

鹅掌楸居群遗传结构及其保护对策

朱晓琴 贺善安 姚青菊 马建霞 於虹

(江苏省植物研究所, 江苏省植物迁地保护重点实验室, 南京 210014)
中国科学院

摘要 鹅掌楸(*Liriodendron chinense* (Hemsl.) Sarg.) 10个居群中10种酶系统16个位点上的等位基因电泳结果表明: 鹅掌楸种内遗传多样性水平较高, 种内遗传变异的20.6%分布在居群间, 79.4%分布在居群内, 东部分布亚区的多样性水平和基因流低于西部, 居群间分化程度则高于西部; 其遗传多样性随纬度增加而递减, 形成南高北低格局。针对鹅掌楸居群遗传结构的形成原因及现状提出了适宜的保护措施。

关键词 鹅掌楸; 等位酶; 居群遗传结构; 保护措施

Population genetic structure and conservation strategy of *Liriodendron chinense* (Hemsl.) Sarg. Zhu Xiao-Qin, He Shan-An, Yao Qing-Ju, Ma Jian-Xia, Yu Hong (Jiangsu Provincial Key Laboratory for Plant *Ex Situ* Conservation, Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014), *J. Plant Resour. & Environ.* 1997, 6(4): 7~14

The electrophoretic results of allozymes on 16 loci encoding 10 enzyme systems in 10 *Liriodendron chinense* (Hemsl.) Sarg. populations indicated: *L. chinense* is highly genetically diversified. 20.6% of its genetic variation distributed among populations, while other 79.4% within populations. The diversity level and the estimate of gene flow in the eastern sub-division are lower than the western, and the population differentiation more critical. The genetic diversity of *L. chinense* is declining along the latitude, which forms the southern-high and northern-low pattern of its genetic variation.

Key words *Liriodendron chinense* (Hemsl.) Sarg.; allozyme; population genetic structure; conservation

1. 引言

鹅掌楸(*Liriodendron chinense* (Hemsl.) Sarg.) 星散分布于中国东经 120°17'~103°15', 北纬 22°37'~32°38' 的广袤地域, 共有 84 个分布点, 居群中个体数目很少^[1]。根据郝日明等(1995)的研究结果^[1], 鹅掌楸分布区可分为东、西两个亚区。西部呈带状分布, 东部呈岛状分布。目前, 在分布区东部亚区内仅有一个近百株的居群, 其余居群均在 1 至 20 株之间, 较大居群多见于西部亚区, 但也仅有 4 个居群中个体数超过 100 株。它在森林群落中常为伴生种或偶见种, 还有许多地区的鹅掌楸残存在村旁或农田中, 几乎已无原生境可言^[1], 生存形势极为

• 国家自然科学基金重大项目资助课题

收稿日期 1997-07-09

严峻。

作者在1995年对鹅掌楸遗传多样性水平作了初步报道,本研究旨在进一步探讨以下4个问题:(1) 鹅掌楸种内遗传多样性的水平;(2) 遗传变异水平的地理梯度以及与居群大小的关系;(3) 影响鹅掌楸居群遗传结构的主要因素;(4) 鹅掌楸遗传多样性保护的对策。

2. 材料与 方法

2.1 实验材料

供实验研究的10个鹅掌楸居群的概况及材料来源见表1。

(1) 1993年从江西铜鼓、浙江庆元、广西资源、湖南龙山和贵州松桃的鹅掌楸居群分单株采集种子,1994年春播于本所苗圃,1995年夏对每个母株的10株2龄实生苗全展叶进行酶电泳分析。对于云南金平种源的居群,未分单株而混合采种,实验中取20株2龄实生苗的全展叶。

(2) 1995年春分别取安徽舒城和浙江安吉两个种源的鹅掌楸居群的11株和12株的全展叶用于分析。

(3) 江西庐山和四川酉阳种源的材料为1988年于原生地居群中采集的小苗各6株,引种栽培至本所苗圃,1995年夏采全展叶进行酶电泳分析。

表1 10个鹅掌楸采样居群的概况及材料来源

Tab 1 The general situation and sources of 10 *Liriodendron chinense* sampling populations

地点 Locality	经度 Longitude	纬度 Latitude	海拔(m) Altitude	原居群大小 (株数) Population size	取样株数 Sample no.	分区 Sub-division
江西铜鼓 Tonggu, Jiangxi	114.4	28.5	800	20	3*	东部亚区 Eastern sub-region
江西庐山 Lushan, Jiangxi	116.0	29.5		10	实生苗6株	东部亚区 Eastern sub-region
浙江庆元 Qingyuan, Zhejiang	119.0	27.6	800~1400	14	7*	东部亚区 Eastern sub-region
浙江安吉 Anji, Zhejiang	119.6	30.6	700~1200	100	12	东部亚区 Eastern sub-region
安徽舒城 Shucheng, Anhui	115.0	31.5	700	11	11	东部亚区 Eastern sub-region
广西资源 Ziyuan, Guangxi	110.7	26.0	1050	20	3*	中部猫儿山 Central Maoershan
湖南龙山 Longshan, Hunan	109.4	29.5	1200	>100	3*	西部亚区 Western sub-region
四川酉阳 Youyang, Sichuan	108.8	28.8		10	实生苗6株	西部亚区 Western sub-region
贵州松桃 Songtao, Guizhou	109.1	28.1	800	>100	9*	西部亚区 Western sub-region
云南金平 Jinping, Yunnan	103.2	22.8	1600	>100	混合采样	西部亚区 Western sub-region

* 指采种株数 Numbers of parent trees for seed collection

2.2 等位酶电泳方法

酶提取基本按照 Parks 等的方法^[2]进行。分析了叶片提取物中10种酶系统,分别是:天冬氨酸转氨酶(AAT)、乙醇脱氢酶(ADH)、过氧化氢酶(CAT)、还原性辅酶I心肌黄酶(DIA)、谷氨酸脱氢酶(GDH)、异柠檬酸脱氢酶(IDH)、过氧化物酶(PER)、磷酸葡萄糖变位酶(PGM)、多酚氧化酶(PPO)、莽草酸脱氢酶(SKD)。AAT、PGM、SKD、GDH、PER、PPO采用聚丙烯酰胺凝胶垂直平板电泳法,分离胶浓度前3种酶为10%,后3种为7%,浓缩胶浓度4%,电极缓冲液为 Tris-甘氨酸, pH 8.3。ADH、CAT、DIA、IDH 的电泳运用 Pharmacia Phast

System 高效快速水平电泳仪,所用凝胶浓度分别为梯度胶 8~25,均一胶 7.5、12.5 和 20。染色方法参照文献[3]。

酶谱的等位基因解析参考 Parks 等的报道^[2]以及各种酶的结构和亚细胞分室特点^[3]。遗传变异及结构参数等计算主要运用 BIOSYS-1 计算机软件完成。

3. 结果与分析

3.1 遗传变异

表 2 为鹅掌楸各居群的等位基因频率表。53 个检测到的等位基因中,3 个固定在东部亚区的居群中,1 个固定在西部亚区的居群中,2 个只在猫儿山“岛”的资源居群中出现,还有 2 个只在西部亚区和中部的居群中出现,而没有检测到仅存于东部居群和中部居群的等位基因。

表 2 鹅掌楸各居群的 16 个等位酶位点上的等位基因频率
Tab 2 Allele frequency on 16 allozyme loci of *L. chinense* populations

位点 Locus	等位基因频率 Allele frequency									
	东部居群 Eastern population					中部居群 Central population	西部居群 Western population			
	铜鼓 Tonggu	庐山 Lushan	庆元 Qingyuan	安吉 Anji	舒城 Shucheng	资源 Ziyuan	龙山 Longshan	酉阳 Youyang	松桃 Songtao	金平 Jinping
AAT-1 A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
AAT-2 A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.969	1.000
B	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.031	0.000
AAT-3 A	0.000	0.000	0.000	0.000	0.688	0.071	0.385	1.000	0.360	0.421
B	0.522	1.000	1.000	1.000	0.063	0.411	0.346	0.000	0.465	0.474
C	0.478	0.000	0.000	0.000	0.250	0.518	0.269	0.000	0.174	0.105
ADH-1 A	0.000	0.083	0.650	0.917	0.000	1.000	0.412	1.000	0.017	0.694
B	1.000	0.917	0.350	0.083	1.000	0.000	0.587	0.000	0.983	0.306
CAT-1 A	0.500	0.500	0.257	0.042	0.000	0.462	0.500	1.000	0.538	0.222
B	0.500	0.500	0.743	0.958	1.000	0.538	0.500	0.000	0.462	0.778
DIA-2 A	0.034	0.000	0.075	0.045	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
B	0.931	1.000	0.762	0.909	1.000	0.696	0.955	0.875	0.925	0.917
C	0.034	0.000	0.162	0.045	0.000	0.304	0.045	0.125	0.075	0.083
DIA-3 A	0.690	0.583	0.750	0.909	0.864	0.569	0.744	0.625	0.818	0.806
B	0.310	0.417	0.250	0.091	0.136	0.431	0.256	0.375	0.182	0.194
GDH-1 A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
IDH-1 A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
PER-1 A	0.308	0.333	0.658	0.792	0.778	0.313	0.000	0.000	0.370	0.000
B	0.019	0.667	0.250	0.208	0.222	0.500	0.987	0.300	0.580	0.900
C	0.673	0.000	0.092	0.000	0.000	0.167	0.013	0.700	0.051	0.100
D	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000
PER-2 A	0.000	0.167	0.038	0.208	0.000	0.000	0.070	0.000	0.069	0.079
B	0.000	0.000	0.075	0.042	0.182	0.103	0.032	0.800	0.056	0.026
C	0.483	0.333	0.475	0.667	0.318	0.224	0.538	0.100	0.361	0.447
D	0.300	0.000	0.200	0.042	0.045	0.034	0.146	0.000	0.368	0.184
E	0.200	0.500	0.213	0.042	0.455	0.362	0.190	0.100	0.146	0.263
F	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.276	0.025	0.000	0.000	0.000

续表 2 Tab 2 (Continued)

位点 Locus	等位基因频率 Allele frequency										
	东部居群 Eastern population					中部居群 Central population	西部居群 Western population				
	铜鼓 Tonggu	庐山 Lushan	庆元 Qingyuan	安吉 Anji	舒城 Shucheng	资源 Ziyuan	龙山 Longshan	酉阳 Youyang	松桃 Songtao	金平 Jinping	
PGM-1	A	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000
	B	0.636	1.000	0.970	0.917	1.000	0.929	0.968	0.100	0.988	0.053
	C	0.000	0.000	0.015	0.000	0.000	0.000	0.000	0.700	0.000	0.737
	D	0.364	0.000	0.015	0.000	0.000	0.071	0.032	0.200	0.006	0.211
PGM-2	A	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.038	0.167	0.142	0.000
	B	0.500	0.750	0.675	1.000	0.636	0.759	0.665	0.833	0.792	0.556
	C	0.500	0.250	0.188	0.000	0.273	0.224	0.241	0.000	0.057	0.444
	D	0.000	0.000	0.138	0.000	0.091	0.000	0.000	0.009	0.057	0.000
PPO-1	A	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.091	0.000
	B	0.452	0.750	0.500	0.458	1.000	0.271	0.329	0.500	0.421	0.316
	C	0.048	0.250	0.467	0.542	0.000	0.417	0.664	0.500	0.445	0.632
	D	0.476	0.000	0.033	0.000	0.000	0.229	0.007	0.000	0.043	0.053
	E	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
PPO-2	A	0.000	0.000	0.013	0.000	0.182	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	B	0.464	0.000	0.368	0.500	0.818	0.267	0.500	0.500	0.414	0.425
	C	0.232	1.000	0.408	0.125	0.000	0.333	0.272	0.500	0.305	0.400
	D	0.304	0.000	0.211	0.375	0.000	0.300	0.228	0.000	0.282	0.175
	E	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
SKD-1	A	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.022	0.000
	B	0.700	1.000	0.721	0.500	0.955	0.900	0.919	0.500	0.883	0.711
	C	0.000	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000
	D	0.267	0.000	0.250	0.500	0.045	0.067	0.056	0.500	0.094	0.289

鹅掌楸居群中 16 个等位酶位点的遗传变异情况见表 3。从衡量居群遗传变异的 4 个参数(每个位点上等位基因的平均数 A 、多态位点百分率 P 、观察杂合度 H_o 和期望杂合度 H_e)可以看出,鹅掌楸种内存在较高水平的遗传变异,东部亚区中鹅掌楸居群的各项参数值均低于西部亚区。这一结果与作者对于 5 个鹅掌楸居群 6 种酶系统 9 个位点的报道是一致的^[4]。固定系数(F)在鹅掌楸种内平均为 -0.002 ,基本处于平衡水平。

10 个鹅掌楸居群的 4 个遗传多样性标准参数与其分布纬度以及居群大小之间的相关分析结果见表 4。4 个标准参数与纬度之间都存在负相关性(r_1),其中多态位点百分率和期望杂合性与纬度的负相关性达到极显著水平。说明鹅掌楸种内遗传变异的分布随纬度升高而递减。

10 个取样居群的群体大小与遗传多样性参数值 A 、 P 、 H_o 和 H_e 之间的相关性(r_2)均不显著,但个体数小于 20 的 6 个居群,其居群大小与 A 、 P 、 H_o 和 H_e 之间存在极显著的正相关(r_3)。

3.2 居群遗传结构

鹅掌楸种内的居群遗传分化情况见表 5。可以看出,东部亚区中居群的分化指数高于西

部亚区,但两者均低于种内总的基因分化指数;西部亚区的基因多样性和居群内基因多样性都比东部亚区丰富;居群内基因多样性明显高于居群间基因多样性。

表3 鹅掌楸居群中 16 个等位酶位点的遗传变异(括号内为标准误)

Tab 3 Genetic variation of 16 allozymic loci in *L. chinense* populations (numbers in brackets indicate the standard error)

地点 Locality	每个位点上等位 基因的平均数 Mean allele number per locus (A)	多态位点百分率 % polymorphic loci (P)*	观察杂合性 Observed heterozygosity (Ho)	期望杂合性 Expected heterozygosity (He)	固定系数 Wright's fixation index (F)
铜鼓 Tonggu	2.2(0.3)	68.8	0.301(0.078)	0.359(0.060)	-0.082
庐山 Lushan	1.5(0.2)	43.8	0.250(0.096)	0.214(0.060)	0.356
庆元 Qingyuan	2.4(0.3)	62.5	0.309(0.073)	0.339(0.061)	-0.003
安吉 Anji	1.9(0.3)	56.3	0.247(0.085)	0.228(0.056)	0.254
舒城 Shucheng	1.7(0.2)	37.5	0.127(0.069)	0.193(0.059)	-0.216
龙山 Longshan	2.4(0.3)	56.3	0.236(0.063)	0.308(0.062)	-0.183
酉阳 Youyang	1.7(0.2)	56.3	0.315(0.315)	0.262(0.056)	0.370
松桃 Songtao	2.5(0.3)	62.5	0.204(0.052)	0.323(0.067)	0.301
金平 Jinping	2.2(0.3)	75.0	0.287(0.064)	0.364(0.059)	-0.106
资源 Ziyuan**	2.4(0.3)	68.8	0.302(0.076)	0.370(0.069)	-0.109
\bar{X}_1	1.9	53.8	0.247	0.236	0.062
\bar{X}_2	2.2	62.5	0.261	0.283	-0.055
种内平均 All population average	2.1	58.9	0.258	0.265	-0.002

* 当一个位点上最常见的等位基因的频率不超过 95% 时,该位点被认为是多态 A locus is considered polymorphic if the frequency of the most common allele does not exceed 95%; ** 中部猫儿山“岛” Central Maoershan “island”; \bar{X}_1 : 东部亚区平均 Eastern sub-region average; \bar{X}_2 : 西部亚区平均 Western sub-region average.

表4 鹅掌楸遗传变异参数与纬度以及居群大小的相关分析

Tab 4 Correlations between genetic variation parameters and latitude and population size in *L. chinense*

相关系数* Correlation	每个位点上等位基因的平均数 Mean allele number per locus (A)	多态位点百分率 % polymorphic loci (P)	观察杂合度 Observed heterozygosity (Ho)	期望杂合度 Expected heterozygosity (He)
r_1	-0.48	-0.82**	-0.56	-0.74**
r_2	0.43	0.34	-0.18	0.19
r_3	0.82**	0.82**	0.41	0.88**

* r_1 : 遗传变异参数与纬度的相关系数 The correlations between genetic variation parameters and latitude; r_2 : 10 个居群的变异参数与居群大小的相关系数 The correlations between genetic variation parameters of all 10 populations and the population sizes; r_3 : 6 个小居群(个体数小于 20, 包括铜鼓、庐山、庆元、舒城、酉阳和资源)的变异参数与居群大小的相关系数 The correlations between genetic variation parameters of 6 small populations (individual number less than 20, including Tonggu, Lushan, Qingyuan, Shucheng, Youyang and Ziyuan) and the population sizes. ** : $p < 0.01$

表5 鹅掌楸种内的居群遗传分化

Tab 5 Population genetic differentiation in *Liriodendron chinense*

居群组合 Population group	总基因多样性 Total genetic diversity (Ht)	居群内基因多样性 Genetic diversity within populations (Hs)	居群间基因多样性 Genetic diversity among populations (Hst)	居群基因分化指数 Population genetic differentiation index (Gst)
种内 All populations	0.373	0.296	0.077	0.206
东部亚区 Eastern sub-region	0.324	0.267	0.057	0.176
西部亚区 Western sub-region	0.380	0.325	0.055	0.145

表6中的F统计值同样可以衡量居群分化程度,结论同上。同时看出,东部亚区中居群间的基因流动程度也比西部亚区弱。

猫儿山“岛”是处于鹅掌楸东部岛状分布亚区和西部带状分布亚区之间的一个分布岛,本研究中被单列为中部地区。把它分别列入东部亚区和西部亚区之后再进行分析,得出的东、西部各自的居群分化程度,与原来不包括猫儿山“岛”的分化指数相比皆较低;而把猫儿山“岛”的资源居群删去后计算得出的东部和西部亚区居群之间的分化程度(F_{st})比基于种内所有居群得出的值高;基因流动程度(N_m)降低。

表7为各亚区内居群间,以及亚区间遗传距离^[5]的平均值。可看出,东部亚区的鹅掌楸居群与中部猫儿山“岛”居群之间的遗传距离和西部亚区与猫儿山“岛”之间的遗传距离值较接近,而西部亚区与东部亚区居群之间的遗传距离较大。

表6 鹅掌楸居群分化程度的F统计值分析以及居群间基因流值(N_m)

Tab 6 F-statistics for analysis of population differentiation and gene flow estimated (N_m) among populations in *Liriodendron chinense*

居群组合 Population group	亚居群的 固定指数 (FIS)	总居群的 固定指数 (FIT)	居群间基因 频率的方差 (FST)	居群间基因 流的估计值 (N_m)
种内平均 All populations	0.028	0.308	0.289	0.615
东部和西部亚区 Eastern and western sub-regions	0.016	0.311	0.300	0.583
东部亚区 Eastern sub-region	-0.046	0.239	0.273	0.666
东部亚区和猫儿山“岛” Eastern sub-region and Maoershan "island"	-0.012	0.255	0.264	0.697
西部亚区 Western sub-region	0.008	0.233	0.227	0.851
西部亚区和猫儿山“岛” Western sub-region and Maoershan "island"	0.087	0.293	0.116	0.856

FIS - fixation index of subpopulation; FIT - fixation index of total population; FST - gene frequency variance among subpopulations; N_m - the number of migrants per generation.

表7 鹅掌楸分布亚区之间的遗传距离(Nei, 1978)

Tab 7 Nei's (1978) unbiased genetic distances between distribution sub-regions of *Liriodendron chinense*

分区 Sub-region	分析居群数 Number of populations analysed	东部亚区 Eastern sub-region	中部猫儿山“岛” Central Maoershan "island"	西部亚区 Western sub-region
东部亚区 Eastern sub-region	5	0.140(0.027 - 0.215)*		
中部猫儿山 Central Maoershan	1	0.145(0.072 - 0.224)	-	
西部亚区 Western sub-region	4	0.186(0.059 - 0.391)	0.140(0.080 - 0.216)	0.160(0.036 - 0.287)

*: 括号内数字为变化幅度 Numbers in brackets indicate the range of fluctuation; -: 无比较值 No comparison.

4. 讨 论

4.1 鹅掌楸种内遗传变异的总体水平

研究表明,许多稀有濒危植物的种内遗传变异水平很低,甚至不存在变异^[6,7],并认为这种低变异性是由于居群动态中的“瓶颈效应”或者“奠基者效应”亦或小居群内的近交造成或加剧的。对于鹅掌楸这一濒危树种来说,得以保持较高的遗传多样性,有两方面的主要原因。首先,鹅掌楸仍具有较为广阔的分布区,在种群生态研究中被划分为东、西两个分布亚区^[1]。东部和西部居群之间存在较明显的形态差别。本研究中发现,东、西亚区的鹅掌楸在等位基因的

种类和频率上都有较大差异,各亚区内具有特有等位基因。而且,鹅掌楸种内居群间的遗传分化的中心在于东、西亚区之间的分化^[4]。在历史上,由于第四纪冰川的作用,原来广布北半球的鹅掌楸仅仅在长江流域以南的天然“避难所”中保存下来。同时,由于东、西亚区间的地理障碍导致的生殖隔离,使各自居群的形态和遗传特征得以保存。因此,可以认为,现存鹅掌楸是从多个“避难所”中发展起来的,具有较为广泛的遗传基础,这是它得以保持较高遗传多样性的前提。

鹅掌楸可能为一异交树种^[7-9],其北美对应种北美鹅掌楸为具有开放交配系统的风媒传粉植物, Parks 等认为,鹅掌楸具有与北美鹅掌楸相同的交配类型^[10]。本文的结果表明,鹅掌楸种内变异的 74% 分布在居群内, 26% 分布在居群间, G_{st} 值为 0.206, 接近于动物传粉的混交或异交性植物的平均水平。同时,鹅掌楸种内的平均固定系数(F)为 -0.002, 接近哈迪-温伯格平衡, 有轻微程度的杂合子过量。因此,作者支持关于鹅掌楸异交性交配系统的推测,并且认为,它的这种交配型式是维持其高遗传多样性的重要条件。

4.2 鹅掌楸居群遗传结构及其形成原因

鹅掌楸种内居群遗传结构具有复杂的特点,这是历史原因、生态因素和鹅掌楸物种自身生物学特性共同作用的结果。

作者曾论述了划分鹅掌楸东、西两个分布亚区的遗传学意义,并从遗传多样性的角度论证了“带、岛”分化的过程^[4]。本文进一步加深对以上论述的理解。并且提出,猫儿山“岛”的鹅掌楸居群与东部亚区和西部亚区的居群都有一定的遗传相似性,在分区的分析中,由于它的介入,使东、西亚区中的居群分化程度都降低。因此猫儿山“岛”居群不仅在地理上是东、西两个亚区之间的过渡,也是两个亚区间遗传交流的中继,成为遗传分化的联结点。因此,鹅掌楸在其地理分布格局成为“东岛西带”型式的同时,遗传多样性也具有同样的分化趋势,东、西分布亚区间的遗传分化是其种内分化的一个明显趋势,而随着东部亚区中居群间地理隔离程度的加深,它们的遗传分化也进一步加剧。

这种现象的产生首先与东部亚区中的居群偏小有关。由固定系数 F 看,东部亚区纯合子过量,而西部亚区杂合子过量,这在一定程度上说明东部亚区中存在遗传漂变或近交现象。郝日明等(1995)在对鹅掌楸进行居群生态学的研究中也发现,鹅掌楸生殖生物学方面的障碍更常见于小居群中^[1]。因此,东部亚区鹅掌楸的遗传多样性比西部亚区低,这与东部居群的严重萎缩是密切相关的。其次, Wright(1951)认为,当 N_m 值小于 1 时,就有可能因居群间基因交流的障碍而产生近交衰退^[11]。鹅掌楸种内居群间基因流(N_m)仅为 0.662,因此,鹅掌楸居群内的近交衰退和遗传漂变是其种内分化的另一个重要原因。

同时,根据鹅掌楸遗传变异与纬度之间的负相关性(表 5),可以看出,鹅掌楸遗传多样性分布不仅有东、西方向上的变化,而且由南至北也呈递减趋势。这可以找到历史因素作用的痕迹。众所周知,北半球第四纪冰川对这一地区的植被造成几乎毁灭性的打击^[10, 12-14]。长江流域以南地区在第四纪冰川期成为很多物种的“避难所”,鹅掌楸有幸为其中一种。可以有两种推论:第一,分布区越近南部的居群受到冰川的影响越小,因而可能保持较多的个体和遗传多样性。因此,如果现存鹅掌楸居群是从冰川后幸存在各个“避难所”中的少数个体原地或就近发展起来的,显而易见,由于“瓶颈效应”的结果,北方居群的遗传背景相对会较为简单。第二,如果鹅掌楸现代分布区是由二三个“避难所”中一些个体的种子传播出去后重建而成,鹅掌

楸在向北扩展过程中产生的“奠基者效应”也使北部群体的多样性程度降低,由此产生了现代鹅掌楸遗传变异性分布的南北格局。

4.3 鹅掌楸的保护

鹅掌楸居群目前大多处于不利于其生存和发展的“濒危生境”中^[15],但仍具有较高水平的遗传多样性,居群遗传结构在其地理分布的东、西向和南、北向均具有显著的变化特点。因此,对于这样一个具有复杂遗传结构的濒危物种实施保护,不能仅仅运用单一的手段和简单的方法,而应采取综合措施,抑制其居群衰败的趋势。首先,在原地保护的基础上,创造鹅掌楸生存的适宜生境,同时制止乱砍乱伐,努力保存现有居群和个体。对目前东部亚区中的每一个鹅掌楸居群甚至单株都应该加以保护,因为虽然它们的数目很少,但包含一些特有的等位基因,同时居群间分化较为严重,每一个居群都有其遗传特殊性。其次,结合迁地保护的手段,人为制造大居群、大空间,创造基因交流和重组的条件,阻止目前正在各个孤立的小居群中发生的由于遗传漂变以及近交衰退造成的遗传多样性减少。

总之,对于鹅掌楸这样的古老残遗物种,适宜生境的开发^[15]以及根据它的居群遗传结构进行遗传多样性的保存是实施保护的关键。

参 考 文 献

- 1 郝日明,贺善安,汤诗杰等. 鹅掌楸在中国的自然分布及其特点. 植物资源与环境, 1995, 4(1):1~6.
- 2 Parks C R, Wendel J F, Sewell M M *et al.* Genetic control of isozyme variation in the genus *Liriodendron* L. *Journal of Heredity*, 1990, 81(4):317~323.
- 3 Weeden N F, Wendel J F. Genetics of plant isozymes. In: Soltis D E, Soltis P S eds, *Isozymes in Plant Biology*, Portland: Dioscorides Press, 1989, 46~73.
- 4 朱晓琴,马建霞,姚青菊等. 鹅掌楸(*Liriodendron chinense*)遗传多样性的等位酶论证. 植物资源与环境, 1995, 4(3):9~14.
- 5 Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 1978, 89: 583~590.
- 6 Waller D M, O' Malley D M, Gawler S C. Genetic variation in the extreme endemic, *Pedicularis furbishiae* (Scrophulariaceae). *Conservation Biology*, 1987, 1: 335~340.
- 7 方炎明,尤录祥,樊汝汶. 中国鹅掌楸天然群体与人工群体的生育力. 植物资源与环境, 1994, 3(3):9~13.
- 8 周 坚,樊汝汶. 鹅掌楸属两种植物花粉品质和花粉管生长的研究. 林业科学, 1994, 30(5):405~411.
- 9 樊汝汶,叶建国,尹增芳等. 鹅掌楸种子和胚胎发育的研究. 植物学报, 1992, 34(6):437~442.
- 10 Parks C R, Wndel J F, Sewell M M *et al.* The Significance of allozyme variation and introgression in the *Liriodendron tulipifera* Complex (Magnoliaceae). *American Journal of Botany*, 1994, 81(7):878~889.
- 11 Wright S. The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, 1951, 15: 323~354.
- 12 Moran G F, Muona O, Bell J C. *Acacia mangium*: a tropical forest tree of the coastal low lands with low genetic diversity. *Evolution*, 1989, 43: 231~235.
- 13 Qiu Y L, Parks C R. Disparity of allozyme variation levels in three *Magnolia* (Magnoliaceae) species from the southeastern United States. *American Journal of Botany*, 1994, 81(10): 1300~1308.
- 14 Sherman-Broyles S L, Broyles S B, Hamrick J L. Geographic distribution of allozyme variation in *Ulmus crassifolia*. *Systematic Botany*, 1992, 17: 33~41.
- 15 贺善安,郝日明,汤诗杰. 鹅掌楸致濒的生态因素研究. 植物资源与环境, 1996, 5(1):1~8.