

大兴安岭北段天然樟子松林遗传多样性与主要生态因子的相关性研究

周志强 郝雨 刘彤 姜静
(东北林业大学林学院)

摘要: 该文利用ISSR技术分析了大兴安岭北段4个不同海拔梯度、3个不同群落及3个纬度梯度的樟子松天然林群体的遗传多样性及遗传分化。16个筛选出的随机引物在3组共240株个体中,分别检测出162、156和169个多态位点,总多态位点的百分率分别达到85.26%、82.11%和88.95%,樟子松天然林群体具有较高的遗传多样性。在海拔、群落和纬度等不同的尺度上,樟子松天然林群体间的遗传变异较低,遗传变异多来自群体内部。海拔及纬度因子显著影响樟子松天然林群体的遗传多样性水平,不同群落类型对群体的遗传多样性影响不大。

关键词: 樟子松, 遗传多样性, 海拔, 纬度, 群落类型

中图分类号:S791.253; S718.51 文献标识码:A 文章编号:1000-1522(2006)06-0022-06

ZHOU Zhi-qiang; HAO Yu; LIU Tong; JIANG Jing. **Corelativity analysis between the main ecological factors and genetic diversity of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* population in the north part of Great Xing'an Mountains.** *Journal of Beijing Forestry University* (2006) 28(6) 22-27 [Ch, 25 ref.] School of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin, 150040, P. R. China.

The genetic diversity of different natural *Pinus sylvestris* var. *mongolica* populations was analyzed along four altitude grades, three community types and three latitude grades by using ISSR DNA technique. Sixteen arbitrary primers were selected in the amplification, 162, 156 and 169 polymorphic loci were produced in three groups with 240 sampled individuals. The total percentages of polymorphic loci reached 85.26%, 82.11% and 88.95% in three groups, which indicated the higher genetic diversity of natural *P. sylvestris* var. *mongolica* populations in the study area. Along the altitude, community and latitude factors, the genetic variations among the populations were relatively low. The genetic variations were mainly occurred within *P. sylvestris* var. *mongolica* populations. Genetic diversity of *P. sylvestris* var. *mongolica* was notably affected by the altitude and latitude, and little influenced by the community types in the study area.

Key words *Pinus sylvestris* var. *mongolica*, genetic diversity, altitude, latitude, community types

随着DNA测定与分析技术的日臻成熟与完善,遗传多样性研究日益成为生物多样性研究的热点^[1-4]。在遗传多样性研究对象日益丰富的同时,很多学者开始借助DNA指纹测定技术,研究种源以外的生态因子对物种生物多样性的影响^[5-6]。

樟子松(*Pinus sylvestris* var. *mongolica*)是广布于欧亚大陆的欧洲赤松(*Pinus sylvestris*)最东部的一个地理变种,在我国境内,樟子松又分为沙地樟子松和山地樟子松。天然山地樟子松林目前仅存于大兴安岭东坡、伊勒呼里山以北的大兴安岭林区。由于具有

耐干旱、适应性强、生长迅速等生态生物学特性,樟子松已经成为我国北方,尤其是干旱地区的主要造林树种和用材树种。樟子松也是优良的种质资源,但由于采伐破坏,天然种群日渐稀少,已经被列入中国植物红皮书,1999年被国家林业局确认为Ⅲ级保护物种。早在20世纪60年代初,就有学者开始对樟子松进行了相关的研究,但研究内容多集中在樟子松的生态生物特性^[7-14]、育苗及造林技术^[15-16]、病虫害及防治^[17-18]、遗传改良及种源实验^[19-25]、木材加工等方面,且研究对象多以沙地樟子松为主。有关樟子松

收稿日期:2005-09-23

<http://journal.bjfu.edu.cn>

基金项目:黑龙江省青年基金项目(QC03C23)、黑龙江省博士后基金资助。

第一作者:周志强,博士,副教授,主要研究方向:恢复生态学、植被生态学。电话:0451-82192156 Email: frauliutong@yahoo.com.cn 地址:150040 哈尔滨市东北林业大学林学院。

遗传多样性的研究报道不多,研究内容主要以樟子松种群的遗传丰度,不同种源间的遗传变异规律等为主^[25]。

本文选择大兴安岭北段天然樟子松林为研究对象,在研究不同区域的樟子松遗传多样性的同时,探讨了该种在不同海拔和群落等生态梯度上的遗传多样性差异,为进一步揭示该种质资源的遗传多样性,促进对这一物种的保护,提供科学依据。

1 研究地点概况

研究地点位于大兴安岭地区塔河县和加格达奇市,该区属寒温带大陆性气候,年均温 -2.8°C , $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 年积温 1600°C 左右,极端最低气温 -45.8°C ,无霜期不足 100 d ,年平均降水量 420 mm 左右,植被以寒温带明亮针叶林——兴安落叶松(*Larix gmelini*)林为主,兼有山地樟子松林、白桦(*Betula platyphylla*)林等。土壤主要是棕色针叶林土,常有草

甸化和沼泽化,并有永冻层存在。

2 研究方法

2.1 野外取样

本文是在前期对天然山地樟子松植被生态研究^[24]的基础上开展研究。因此,野外取样是在旧有样地的基础上,根据樟子松天然林的生境、群落和分布的特性,于2004年夏、秋两季,按照4个海拔梯度、3个群落梯度和3个纬度梯度组成各梯度组,在天然樟子松林集中分布区蒙克山、塔林、盘古、沿江、二十二站等地的天然樟子松种群中,间隔 10 m 以上分别随机选取胸径 $\geq 8\text{ cm}$ 、生长良好的10个天然种群,共240个天然樟子松林样株的1年生枝条上无病害的嫩叶,在 $0\sim 4^{\circ}\text{C}$ 保温带回实验室,用蒸馏水洗净针叶样品,擦净叶片上的水,贮存于 -70°C 冰箱中(见表1)。

表1 10个樟子松群体的生态特征变量

TABLE 1 Variables of ecological characteristics in ten *P. sylvestris* var. *mongolica* populations

环境条件	地点	海拔/m	坡向	坡度/°	地理坐标	群落类型
(海拔梯度)	P1	图强	>700	NW	42 N: $52^{\circ}30'$ E: $122^{\circ}18'$	草类-樟子松林
	P2	盘古	700~500	SE	33 N: $53^{\circ}28'$ E: $123^{\circ}59'$	草类-樟子松林
	P3	蒙克山	500~300	NE	35 N: $51^{\circ}30'$ E: $124^{\circ}22'$	草类-樟子松林
	P4	二十二站	<300	E	20 N: $53^{\circ}50'$ E: $124^{\circ}02'$	草类-樟子松林
(群落梯度)	C1	塔林	746	NE	30 N: $51^{\circ}45'$ E: $123^{\circ}50'$	杜香(<i>Ledum palustre</i>)-樟子松林
	C2	瓦拉干	568	NW	28 N: $52^{\circ}11'$ E: $124^{\circ}46'$	杜鹃(<i>rhododendron dauricum</i>)-樟子松林
	C3	塔河	448	NE	35 N: $51^{\circ}32'$ E: $124^{\circ}59'$	草类-樟子松林
(纬度梯度)	H1	加格达奇	460	SE	23 N: $50^{\circ}25'$ E: $124^{\circ}07'$	杜鹃-樟子松林
	H2	二十二站	422	SE	18 N: $52^{\circ}30'$ E: $123^{\circ}58'$	杜鹃-樟子松林
	H3	沿江	296	NE	32 N: $53^{\circ}08'$ E: $123^{\circ}30'$	杜鹃-樟子松林

2.2 DNA 提取

樟子松基因组DNA的提取与纯化采用改良CTAB法^[25]。提取的DNA用GeneQuant pro对浓度和纯度进行检测。

2.3 PCR 扩增与产物鉴定

对购入的随机引物进行筛选,通过记录的DNA电泳图像,筛选出扩增条带清晰、重复性好的引物用于正式的PCR扩增。扩增反应在Perkin-Elmer 9700扩增仪上进行。经实验证实较好的扩增条件为每20 μL 反应体系含 1.5 mmol/L MgCl_2 、 $1\times\text{PCR 缓冲液}$ 、 $0.2\text{ mmol/L 4\times dNTP}$ 、 0.5 pmol/L 引物 (由TaKaRa公司合成)、 1.5 U DNA 聚合酶 (Promega公司)、DNA模

板为 40 ng 左右。扩增程序: 94°C 预变性 5 min ,之后进行34个循环,每个循环包括 94°C 变性 30 s 、 56°C 退火 45 s 、 72°C 延伸 2 min ,最后于 72°C 延伸 7 min 。

将扩增产物置于 4°C 冰箱保存。将PCR扩增产物在含有EB的1.5%的琼脂糖凝胶中电泳分离,以100 bp的DNA ladder(购自Fermentas)作为相对分子质量标准。电泳结束后在UVP凝胶成像系统GDS7600下观察照像,记录扩增产物的泳带,保存泳带图像。

2.4 数据的统计和分析

ISSR是显性标记,同一引物的扩增产物中电泳迁移率一致的条带被认为具有同源性,按照相同迁

移位上有扩增带记为1、无带为0的方法,记录电泳谱带,仅清晰、可重复的并且长度在300~2 000 bp范围内的扩增带才被记录。得到的ISSR表型数据矩阵用于进一步分析。采用POPGENE32软件计算天然樟子松各个群体的Nei's基因多样性指数H、Shannon信息多样性指数I、多态位点百分率PPL、基因分化系数Gst及Nei's遗传距离。

3 结果与分析

3.1 用于PCR扩增的引物筛选结果

在天然樟子松叶片中提取DNA之后,采用购自上海生工生物工程公司的60个随机引物进行PCR扩增,并对每次扩增的DNA产物电泳分离拍照,从中选取扩增条带清晰,重复性较好的16个引物用于正式的PCR扩增,16种随机引物的碱基序列见表2。

表2 筛选出的16个引物序列

TABLE 2 Sequences of 16 arbitrary primers

引物号	引物序列	引物号	引物序列
834	(AG) ₈ YT	811	(GA) ₈ C
807	(AG) ₈ T	835	(AG) ₈ YA
808	(AG) ₈ C	827	(AG) ₈ G
848	(CT) ₈ RC	836	(AG) ₈ YA
846	(CA) ₈ RT	838	(CA) ₈ RG
855	(AC) ₈ YT	825	(AC) ₈ T
860	(TG) ₈ RA	809	(AG) ₈ G
823	(TC) ₈ C	822	(TC) ₈ A

3.2 不同海拔梯度的天然樟子松的遗传多样性

利用16个随机引物对4个天然樟子松群体,共80个体的DNA样品进行了ISSR分析,每个引物检测到的位点在8~12之间,80个个体共检测到190

个位点,平均11.88条带/引物,其中多态位点有162个,占85.26%(见表3)。显示了大兴安岭北段天然樟子松群体具有丰富的遗传变异。分布在海拔700 m以上的天然樟子松群体(P1),共扩增出124个多态位点,多态位点的百分率为65.26%;分布在海拔500~700 m区间的天然樟子松群体(P2),共扩增出96个多态位点,多态位点的百分率为50.53%;分布在海拔300~500 m区间的天然樟子松群体(P3),共扩增出122个多态位点,多态位点的百分率为64.21%;分布在海拔300 m以下的天然樟子松群体(P4),共扩增出88个多态位点,多态位点百分率为46.32%。4个分布在不同海拔群体的多态位点百分率明显低于总的多态位点百分率,群体间的多态位点百分率也存在较大差异,说明大兴安岭北段樟子松分布的海拔高度,是造成种群遗传多样性变化的一个原因,但规律不明显(见表3)。

在4个樟子松群体中,Nei多样性指数值为0.178 3~0.233 9,平均为0.275 8。Shannon多样性指数为0.261 3~0.347 9,平均为0.416 2。各群体的Shannon信息指数大小变化趋势与多态位点百分率相一致。

根据Nei法对4个不同海拔梯度下,天然樟子松群体的总基因多样性H_t、群体内基因多样性H_s及不同群体间的遗传分化水平G_{st}的计算结果(见表5),4个樟子松群体的基因多样性为0.282 0,群体内的基因多样性为0.212 1,遗传分化系数为0.247 8。表明4个樟子松群体遗传变异主要来自群体内部(75.22%),其次是群体间(24.78%)。

表3 4个不同海拔的樟子松群体的多态位点比率及遗传多样性统计

TABLE 3 Percentages of polymorphic loci and statistics on the genetic diversity of *P. sylvestris* var. *mongolica* populations at four different altitudes

居群	海拔/m	样本数	总位点数	多态位点数	多态位点百分率/%	Nei's基因H多样性	Shannon's指数I
P1(图强)	>700	20	190	124	65.26	0.233 9±0.204 3	0.347 9±0.287 1
P2(盘古)	700~500	20	190	96	50.53	0.179 7±0.201 8	0.268 3±0.289 0
P3(蒙克山)	500~300	20	190	122	64.21	0.231 6±0.200 2	0.345 5±0.284 2
P4(二十二站)	<300	20	190	88	46.32	0.178 3±0.211 8	0.261 3±0.301 0
总计		80	190	162	85.26	0.275 8±0.180 0	0.416 2±0.246 9

3.3 不同群落类型的天然樟子松的遗传多样性

根据以往对研究地点樟子松林群落数量分类的结果^[24],该区域天然樟子松林可划分为3个群落类型,依据生境由湿到干的程度,依次为杜香-樟子松林、杜鹃-樟子松林和草类-樟子松林。利用筛选出的16个随机引物,将取自3个不同群落的80株天然樟子松的DNA样品进行了ISSR分析,共检测到190个位点,每个引物检测到的位点在8~12之间,位点分子量范围均在150~2 700 bp之间,其中156

个为多态位点,占82.11%。杜香-樟子松林群落的樟子松样品检测出106个多态位点,多态位点的百分率为55.79%;杜鹃-樟子松林群落的样品检测出103个多态位点,多态位点的百分率为54.21%;草类-樟子松林群落的样品检测出110个多态位点,多态位点的百分率为57.89%。3个不同群落样品的多态位点百分率差异很小,说明樟子松的遗传多样性基本没有受群落组成的影响(见表4)。

Nei's基因多样性H为0.254 6,Shannon多态性

表4 3个不同群落类型的樟子松群体的多态位点比率及遗传多样性统计

TABLE 4 Percentages of polymorphic loci and statistics on the genetic diversity of *P. sylvestris* var. *mongolica* populations in three different communities

群落类型	样本数	总位点数	多态位点数	多态位点百分率/%	Nei's 基因 H 多样性	Shannon's 指数 I
杜香-樟子松林	24	190	106	55.80	0.194 2±0.204 8	0.289 1±0.291 8
杜鹃-樟子松林	27	190	103	54.21	0.199 0±0.206 2	0.294 6±0.295 3
草类-樟子松林	29	190	110	57.89	0.203 3±0.200 7	0.303 5±0.288 5
总计	80	190	156	82.11	0.254 6±0.180 3	0.388 1±0.249 4

信息指数 I 为 0.388 1. 樟子松群体多态位点百分率在 54.21%~57.89% 之间. 多态位点百分率最低的是杜鹃-樟子松林(54.21%), 最高的是草类-樟子松林(57.89%). 从表 4 中看出, Nei 基因多样性和 Shannon 多态性信息指数大小与各群体多态位点百分比率大小趋势一致.

根据总的基因多样性 H_t 和群体内基因多样性 H_s 计算不同群体间的分化水平 G_{st} , 3 个不同群落中的樟子松群体间的基因流 N_m 为 1.813 7, 群体间的基因多样性占总的基因多样性的 21.26%, 群体内的基因多样性占总的基因多样性的 78.74% (见表 5).

表5 不同群落类型樟子松群体间的遗传分化分析

TABLE 5 Genetic differentiation among *P. sylvestris* var. *mongolica* populations of different community types

群体	总基因多样性 H_t	群体内基因多样性 H_s	遗传分化系数 G_{st}	基因流 N_m
不同海拔的 4 个群体	0.282 0±0.030 2	0.212 1±0.020 7	0.247 8	1.517 8
不同群落的 3 个群体	0.253 7±0.032 2	0.198 8±0.025 4	0.216 1	1.813 7
不同纬度的 3 个群体	0.267 3±0.030 2	0.207 8±0.021 7	0.222 7	1.745 2

3.4 不同纬度的天然樟子松遗传多样性

利用 16 个随机引物对分布在 3 个不同纬度的樟子松群体, 共 80 个个体的 DNA 样品进行了 ISSR 分析, 80 个个体共检测出 190 个位点, 其中多态位点为 169 个, 总的多态位点百分率为 88.95%. 从各群体的统计结果看, 16 个引物在 3 个群体中扩增出的多态性位点总数分别为 122 条、142 条、99 条, 多态位点比率分别为 64.21%、74.74%、52.10%, 3 个群体的多态位点百分率相差很大, 说明纬度的变化对群体的遗传多样性影响较大(见表 6).

在不同纬度的 3 个樟子松群体中, Nei 多样性指数值为 0.192 6~0.253 7, 平均为 0.227 6. Shannon 多样性指数为 0.283 0~0.380 8, 平均为 0.337 9. 各群体的 Shannon's 信息指数大小变化趋势与多态位点百分率一致.

根据总的基因多样性 H_t 和群体内基因多样性 H_s 计算不同群体间的分化水平 G_{st} , 结果表明(见表 5); 3 个不同纬度的天然樟子松群体间的基因流仍然维持在一个较低的水平, N_m 为 1.745 2, 但群体内的遗传变异较高, 为 77.73%.

表6 3个不同纬度的樟子松群体的多态位点比率及遗传多样性统计

TABLE 6 Percentages of polymorphic loci and statistics on the genetic diversity of *P. sylvestris* var. *mongolica* populations at three different latitudes

群体	地理坐标	样本数	总位点数	多态位点数	多态位点百分率/%	Nei's 基因 H 多样性	Shannon's 指数 I
H1	N:50°25' E:124°07'	26	190	122	64.21	0.236 5±0.203 6	0.350 0±0.289 9
H2	N:52°30' E:123°58'	28	190	142	74.74	0.253 7±0.191 1	0.380 8±0.268 2
H3	N:53°08' E:124°18'	24	190	99	52.10	0.192 6±0.212 0	0.283 0±0.301 1
总计		78	190	169	88.95	1.884 2±0.321 7	1.484 8±0.331 5

4 结论与讨论

鉴于大兴安岭地区多为平缓的低山丘陵地形, 相对高差较小, 在进行海拔因子影响研究的时候, 考虑到所选研究地点无论是气候因子、地形因子还是土壤因子均具有同质性, 因此尽可能在保证 4 个海拔梯度的前提下选取距离较近处设为研究样地进行

取样.

多态位点的百分率是衡量遗传多样性高低的重要指标. 本文利用筛选出的 16 个随机引物, 对 10 个大兴安岭北段天然樟子松群体, 共 240 个样本进行 DNA 的 ISSR 分析. 结果表明: 在海拔、群落和纬度 3 个不同的尺度上, 天然樟子松群体均具有较高的多态位点百分率, 且不同梯度下, 总多态位点百分率均

高于不同群体的多态位点百分率,这是由于有些位点在各群体中分布不均衡,有些位点仅在个别群体中表现出多态或只在个别群体中可以被检测到。大兴安岭北段天然樟子松表现出较高的遗传多样性,这与其原种的生态生物学特性密切相关。樟子松的原种欧洲赤松的天然分布横跨欧亚大陆,介于北纬48°~70°之间,其分布区内,欧洲赤松的小种、地理变种、变型等相当丰富。

对大兴安岭北段天然樟子松群体间的遗传分化进行分析,结果表明:在不同的尺度(海拔、群落和纬度)上,天然樟子松群体间的遗传变异较低,由 G_{st} 估计的基因流 Nm 平均为 1.692 2,遗传变异多来自群体内部。这样水平的基因流会造成群体对局部生境的适应,进而加大群体间的遗传隔离。大兴安岭林区的地带性植被为兴安落叶松林,樟子松林的天然分布多集中在立地条件较为极端的区域,连年的采伐利用,加之天然更新较差等原因,天然樟子松林的面积已经较 20 世纪 60 年代减少了 40% 以上,又因为生态因子(海拔、群落类型、纬度)的差异,造成了天然樟子松林面积减小,呈斑块状分布,种群间距离加大,阻碍了天然樟子松群体间的基因交流。

天然樟子松林在大兴安岭林区主要分布在海拔 200~800 m 的山地,根据 4 个海拔梯度的样本 DNA 检测结果,在海拔梯度上,天然樟子松各群体间的多态位点百分率差异较大,但规律并不明显。在纬度梯度上,天然樟子松各群体间的多态位点百分率同样差异较大。而在群落尺度上,各群体间的多态位点百分率相差无几。上述的结果表明,群体分布的海拔和纬度差异,一定程度上造成了天然樟子松遗传分化。相反,不同的群落类型对天然樟子松群体的遗传分化影响不大。在相关研究中,限于客观原因,我们仅对天然樟子松林遗传多样性与主要生态因子的关系做了一些初步的尝试,由于取样数量有限,无法判断种群大小对遗传多样性的影响,这也可能是研究结果规律性不明显的原因。今后将增大样本数,增多检测引物对,力求更深入地研究天然樟子松种群的遗传多样性。

参 考 文 献

- [1] 潘丽芹,季华,陈龙清.荷叶铁线蕨自然居群的遗传多样性研究[J].生物多样性,2005,13(2):122~129.
- PAN L Q, JI H, CHEN L Q. Genetic diversity of the natural populations of *Adiantum reniforme* var. *sinense* [J]. *Biodiversity Science*, 2005, 13 (2): 122~129.
- [2] 陈进明,王青锋.宽叶泽苔草群体内遗传多样性研究[J].生物多样性,2005,13(5):398~406.
- CHEN J M, WANG Q F. Genetic diversity and structure in a natural *Caldesia grandis* population [J]. *Biodiversity Science*, 2005, 13 (5): 398~406.
- [3] 金燕,卢宝荣.遗传多样性的取样策略[J].生物多样性,2003,11(2):155~161.
- JIN Y, LU B R. Sampling strategy for genetic diversity [J]. *Biodiversity Science*, 2003, 11 (2): 155~161.
- [4] 王燕,唐绍清,李先琨.濒危植物元宝山冷杉的遗传多样性研究[J].生物多样性,2004,12(2):269~273.
- WANG Y, TANG S Q, LI X K. The genetic diversity of the endangered plant *Abies yuanbaoshanensis* [J]. *Biodiversity Science*, 2004, 12 (2): 269~273.
- [5] 李钧敏,金则新,钟章成.不同海拔高度大血藤群体遗传多样性的 RAPD 分析及其与环境因子的相关性[J].生态学报,2004,24(3):567~573.
- LI J M, JIN Z X, ZHONG Z C. RAPD analysis of genetic diversity of *Sargentodoxa cuneata* at different altitudes and the influence of environmental factors [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24 (3): 567~573.
- [6] 王峥峰,王伯荪,张军丽,等.广东鼎湖山 3 个树种在不同群落演替过程中的遗传多样性[J].林业科学,2004,40(2):32~37.
- WANG Z F, WANG B S, ZHANG J L, et al. Genetic diversity in community succession for three tree species in Dinghu Mountain of Guangdong Province [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2004, 40(2):32~37.
- [7] 周以良.中国大兴安岭植被[M].北京:北京科学技术出版社,1991.
- ZHOU Y L. *Vegetation of Great Xing'an Mountains* [M]. Beijing: Beijing Science & Technology Press, 1991.
- [8] WALTER H. *Die Vegetation Osteuropas, Nord- und Zentralasiens* [M]. Stuttgart: Gustav Fischer Verlag, 1974.
- [9] ZHANG G, RYYPPÄ A, VAPAAVUORI E, et al. Quantification of additive response and stationarity of frost hardiness by photoperiod and temperature in Scots pine [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2003, 33 (9): 1 772~1 784.
- [10] HELLBERG E, NIKLASSON M, GRANSTRÖM M A. Influence of landscape structure on patterns of forest fires in boreal forest landscapes in Sweden [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2004, 34(9):332~338.
- [11] HĘK K K, OJANSUU R. Height development of Scots pine on peatlands: Describing change in site productivity with a site index model [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2004, 34 (5): 1 081~1 092.
- [12] ROBERT A M, THOMAS L, HUBERT S. Are self-thinning constraints needed in a tree-specific mortality model [J]. *Forest Science*, 2004, 50: 848~858.
- [13] ANNABEL G A, HUNTLEY J. Rapid changes in the range limits of Scots pine 4 000 years ago [J]. *Science*, 1991, 251 (4 993): 544~547.
- [14] HARRI M, FRANCIS C. Predicting the number, death, and self-pruning of branches in Scots pine [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 1999, 29(7): 1 225~1 236.
- [15] 刘金生.樟子松主要病虫害防治措施[J].内蒙古林业,1993 (1):25~26.

- LIU J S. Main diseases, pests and measures for control in Mongolian pine[J]. *Journal of Inner Mongolia Forestry*, 1993 (1):25-26.
- [16] 戴继先.樟子松造林技术[M].北京:中国林业出版社,2001.
- DAI J X. *Afforestation technique of Mongolian pine* [M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2001.
- [17] 邵力平.东北树木病害[M].哈尔滨:黑龙江科学技术出版社,1959;9.
- SHAO L P. *Forest diseases in northeastern China* [M]. Harbin: Heilongjiang Science and Technology Press, 1959; 9.
- [18] 何秉章.樟子松落针病及其病原菌的研究[J].东北林业大学学报,1991,21(2):16-21.
- HE B Z. Study on the needle disease and pathogen of Mongolian pine [J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 1991,21(2):16-21.
- [19] LI H Y, JIANG J, LIU G F. Genetic variation and division of *Pinus sylvestris* provenances by ISSR marks [J]. *Journal of Forestry Research*, 2005,16(3):216-218.
- [20] GUNNAR J, LI B L, BJORN H. Time trends in genetic parameters for height and optimal age for parental selection in Scots pine [J]. *Forest Science*, 2003, 49 (5):696-705.
- [21] SIEGERT N W, MCCULLOUGH D G. Colonization of Scots, red, and jack pine logs by *Tomicus piniperda* (Coleoptera: Scolytidae) in Michigan pine stands [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2003, 33(11):2 238-2 244.
- [22] HARJU A M, VENI L2 INEN M, BEUKER E, et al. Genetic variation in the decay resistance of Scots pine wood against brown rot fungus[J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2001, 31(7): 1 244-1 249.
- [23] RHATIGAN R, FREITAG C, EL-KASMI S, et al. Preservative treatment of Scots pine and Norway spruce [J]. *Journal of Forest Products*, 2004, 54(10): 91-94.
- [24] ZHOU Z Q. The natural Mongolian pine forests in the Great Xing'an Mountains, Northeast China[J]. *Forestry Studies in China*, 2003, 5 (3),1-5.
- [25] 姜静.分子生物学实验原理与技术[M].哈尔滨:东北林业大学出版社,2003;28-29.
- JIANG J. *Principles and techniques of molecular biological experiment* [M]. Harbin: Publishing House of Northeast Forestry University, 2003,28-29

(责任编辑 赵 勃)

欢迎订阅 2007 年《中南林业科技大学学报》

经国家新闻出版总署批准《中南林学院学报》自 2007 年起更名为《中南林业科技大学学报(自然科学版)》. 国际刊号不变, 国内刊号变更为 CN 43-1470/S.

《中南林业科技大学学报(自然科学版)》是以林为特色的综合性学术期刊, 教育部优秀科技期刊, 全国优秀高校学报, 湖南省一级期刊. 本刊是全国中文核心期刊, 中国科学引文数据库核心库期刊. 本刊入选了国内所有的期刊数据库.

本刊主要刊登森林培育、经济林、森林保护、水土保持、园林、旅游、林学基础理论(包括林木遗传育种、植物学、土壤学、植物生理生化、森林生态、森林气象等)、生物科学、生物技术、生物工程、森林工程、木材科学、室内与家具设计、木材加工、林产化工、环境科学与工程、食品科学与工程、林业机械、电子信息工程、自动化、计算机科学与技术、交通运输、土木工程等方面的学术论文、研究报告、文献综述、试验简报等. 本刊适合于农林院校师生、农林科研院所、农林管理部门和生产单位的科技人员阅读, 也适合于与以上刊登内容有关的其他高等院校师生和科技人员阅读. 热忱欢迎各单位和广大读者订阅.

本刊为大 16 开, 112 页, 双月出版, 国内外公开发行. 每本定价 6 元, 全年 36 元. 请订阅者将订购费从邮局或银行汇至: 湖南省长沙市韶山南路 498 号, 中南林业科技大学期刊社. 邮编 410004. 开户银行: 湖南省长沙市韶山路支行. 账号: 43001750661050003782. 户名: 中南林业科技大学. 联系电话: 0731-5623278. Email: xb-csfu@163.com.