香群体的基因流、遗传距离和地理隔离

群体之间的基因流用群体每代迁移数 ( $N_m$ ) 来度量, 若每代迁入个数  $N_m>1$ , 基因流就足以抵制遗传漂变的作用, 也同时防止了群体分化的发生; 若  $N_m<1$ , 漂变就成为刻划群体遗传结构的主导因素<sup>[27-28]</sup>。本研究结果显示, 8 个多态位点的  $N_m$  平均值为 5.776 3, 高于蒙古栎(2.079 9)<sup>[22]</sup>。表明遗传漂变未成为刻划群体遗传结构的主导因素之一。

内蒙古大黑山与辽宁北票相距约 100 km, 北方 3 个群体距山西五老峰直线距离约 1 140 km, 其间有黄河、燕山山脉等河流、山脉阻隔。以 AFLP 标记的  $Nei^{[11]}$  遗传距离系数与形态标记的  $Dist$  平均分类距离系数和同工酶标记的  $Nei's(72)$  遗传距离的聚类分析结果均显示与群体间地理距离关系一致<sup>[7-8, 29]</sup>。形态上, 南北群体植株平均树高、冠幅和地径等性状差异极显著<sup>[7]</sup>。显然, 南北群体之间应有形态和遗传距离处于变异中间阶段的群体存在, 但是, 历史文献记载的群落现已缺失, 使得现有群体大多数为相对孤立群体, 生境片段化使群体在空间上相对隔离, 形成“岛式”分布。紫丁香虽为虫媒异花授粉植物, 但其花器构造为: 花筒长, 雄蕊无花丝而紧贴于花筒内壁上, 位于花冠内部; 花柱很短, 具有自花授粉植物特征。吴国良等<sup>[30]</sup> 试验显示紫丁香的自交结实率高达 70.9%。因此, 在个体、种子、花粉等迁移能力不变, 而同时存在自交的情况下, 由于群体缺失和地理空间隔离, 基因流将降低, 遗传漂变增大, 从而可能导致群体间遗传分化逐代增大。AFLP 标记的试验结果显示群体间遗传变异方差分量的贡献率高达 51.53%, 表明 DNA 变异分化已出现加大的趋

势<sup>[8]</sup>。由此可以推测: 群体缺失导致了种群分布的间断性和地理隔离, 使花粉的长距离传播和种子向外扩展均受到阻隔; 虽然缺失区域内有人工群体存在, 但是, 由于人工群体的遗传一致度高, 仍然增加了群体内自交后代出现的几率, 其群体间基因流的强度可能降低, 遗传漂变增大, 会逐步表现出物种群体遗传结构出现群体间差异加大, 群体内一致度相对增高的结果。

3.3 紫丁香种群中等位酶位点与环境因子的关联性

Nevo 等<sup>[31]</sup> 指出, 蛋白在天然群体中的变异在大小两个尺度上均可发现其变异式样常常与生态因子显著关联。本试验中多个等位基因分别与经度、纬度、年均温、年降水呈显著正(负)相关; *dia-2* 与株高和地径相关显著。其中, 谷氨酸脱氨酶(GDH)主要存在于线粒体内, 以烟酰胺腺嘌呤二核苷酸(NADH)为辅酶, 存在 7 种同工酶形式。它在植物的衰老过程及逆境如高温和水分胁迫等状况下行使其铵同化功能, 但在黑暗或碳胁迫条件下又能氧化脱铵从而为三羧酸循环提供碳骨架<sup>[32]</sup>。本试验结果显示 *gdh-b* 和 *gdh-a* 分别与年均温呈极显著正相关和显著负相关, 表明是一个调节适应环境温度酶系统, 与对酶的生态功能适应性研究结论一致。由此说明, 这些多态性酶位点具有明显的生态适应性意义。

4 建 议

天然群体的遗传变异和遗传多样性是基因流和选择等综合作用的结果。同种植物各个群体空间上的隔离、突变、环境因子造成的选择差、随机遗传漂变、基因流的隔离等都能导致群体基因结构的空间异质性, 从而促进群体分化。因此, 紫丁香天然群体缺失造成的现有分布的间断性和地理隔离以及可能存在的高自交能力就可能导致其群体间的分化进一步增加, 最终导致遗传多样性和种群稳定性下降。由此, 保护现有群体的完整性是紫丁香遗传多样性保护首要措施和任务。

由于紫丁香群体内分化大, 在筛选优良变异亲本时, 可以在群体内加大选择强度。在群体内选择的基础上, 不同群体的选择也具有重要意义。

今后丁香种质资源研究应在充分利用世界研究成果的基础上, 加强天然资源清理、收集、保护和致敏性等方面工作, 摸清家底, 选育花色丰富, 不引起人体过敏的优良品种和有效药用成分含量高的材料。

参 考 文 献

[1] 王中仁: 植物等位酶分析[M]. 北京: 科学出版社, 1996.

[ 2 ] 周世良, 张方, 王中仁. 等位酶淀粉凝胶电泳技术中的几个应引起重视的问题[J]. 植物学通报, 1998, 15(5): 68-72.

[ 3 ] HAMRICK J C, GODT M J W. Allozyme diversity in plant species [M]// BROWN A H D, CLEGG M T, KAHLER A L, et al. *Plant population genetics, breeding, and genetic resources*. Sunderland, MA: Sinauer Associates Inc, 1990, 43-63.

[ 4 ] 孙振雷, 刘海学, 雷虹, 等. 丁香属种、变种过氧化物酶同工酶分析[J]. 哲里木畜牧学院学报, 1998, 8(3): 16-19.

[ 5 ] 臧淑英, 崔洪霞. 丁香花[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2000.

[ 6 ] 明军, 顾万春, 刘春, 等. 丁香属植物种质资源研究概况[J]. 世界林业研究, 2007, 20(3): 20-26.

[ 7 ] 明军, 顾万春. 紫丁香表型多样性研究[J]. 林业科学研究, 2006, 19(2): 199-204.

[ 8 ] 明军, 顾万春. 紫丁香天然群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 园艺学报, 2006, 33(6): 1 269-1 274.

[ 9 ] NEI M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. *Genetics*, 1978, 89, 583-590.

[10] WRIGHT S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating [J]. *Evolution*, 1965, 19(3): 395-420.

[11] NEI M. Analysis of gene diversity in subdivided population [J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1973, 70(12): 3 321-3 323.

[12] 徐克学. 生物数学[M]. 北京: 科学出版社, 1981: 101-115.

[13] WRIGHT S. The genetical structure of population [J]. *Ann Eugen*, 1951, 15, 323-354.

[14] 葛颂. 同工酶与植物进化生物学研究[C]//陈家宽, 杨继. 植物进化生物学. 武汉: 武汉大学出版社, 1994: 153-208.

[15] HAMRICK J L, GODT M J W, SHERMAN-BROYES S L. Factors influencing levels diversity in woody plant species [J]. *New Forest*, 1992(6): 95-124.

[16] LI J H, JOHN H A, DONHLIN Z. Paraphyletic *Syringa* (Oleaceae): Evidence from sequences of nuclear ribosomal DNA ITS and ETS regions[J]. *Systematic Botany*, 2002, 27(3): 592-597.

[17] KIM K J, JANSEN R K. A chloroplast DNA phylogeny of lilacs (*Syringa*, Oleaceae): Plastome groups show a strong correlation with crossing groups [J]. *American Journal of Botany*, 1998, 85, 1 338-1 351.

[18] BAKER H. Reproductive methods as factors in speciation in flowering plants [J]. *Cold Spring Harbour Symposia on Quantitative Biology*, 1959, 24, 177-191.

[19] STEBBINS G L. Self fertilization and population variation in the higher plants [J]. *Amer Naturalist*, 1957, 91, 337-354.

[20] 向志强, 刘玉成, 杜道林. 海南粗榧 (*Cephalotaxus mannii* Hk. f.) 5 个种群遗传多样性及分化研究[J]. 武汉植物学研究, 2001, 19(3): 220-224.

[21] ELLSTRAND N C, ELAM D R. Population genetic consequences of small population size: Implications for plant conservation [J]. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 1993, 24, 217-242.

[22] 李文英, 顾万春. 蒙古栎天然群体等位酶遗传多样性研究[J]. 林业科学研究, 2003, 16(3): 269-276.

[23] GERACI A, CHÉVER A M, DIVARET I, et al. Isozyme analysis of genetic diversity in wild Sicilian populations of *Brassica* sect. *Brassica* in view of genetic resources management [J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2004, 51(2): 137-146.

[24] CHUNG M Y, CHUNG M G. Allozyme diversity and population structure in Korean populations of *Cymbidium goeringii* (Orchidaceae) [J]. *J Plant Res*, 1999, 112(2): 139-144.

[25] PERSSON H, WIDEN B, ANDERSSON S, et al. Allozyme diversity and genetic structure of marginal and central populations of *Corylus avellana* L. (Betulaceae) in Europe [J]. *Plant Syst Evol*, 2004, 244, 157-179.

[26] SUN G L, İYAZ O, SALOMON B, et al. Genetic diversity in *Elymus caninus* as revealed by isozyme, RAPD, and microsatellite markers [J]. *Genome*, 1999, 42(3): 420-431.

[27] SLATKIN M. Rare alleles as indicators of gene flow [J]. *Evolution*, 1985, 39, 52-65.

[28] HAMRICK J L. Gene flow among plant population: Evidence from genetic markers [M]//HOCH D C, STEPHONO A G. *Experimental and molecular approaches to plant biosystematics*. St. Louis, USA: Missouri Botanical Garden, 1995: 215-232.

[29] 明军, 顾万春. 紫丁香群体遗传多样性的表型、同位酶和 AFLP-DNA 标记耦合分析[C]//张启翔. 中国观赏园艺研究进展. 北京: 中国林业出版社, 2005: 105-110.

[30] 吴国良, 杨志红, 刘群龙. 丁香开花授粉生物学特性研究[J]. 北京林业大学学报, 1998, 20(2): 118-120.

[31] NEVO E, APELBAUM-ELKAHER I, GARTY J, et al. Natural selection causes microscale allozyme diversity in wild barley and a lichen at 'Evolution Canyon', Mt. Carmel, Israel [J]. *Heredity*, 1997, 78(4): 373-382.

[32] 黄国存, 田波. 高等植物中的谷氨酸脱氢酶及其生理作用[J]. 植物学通报, 2001, 18(4): 396-401.

(责任编辑 董晓燕)