

光皮桦天然群体遗传多样性研究

陈 伟

(福建省森林资源管理总站)

摘要:该文对福建省光皮桦 11 个天然群体的 RAPD 和 ISSR 的遗传多样性和基因多样性进行分析,选择 34 个引物(25 个 RAPD 引物,9 个 ISSR 引物),对 11 个光皮桦群体 77 个个体进行扩增。RAPD 引物共检测到 270 个位点,多态位点 267 个,占 98.52%。ISSR 引物共检测到 113 个位点,均为多态位点。研究结果表明,11 个天然群体中沙县罗卜岩自然保护区和武平梁野山自然保护区群体的遗传多样性和基因多样性最丰富,三元群体的遗传多样性和基因多样性最低;群体内的遗传多样性和基因多样性明显高于群体间的遗传多样性和基因多样性;邵武卫闽和沙县罗卜岩自然保护区群体遗传相似度最低。两种标记的 UPGMA 聚类分析结果虽存在差异,但都将 11 个天然群体明显分为两大类。该研究结果为光皮桦树种今后的遗传改良奠定了基础。

关键词:光皮桦,天然群体,遗传多样性,ISSR, RAPD

中图分类号:S792.15;S718.46 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-1522(2006)06-0028-07

CHEN Wei. Genetic diversity of the natural populations of *Betula luminifera*. *Journal of Beijing Forestry University* (2006) 28(6) 28-34 [Ch, 21 ref.] General Station of Forest Resource Administration of Fujian Province, Fuzhou, 350003, P. R. China.

Analysis on the genetic diversity of 11 natural populations of *Betula luminifera* was carried out in Fujian Province. Thirty-four reliable primers (25 RAPD primers, nine ISSR primers) were chosen to amplify DNA samples from 77 individuals of 11 natural populations of *B. luminifera*. Based on the 25 RAPD primers, a total of 270 bands were generated, among which polymorphic bands accounted for 98.52% and the number is 267. Based on the nine ISSR primers, 113 bands were produced and all of them were polymorphic bands. The results of research showed that among the 11 natural populations, those in Luobuyan Nature Reserve of Shaxian County and Liangye Mountain Nature Reserve of Wuping County had the highest genetic and gene diversity and richness, while the population of Sanyuan County had the least one. Also the genetic and gene diversity within populations was obviously higher than that among the populations. It also showed that the similarity index between Weimin County and Luobuyan Nature Reserve of Shaxian County was the least. Based on RAPD and ISSR markers, the 11 natural populations were divided into two clusters according to the UPGMA cluster analysis, although the differences between RAPD and ISSR markers were observed. All of the results lay a foundation for the future genetic improvement of *B. luminifera*.

Key words *Betula luminifera*, natural populations, genetic diversity, ISSR, RAPD

光皮桦(*Betula luminifera*)是我国优良乡土阔叶树种,适应性强,速生,材质好,用途广,是商品林发展、生态公益林建设和荒山造林、疏残林改造的好树种。由于经济价值高,木材被大量采伐利用,天然林破坏相当严重,其基因资源保护已迫在眉睫。近年来,有关学者对光皮桦的天然群体结构特征^[1-6]、造

林技术^[7-8]等进行了研究,但在遗传多样性方面的研究未见报道。本文应用 RAPD 和 ISSR 分子标记技术^[9-21],研究福建省光皮桦天然群体遗传多样性,为光皮桦基因资源的有效保护、合理经营以及遗传改良提供理论依据。

收稿日期:2006-05-10

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

基金项目:福建省林业厅科研项目(200506)。

作者简介:陈伟,博士生,高级工程师。主要研究方向:阔叶树育种。电话:0591-87853108 Email: chwei69@126.com 地址:350003 福建省福州市福建省森林资源管理总站。

1 材料与方法

1.1 供试材料

试验材料采自福建省境内光皮桦主要天然分布区的 11 个群体中, 材料采集的基本情况见表 1. 每个群体的样本数 7 个, 每个样本之间的距离大于 50 m, 采集植株的幼嫩叶片置于保鲜袋中, 封口, 置于样品储藏箱带回实验室, -70℃ 低温冰箱保存, 供 DNA 提取.

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 的提取

采用改良的 CTAB 法. 基因组 DNA 的提取步骤为: 称取 2 g 保存的叶片, 加 0.2 g 非水溶性的 PVP, 用液氮研磨成粉末并迅速装入 50 mL 的离心管中, 先加入 150~300 μ L 的 β -巯基乙醇, 再加入在 65℃ 预热的 15 mL DNA 提取液 (2% CTAB、100 mmol Tris-HCl (pH 8.0)、1.4 mol NaCl、20 mmol EDTA (pH 8.0)), 轻轻摇晃均匀, 在 65℃ 水浴 30 min 后, 冷却至室温. 加入等体积的氯仿/异戊醇, 缓慢上下颠倒 30~50 次. 室温下 8 000 r/min 离心 10 min, 转移上清液

于另一离心管, 重复以上操作后再用氯仿/异戊醇 (体积比为 24:1) 抽提一次. 取上清液于离心管中, 加入等体积的冰冷的异戊醇, 缓慢颠倒数次, 静置直至絮状沉淀集结, 用 70% 的酒精清洗两次后, 于超净工作台上晾干. 将晾干的 DNA 溶于 300 μ L TE 缓冲液中. 检测提取 DNA 的质量与片段大小, 保存于 -20℃ 下备用.

1.2.2 DNA 的扩增

反应体系为 25 μ L, 其中 Tris-HCl (pH 8.0) 10 mmol、KCl 50 mmol、MgCl₂ 2.0 mmol、dNTP 200 μ mol、上下引物各 30 ng、DNA 模板 40 ng 及 DNA 聚合酶 1.5 U, 最后加 30 μ L 石蜡油覆盖反应混合物, 以防止反应过程中液体蒸发. Taq 酶和 dNTP 为上海生工产品, PCR 反应在 PTC-100 多功能型 PCR 仪中进行. 经优化 RAPD 的 PCR 扩增程序为: 94℃ 预变性 5 min, 94℃ 变性 1 min, 36℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 共 40 个循环; 72℃ 延伸 10 min. ISSR 的 PCR 扩增程序为: 94℃ 预变性 3 min, 94℃ 变性 1 min, 54℃ 退火 50 s, 72℃ 延伸 30 s, 共 40 个循环; 72℃ 延伸 10 min.

表 1 采样群体生境的基本情况

TABLE 1 Sampling locations for natural populations of *B. luminifera*

群体	地点	海拔/m	生境
光泽	光泽司前乡九龙坑	450	典型常绿、落叶阔叶混交林, 郁闭度 0.6, 土层薄, 多基岩裸露, 表土疏松, 林下灌木和草本少. 主要伴生树种为木荷 (<i>Schima superba</i>)、细叶青冈 (<i>Cyclobalanopsis myrsinaefolia</i>)
邵武卫闽	邵武卫闽乡中村	800	典型的次生落叶阔叶林, 林冠总郁闭度 0.9, 草本层盖度 20%. 草本层细弱. 伴生树种拟赤杨 (<i>Alniphyllum fortunei</i>)
邵武拿口	邵武拿口镇	750	次生落叶阔叶林, 林冠总郁闭度 0.8, 草本层盖度 20%. 伴生树种为枫香 (<i>Liquidambar formosana</i>)
武夷山	武夷山自然保护区	700	光皮桦散生于公路边, 树体高大挺拔. 伴生树种为黄山松 (<i>Pinus taiwanensis</i>)、木荷
永安	永安天宝岩自然保护区	1 080	常绿阔叶树占优势, 光皮桦散生, 高大挺拔. 发现被伐倒的光皮桦大树. 郁闭度 0.9, 草本层生长不良. 伴生树种为甜槠 (<i>Castanopsis eyrei</i>)、栲树 (<i>Castanopsis fargesii</i>)
尤溪	尤溪县板面乡青坑村	800	树种繁多, 森林资源丰富, 落叶阔叶混交林, 郁闭度 0.9, 草本层盖度 10%, 伴生树种为栲树、拟赤杨
三元	三明三元区岩前镇白叶坑	370	次生常绿阔叶林, 林分长期受人为干扰, 灌木层树种生长良好, 分布和高度很均匀. 盖度 30%. 伴生树种为甜槠、钩栗 (<i>Castanopsis tibetana</i>)
将乐	将乐县陇栖山自然保护区	1 200	次生常绿、落叶阔叶混交林, 落叶占优势, 虽然森林较原始, 但随处可见人为干扰现象, 林相不整齐, 常绿树种矮小. 伴生树种为拟赤杨
武平	武平梁野山自然保护区	820	光皮桦树体高大挺拔, 郁闭度 0.9, 常绿阔叶树的幼树生长发育良好. 草本层盖度 10%. 伴生树种为栲树、甜槠
沙县	沙县萝卜岩自然保护区	570	乔木种类多, 光皮桦高大挺拔, 老树, 无中、幼林小树. 亚层常绿阔叶林占极大优势. 林内较荫, 草本层生长不良. 伴生树种为闽楠 (<i>Phoebe nuanmu</i>)
建瓯	建瓯市龙村乡仰坑	805	乔木层树种多样, 常绿阔叶树占优势, 林冠总郁闭度 0.7, 草本层植物生长较好, 盖度 15%. 伴生树种为甜槠、栲树

1.2.3 引物筛选

ISSR 引物购自加拿大 British Columbia 大学, 编号为 UBC801-880, 共 80 个引物; RAPD 引物购自美国 Operon 公司、上海生工, 引物编号为 S200-S300、G6100-6160、G5240-5270, 共 160 个引物. 选择经预备试验 PCR 扩增良好的来自不同群体的 DNA 模板,

对 80 个 ISSR 引物和 160 个 RAPD 引物进行扩增、筛选, 最后筛选出稳定性好、多态性强的引物对所有群体的 DNA 模板进行 PCR 扩增和电泳分析.

1.2.4 电泳检测

PCR 反应产物在含 EB 的 1.5% 琼脂糖凝胶电泳后, 用 BIO-RAD 公司的 GEL DOC 1000 型凝胶成

像系统观察并拍照记录.

1.2.5 数据处理与统计分析

记录清晰的谱带,统计位点总数、多态位点数(对某一位点而言,变异个体的频率大于 0.01 时此位点即为多态位点),计算多态位点比例(多态位点比例=群体的多态位点数/位点总数 $\times$ 100%).每个样品的扩增电泳谱带按有(1)和无(0)记录,构成原始数据矩阵,用 POPGEN 软件进行统计分析.

2 结果与分析

2.1 多态性分析

从 11 个光皮桦群体中各选出一个 DNA 样品进行 RAPD 扩增,扩增产物经电泳分离后进行引物筛

选.从 160 个 RAPD 随机引物中筛选出 25 个扩增谱带清晰且多态性丰富的引物,对 11 个光皮桦群体 77 个个体进行扩增.25 条 RAPD 引物(表 2)共扩增出 270 个条带,其中多态性位点为 267 个,多态率为 98.9%.扩增条带数最多的引物为 S256、G5264(图 1),达到 17 条;扩增条带最少的引物为 W85528、S202,条带数 5 条.从 80 个 ISSR 随机引物中筛选出 9 个扩增谱带清晰且多态性丰富的引物(表 3),对 11 个光皮桦群体 77 个个体进行扩增.9 条 ISSR 引物共扩增出 113 个条带,其中多态性位点为 113 个,多态率为 100%.扩增条带数最多的引物为 UBC 804(图 2),达到 17 条;扩增条带数最少的引物为 UBC 829、UBC 839,条带数为 9 条.

表 2 不同引物的碱基序列及扩增结果(RAPD)
TABLE 2 Sequences and amplification efficiency of different primers(RAPD)

引物编号	引物碱基序列	扩增带数/条	多态性带数/条	多态率/%
W85528	ACGCGCATGT	5	4	80
W85533	AAGTCCGCTC	9	8	88.9
W85540	TGGACCGGTG	9	9	100
W85549	GGAAGCTTGG	7	7	100
W85553	GGAGTACTGG	9	9	100
W85561	AAGTGCACGG	10	10	100
W85568	CATCCCCCTG	9	9	100
W85571	TTCCCCCGCT	9	9	100
W85575	TGAGTGGGTG	10	10	100
W85577	CCAGTACTAC	11	11	100
W85582	TGGTGGACCA	9	9	100
W85587	GGGACCATGG	16	15	93.8
S202	GGAGAGACTC	5	5	100
S224	CCCCTCACGA	9	9	100
S239	GGGTGTGCAG	9	9	100
S256	CTGCGCTGGA	17	17	100
S285	GGCTGCCGAACA	14	14	100
G5264	ACCCGGTCAC	17	17	100
G5259	CATCCGTGCT	11	11	100
G5255	AGCGCCATTG	16	16	100
G5249	TGAGCGGACA	11	11	100
G6152	GAGTGGTGAC	11	11	100
G6139	GAGGGAAGAG	12	12	100
G6133	AAGCGGCCTC	12	12	100
G6126	CCACACTACC	13	13	100

表 3 不同引物的碱基序列及扩增结果(ISSR)
TABLE 3 Sequences and amplification efficiency of different primers(ISSR)

引物编号	引物碱基序列	扩增带数/条	多态性带数/条	多态率/%
UBC 804	TATATATATATATAA	17	17	100
UBC 809	AGAGAGAGAGAGAGG	16	16	100
UBC 815	CTCTCTCTCTCTCTG	16	16	100
UBC 826	ACACACACACACACC	11	11	100
UBC 829	TGTGTGTGTGTGTGTC	9	9	100
UBC 839	TATATATATATATARG	9	9	100
UBC 848	CACACACACACACARG	14	14	100
UBC 856	ACACACACACACACYA	10	10	100
UBC 877	TGCATGCATGCATGCA	10	10	100

注: $R=(A, G)$, $Y=(C, T)$.

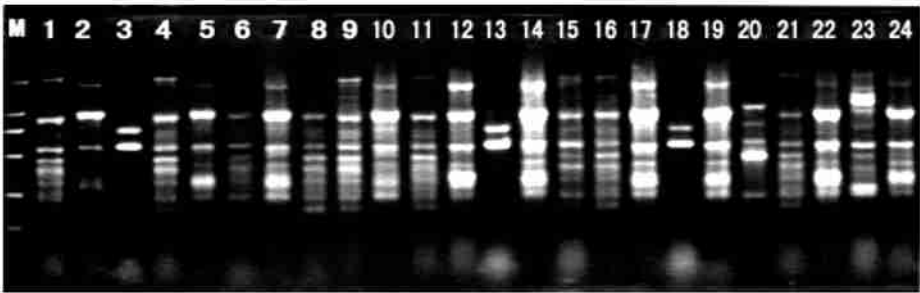


图 1 光皮桦 RAPD 引物 G5264 扩增结果

FIGURE 1 RAPD amplification results of *B. luminifera* with primer G5264

注:M 为 Marker, 从上至下依次为 2 000、1 000、750、500、250、100 bp(下图同)。

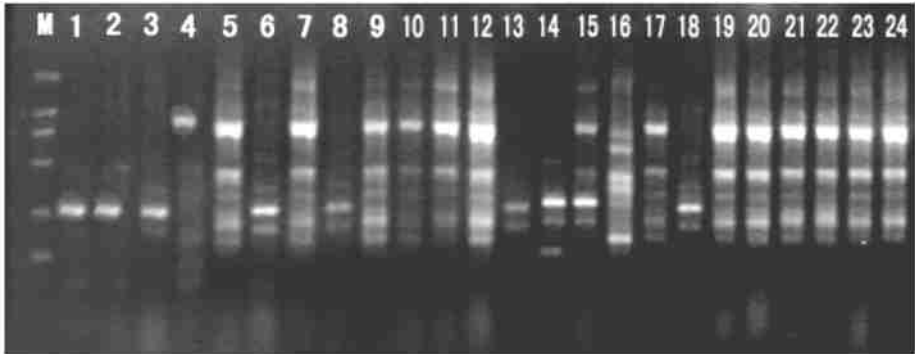


图 2 光皮桦 ISSR 引物 UBC 804 扩增结果

FIGURE 2 ISSR amplification results of *B. luminifera* with primer UBC 804

2.2 群体遗传多样性分析

由表 4 可知,RAPD 标记分析中,用 Shannon 指数(*I*)估计的 11 个光皮桦群体内的遗传多样性为 0.269 4,其中沙县群体的遗传多样性最高,其次是武平,三元最低.Nei 指数(*H*)估算 11 个群体内基因多样性为 0.179 0,较 Shannon 指数低,个别群体内的基因多样性大小顺序与 Shannon 指数估计的值有所

不同,但仍以沙县群体的遗传多样性最高,其次是武平,三元最低.ISSR 标记分析中,Shannon 指数估计的 11 个光皮桦群体内的遗传多样性为 0.311 6,其中武平的遗传多样性最高,其次是沙县,光泽最低.Nei 指数估算 11 个群体内的基因多样性为 0.203 5,较 Shannon 指数低.以武平群体的遗传多样性最高,其次是沙县,光泽最低.

表 4 不同光皮桦群体内的遗传多样性

TABLE 4 Genetic diversity within 11 populations of *B. luminifera*

群体	RAPD			ISSR		
	<i>Ne</i>	<i>H</i>	<i>I</i>	<i>Ne</i>	<i>H</i>	<i>I</i>
光泽	1.303 1	0.178 6	0.268 3	1.282 0	0.172 7	0.265 3
邵武卫闽	1.275 0	0.162 8	0.245 5	1.337 2	0.209 4	0.323 2
邵武拿口	1.291 5	0.168 8	0.251 7	1.315 8	0.198 2	0.309 2
武夷山	1.268 0	0.159 1	0.241 3	1.308 2	0.188 6	0.291 9
永安	1.287 7	0.168 0	0.250 9	1.307 3	0.189 1	0.291 1
尤溪	1.296 3	0.169 4	0.251 6	1.322 6	0.199 2	0.308 4
三元	1.255 9	0.153 2	0.231 8	1.354 1	0.216 0	0.332 3
将乐	1.264 7	0.155 9	0.236 1	1.336 9	0.197 3	0.297 5
武平	1.369 3	0.210 9	0.313 1	1.412 0	0.244 9	0.369 4
沙县	1.432 9	0.259 2	0.393 7	1.406 3	0.238 0	0.356 2
建瓯	1.304 9	0.183 3	0.279 9	1.306 3	0.184 8	0.283 0
平均	1.304 5	0.179 0	0.269 4	1.335 3	0.203 5	0.311 6
合并群	1.387 7	0.237 2	0.372 0	1.387 4	0.246 8	0.391 3

注:*Ne* 为有效等位基因数目,*H* 为 Nei 基因多样性,*I* 为 Shannon 信息指数.

2.3 群体遗传分化

由表 5 可知,RAPD 标记分析中,Shannon 指数显示光皮桦群体内平均遗传多样性为 0.269 4,总的遗传多样性平均为 0.372 0;在总的遗传变异中,群体

内的遗传变异占 72.43%,群体间的遗传变异小于群体内的遗传变异,占 27.58%.Nei 指数估算的 11 个群体总的基因多样性平均为 0.237 2,群体内平均为 0.179 0,群体间为 0.058 2,群体内的遗传分化系

数为 0.754 6, 群体间的遗传分化系数为 0.245 4. 这与 Shonnon 指数估算的结果相一致, 说明群体内的遗传多样性高于群体间的遗传多样性. ISSR 标记分析中, Shannon 指数显示光皮桦群体内平均遗传多样性为 0.311 6, 总的遗传多样性平均为 0.391 3; 在总的遗传变异中, 群体内的遗传变异占 79.63%, 群体间的遗传变异小于群体内的遗传变异, 占 20.37%.

Nei 指数估算的 11 个群体总的基因多样性平均为 0.246 8, 群体内平均为 0.203 5, 群体间为 0.043 3, 群体内的遗传分化系数为 0.824 6, 群体间的遗传分化系数为 0.175 4. 这与 Shonnon 指数估算的结果相一致, 说明群体内的遗传多样性高于群体间的遗传多样性.

表 5 不同光皮桦群体遗传性特征指数分析

TABLE 5 Analysis on the genetic diversity indices of 11 populations of *B. luminifera*

项目	Shonnon 指数		项目	Nei 指数	
	RAPD	ISSR		RAPD	ISSR
群体内遗传多样性	0.269 4	0.311 6	群体内基因多样性	0.179 0	0.203 5
群体总的遗传多样性	0.372 0	0.391 3	群体总的基因多样性	0.237 2	0.246 8
群体内遗传多样性比率	0.724 3	0.796 3	群体内基因多样性比率	0.754 6	0.824 6
群体间遗传多样性比率	0.275 8	0.203 7	群体间遗传分化系数	0.245 4	0.175 4

RAPD 标记分析中, 按 Nei 方法计算光皮桦群体间的遗传相似度和遗传距离(表 6), 结果表明 11 个光皮桦群体间的遗传相似度在 0.884 4~0.986 8 之

间, 群体间的遗传分化不大. 其中永安与武夷山群体相距很近, 邵武卫闽和沙县群体遗传相似度最低.

表 6 光皮桦群体间 Nei 遗传相似性和遗传距离(RAPD)

TABLE 6 Nei's genetic similarity and genetic distances among 11 populations of *B. luminifera*(RAPD)

群体	光泽	邵武卫闽	邵武拿口	武夷山	永安	尤溪	三元	将乐	武平	沙县	建瓯
光泽		0.948 5	0.939 1	0.938 6	0.953 2	0.956 9	0.922 0	0.915 4	0.929 5	0.916 0	0.910 9
邵武卫闽	0.052 9		0.967 7	0.941 8	0.945 8	0.936 4	0.934 1	0.932 8	0.925 5	0.884 4	0.890 1
邵武拿口	0.062 9	0.032 9		0.965 7	0.964 1	0.943 1	0.945 6	0.940 8	0.942 2	0.905 2	0.895 8
武夷山	0.063 3	0.060 0	0.034 9		0.986 8	0.969 1	0.948 3	0.949 3	0.950 9	0.917 7	0.911 4
永安	0.048 0	0.055 8	0.036 6	0.013 3		0.975 0	0.952 6	0.943 9	0.951 1	0.924 9	0.916 2
尤溪	0.044 1	0.065 7	0.058 6	0.031 4	0.025 3		0.952 0	0.949 6	0.950 8	0.922 9	0.922 9
三元	0.081 2	0.068 2	0.056 0	0.053 1	0.048 6	0.049 2		0.967 4	0.941 9	0.912 9	0.916 8
将乐	0.088 4	0.069 5	0.061 0	0.052 1	0.057 8	0.051 8	0.033 1		0.959 0	0.917 6	0.928 2
武平	0.073 1	0.077 4	0.059 5	0.050 3	0.050 1	0.050 4	0.059 9	0.041 9		0.956 8	0.946 2
沙县	0.087 7	0.122 9	0.099 6	0.085 9	0.078 0	0.080 2	0.091 1	0.086 0	0.044 1		0.952 4
建瓯	0.093 3	0.116 5	0.110 1	0.092 8	0.087 5	0.080 2	0.086 9	0.074 5	0.055 3	0.048 8	

注: 上三角为 Nei 遗传相似性, 下三角为遗传距离. 下表同.

ISSR 标记分析中, 按 Nei 方法计算光皮桦群体间的遗传相似度和遗传距离(表 7), 结果表明 11 个光皮桦群体间的遗传相似度在 0.904 1~0.997 8 之

间, 群体间的遗传分化很小. 其中邵武拿口群体与武夷山群体相距很近, 永安群体和武平群体遗传相似度最低.

表 7 光皮桦群体间 Nei 遗传相似性和遗传距离(ISSR)

TABLE 7 Nei's genetic similarity and genetic distances among 11 populations of *B. luminifera*(ISSR)

群体	光泽	邵武卫闽	邵武拿口	武夷山	永安	尤溪	三元	将乐	武平	沙县	建瓯
光泽		0.978 4	0.986 7	0.984 3	0.964 5	0.989 1	0.947 6	0.956 8	0.929 2	0.956 9	0.931 5
邵武卫闽	0.021 8		0.986 4	0.984 1	0.982 5	0.982 8	0.964 7	0.950 7	0.925 3	0.959 2	0.928 2
邵武拿口	0.013 4	0.013 7		0.997 8	0.979 2	0.989 4	0.963 9	0.959 2	0.928 2	0.961 9	0.932 7
武夷山	0.015 9	0.016 0	0.002 2		0.968 1	0.990 2	0.953 9	0.944 2	0.929 4	0.958 1	0.930 3
永安	0.036 1	0.017 6	0.021 0	0.032 4		0.968 3	0.945 1	0.917 1	0.904 1	0.939 9	0.912 2
尤溪	0.011 0	0.017 4	0.010 6	0.009 9	0.032 2		0.969 9	0.967 3	0.948 2	0.974 8	0.952 6
三元	0.053 9	0.035 9	0.036 7	0.047 2	0.056 5	0.030 6		0.979 9	0.975 9	0.984 5	0.959 2
将乐	0.044 2	0.050 6	0.041 7	0.057 5	0.086 5	0.033 2	0.020 4		0.959 6	0.983 5	0.947 6
武平	0.073 4	0.077 6	0.074 5	0.073 2	0.100 8	0.053 2	0.024 4	0.041 2		0.967 5	0.970 6
沙县	0.044 1	0.041 6	0.038 8	0.042 8	0.061 9	0.025 6	0.015 7	0.016 6	0.033 1		0.956 8
建瓯	0.071 0	0.074 5	0.069 6	0.072 3	0.091 9	0.048 6	0.041 6	0.053 8	0.029 9	0.044 2	

根据 Nei 遗传距离, 利用 UPGMA 聚类方法对 11 个群体进行聚类分析, 其树状图分别如图 3、4 所示.

根据聚类结果, RAPD 可将 11 个光皮桦群体分为两大类群: 一类为光泽、邵武卫闽、邵武拿口、武夷山、

永安、尤溪、三元、将乐;另一类为武平、沙县、建瓯。ISSR 将 11 个光皮桦群体分为两大类群:一类为光泽、邵武拿口、邵武卫闽、武夷山、尤溪、永安;另一类为武平、沙县、建瓯、三元、将乐。RAPD 和 ISSR 两种标记的 Nei 遗传距离聚类分析结果有所不同,但共同的结果是邵武卫闽和沙县种群遗传相似度最低。聚类的结果从地理位置上看,闽北南平地区除了建瓯外,大部分群体均聚为一类;闽西龙岩地区为一类;三明地区一部分群体归闽北一类,一部分群体与闽西龙岩地区同类。建瓯位于南平地区的东部,与南平地区西北部的群体在遗传上有所差别,与闽西种类归为一类。

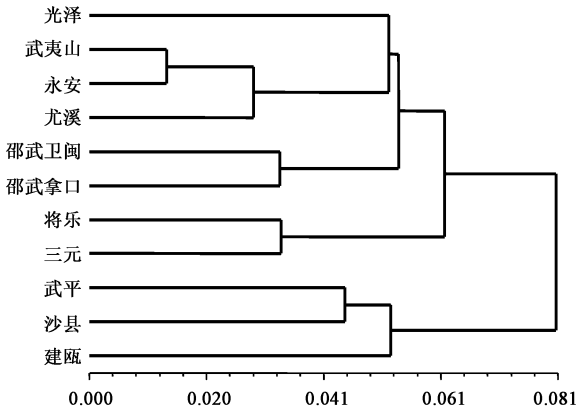


图 3 光皮桦群体间为据的 RAPD 遗传距离 UPGMA 聚类图
FIGURE 3 Dendrogram produced by POPGENE software for the populations of *B. luminifera* based on RAPD data

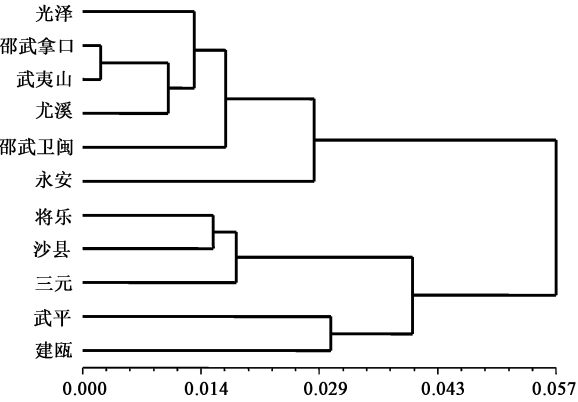


图 4 光皮桦群体间为据的 ISSR 遗传距离 UPGMA 聚类图
FIGURE 4 Dendrogram produced by POPGENE software for the populations of *B. luminifera* based on ISSR data

3 结论与讨论

1)应用 RAPD 和 ISSR 对福建省光皮桦树种主要分布区的遗传多样性和基因多样性进行研究,结果表明:11 个天然群体的 RAPD 多态位点百分率在 80%~100%之间,平均 98.52%;ISSR 的多态位点百分率为 100%。Shannon 指数和 Nei 指数分析结果表明,11 个天然群体中沙县罗卜岩自然保护区群体和

武平梁野山自然保护区的遗传多样性和基因多样性最高,光泽县群体最低。群体内的遗传多样性和基因多样性明显高于群体间的遗传多样性和基因多样性。

2)RAPD 和 ISSR 两种标记按 Nei 方法计算光皮桦群体间的遗传相似度和遗传距离,结果表明 11 个光皮桦群体间的遗传相似度两种标记的平均值在 0.894 3~0.992 3 之间,群体间的遗传分化不大。天然光皮桦群体在自然状态下,具有较强的有性繁殖更新能力。这与光皮桦树种特性有关,光皮桦树种的种子带翅,易飞散,结实量多,成熟期正值多雨季节,逢风吹雨送可传播几十米至几百米远,其种子散落于地面小隙中即可迅速发芽成长,因其速生而极具竞争力。因此,只要合理利用和保护得当,就可以促进其基因交流,保持应有的遗传结构,达到永续利用。

3)光皮桦树种资源渐危的直接原因是掠夺性采伐。由于光皮桦树种本身特点及经济价值高,木材被大量采伐利用,天然林破坏相当严重。目前光皮桦天然资源锐减,可利用资源极少,处于渐危状态。本文所调查的天然群落主要分布在各自然保护区以及少部分边远的山区,遗传多样性和基因多样性还丰富,其余的光皮桦天然林群体散布性强、不连续,呈零星状分布,共建种各异,由混生、异龄个体组成,光皮桦组成比、重要值低。因此,应加强现有这些群体遗传多样性的保护以及群体之间的基因交流,以防止遗传多样性缩小或丧失。同时,应根据群体内遗传多样性丰富这一特性,注重天然群体内优树选择和遗传资源的收集与保存。

4)桦木遗传改良的已有理论和实践表明,遗传改良的增益来自于优良种源中的优良家系内的个体,以及高配合力亲本之间的杂交和再选择。RAPD 和 ISSR 两种标记的 Nei 遗传距离聚类分析结果有所不同,但均将 11 个群落明显分为两大类。这为今后的杂交育种提供参考,选择亲缘关系较远的材料,增加遗传变异,以达到最大限度地提高改良性状的遗传增益,维护育种群体广泛的遗传基础。

参 考 文 献

[1] 吴子诚,王乐辉.光皮桦选择群体特征和改良技术[J].四川林业科技,1996,17(4):17-28.
WU Z C, WANG Y H. Community character for selection and improvement technique of *Betula luminifera*[J]. *Journal of Sichuan Science and Technique*, 1996, 17(4): 17-28.
[2] 宋丁全,姜志林,郑作孟,等.光皮桦种群不同空间层次的分布格局研究[J].福建林学院学报,1999,19(1):4-7.
SONG D Q, JIANG Z L, ZHENG Z M, et al. The research on Weimin *Betula luminifera* 's distribution pattern in different space levels and its pattern analysis[J]. *Journal of Fujian College of Forestry*, 1999, 19(1): 4-7.

- [3] 宋丁全,郑作孟.卫闽光皮桦群体优势度增长动态的研究[J].山东农业大学学报,1998,29(4):465-468.
SONG D Q,ZHENG Z M. The preliminary research on increasing trends of Weimin *Betula luminifera* species communities' advantageous degree [J]. *Journal of Shandong Agricultural University*, 1998, 29(4):465-468.
- [4] 宋丁全,姜志林,郑作孟,等.福建卫闽光皮桦种群与主要伴生树种的生态位[J].南京林业大学学报,1999,23(1):53-56.
SONG D Q,JIANG Z L,ZHENG Z M, *et al.* Research on niche of Weimin *Betula luminifera* community in Fujian and its main Simpsons[J]. *Journal of Nanjing Forestry University*, 1999, 23(1):53-56.
- [5] 郑作孟,宋丁全,赵世荣.福建卫闽光皮桦林特征的初步研究[J].江苏林业科技,1999,26(3):10-13.
ZHENG Z M,SONG D Q,ZHAO S R. A preliminary study on the features of Fujian Weimin *Betula luminifera* population[J]. *Journal of Jiangsu Forestry Science & Technology*, 1999, 26(3):10-13.
- [6] 李建民.光皮桦天然林群落特征研究[J].林业科学,2000,36(2):122-124.
LI J M. Study on community characteristics of natural forestry *Betula luminifera* [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2000, 36(2):122-124.
- [7] 陈存及,陈伏法.阔叶树种栽培[M].北京:中国林业出版社,2000:13-315.
CHEN C J, CHEN H F. *Cultivation of the broadleaved trees* [M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2000:13-315.
- [8] 谢芳,李建民.光皮桦育苗和造林实用技术[J].林业科技开发,2000,14(6):44-45.
XIE F,LI J M. Appropriate technology of breeding and afforestation of *Betula luminifera* [J]. *China Forestry Science and Technology*, 2000, 14(6):44-45.
- [9] 曹仪植.植物分子生物学[M].北京:高等教育出版社,2002:7.
CAO Y Z. *Plant molecular biology* [M]. Beijing: Higher Education Press, 2002:7.
- [10] 安泽伟,孙爱花,程汉,等.用 RAPD 和 ISSR 检测的橡胶树野生种质和栽培品种的遗传多样性[J].热带亚热带植物学报,2005,13(3):246-252.
AN Z W,SUN A H,CHENG H, *et al.* Genetic diversity among wild and cultivated accessions of *Hevea brasiliensis* (rubber tree) detected by RAPDs and ISSRs [J]. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 2005, 13(3):246-252.
- [11] 李均敏,金则新.浙江省境内七子花天然种群遗传多样性研究[J].应用生态学报,2005,16(3):795-800.
LI J M, JIN Z X. Genetic diversity of *Hepatocodium miconioides* natural populations in Zhejiang Province [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2005, 16(3):795-800.
- [12] 曹福亮,黄敏仁,桂仁意,等.银杏主要栽培品种遗传多样性分析[J].南京林业大学学报(自然科学版),2005,29(6):1-6.
CAO F L, HUANG M R, GUI R Y, *et al.* The fingerprinting and genetic diversity of main ginkgo cultivars [J]. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Science Edition)*, 2005, 29(6):1-6.
- [13] 黄久香,庄雪影.华南三地观光木遗传多样性的 RAPD 分析[J].华南农业大学学报,2002,23(2):54-57.
HUANG J X, ZHUANG X Y. Comparison of genetic diversity of *Tsoongiodendron odorum* in southern China by RAPD markers [J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2002, 23(2):54-57.
- [14] 丁平,徐吉银,楚桐丽.巴戟天不同农家类型种质资源的 RAPD 分析[J].中药材,2006,29(1):1-3.
DING P, XU J Y, CHU T L. RAPD analysis on germplasm resources of different fam races of *Morinda officinalis* [J]. *Journal of Chinese Medicinal Materials*, 2006, 29(1):1-3.
- [15] 陶爱芬,祁建民,李爱青,等.红麻优异种质资源遗传多样性与亲缘关系的 ISSR 分析[J].作物学报,2005,31(12):1668-1671.
TAO A F, QI J M, LI A Q, *et al.* The analysis of genetic diversity and relationship of elite kenaf germplasm based on inter-simple sequence repeats [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2005, 31(12):1668-1671.
- [16] 铁双贵,张莉,卫敏,等.玉米骨干自交系品质基因 SSR 标记遗传多样性研究[J].河南农业科学,2005(11):27-29.
TIE S G, ZHANG L, WEI M, *et al.* Studies on genetic diversity of quality gene in inbred lines of maize based on SSR markers [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2005(11):27-29.
- [17] 叶功富,罗美娟,林益明,等.短枝木麻黄地理种源遗传多样性的 RAPD 分析[J].厦门大学学报(自然科学版),2005,44(6):856-860.
YE G F, LUO M J, LIN Y M, *et al.* Analysis on genetic diversity of *Casuarina equisetifolia* provenances by RAPD [J]. *Journal of Xiamen University (Natural Science)*, 2005, 44(6):856-860.
- [18] 李景文,李俊清.欧亚大陆水青冈种群遗传多样性对比分析[J].北京林业大学学报,2005,27(5):1-9.
LI J W, LI J Q. Comparison of genetic diversity of Eurasian beeches [J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2005, 27(5):1-9.
- [19] 陈进明,王青锋.宽叶泽苔草居群内遗传多样性研究[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.
- [20] KUDDUS R H, KUDDUS N N, DVORCHIK L. DNA polymorphism in the living fossil *Ginkgo biloba* from the Eastern United States [J]. *Genome*, 2002, 45(1):8-12.
- [21] MARTINS M, TENREIRO R, OLIVERIRA M M. Genetic relatedness of Portuguese almond cultivars assessed by RAPD and ISSR markers [J]. *Plant Cell Reports*, 2003, 22(1):71-78.

(责任编辑 冯秀兰)