

中国沿海中部珊瑚菜居群等位酶变异及其遗传多样性

惠 红, 刘启新, 刘梦华

(江苏省植物研究所, 江苏南京 210014)
中国科学院

摘要: 利用聚丙烯酰胺凝胶电泳方法, 分析了我国沿海中部(江苏、山东和浙江)海滨沙滩珊瑚菜 (*Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq.) 7个居群 8 种酶系统 19 个位点的等位基因遗传变异特征, 结果表明居群内多态位点比率平均为 82.4%, 每一位点平均等位基因数为 2.77, 有效等位基因数为 2.24, 固定指数 F 的平均值为 -0.091。珊瑚菜居群基因多样性 80.9% 产生于居群内, 19.1% 产生于居群间。居群间的遗传距离平均为 0.317, 遗传一致性为 0.728, 居群内维持着较高水平的遗传多样性。据此, 对珊瑚菜的渐危机理进行了讨论。

关键词: 珊瑚菜; 居群; 等位酶; 遗传多样性

中图分类号: Q946.49; Q16; Q949.763.3 文献标识码: A 文章编号: 1004-0978(2001)03-0001-06

Allozyme variation and genetic diversity of *Glehnia littoralis* populations at the middle of seaboard in China HUI Hong, LIU Qi-xin and LIU Meng-hua (Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China), *J. Plant Resour. & Environ.* 2001, 10(3): 1-6

Abstract: Genetic variation characters of 19 loci in 8 enzyme systems from 7 populations of *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq. at seaboard of Jiangsu, Shandong and Zhejiang Provinces in China were analysed using vertical slab polyacrylamide gel electrophoresis. The results showed that the average percentage of polymorphic loci is 82.4%, mean allele number per locus 2.77, effective allele number 2.24, and the average fixation index -0.091. There is 80.9% genetic variation within population. The average genetic distances between 7 populations of this species is 0.317. It is indicated that the levels of genetic diversity in *G. littoralis* populations are higher.

Key words: *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq.; population; allozyme; genetic variation

珊瑚菜(*Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq.)为伞形科(Umbelliferae)珊瑚菜属(*Glehnia* Fr. Schmidt ex Miq.)单种属植物^[1], 分布于北太平洋沿岸, 野生状态仅生长于海滨沙滩上, 生境条件非常特殊。由于珊瑚菜的生态适应幅度小, 自然繁殖率不高, 加上沙堤侵损, 沙滩植被破坏, 人为过度采挖等多种原因, 野生资源越来越少, 已被我国列为渐危物种, 是国家三级重点保护的野生植物^[2]。但是迄今为止, 人们对其遗传多样性以及渐危原因中遗传因素的作用并不清楚。为了更好地探讨该种遗传多样性, 本文从居群遗传学角度开展了等位酶分析, 以期揭示该种的居群遗传多样性结构, 了解居群内和居群间遗传多样性状况, 认识其等位基因的组成、分布及遗传变异, 为珊瑚菜濒危机理的研究及基因库的建立和保护提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 实验材料

珊瑚菜实验植物分别取自山东、江苏和浙江等省海滨沙滩的 7 个居群(见表 1), 其中 6 个为野生居群, 1 个为迁地保存居群(江苏南京, 迁自江苏连云港海滨沙滩)。由于上述地区有些居群现存的个体数量较少, 因而实验中少数居群的样本数偏小。实验材料为成年珊瑚菜植株基部向上第三、第四位完全展开并发育正常的叶片, 于同一季节按株随机采样。

收稿日期: 2001-04-10

基金项目: 江苏省自然科学基金资助项目(BK93146307); 国家自然科学基金资助项目(39870071)

作者简介: 惠 红(1962-), 女, 辽宁沈阳人, 硕士, 研究员, 主要从事植物资源信息的研究和开发。

表 1 珊瑚菜居群的采样地点及株数

Table 1 The locality and sampling number of *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq. populations

居群 Population	采样地点 Locality	取样株数 Number
P1	江苏连云港东西连岛(后沙滩) Lianyungang, Jiangsu	34
P2	江苏南京中山植物园苗圃 Nanjing, Jiangsu	30
P3	江苏赣榆海头 Canyu, Jiangsu	15
P4	江苏赣榆九里 Canyu, Jiangsu	4
P5	浙江舟山普陀 Zhoushan, Zhejiang	7
P6	江苏连云港东西连岛(苏马湾) Lianyungang, Jiangsu	15
P7	山东日照石臼 Rizhao, Shandong	25

1.2 样品制备

将野外采集的叶片于低温下带回实验室。取 1 g 叶片加入 5 mL 提取缓冲液 [0.1 mol/L Tris-HCl (pH 7.5) 含 10% 甘油及一定量 PVP], 低温下匀浆, 离心 (8 000 r/min, 15 min), 取上清液, 用于电泳分析。

1.3 电泳及染色方法

采用不连续垂直平板聚丙烯酰胺凝胶电泳, 浓缩胶浓度为 4%, 分离胶浓度根据不同的酶系统从 7% ~ 10% 不等。共分析了 8 个酶系统, 包括酯酶 (EST, E.C.3.1.1.1)、过氧化物酶 (PER, E.C.1.11.1.7)、过氧化氢酶 (CAT, E.C.1.11.1.6)、超氧化物歧化酶 (SOD, E.C.1.15.1.1)、四氮杂茂氧化酶 (TO)、乙醇脱氢酶 (ADH, E.C.1.1.1.1)、苹果酸脱氢酶 (MDH, E.C.1.1.1.37) 和乳酸脱氢酶 (LDH, E.C.1.1.1.27)。过氧化物酶染色采用改良醋酸联苯胺法, 酯酶和过氧化氢酶染色采用薛应龙 (1985) 的方法^[3], 超氧化物歧化酶采用罗广华 (1983) 方法^[4], 其余酶的染色方法同 Scilianol (1976)^[5]。

1.4 数据统计处理

等位基因频率的计算按 Nei (1978) 的方法^[6], 以各基因位点的等位基因频率为基本数据, 进行遗传变异分析^[7]。

2 结果与讨论

2.1 等位酶基因位点分析

在 8 个酶系统中选出 19 个分离良好且谱带清楚的等位酶位点进行分析, 各位点的等位基因频率见表 2。由表 2 可看出, 珊瑚菜酯酶 (EST) 共有 3 个基因位点, 分别有 4、4 和 3 个等位基因, 各位点的共有等位基因数量较多, 除 EST-3C 在居群 4 中缺失

外, 其余位点的等位基因在各居群中均有分布, 而且各位点的等位基因频率差异较小, 分布较均匀。说明珊瑚菜各居群的酯酶等位酶具有极其丰富的多样性。过氧化物酶 (PER) 有 2 个位点, 其中 PER-1 位点在各居群中均为单态位点; PER-2 位点由 4 个等位基因组成。过氧化氢酶 (CAT) 只有 1 个位点, 由 2 个等位基因组成, 并且它们的频率在各个居群中的差异不明显。超氧化物歧化酶 (SOD) 酶谱的式样较为复杂, 有 4 个基因位点, 其中居群 4、5 和 6 的等位基因与其余 4 个居群的差异较大。乳酸脱氢酶 (LDH) 有 2 个位点, 分别由 5 个和 4 个等位基因组成, 其中 LDH-1 位点的等位基因在不同居群中表现各异, 并且每个居群都有不同数量的等位基因缺失。四氮杂茂氧化酶 (TO) 有 3 个基因位点, 分别由 5、3 和 3 个等位基因组成, 各居群酶谱差异较大。乙醇脱氢酶 (ADH) 只有 1 个位点, 由 5 条等位基因组成, 其中居群 4、6 和 7 缺失该位点。苹果酸脱氢酶 (MDH) 酶谱有 3 个基因位点, 分别由 5、4 和 3 条等位基因组成, 酶谱多样性丰富, 遗传变异较大。

2.2 珊瑚菜居群遗传变异水平的分析

居群的遗传变异水平一般从等位基因的丰富程度和等位基因频率分布的均匀程度两方面来进行估算分析。本文采用 7 个常用的居群变量加以分析, 即居群中多态位点百分率 (P)、每位点的等位基因平均数 (A)、每位点的有效基因数目 (Ae)、观察杂合度 (H_o)、期望杂合度 (H_e)、固定指数 (F) 及异交率 (t), 分析结果如下 (表 3):

2.2.1 居群多态位点百分率 珊瑚菜的每个居群所表现出来的多态性各不相同, 但均有较高的居群内多态性, 以居群 P1 和 P2 为最高, 多态位点比率均达到 95.7%, 表明其基因位点的多样性极其丰富。相比之下, P4 的多态位点百分率较低, 为 53.3%, 并且单态位点与多态位点的比率接近 1:1, 其基因位点的分化程度在所测试的 7 个居群中是比较低的。但总体而言, 珊瑚菜各居群均表现出较高的多态性, 其多态位点百分率在各居群间平均为 82.4%, 除居群 P4 外, 各居群都存在较高的遗传变异。

2.2.2 每位点等位基因平均数和有效等位基因数

在所分析的珊瑚菜 7 个居群中, 等位基因最多的是居群 P1 和 P2, 其等位基因平均数均为 3.21, 有效等位基因数为 2.36 和 2.30, 除居群 P4 外, 其余各居群的等位基因平均数比较接近 (2.44 ~ 3.05), 有效

表2 珊瑚菜各居群等位基因频率¹⁾Table 2 Allelic frequency of *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq. populations¹⁾

基因 Allele	迁移率 Rf	居群等位基因频率 Allelic frequency							平均值 Mean	基因 Allele	迁移率 Rf	居群等位基因频率 Allelic frequency							平均值 Mean							
		P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7				P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7								
EST-1																										
A	0.53	0.14	0.23	0.27	0.20	0.23	0.26	0.12	0.207	C	0.18	0.33	-	0.12	-	0.43	0.40	-	0.183							
B	0.57	0.14	0.30	0.24	0.27	0.27	0.29	0.26	0.253	D	0.21	-	-	0.32	-	-	-	-	0.046							
C	0.61	0.29	0.16	0.24	0.27	0.27	0.26	0.21	0.243	E	0.24	0.67	0.25	0.12	0.20	-	0.33	0.65	0.317							
D	0.64	0.43	0.31	0.25	0.26	0.23	0.19	0.41	0.299	LDH-1																
EST-2																										
A	0.69	0.23	0.25	0.24	0.29	0.23	0.22	0.23	0.241	A	0.34	0.19	0.07	0.13	-	-	-	-	0.079							
B	0.72	0.27	0.25	0.26	0.29	0.15	0.22	0.31	0.250	B	0.37	0.31	0.07	0.20	-	-	-	-	0.117							
C	0.75	0.27	0.25	0.24	0.21	0.23	0.26	0.17	0.233	C	0.42	0.31	0.79	-	-	-	-	-	0.220							
D	0.77	0.23	0.25	0.26	0.21	0.39	0.30	0.29	0.276	D	0.47	0.19	0.07	0.67	1.00	1.00	-	-	0.585							
EST-3										TO-1																
A	0.80	0.65	0.53	0.47	0.75	0.33	0.55	0.46	0.534	A	0.05	-	0.05	0.36	-	-	-	-	0.068							
B	0.83	0.15	0.44	0.35	0.25	0.25	0.30	0.32	0.294	B	0.08	0.40	0.10	-	-	-	-	-	0.083							
C	0.86	0.20	0.03	0.18	-	0.42	0.15	0.21	0.170	C	0.13	0.50	0.30	-	-	-	-	-	0.133							
PER-1																										
A	0.37	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.000	D	0.21	0.04	0.28	0.25	-	1.00	0.33	-	0.317							
PER-2																										
A	0.45	0.65	0.46	0.36	-	-	-	-	0.245	E	0.27	0.06	0.28	0.39	-	-	0.67	1.00	0.400							
B	0.50	0.05	0.22	0.32	-	0.33	0.60	0.29	0.302	TO-2																
C	0.55	0.28	0.17	0.21	-	0.33	0.30	0.57	0.310	A	0.64	0.03	0.16	-	-	-	-	0.25	-	0.073						
D	0.60	0.02	0.15	0.11	-	0.33	0.10	0.14	0.142	B	0.67	0.80	0.42	1.00	1.00	-	0.67	0.16	0.675							
CAT-1																										
A	0.12	0.42	0.51	0.50	0.46	0.50	0.38	0.42	0.456	C	0.62	0.17	0.42	-	-	-	0.08	0.84	0.252							
B	0.18	0.58	0.49	0.50	0.54	0.50	0.62	0.58	0.546	TO-3																
SOD-1																										
A	0.25	0.49	0.75	0.47	0.43	0.67	-	0.50	0.473	A	0.83	0.06	0.08	0.06	-	-	0.33	-	0.088							
B	0.29	0.43	0.21	0.27	0.29	0.22	1.00	0.50	0.417	B	0.87	0.89	0.63	0.69	1.00	-	0.67	-	0.647							
C	0.32	0.08	0.04	0.27	0.29	0.11	-	-	0.113	C	0.92	0.06	0.29	0.25	-	1.00	-	-	0.267							
SOD-2										ADH-1																
A	0.38	0.90	0.97	0.87	1.00	0.88	1.00	0.92	0.934	A	0.19	0.12	-	-	-	-	-	-	0.030							
B	0.41	0.10	0.03	0.13	-	0.13	-	0.08	0.066	B	0.22	0.55	-	-	-	0.13	-	-	0.168							
SOD-3																										
A	0.53	0.64	0.59	0.50	1.00	0.50	0.81	0.70	0.677	C	0.25	0.27	0.91	0.59	-	0.87	-	-	0.661							
B	0.58	0.36	0.41	0.50	-	0.50	0.19	0.30	0.323	D	0.28	-	0.03	0.35	-	-	-	-	0.096							
SOD-4																										
A	0.65	0.10	0.03	0.03	-	-	0.07	0.11	0.048	E	0.31	0.06	0.06	0.06	-	-	-	-	0.046							
B	0.70	0.07	0.04	0.09	-	-	0.25	0.17	0.088	MDH-1																
C	0.75	0.29	0.29	0.47	0.36	0.28	0.25	0.25	0.313	A	0.12	0.21	0.56	-	-	-	0.07	0.06	0.127							
D	0.80	0.24	0.27	0.22	0.36	0.39	0.25	0.21	0.277	B	0.15	0.26	0.17	0.12	-	-	0.36	0.28	0.168							
E	0.84	0.24	0.27	0.16	0.27	0.28	0.12	0.22	0.221	C	0.18	0.21	0.22	0.65	0.75	0.18	0.21	0.33	0.315							
F	0.88	0.05	0.10	0.03	-	0.06	0.08	0.06	0.054	D	0.21	0.07	0.06	0.06	-	0.46	0.07	0.28	0.141							
LDH-1																										
A	0.10	-	0.08	0.36	0.20	0.29	-	-	0.133	MDH-2																
B	0.14	-	0.67	0.08	0.60	0.29	0.27	0.35	0.322	A	0.58	-	-	0.33	-	0.46	0.42	-	0.172							
MDH-3																										
A	0.92	0.71	0.96	0.62	-	-	0.71	0.61	0.54	B	0.62	0.92	0.69	0.50	-	0.46	0.42	0.81	0.543							
B	0.96	0.24	0.05	-	-	-	-	-	0.29	C	0.65	-	0.15	0.17	1.00	0.09	0.17	0.19	0.252							
C	0.96	0.24	0.05	-	-	-	-	-	0.231	D	0.69	0.08	0.15	-	-	-	-	-	0.033							

¹⁾ P1: 江苏连云港东西连岛(后沙滩) Lianyungang, Jiangsu; P2: 江苏南京中山植物园苗圃 Nanjing, Jiangsu; P3: 江苏赣榆海头 Ganyu, Jiangsu; P4: 江苏赣榆九里 Ganyu, Jiangsu; P5: 浙江舟山普陀 Zhoushan, Zhejiang; P6: 江苏连云港东西连岛(苏马湾) Lianyungang, Jiangsu; P7: 山东日照 Rizhao, Shandong.

等位基因数也相近(2.18~2.45),而居群P4的等位基因平均数最低为2.00,有效等位基因数只有

1.87,说明居群P4的基因多样性丰富度较低。

2.2.3 固定指数 用固定指数F检验珊瑚菜居群是否偏离 Hardy-Weinberg 平衡。一般认为, $F = 0$ 基因型频率符合 H-W 平衡理论; 当居群中纯合体过量时, $F > 0$; 反之, 当杂合体过量时, $F < 0$ 。表 3 的结果表明, 居群 P1, P2, P3, P4 和 P5 的 F 值均小于 0, 说明这几个居群的杂合体过量, 纯合体不足, 其中以居群 P5 的偏离程度较大(-0.366), P2 居群的偏离程度最小(-0.081)。居群 P6 和 P7 的 F 值分别为 0.152 和 0.096, 均大于 0, 说明这二个居群中的纯合体过量, 杂合体不足, 但总体 F 均值为 -0.091, 说明珊瑚菜居群以杂合体过量为主。

由 F 值可以看出, 珊瑚菜居群中基因型实际上是偏离 H-W 平衡的, 居群的基因偏离一直在改变, 居群的遗传组成不断变化, 从而导致珊瑚菜居群的遗传变异和分化。

2.2.4 异交率 通过异交率(t)的计算, 也可以看出珊瑚菜各居群之间的遗传分化差异。前 5 个居群存在着不同程度的近交。珊瑚菜是以虫媒授粉为主的植物, 其随机交配授粉的概率较大, 杂交率较高, 但由于其生长环境仅为海滨沙滩, 生态适应幅度小, 其狭域生境对随机交配方式有所阻碍, 因而, 在某种程度上还存在着“邻里”交配, 导致一定程度的近交。

2.2.5 观察杂合度和期望杂合度 由表 3 可知珊瑚菜各居群等位酶位点的期望杂合度和观察杂合度的均值分别为 0.446 和 0.483, 可见珊瑚菜是一种杂合性很高的植物。

2.3 珊瑚菜居群遗传分化格局

不同居群或亚居群间遗传分化格局的分析是植物遗传多样性研究的一个中心问题。本文采用基因多样性法作为居群分化的指标。珊瑚菜居群分化各参数见表 4。珊瑚菜总的基因多样性(H_t)均值为 0.558, 居群内基因多样性(H_s)均值为 0.444, 而居群间的基因多样性(D_{st})均值仅为 0.113, 远小于居群内的基因多样性。居群间的基因分化指数(G_{st})均值为 0.191, 说明珊瑚菜居群的遗传变异大部分存在于居群内。总基因多样性的 19.1% 来源于居群间的基因差异, 而其余 80.9% 来源于居群内的遗传分化, 即居群内的基因多样性远大于居群间的基因多样性。

植物中遗传变异大小及居群遗传结构与植物生活史特性和生态因子有很大的关系, 在居群水平上影响遗传变异大小的因素依次为: 繁育系统 > 分布

表 3 珊瑚菜 7 个居群等位酶位点的遗传变异性度量值¹⁾

Table 3 Genetic variability estimates of seven *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq. populations¹⁾

居群 ²⁾ Population ²⁾	P(%)	A	Ae	Ho	He	F	t
P1	95.7	3.21	2.36	0.535	0.484	-0.105	1.235
P2	95.7	3.21	2.30	0.509	0.471	-0.081	1.176
P3	89.5	3.05	2.45	0.578	0.520	-0.112	1.251
P4	53.3	2.00	1.87	0.374	0.307	-0.218	1.558
P5	77.8	2.44	2.24	0.590	0.432	-0.366	2.150
P6	82.4	2.82	2.28	0.397	0.468	0.152	0.736
P7	82.3	2.69	2.18	0.398	0.440	0.096	5.826
平均值	82.4	2.77	2.24	0.483	0.446	-0.091	1.276

¹⁾ P: 多态位点百分率 Percentage of polymorphic loci; A: 每个位点的等位基因平均数 Mean allele number per locus; Ae: 每个位点的有效等位基因数 Effective allele number per locus; Ho: 观察杂合度 Observed heterozygosity; He: 期望杂合度 Expected heterozygosity; F: 固定指数 Fixation index; t: 异交率 Outcrossing rate。²⁾ P1: 江苏连云港东西连岛(后沙滩) Lianyungang, Jiangsu; P2: 江苏南京中山植物园苗圃 Nanjing, Jiangsu; P3: 江苏赣榆海头 Ganyu, Jiangsu; P4: 江苏赣榆九里 Ganyu, Jiangsu; P5: 浙江舟山普陀 Zhoushan, Zhejiang; P6: 江苏连云港东西连岛(苏马湾) Lianyungang, Jiangsu; P7: 山东日照石臼 Rizhao, Shandong.

表 4 珊瑚菜居群间的遗传分化参数

Table 4 Parameters of the genetic differentiation in *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq. populations

位点 Locus	居群内基 因多样性 (H _s)	居群间基 因多样性 (D _{st})	总基因 多样性 (H _t)	居群间基因 分化指数 (G _{st})	基因流 (N _m)
EST-1	0.724	0.021	0.745	0.028	8.620
EST-2	0.742	0.007	0.749	0.009	26.490
EST-3	0.561	0.009	0.600	0.015	16.420
PER-2	0.613	0.120	0.733	0.164	1.270
CAT-1	0.489	0.005	0.494	0.010	24.500
SOD-1	0.461	0.129	0.590	0.219	0.892
SOD-2	0.117	0.006	0.123	0.049	4.870
SOD-3	0.381	0.056	0.437	0.128	1.700
SOD-4	0.739	0.024	0.763	0.032	7.690
TO-1	0.404	0.306	0.710	0.431	0.330
TO-2	0.284	0.191	0.475	0.402	0.372
TO-3	0.271	0.231	0.502	0.460	0.293
ADH-1	0.382	0.141	0.523	0.270	0.676
MDH-1	0.595	0.168	0.763	0.220	0.886
MDH-2	0.391	0.220	0.611	0.360	0.444
MDH-3	0.399	0.064	0.463	0.138	1.562
LDH-1	0.570	0.173	0.743	0.233	0.823
LDH-2	0.320	0.270	0.590	0.458	0.296
平均值(Mean)	0.444	0.113	0.558	0.191	1.059
标准差(SD)	0.196	0.098	0.204	0.162	1.296

范围 > 生活型 > 分类地位 > 种子散播机制。珊瑚菜为虫媒传粉的植物, 分布于沿海地区, 为多年生草本, 其种子依靠风力或水力传播, 基因较易流动, 这类植物的群体间基因分化指数根据 Hamrick 和 Godt

的统计平均值也在 0.191 左右^[8],本研究的结果与之极其吻合。珊瑚菜为异交授粉的植株,其同种个体间可进行杂交传粉,因此,居群内的个体间基因交流频繁,从而形成了居群内的遗传变异大于群体间遗传变异的现象。

2.4 珊瑚菜各居群间遗传分化程度比较

为了对各居群的遗传分化程度作比较,运用 Nei (1972) 的方法对珊瑚菜 7 个居群作遗传一致性(I)及遗传距离(D)分析^[9],结果见表 5。居群间遗传距离

平均为 0.317,而遗传一致性平均为 0.728,遗传距离最大的是 P5 和 P7($D = 0.576$),P5 生长于浙江普陀山,而 P7 则生长于山东日照,两地的气候状况和生态条件差异相对较大,因而,二者的遗传分化程度差异较大。遗传距离最小的是 P1 和 P6($D = 0.122$),它们分别生长于连云港东西连岛的后沙滩和苏马湾,其生境条件如气温、水分、沙土质、土壤 pH 等都十分相似,因而两居群的遗传多样性也十分一致。

表 5 珊瑚菜各居群间的遗传一致性(I)和遗传距离(D)¹⁾

Table 5 Genetic identity (I) and genetic distance (D) of *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq. populations¹⁾

遗传一致性(I) Genetic identity (I)							遗传距离(D) Genetic distance (D)						
P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7
-	0.841	0.815	0.686	0.631	0.885	0.731	-	-	-	-	-	-	-
-	-	0.801	0.618	0.729	0.730	0.831	0.173	-	-	-	-	-	-
-	-	-	0.786	0.867	0.785	0.685	0.205	0.222	-	-	-	-	-
-	-	-	-	0.612	0.698	0.580	0.377	0.481	0.241	-	-	-	-
-	-	-	-	-	0.640	0.562	0.460	0.316	0.143	0.491	-	-	-
-	-	-	-	-	-	0.801	0.122	0.315	0.242	0.360	0.446	-	-
-	-	-	-	-	-	-	0.313	0.207	0.378	0.545	0.576	0.222	-

¹⁾ P1: 江苏连云港东西连岛(后沙滩)Lianyungang, Jiangsu; P2: 江苏南京中山植物园苗圃 Nanjing, Jiangsu; P3: 江苏赣榆海头 Ganyu, Jiangsu; P4: 江苏赣榆九里 Ganyu, Jiangsu; P5: 浙江舟山普陀 Zhoushan, Zhejiang; P6: 江苏连云港东西连岛(苏马湾)Lianyungang, Jiangsu; P7: 山东日照石臼 Rizhao, Shandong.

以遗传一致性 I 值为基础,用 UPGMA 法对各居群作聚类分析^[10](图 1)。从图 1 和表 5 可以看出,P4 与其他 6 个居群的遗传相似度较小,遗传多样性也较小。原因是:1) 由于 P4 居群个体数少,在某种程

度上,其代表性较差,因而与其他居群间就具有较大的差异;2) 由于居群个体数偏少,增加了近亲繁殖的机会,致使居群中的遗传多样性损失。3) 不同的生态环境使珊瑚菜的遗传多样性发生改变,居群 P2 是从连云港后沙滩移栽至南京的,尽管其原产地同居群 P1 一致,但由于气候、土壤、水分等环境因子的改变,再加上周围植物群落的变异,在南京移栽 2 年后,其基因型发生了改变,在遗传上与原居群也有了一定程度的差异。

3 结 论

一般植物居群多态位点百分率平均为 35%,而珊瑚菜居群的基因多态位点比率平均为 82.4%,可见其具有较高的遗传多样性。珊瑚菜也是一个杂合性很高的植物,平均期望杂合度为 0.446,这是由于其具有特殊的繁育特征,从而保持了较高的杂合性。珊瑚菜居群的遗传分化结构主要以居群内的遗传多样性为主,总的基因多样性中,19.1% 来源于居群间,80.9% 来源于居群内,造成这一现象的原因与珊

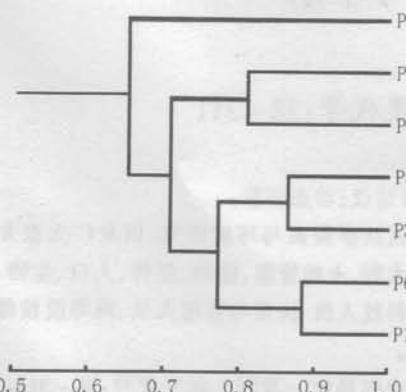


图 1 珊瑚菜 7 个居群遗传一致性树系图

Fig. 1 Cluster dendrogram for genetic identity (I) of *Glehnia littoralis* Fr. Schmidt ex Miq. populations

P1: 江苏连云港东西连岛(后沙滩)Lianyungang, Jiangsu; P2: 江苏南京中山植物园苗圃 Nanjing, Jiangsu; P3: 江苏赣榆海头 Ganyu, Jiangsu; P4: 江苏赣榆九里 Ganyu, Jiangsu; P5: 浙江舟山普陀 Zhoushan, Zhejiang; P6: 江苏连云港东西连岛(苏马湾)Lianyungang, Jiangsu; P7: 山东日照石臼 Rizhao, Shandong.

珊瑚菜的繁育系统、生活型和分布范围等有一定的关系。由于自然和人为等因素,使珊瑚菜生境受到严重的破坏,自然居群减少,居群中个体数目急剧下降,使居群中个体的交配范围狭窄,极易产生近交,个体的基因衰退,导致居群内遗传多样性降低,赣榆九里的小居群(仅有4株)就是一个典型的例子。另外,生态环境比较一致的居群,居群间的遗传一致性相对较高,如连云港苏马湾居群和连云港后沙滩居群($I=0.885$)间等位酶遗传一致性的分析充分说明这一点。

等位酶的遗传多样性分析为珊瑚菜的保护生物学提供了科学依据。江苏省境内的野生珊瑚菜,目前个体数量极少,已处于濒危状态。但是由于其具有丰富的遗传多样性,如能适时适地予以种子繁殖,或就地人工复植,或迁地保护,便可很快得到恢复。另外,珊瑚菜是我国的传统中药材,地下部为药材北沙参。种内不同居群的遗传多样性分析,将有助于了解珊瑚菜不同产地居群的药材的遗传结构,为北沙参药材的培植、选育和收购提供理论依据。

参考文献:

- [1] 单人骅,余孟兰.中国植物志,第五十五卷第三分册[M].北京:科学出版社,1992. 77-79.
- [2] 傅立国.中国植物红皮书——稀有濒危植物[M].北京:科学出版社,1992. 698.
- [3] 上海植物生理学会.植物生理学实验手册[M].上海:上海科学出版社,1985.
- [4] 罗广华,王爱国.植物SOD的凝胶电泳及活性显示[J].植物生理学通讯,1983,(6):44-45.
- [5] Scilianol M J, Shaw C R, 沈全光译.凝胶上酶的分离和显现[J].植物生理学通讯,1980,(4):59-70.
- [6] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. Genetics, 1978, 89:583-590.
- [7] 葛学军.植物遗传多样性研究中等位基因酶分析的遗传参数及其计算方法[J].热带亚热带植物学报,1996, 4(2):79-84.
- [8] 陈家宽,杨继.植物进化生物学[M].武汉:武汉大学出版社,1994.
- [9] Nei M. Genetic distance between population [J]. America Nature, 1972, 106:283-292.
- [10] 钟扬,陈家宽,黄德世.数量分类的方法和程序[M].武汉:武汉大学出版社,1990.
- [11] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations[J]. Proc Nat Acad Sci USA, 1973, 70(12):3321-3323.

(责任编辑:宗世贤)

欢迎订阅《长江流域资源与环境》

国内统一刊号:CN42-1320/X, 邮发代号:38-311

《长江流域资源与环境》由中国科学院资源环境科学与技术局和中国科学院武汉文献情报中心联合主办,中国科学院出版基金资助,科学出版社出版。它是全国唯一一份专门研究长江流域各种资源的开发利用保护与生态环境的综合性学术刊物,是中国科技论文统计源期刊,全国中文核心期刊,中国科学引文数据库源期刊。它立足长江流域,面向国内外,围绕长江流域资源与生态环境重大问题,报道流域资源与生态环境研究成果、资源综合开发利用与生态环境保护工作经验,介绍国内外江河流域开发整治和环境保护的最新成就。本刊主要栏目有:资源环境与社会可持续发展;自然资源;农业发展;生态环境;自然灾害;学术

讨论·决策建议;动态信息。

本刊对从事资源与环境研究,以及广大农业、林业、气象、能源、水利、土地管理、旅游、经济、人口、生物、地理等学科部门的科技人员、决策与管理人员、高等院校师生都很有参考价值。

本刊由邮局统一发行。邮发代号:38-311。如有漏订者,可直接汇款到编辑部补订。本刊为双月刊,每期96页,全年定价60元(含邮费)。编辑部地址:武汉市武昌小洪山西区25号,邮政编码:430071,电话:(027)87869181。

银行汇款请寄:中国科学院武汉文献情报中心
85493892261014638 建行何办科代 854938