

# 基于 ISSR 标记的南方红豆杉野生种群和迁地保护种群的遗传多样性和遗传结构分析

李乃伟, 贺善安, 束晓春, 汪庆, 夏冰, 彭峰<sup>①</sup>

[江苏省·中国科学院植物研究所(南京中山植物园), 江苏 南京 210014]

**摘要:** 采用 ISSR 标记方法, 对南方红豆杉 [*Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lév.) Cheng et L. K. Fu] 3 个野生种群(包括江西黄港和黄沙种群以及福建枫溪种群)、2 个迁地保护栽培种群及 2 个迁地保护衍生种群(均位于江苏南京中山植物园和江西庐山植物园)的遗传多样性和遗传结构进行了分析和比较。结果显示: 用 8 个引物从南方红豆杉的基因组总 DNA 中共扩增出 73 条带, 其中多态性条带 62 条。2 个迁地保护衍生种群的多态性条带百分率(PPB)、Nei's 多样性指数( $h$ )和 Shannon 信息指数( $I$ )较高, 3 个野生种群的 PPB、 $h$  和  $I$  值总体上居中, 而 2 个迁地保护栽培种群的 PPB、 $h$  和  $I$  值较低。合并后的迁地保护衍生种群以及野生种群均有较高的遗传多样性, 二者的 PPB、 $h$  和  $I$  值相近, 分别为 78.08% 和 82.19%、0.207 6 和 0.205 8、0.322 9 和 0.325 9; 但二者的遗传结构存在差异, 迁地保护衍生种群的遗传分化系数( $G_{ST}$ )为 0.068 9, 明显低于野生种群(0.168 5)。合并后的迁地保护栽培种群的遗传多样性相对较低, PPB、 $h$  和  $I$  值分别为 60.27%、0.180 7 和 0.275 2; 而  $G_{ST}$  值最高(0.251 4), 明显高于合并后的野生种群和迁地保护衍生种群。研究表明: 在植物园次生林环境条件下, 回归到自然生境下的南方红豆杉迁地保护衍生种群的遗传多样性趋于丰富并接近野生种群, 从而证明了植物园在濒危植物迁地保护中具有以往未被认识到的巨大潜力。

**关键词:** 南方红豆杉; 野生种群; 迁地保护种群; ISSR; 遗传多样性; 遗传结构

中图分类号: S791.49; Q946-33 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2011)01-0025-06

**Genetic diversity and structure analyses of wild and *ex-situ* conservation populations of *Taxus chinensis* var. *mairei* based on ISSR marker** LI Nai-wei, HE Shan-an, SHU Xiao-chun, WANG Qing, XIA Bing, PENG Feng<sup>①</sup> (Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China), *J. Plant Resour. & Environ.* 2011, 20(1): 25-30

**Abstract:** Genetic diversity and structure of three wild populations (including populations of Huanggang and Huangsha of Jiangxi and Fengxi of Fujian), two cultivated and two derived populations of *ex-situ* conservation (all located in Nanjing Botanical Garden Mem. Sun Yat-Sen of Jiangsu and Lushan Botanical Garden of Jiangxi) of *Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lév.) Cheng et L. K. Fu were analyzed and compared by ISSR marker method. The results show that 73 bands are amplified from total genomic DNA of *T. chinensis* var. *mairei* with eight primers, in which there are 62 polymorphic bands. Percentage of polymorphic band (PPB), Nei's diversity index ( $h$ ) and Shannon information index ( $I$ ) of two *ex-situ* conservation derived populations are higher, and those of three wild populations are in the middle, but those of two *ex-situ* conservation cultivated populations are lower. Both of combined *ex-situ* conservation derived population and wild population have higher genetic diversity, and their PPB,  $h$  and  $I$  are close with values of 78.08% and 82.19%, 0.207 6 and 0.205 8, 0.322 9 and 0.325 9, respectively. But there are differences in genetic structure of two populations above, and genetic differentiation coefficient ( $G_{ST}$ ) of *ex-situ* conservation derived population is 0.068 9, which is obviously lower than that of wild population (0.168 5). Genetic diversity of combined *ex-situ* conser-

收稿日期: 2010-04-15

基金项目: 中国科学院知识创新工程重要方向项目(KSCX2-YW-Z-0921); 江苏省林业三项工程项目[LYSX(2009)05]

作者简介: 李乃伟(1983—), 男, 山东聊城人, 硕士, 研究实习员, 主要从事植物生物技术方面的研究。

<sup>①</sup>通信作者 E-mail: pfeng@vip.sina.com

vation cultivated population is relatively lower, its  $PPB$ ,  $h$  and  $I$  is 60.27%, 0.180 7 and 0.275 2, respectively, and its  $G_{ST}$  is the highest (0.251 4), which is obviously higher than those of combined wild population and *ex-situ* conservation derived population. It is concluded that under conditions of secondary forest environment in botanical garden, genetic diversity of *ex-situ* conservation derived population of *T. chinensis* var. *mairei* returning to natural habitat tends to be abundant and is close to that of wild population, thus, it is proved that botanical garden has the huge potential in *ex-situ* conservation of endangered plants, which was never known in the past.

**Key words:** *Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lévl.) Cheng et L. K. Fu; wild population; *ex-situ* conservation population; ISSR; genetic diversity; genetic structure

植物园以保存大量物种为特色,具有保存物种的“诺亚方舟”之美称。在木本植物方面,其迁地保护种群规模较小,往往只有少数几株,令人怀疑其在物种保护方面的实际作用与意义。从“最小有效种群”理论看,随着时间的推移,这些小种群都会消亡<sup>[1-2]</sup>,所以,它们甚至被称为“活着的死植物”<sup>[3-4]</sup>。应该注意的是,这些理论和论断的依据都是自然或野生状态下小种群的动态规律,对于引种到植物园里的小种群,在人为条件影响下,其动态规律究竟如何则很少研究。李新华等<sup>[5]</sup>报道了在南京中山植物园内引种栽培 40 余年后南方红豆杉 [*Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lévl.) Cheng et L. K. Fu] 小种群的发展动态,由 11 株南方红豆杉组成的小种群,发展成 1 个具有 400 余植株的自然种群;在引种 50 余年后,该南方红豆杉小种群继续扩展到 600 株以上<sup>[6]</sup>,南方红豆杉小种群的这一发展动态值得进一步研究。本文旨在对南方红豆杉小种群扩展后其遗传多样性的变化进行探讨,为了更广泛地研究南方红豆杉小种群在植物园内的动态,笔者等又在庐山植物园找到了类似的种群,更丰富了研究的内容。

种内遗传变异是物种适应性变异或进化的必要条件,对物种保护具有深远意义<sup>[7]</sup>。物种的进化潜力和抵御不良环境的能力既取决于种内遗传变异的大小,也有赖于遗传变异的种群结构<sup>[8-9]</sup>。迁地保护衍生种群和野生种群的遗传多样性研究具有重要的理论和实际意义,种群的遗传多样性越高或遗传变异越丰富,对环境变化的适应能力就越强,越容易扩展其分布范围和开拓新的环境<sup>[10]</sup>。

在南方红豆杉这一引种实例中,小种群衍生出的自然种群个体越来越多,衍生种群的遗传多样性丰富度是否发生变化以及怎样变化值得关注。为比较南方红豆杉迁地保护栽培种群及其衍生种群与野生种群在遗传多样性上的差异,作者选取与庐山地处同一

个山脉——幕阜山脉的江西修水县黄沙镇和黄港镇的 2 个野生种群进行比较,并选用幕阜山脉之外的福建枫溪野生种群作为外种群,采用 ISSR 标记方法,比较了植物园次生林生境下南方红豆杉迁地保护栽培种群和衍生种群与野生种群的遗传多样性和遗传结构,以期制定有效的濒危植物保护措施提供依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

于 2007 年 7 月至 9 月,在福建枫溪乡、江西黄沙镇和江西黄港镇分别选取 3 个南方红豆杉野生种群,在庐山植物园和南京中山植物园分别选取 2 个迁地保护栽培种群以及 2 个迁地保护衍生种群的实验材料,各种群的概况见表 1。3 个野生种群和庐山植物园迁地保护栽培种群各取 19 个单株(10 雄 9 雌);南京中山植物园和庐山植物园的迁地保护衍生种群各取 19 个单株(雌雄未分化);南京中山植物园迁地保护栽培种群取 8 个单株(5 雄 3 雌),共计 122 个单株。在每一单株上取当年生叶片,于硅胶中保存备用。

实验中使用的  $dNTPs$ 、 $10\times PCR$  buffer 及  $Taq$  DNA 聚合酶均购自宝生物工程(大连)有限公司;DNA marker 购自南京天为生物有限公司;琼脂糖购自南京基威生物工程有限公司;所用引物由上海英骏生物技术有限公司合成。

### 1.2 方法

1.2.1 基因组总 DNA 的提取方法 取各单株的新鲜叶片,分别置于预冷的研钵中,加入液氮迅速磨成粉末,参照文献<sup>[11]</sup>的改良 CTAB 法提取基因组总 DNA,并置于  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  条件下保存、备用。

1.2.2 ISSR-PCR 扩增条件及扩增结果的检测 扩增反应体系总体积  $20\text{ }\mu\text{L}$ ,含 25 ng 模板 DNA、 $2.0\text{ }\mu\text{L}$

表1 供试的7个南方红豆杉种群概况

Table 1 Status of seven populations of *Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lév.) Cheng et L. K. Fu

种群地 Location	种群类型 Population type	经度 Longitude	纬度 Latitude	种群规模/株 Population size	样株数 Number of sample individual
江西黄港 Huanggang of Jiangxi	野生种群 Wild population	E 114°51'20"	N 28°50'10"	200	19
江西黄沙 Huangsha of Jiangxi	野生种群 Wild population	E 114°46'52"	N 28°50'41"	100	19
福建枫溪 Fengxi of Fujian	野生种群 Wild population	E 116°49'25"	N 26°29'29"	60	19
江西庐山 Lushan of Jiangxi	迁地保护栽培种群 <i>Ex-situ</i> conservation cultivated population	E 115°58'55"	N 29°32'57"	29	19
江西庐山 Lushan of Jiangxi	迁地保护衍生种群 <i>Ex-situ</i> conservation derived population	E 115°58'56"	N 29°33'01"	250	19
江苏南京 Nanjing of Jiangsu	迁地保护栽培种群 <i>Ex-situ</i> conservation cultivated population	E 118°22'44"	N 32°06'28"	8	8
江苏南京 Nanjing of Jiangsu	迁地保护衍生种群 <i>Ex-situ</i> conservation derived population	E 118°22'44"	N 32°06'28"	600	19

10×PCR buffer、2.0 μL 25 mmol·L<sup>-1</sup>MgCl<sub>2</sub>、0.15 μL 2.5 mmol·L<sup>-1</sup>dNTPs、0.6 μL 10 μmol·L<sup>-1</sup>引物和0.2 U *Taq* DNA 聚合酶。

用 PE 9800 PCR 仪(美国 GeneAmp 公司)进行扩增。ISSR-PCR 扩增程序为:94 °C 预变性 4 min;94 °C 变性 30 s,58 °C 退火 45 s,72 °C 延伸 80 s,共 38 个循环反应;最后于 72 °C 延伸 5 min。

ISSR-PCR 扩增产物用质量体积分数 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测,以 2 000 bp DNA marker 为参照,EB 染色。电泳结果用 FR-200A 凝胶成像系统(上海复日科技有限公司)拍照。每个引物均重复扩增 2 次。

### 1.3 数据分析

对扩增产物稳定的 8 个引物的清晰条带进行统计分析,每个位点上有条带记为“1”,无条带记为“0”。利用 POPGENE version 1.31 软件<sup>[12]</sup>、参照文献[13-14]的方法分析南方红豆杉种群内和种群间各遗传多样性和遗传分化参数:多态性条带百分率(*PPB*)、*Nei's* 遗传多样性指数(*h*)、Shannon 信息指数(*I*)和遗传分化系数(*G<sub>ST</sub>*)。

## 2 结果和分析

### 2.1 ISSR 扩增结果分析

7 个南方红豆杉种群的 ISSR 扩增结果见表 2。由表 2 可见,8 个引物共扩增出条带 73 条,其中多态

性条带 62 条;平均每个引物扩增出的条带数为 9.1 条,平均每个引物扩增出的多态性条带数为 7.8 条。

表2 用于南方红豆杉基因组总 DNA ISSR 标记分析的引物序列及扩增结果

Table 2 Primer sequences used for ISSR marker analysis of total genomic DNA from *Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lév.) Cheng et L. K. Fu and amplification results

引物 Primer	5'→3'引物序列 5'→3' primer sequence	扩增条带数 Number of amplified band	多态性条带数 Number of polymorphic band
UBC807	AGAGAGAGAGAGAGT	7	7
UBC825	ACACACACACACACT	9	9
ISSR17	GACAGACAGACAGACA	10	8
ISSR33	AGAGAGAGAGAGAGAT	11	9
ISSR42	ACACACACACACACCG	10	6
ISSR43	ATATATATATATATCT	9	7
ISSR56	AGAGAGAGAGAGAGTT	9	9
ISSR77	ACTCACTCACTCACTC	8	7
合计 Total		73	62
平均 Average		9.1	7.8

### 2.2 基于 ISSR 标记的南方红豆杉种群的遗传多样性分析

采用 ISSR 标记方法分析了 7 个南方红豆杉种群的遗传多样性,相关参数见表 3。7 个南方红豆杉种群中,2 个迁地保护衍生种群遗传多样性水平较高,其中南京中山植物园迁地保护衍生种群的多态性条带百分率(*PPB*)、*Nei's* 遗传多样性指数(*h*)和 Shannon

表3 基于 ISSR 标记分析的 7 个南方红豆杉种群的遗传多样性分析  
Table 3 Analysis of genetic diversity of seven populations of *Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lévl.) Cheng et L. K. Fu based on ISSR marker analysis

种群编号 <sup>1)</sup> No. of population <sup>1)</sup>	多态性条带百分率/% Percentage of polymorphic band	Nei's 多样性指数 Nei's diversity index	Shannon 信息指数 Shannon information index
1	60.27	0.176 7	0.272 6
2	57.53	0.148 3	0.233 8
3	58.90	0.188 3	0.283 1
4	56.16	0.158 4	0.246 0
5	64.38	0.189 5	0.291 1
6	31.51	0.107 8	0.161 3
7	64.38	0.197 2	0.301 8

<sup>1)</sup> 1: 江西黄港野生种群 Wild population in Huanggang of Jiangxi; 2: 江西黄沙野生种群 Wild population in Huangsha of Jiangxi; 3: 福建枫溪野生种群 Wild population in Fengxi of Fujian; 4: 江西庐山迁地保护栽培种群 *Ex-situ* conservation cultivated population in Lushan of Jiangxi; 5: 江西庐山迁地保护衍生种群 *Ex-situ* conservation derived population in Lushan of Jiangxi; 6: 江苏南京迁地保护栽培种群 *Ex-situ* conservation cultivated population in Nanjing of Jiangsu; 7: 江苏南京迁地保护衍生种群 *Ex-situ* conservation derived population in Nanjing of Jiangsu.

信息指数 ( $I$ ) 值分别为 64.38%、0.197 2 和 0.301 8; 江西庐山植物园迁地保护衍生种群的  $PPB$ 、 $h$  和  $I$  值分别为 64.38%、0.189 5 和 0.291 1。江西黄港、江西黄沙和福建枫溪的 3 个野生种群的  $PPB$ 、 $h$  和  $I$  值的总体水平居中, 分别为 57.53% ~ 60.27%、0.148 3 ~ 0.188 3 和 0.233 8 ~ 0.283 1。相比之下, 2 个迁地保护栽培种群的遗传多样性水平较低, 其中, 南京中山

植物园迁地保护栽培种群的  $PPB$ 、 $h$  和  $I$  值分别为 31.51%、0.107 8 和 0.161 3, 江西庐山植物园迁地保护栽培种群的  $PPB$ 、 $h$  和  $I$  值分别为 56.16%、0.158 4 和 0.246 0。

### 2.3 南方红豆杉种群遗传多样性和遗传分化分析

将南方红豆杉的江西黄港种群 (19 个单株)、江西黄沙种群 (19 个单株) 和福建枫溪种群 (19 个单株) 3 个野生种群合并作为 1 个野生种群 (57 个单株), 江西庐山和江苏南京的迁地保护栽培种群合并作为 1 个迁地保护栽培种群 (27 个单株), 江西庐山和江苏南京的迁地保护衍生种群合并作为 1 个迁地保护衍生种群 (38 个单株), 采用 POPGENE 软件进行遗传多样性分析。

合并后的南方红豆杉野生种群、迁地保护栽培种群和迁地保护衍生种群的遗传多样性分析结果见表 4。由表 4 可以看出, 虽然 3 个野生种群以及 2 个迁地保护衍生种群各自的遗传多样性参数值, 即多态性条带百分率 ( $PPB$ )、Nei's 多样性指数 ( $h$ ) 和 Shannon 信息指数 ( $I$ ) 差异较大, 但合并后的野生种群和迁地保护衍生种群的遗传多样性参数值比较接近, 前者的  $PPB$ 、 $h$  和  $I$  值分别为 82.19%、0.205 8 和 0.325 9, 后者的  $PPB$ 、 $h$  和  $I$  值分别为 78.08%、0.207 6 和 0.322 9; 而迁地保护栽培种群的遗传多样性参数值相对较小,  $PPB$ 、 $h$  和  $I$  值分别为 60.27%、0.180 7 和 0.275 2。

表 4 南方红豆杉野生种群、迁地保护栽培种群和迁地保护衍生种群的遗传多样性和遗传分化参数

Table 4 Genetic diversity and genetic differentiation parameters of wild, *ex-situ* conservation cultivated and derived populations of *Taxus chinensis* (Pilger) Rehd. var. *mairei* (Lemée et Lévl.) Cheng et L. K. Fu

种群类型 Population type	多态性条带百分率/% Percentage of polymorphic band	Nei's 多样性指数 Nei's diversity index	Shannon 信息指数 Shannon information index	遗传分化系数 Genetic differentiation coefficient
野生种群 Wild population	82.19	0.205 8	0.325 9	0.168 5
迁地保护栽培种群 <i>Ex-situ</i> conservation cultivated population	60.27	0.180 7	0.275 2	0.251 4
迁地保护衍生种群 <i>Ex-situ</i> conservation derived population	78.08	0.207 6	0.322 9	0.068 9

尽管合并后的南方红豆杉野生种群与迁地保护衍生种群的遗传多样性参数值相对接近, 但两者的遗传分化系数 ( $G_{ST}$ ) 差异较大, 迁地保护衍生种群的  $G_{ST}$  为 0.068 9, 明显低于野生种群的  $G_{ST}$  (0.168 5); 而迁地保护栽培种群的遗传分化系数最大 (0.251 4), 明显高于野生种群和迁地保护衍生种群。

## 3 讨 论

### 3.1 南方红豆杉 3 种种群的遗传多样性差异的比较

遗传多样性是生物多样性的核心, 保护生物多样性最终是要保护其遗传多样性, 因为一个物种的稳定

性和进化潜力依赖其遗传多样性,而物种的经济和生态价值也依赖其特有的基因组成<sup>[15]</sup>。

本研究结果表明,根据 Nei's 多样性指数( $h$ ),将南方红豆杉2个迁地保护衍生种群和3个野生种群分别在种群水平上进行分析,合并后的迁地保护衍生种群的遗传多样性与合并后的野生种群相近,单个迁地保护衍生种群的遗传多样性均较单个野生种群稍丰富,而合并后的或单个的迁地保护栽培种群的遗传多样性并不丰富。Shannon 信息指数( $I$ )同样说明了这种差异,合并后的迁地保护衍生种群、野生种群和迁地保护栽培种群的  $I$  值分别为 0.322 9、0.325 9 和 0.275 2。对7个种群遗传多样性的比较结果表明,南京中山植物园迁地保护栽培种群的遗传多样性显著低于其他种群,其多态性条带百分率( $PPB$ )、 $h$  和  $I$  值分别仅为 31.51%、0.107 8 和 0.161 3。

南方红豆杉迁地保护衍生种群与迁地保护栽培种群之间产生的遗传多样性差异可能与其基因突变和遗传漂变有关,使得迁地保护衍生种群具有较高的遗传多样性。南京中山植物园的南方红豆杉迁地保护栽培种群的遗传多样性指标非常低,推测其原因有两方面:首先,样本数量较少,低于乔木遗传多样性分析所需的最低样本数 15,如果能够达到庐山植物园迁地保护栽培种群的样本数量,这2个种群的遗传多样性指数可能会比较接近;而如果南京中山植物园和庐山植物园南方红豆杉的栽培数量再多一些,其遗传多样性指数可能也会接近野生种群。史全芬等<sup>[16]</sup>的研究结果表明,水杉(*Metasequoia glyptostroboides* Hu et W. C. Cheng)栽培种群的遗传多样性接近于野生种群,涵盖了野生种群近 80% 的遗传多样性。第二,南京中山植物园最初引种 11 株南方红豆杉,有 3 株在 20 世纪 90 年代死亡,但衍生种群中涵盖了这 3 株个体的遗传基因,这也可能会影响分析结果。

### 3.2 南方红豆杉迁地保护衍生种群与野生种群遗传结构的差异比较

植物种群的遗传结构反映了进化过程中的多种交互作用,如地理分布漂移、栖息地分裂、居群孤立、居群突变和基因漂变<sup>[17]</sup>。作者采用 POPGENE 软件统计分析 ISSR 标记的扩增结果,显示出南方红豆杉迁地保护衍生种群与野生种群不同的遗传结构。3个野生种群的遗传分化系数(0.168 5)接近于裸子植物的平均遗传分化系数(0.18)<sup>[18-19]</sup>,而2个迁地保护衍生种群的遗传分化系数(0.068 9)则非常低。红豆

杉科(Taxaceae)的北美红豆杉(*Taxus brevifolia* Nutt.)<sup>[20]</sup>、加拿大红豆杉(*T. canadensis* Marsh.)<sup>[21]</sup>和穗花杉[*Amentotaxus argotaenia* (Hance) Pilg.]<sup>[22]</sup>的野生种群的遗传分化系数都非常高。以上比较结果说明,孤立生长在2个植物园内的南方红豆杉迁地保护衍生种群与野生种群相比,前者种群间的遗传变异小于后者,进一步说明了植物园的“圈存”作用使迁地保护的植物种群更加孤立,增加了种群内部的变异,遗传漂变和基因突变的作用也更加明显。

### 3.3 南方红豆杉迁地保护的意义

遗传变异的保存是保护濒危物种的主要目的之一。种群内和种群间遗传变异的研究为濒危物种保存过程中形成合理的管理策略提供了重要信息<sup>[23]</sup>。本研究结果可以为南方红豆杉及红豆杉科其他植物的迁地保护提供参考。近年来,为了得到紫杉醇而对红豆杉科植物进行的乱砍乱伐,已经导致其濒危<sup>[24]</sup>。种群规模的缩小很容易导致这些物种由于随机的遗传漂变和同系繁殖而遭受遗传多态性丧失,保存这些濒危植物使其长期生存已经迫在眉睫。因此,南方红豆杉的迁地保护栽培种群、迁地保护衍生种群和野生种群的遗传结构的比较研究对该物种的保护有着重要的意义。

本研究中,尽管南方红豆杉迁地保护种群的遗传多样性较低,但所形成的迁地保护衍生种群的遗传多样性却出现了增加的趋势,说明植物园的迁地保护作用不可忽视,并不像以往有些推论,只能成为“活着的死植物”。所以,迁地保护可以成为一种有效的保护形式。然而,植物园作为濒危植物迁地保存的重要场所,应有自然林和人工林相结合的特殊群落结构,这种结构的存在能使 11 或 29 株母本植物繁殖后代形成一个具有丰富遗传多样性的天然种群。为使植物园保护的植物小种群能够长久繁衍,在建立一个新的植物园之初,就应考虑供游人参观的开放区与供植物种群繁衍扩张的自然区的结合。本文的研究结果对植物园的建园和管理策略提供了新的思考因素。

研究稀有物种或濒危物种种群的遗传变异在形成保护策略中有重要作用<sup>[25]</sup>。研究种群存活能力的生态学家 Franklin 认为,短期存活的有效种群大小不得低于 50 株<sup>[26]</sup>;还有理论认为,采用迁地保护方式应该尽可能多的采集样本,如 Lawrence 认为迁地保护策略中至少收集 172 株植物<sup>[27]</sup>,尤其应采集遗传多样性较高的种群内的样本。但是,本研究结果表明,

含有少数个体的、遗传多样性较低的迁地保护小种群在保护物种上也具有相当重要的意义,其繁殖衍生出的新的自然小种群也有增加遗传多样性的可能。

目前,虽然南方红豆杉迁地保护衍生种群还有进一步扩张的趋势,但随着时间的推移,南方红豆杉个体之间是否会出现近亲繁殖导致的遗传退化,从而使衍生种群遗传多样性急剧降低进而影响其存活能力,还需要进一步研究。如果迁地保护衍生种群的后代种群不出现遗传变异的丧失,仍然保持遗传多样性的增长趋势,那么它们就能够适应环境的变化,容易存活下来进而扩展其分布范围。

#### 参考文献:

- [1] Barrett S C H, Kohn J R. Genetic and evolutionary consequences of small population size in plants: implications for conservation[M]// Falk D A, Holsinger K E. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York: Oxford University Press, 1991: 3-30.
- [2] Primack R, 季维智. 保护生物学基础[M]. 北京: 中国林业出版社, 2000: 267.
- [3] Janzen D H. Blurry catastrophes[J]. Oikos, 1986, 47: 1-2.
- [4] 贺善安, 张佐双, 顾 姻, 等. 植物园学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005: 21.
- [5] 李新华, 贺善安, 盛 宁. 红豆杉迁地保护中天然种群的形成[J]. 植物资源与环境, 1999, 8(1): 38-41.
- [6] 贺善安, 李新华, 彭 峰, 等. 南方红豆杉迁地保护小种群动态的研究[J]. 植物资源与环境学报, 2007, 16(1): 35-39.
- [7] Schaal, B A, Leverich W J, Rogstad S H. A comparison of methods for assessing genetic variation in plant conservation biology[M]// Falk D A, Holsinger K E. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York: Oxford University Press, 1991: 123-134.
- [8] Grant V. The Evolutionary Process: A Critical Study of Evolutionary Theory[M]. 2nd ed. New York: Columbia University Press, 1991.
- [9] Millar C I, Libby W J. Strategies for conserving clinal, ecotypic, and disjunct population diversity in widespread species[M]// Falk D A, Holsinger K E. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York: Oxford University Press, 1991: 149-170.
- [10] Huenneke L F. Ecological implications of genetic variation in plant populations[M]// Falk D A, Holsinger K E. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York: Oxford University Press, 1991: 31-34.
- [11] 田海燕, 田新惠, 李艳军, 等. 棉花 DNA 的提取及其 SSR 分子标记体系的建立[J]. 石河子大学学报: 自然科学版, 2007, 25(2): 150-152.
- [12] Yeh F C, Yang R C, Boyle T. POPGENE version 1.31: Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis[CP/CD]. Edmonton: University of Alberta, 1999.
- [13] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1973, 70(12): 3321-3323.
- [14] Lewontin R C. The apportionment of human diversity[J]. Evolutionary Biology, 1972, 6: 381-398.
- [15] 王洪新, 胡志昂. 植物的繁育系统、遗传结构和遗传多样性保护[J]. 生物多样性, 1996, 4(2): 92-96.
- [16] 史全芬, 杨 佳, 李晓东, 等. 水杉栽培居群的遗传多样性研究[J]. 云南植物研究, 2005, 27(4): 403-412.
- [17] Schaal B A, Hayworth D A, Olsen K M, et al. Phylogeographic studies in plants: problems and prospects[J]. Molecular Ecology, 1998, 7(4): 465-474.
- [18] Nybom H, Bartish I V. Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants[J]. Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics, 2000, 3(2): 93-114.
- [19] Nybom H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants [J]. Molecular Ecology, 2004, 13(5): 1143-1155.
- [20] El-Kassaby Y A, Yanchuk A D. Genetic diversity, differentiation, and inbreeding in Pacific yew from British Columbia[J]. Journal of Heredity, 1994, 85(2): 112-117.
- [21] Senneville S, Beaulieu J, Daoust G, et al. Evidence for low genetic diversity and metapopulation structure in Canada yew (*Taxus canadensis*): considerations for conservation[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2001, 31(1): 110-116.
- [22] Ge X J, Zhou X L, Li Z C, et al. Low genetic diversity and significant population structuring in the relict *Amentotaxus argotaenia* complex (Taxaceae) based on ISSR fingerprinting[J]. Journal of Plant Research, 2005, 118(6): 415-422.
- [23] Avise J C, Hamrick J L. Conservation Genetics: Case Histories from Nature[M]. New York: Chapman and Hall, 1996.
- [24] Milligan B G, Leebens-Mack J, Strand A E. Conservation genetics: beyond the maintenance of marker diversity[J]. Molecular Ecology, 1994, 3(4): 423-435.
- [25] Francisco-Ortega J, Santos-Guerra A, Kim S C, et al. Plant genetic diversity in the Canary Islands: a conservation perspective[J]. American Journal of Botany, 2000, 87: 909-919.
- [26] Franklin I R. Evolutionary change in small populations[M]// Soule M E, Wilcox B A. Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective. Sunderland: Sinauer Associates, Inc., 1980: 135-149.
- [27] Lawrence M J. A comprehensive collection and regeneration strategy for *ex situ* conservation[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2002, 49(2): 199-209.

(责任编辑: 张明霞)