

南方红豆杉迁地保护小种群适应性进化机制研究

廖盼华, 汪庆, 姚淦, 杨如同, 王鹏, 李亚*

(江苏省中国科学院植物研究所南京中山植物园, 南京 210014)

摘要: 为了解南方红豆杉迁地保护种群的适应性进化机制,以南京中山植物园内南方红豆杉迁地保护栽培种群和扩散的衍生种群为材料,以引种初始地江西野生种群为对照,对南方红豆杉群落的结构、遗传多样性及遗传结构进行分析和研究。结果表明,南方红豆杉野生种群和迁地保护种群均维持着较高水平的遗传多样性,其中野生种群遗传多样性稍高于迁地保护小种群,但迁地保护种群中南方红豆杉个体密度大于野生种群。同时,种群内的遗传变异所占比例大于种群间的。整体来看,南方红豆杉迁地保护种群还处于演替早期,存在不明显的奠基者效应,有进一步演替发展的可能。

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

doi: 10.3969/j.issn.1005-3395.2014.05.008

Adaptation Evolutionary Mechanism of *Ex-situ* Conserved Small Population of *Taxus wallichiana* var. *mairei*

LIAO Pan-hua, WANG Qing, YAO Gan, YANG Ru-tong, WANG Peng, LI Ya*

(Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: To explore the adaptation mechanism of *ex-situ* conserved population of *Taxus wallichiana* var. *mairei*, the community structure, genetic diversity and genetic structure of *ex-situ* conserved population as well as its derived populations in Nanjing Botanical Garden were studied with the wild populations in northwestern Jiangxi as control. The results showed that both the wild populations and *ex-situ* conserved populations maintained high genetic diversity, and the genetic diversity of the wild populations was a little higher than that of the small *ex-situ* conserved populations, but individual density in *ex-situ* conserved populations was higher than that of wild populations. At same time, the genetic variation within population was bigger than that between populations. In whole, *ex-situ* populations, showing un conspicuous founder effect, are still in the early succession and has potential to further development.

Key words: *Taxus wallichiana* var. *mairei*; *Ex-situ* conserved population; Wild population; ISSR; Genetic diversity; Genetic structure

小种群保护及其进化机制是近年来保护生物学研究的热点、重点和难点之一^[1-4]。而植物园中迁地保存的种群大多是小种群或极小种群,其迁地保护的意义因而备受质疑^[5]。植物园一方面被称为濒危植物的“诺亚方舟”,另一方面又被称为“活

着的死植物”。南方红豆杉(*Taxus wallichiana* var. *mairei*)是我国特有的常绿木本植物,多数情况下为伴生树种,以“混生、复层、异龄”为主要存在特征,自然再生既困难又缓慢,为国家一级保护的珍稀濒危植物。

收稿日期: 2013-12-31 接受日期: 2014-04-26

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); 江苏省科技公共服务平台项目(BM2012058)资助

作者简介: 廖盼华(1987~),女,硕士,研究方向为观赏园艺与园林植物。E-mail: liaopanhu@163.com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yalcnbg@aliyun.com

南京中山植物园在 20 世纪 50 年代从庐山植物园引种了南方红豆杉 11 株,其中雌株 5 株,雄株 6 株,定植于松柏园内,构成 1 个人工小种群^[6-7]。经过 60 多年的自然更新,目前在它邻近的天然次生林中已经发展出有 700 多株南方红豆杉的 1 个新种群。该种群的形成,表明濒危植物在迁地保护过程中,不但可以正常发育,而且在适宜的条件下能够通过有性繁殖,不断繁衍出具有潜在生态适应能力的后代,进入并扩散到邻近的自然或半自然生境中去。对该类种群形成的一种解释正如 Franklin^[8]指出的那样,小种群如果充分适应当地环境,同时这一环境没有发生巨大的变化,那么种群无需更多的数量来进行适应。这就意味着在环境适合植物的情况下,即使是小种群只有极窄的遗传基础也能够适应环境,也就说明小种群保护是有意义的,是可以持续保存的,这也在一定程度上说明迁地保护是有意义的。然而,该种群扩散和生态适应性更可能的解释是遗传变异与环境相互作用的结果,即种群个体本身由于遗传变化导致的适合度提高或者环境适宜性使种群个体更加适应。因而,在环境因素之外,需要对南方红豆杉小种群本身在进化过程中,遗传结构和生态适合度变化对种群适应和扩散所起的作用进行研究。本文以南京中山植物园内南方红豆杉迁地保护栽培种群和扩散的衍生种群为材料,以引种初始地江西野生种群为对照,对南方红豆杉迁地保护种群的结构、遗传多样性及遗传结构进行分析和研究,探讨迁地保护种群的遗传结构和生态适合度变化在种群扩散中的作用,为南方红豆杉迁地保护研究提供科学依据。

1 试验地概况

南京中山植物园坐落于南京东郊的国家级钟山风景区内,占地 186 hm²,迁地保护的南方红豆杉主要生长在南京中山植物园内邻近松柏园的人工林和天然次生林中,该处海拔 35~60 m,生境多样,既有终年流水不断的溪沟,也有阳光充足的山坡。生境多湿,土壤含有石砾及砂石,排水较好。园内柳杉(*Cryptomeria japonica* var. *sinensis*)林以柳杉和南方红豆杉为共优树种,枫香(*Liquidambar formosana*)和白檀(*Symplocos paniculata*)为伴生树种。枫杨(*Pterocarya stenoptera*)林以枫杨、朴树(*Celtis sinensis*)和南方红豆杉为共优树种,三角槭(*Acer*

buergerianum)、白檀和栓皮栎(*Quercus variabilis*)为伴生树种。栓皮栎林以栓皮栎、枫香和石楠(*Photinia serratifolia*)为共优树种,南方红豆杉、朴树为伴生树种。枫香林以枫香和栓皮栎为共优树种,南方红豆杉、朴树为伴生树种。朴树林以朴树为优势树种,侧柏(*Platycladus orientalis*)、枫香和南方红豆杉为伴生树种,林窗附近南方红豆杉小苗较多。杉木(*Cunninghamia lanceolata*)林以杉木、南方红豆杉和枫香为优势树种,白檀为伴生树种。柳杉林、枫杨林、朴树林和杉木林均为演替期的植物群落,而栓皮栎林和枫香林则为稳定的地带性植物群落。

赣西北位于华东地区西北部,属中亚热带地区,受东南季风影响气候温和湿润。该区域是我国南方红豆杉分布的主要区域之一,主要包括武宁、修水、铜鼓等地。根据资料记载,也是本研究中迁地保护南方红豆杉的引种来源地。肇陈镇大禾塘村的野生毛竹(*Phyllostachys edulis*)林具有强烈的次生性,不稳定,以毛竹为优势树种,南方红豆杉、杉木和山茶(*Camellia japonica*)为伴生树种。修水县金坑的野生杉木林处于稳定期,以南方红豆杉为优势树种,鹿角杜鹃(*Rhododendron latoucheae*)、杉木、拟赤杨(*Alniphyllum fortune*)等为伴生树种。

武宁县庄屋里的野生苦槠(*Castanopsis sclerophylla*)林以苦槠、枫香、樟树(*Cinnamomum camphora*)为优势树种,南方红豆杉、杉木、刨花润楠(*Machilus pauhoi*)为伴生树种。武宁县孙家埠的野生苦槠林以南方红豆杉为优势树种,枫香、苦槠、乌柏(*Sapium sebiferum*)等为伴生树种。这些群落均处于稳定期。

铜鼓县花山林场的野生桤木(*Alnus cremastogyne*)林具有强烈的次生性,不稳定,以树参(*Dendropanax dentiger*)、南方红豆杉、桤木为优势树种,糙木(*Aralia chinensis*)等为伴生树种;野生杉木林以杉木为优势树种,桤木、南方红豆杉、树参为伴生树种;野生毛竹林以南方红豆杉为优势树种,毛竹、木荷(*Schima superba*)、鼠刺(*Itea chinensis*)为伴生树种。这些群落具有强烈的次生性,不稳定。

2 材料和方法

2.1 材料

2010 年 11 月,在南京中山植物园内共采集 181 份南方红豆杉(*Taxus wallichiana* var. *mairei*)

单株 DNA, 来自植物园内 8 个不同生境类型的样方(10 m×10 m)以及栽培母树区(图 1)。同期采集 77 份引种初始地江西野生单株 DNA, 分别来自

10 m×10 m 样方(图 2)。对样方内的南方红豆杉全部进行采样, 采集当年生长的健康幼嫩叶片, 经变色硅胶迅速干燥后, 于 -80℃ 保存备用。

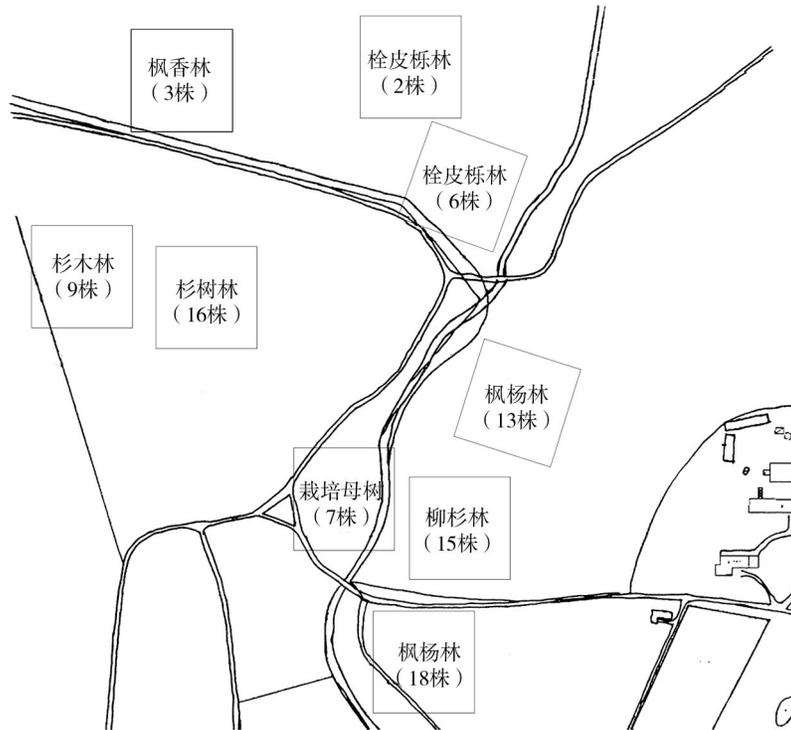


图 1 南京中山植物园内样地示意图

Fig. 1 Sample sites in Nanjing Botanical Garden



图 2 江西采样点示意图

Fig. 2 Sample sites in Jiangxi

2.2 基因组DNA的提取

采用北京百泰克生物技术有限公司生产的 Cat#DP3112 植物基因组 DNA 提取试剂盒(离心柱形)提取南方红豆杉基因组 DNA,每株随机选取 3~5 片叶片,于液氮中研磨成粉末,按照试剂盒说明书提取 DNA,然后用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量。经紫外分光光度法检测, A_{260}/A_{280} 为 1.80~2.00,表明 DNA 样品的纯度较高,符合 ISSR 反应的要求。将提取的 DNA 保存于 -20°C 冰箱中备用。

2.3 ISSR扩增及检测

南方红豆杉 ISSR-PCR 优化反应体系共 20 μL , 包含 60 ng 模板 DNA, 10 \times PCR buffer 2.0 μL , 1.0 μL 25 mmol L^{-1} 的 MgCl_2 , 1.0 μL 2.5 mmol L^{-1} 的 dNTPs, 1.0 μL 10 $\mu\text{mol L}^{-1}$ 的引物和反应酶 0.2 U。在 eppendorf PCR 循环仪中扩增,扩增程序为:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 4 min; 然后 94 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 54.5 $^{\circ}\text{C}$ 45 s, 72 $^{\circ}\text{C}$

80 s, 共 41 个循环;最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。从 100 条 ISSR 引物[购自英潍捷基(上海)贸易有限公司]中筛选出稳定性和重复性好、位点清晰的 15 条引物,用于 ISSR 扩增(表 1)。扩增产物用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,电泳缓冲液为 1 \times TBE, 恒定电压 190 V, 电泳后银染,蒸馏水冲洗后照相。

2.4 数据处理

对所有引物的电泳图谱中清晰的条带进行统计分析。在 ISSR 标记的电泳图谱中,凝胶上同一位置有 DNA 条带且重复出现的记为“1”,无带记为“0”,并形成数据矩阵,计算每对引物扩增位点的多态性信息量。采用 POPGENE Version1.32 软件进行遗传参数分析,包括等位基因数、有效等位基因数、Nei's 基因多样性、Shannon 信息指数 I 、遗传分化指数 G_{st} 和基因流 N_m 。采用软件 MEGA 5.0 计算供试材料的遗传相似性系数,按 UPGMA 法进行聚类分析,绘制遗传距离树状图。

表 1 引物序列

Table 1 Sequences of primers

引物 Primer	序列 Sequence	引物 Primer	序列 Sequence	引物 Primer	序列 Sequence
ISSR2	(AC) ₈ AT	ISSR34	(AG) ₈ AA	ISSR47	(AC) ₈ GT
ISSR3	(AC) ₈ TT	ISSR36	(AG) ₈ TC	ISSR57	(AG) ₈ TG
ISSR5	(AC) ₈ TG	ISSR42	(AC) ₈ CG	ISSR60	(AG) ₈ GG
ISSR22	(AC) ₈ AA	ISSR44	(AC) ₈ GA	ISSR62	(AG) ₈ CA
ISSR26	(AC) ₈ CC	ISSR45	(AC) ₈ GC	ISSR65	(AG) ₈ CC

3 结果和分析

3.1 南方红豆杉种群ISSR标记的多态性

用筛选出的 15 条 ISSR 引物对 258 份 DNA 样品进行遗传多样性检测。15 条引物共扩增出 197 条带,每条引物平均扩增出 13.13 条带,其中多态性条带 182 条,比率为 92.39%。衍生种群总多态位点百分率为 85.35%,野生种群为 83.51%,而栽培母树种群只有 76.37%。从南方红豆杉种群所处环境来看,枫杨林中的南方红豆杉种群的多态位点百分率最大,为 98.35%,其次是野生杉木林、野生苦槠林、朴树林、野生毛竹林、杉木林、柳杉林、栓皮栎林、枫香林、野生桫木林。其它参数也表现出类似的趋势。成熟期群落(野生杉木林、野生苦槠林)

中南方红豆杉种群的多态位点百分率高于次生性群落(野生毛竹林、野生桫木林)的。迁地保护中稳定期群落(栓皮栎林和枫香林)的南方红豆杉种群的多态位点百分率低于演替期群落(枫杨林、朴树林、杉木林、柳杉林)的(表 2)。朴树林和野生毛竹林中的南方红豆杉种群的 H_e 和 I 最高,其次分别为野生苦槠林和野生杉木林,枫杨林、柳杉林、杉木林、栓皮栎林、野生桫木林和枫香林较低,而迁地保护栽培母树种群的遗传多样性处于中间水平。

3.2 南方红豆杉种群的遗传多样性

从表 3 可见,迁地保护衍生种群总的遗传多样性指标(H_e , I , H_t , G_{st})基本上都低于野生种群,迁地保护衍生种群只有 H_s 和 N_m 稍高。迁地保

表 2 不同群落中南方红豆杉种群的遗传多样性

Table 2 Genetic diversity of *Taxus wallichiana* var. *mairei* populations in different communities

群落 Community	Na	Ne	He	<i>I</i>	PPB
栽培母树 Cultured mother tree	1.76	1.37	0.23	0.35	76.37
栓皮栎林 <i>Quercus variabilis</i> forest	1.82	1.38	0.23	0.36	81.87
枫香林 <i>Liquidambar formosana</i> forest	1.71	1.31	0.19	0.30	70.88
柳杉林 <i>Cryptomeria japonica</i> var. <i>sinensis</i> forest	1.82	1.42	0.26	0.39	82.42
枫杨林 <i>Pterocarya stenoptera</i> forest	1.98	1.46	0.29	0.44	98.35
杉木林 <i>Cunninghamia lanceolata</i> forest	1.85	1.39	0.24	0.37	84.62
朴树林 <i>Celtis sinensis</i> forest	1.94	1.53	0.32	0.48	93.96
野生苦槠林 Wild <i>Castanopsis sclerophylla</i> forest	1.96	1.48	0.29	0.45	96.15
野生杉木林 Wild <i>Cunninghamia lanceolata</i> forest	1.97	1.49	0.29	0.45	96.70
野生毛竹林 Wild <i>Phyllostachys edulis</i> forest	1.85	1.56	0.32	0.48	85.16
野生桤木林 Wild <i>Alnus cremastogyne</i> forest	1.56	1.34	0.20	0.30	56.04

Na: 等位基因数; Ne: 有效等位基因数; He: Nei's 基因多样性; *I*: Shannon 信息指数; PPB: 多态位点百分率。下表同。

Na: Number of alleles; Ne: Effective number of alleles; He: Nei's genetic diversity; *I*: Shannon's diversity index; PPB: Percentage of polymorphic loci. The same is following Tables.

表 3 南方红豆杉种群的遗传多样性

Table 3 Genetic diversity of *Taxus wallichiana* var. *mairei* populations

	Ht	Hs	Gst	Nm
稳定期的衍生种群 Derived population at stable stage	0.23	0.21	0.08	5.94
演替期的衍生种群 Derived population at succession stage	0.31	0.27	0.10	4.26
成熟期的野生种群 Wild population at mature stage	0.31	0.29	0.05	10.35
次生性的野生种群 Secondary wild population	0.31	0.27	0.15	2.73

Ht: 基因多度; Hs: 期望杂合度; Gst: 基因分化系数; Nm: 基因流。下表同。

Ht: Gene abundance; Hs: Expected heterozygosity; Gst: Gene differentiation coefficient; Nm: Gene flow. The same is following Tables.

护衍生种群中,稳定期群落中南方红豆杉种群的遗传多样性略低于演替期群落,但基因流(Nm=5.94)大于演替期的(Nm=4.26);在野生环境下,成熟期群落中南方红豆杉种群的 Ht (0.31)、Hs (0.29)和 Nm (10.35)高于次生性群落的(Ht=0.31、Hs=0.27 和 Nm=2.73),但基因分化系数(Gst=0.05)小于次生性群落(Gst=0.15)。成熟期的野生种群遗传多样性指数除 Gst 外,其他都大于演替期的衍生种群;次生性野生种群除基因流外,其他遗传多样性指数都大

于稳定期的衍生种群。总体来说,成熟期野生种群的遗传多样性指数最大,次生性野生种群和演替期衍生种群的指数大致相同,稳定期的衍生种群的最低。

迁地保护演替期的群落(柳杉林、枫杨林、杉木林)以阳性植物为主,南方红豆杉的遗传多样性较大,而稳定期的衍生种群(栓皮栎林、枫香林)处于阴性环境之中,结构稳定,郁闭度高,南方红豆杉的个体数量少,尤其是树高小于 1.5 m 的幼树,因而南方红豆杉的遗传多样性低(表 4)。

表 4 衍生种群和野生种群的遗传多样性指数

Table 4 Genetic diversity of the ex-situ population and the wild population

类型 Type	Na	Ne	He	<i>I</i>	Ht	Hs	Gst	Nm
衍生种群 Derived population	2.00	1.49	0.30	0.46	0.31	0.25	0.19	2.14
野生种群 Wild population	2.00	1.51	0.32	0.49	0.33	0.23	0.31	1.12

对遗传多样性参数进行方差分析,结果表明(表5),不论是迁地保护种群内部或者野生种群内部,还是迁地保护种群和野生种群之间都没有显著差异。推测可能的原因是:迁地保护的南方红豆杉是由赣西北引种而来,从而存在基因交流,但还需要进一步的证据。迁地保护种群的F值偏大,表明迁地保护稳定期的种群与演替期的种群之间的变异比稳定期群落内部和演替期群落内部的变异要大得多。尽管衍生种群表现出较高的遗传多样性水平,但与野生种群比,由于奠基者效应的存在,还处于遗传瓶颈期。

3.3 南方红豆杉种群间的聚类分析

种群间遗传相似度能够在一定程度上反应种

群间的遗传分化和DNA差异^[9]。11个南方红豆杉种群间的最大遗传相似度为0.97(杉木林与枫杨林),最小为0.81(野生桤木林与柳杉林),平均为0.92。遗传距离最大值为0.21(野生桤木林与柳杉林),最小值为0.88(杉木林与枫杨林),平均值为0.09(表6)。

按照Nei^[10]的方法进行UPMGA聚类分析,得到了11个种群的聚类分析分支图(图3)。结果表明,这11个种群可以分成5类,柳杉林中的南方红豆杉种群自成一类;次生性野生种群(野生毛竹林、野生桤木林)聚为一类;成熟期野生种群(野生苦楮林、野生杉木林)首先聚为一类,之后再和迁地保护演替期衍生种群(枫杨林、朴树林、杉木林)、栽培母树种群聚为一大类;稳定期迁地保护群落中的衍生种群(栓皮栎林、枫香林)聚为一类。

表5 南方红豆杉种群的遗传多样性方差分析($P=0.05$)

Table 5 ANOVA analysis on genetic diversity in *Taxus wallichiana* var. *mairei* populations ($P=0.05$)

种群 Population	时期 Stage		Na	Ne	He	I
迁地 <i>Ex-situ</i>	稳定期 Stable stage	F	4.084	4.372	5.43	4.696
	演替期 Succession stage	P	0.113	0.105	0.08	0.096
野生 Wild		F	0.041	0.987	0.412	0.434
	成熟期 Mature stage	F	3.211	0.101	0.250	0.444
	次生性 Secondary	P	0.215	0.781	0.667	0.574
		F	0.844	0.350	0.539	0.528

表6 不同群落中南方红豆杉种群遗传一致度(右上角)和遗传距离(左下角)

Table 6 Genetic identity (right diagonal) and distance (left diagonal) between *Taxus wallichiana* var. *mairei* populations in different quadrats

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	***	0.91	0.90	0.89	0.93	0.90	0.88	0.82	0.90	0.89	0.81
2	0.09	***	0.96	0.96	0.96	0.97	0.95	0.89	0.97	0.95	0.88
3	0.11	0.04	***	0.96	0.94	0.94	0.92	0.87	0.94	0.95	0.90
4	0.12	0.04	0.05	***	0.94	0.95	0.93	0.87	0.95	0.96	0.90
5	0.07	0.04	0.06	0.06	***	0.95	0.92	0.88	0.95	0.95	0.89
6	0.10	0.03	0.06	0.06	0.05	***	0.97	0.88	0.96	0.94	0.86
7	0.12	0.05	0.08	0.07	0.08	0.03	***	0.87	0.95	0.93	0.85
8	0.19	0.12	0.14	0.14	0.12	0.13	0.14	***	0.91	0.90	0.87
9	0.10	0.03	0.06	0.05	0.05	0.04	0.05	0.09	***	0.96	0.89
10	0.12	0.05	0.05	0.04	0.06	0.06	0.07	0.11	0.04	***	0.92
11	0.21	0.12	0.11	0.11	0.12	0.15	0.16	0.14	0.12	0.08	***

1: 柳杉林; 2: 枫杨林; 3: 栓皮栎林; 4: 枫香林; 5: 朴树林; 6: 杉木林; 7: 栽培母树; 8: 野生毛竹林; 9: 野生苦楮林; 10: 野生杉木林; 11: 野生桤木林。

1: *Cryptomeria japonica* var. *sinensis* forest; 2: *Pterocarya stenoptera* forest; 3: *Quercus variabilis* forest; 4: *Liquidambar formosana* forest; 5: *Celtis sinensis* forest; 6: *Cunninghamia lanceolata* forest; 7: Cultured mother tree; 8: Wild *Phyllostachys edulis* forest; 9: Wild *Castanopsis sclerophylla* forest; 10: Wild *Cunninghamia lanceolata* forest; 11: Wild *Alnus cremastogyne* forest.

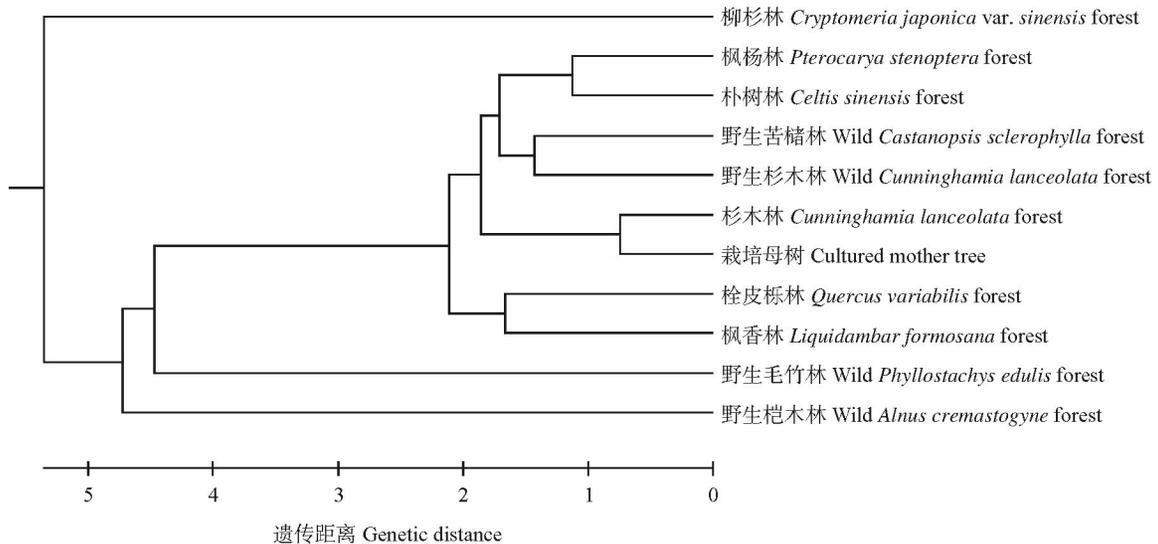


图3 南方红豆杉种群的聚类图

Fig. 3 UPGMA dendrogram of 11 populations of *Taxus wallichiana* var. *mairei*

4 结论和讨论

以往的研究认为,濒危植物具有较低的遗传多样性^[10];但也有研究认为,部分濒危植物可能具有较高的遗传变异^[12-15]。本研究结果表明南方红豆杉野生种群和迁地保护种群维持着较高水平的遗传多样性,遗传分化和基因流都处于较高水平,说明迁地保护策略成功地保护和维持了南方红豆杉的遗传多样性。南方红豆杉野生种群遗传多样性高于迁地保护小种群,而 Nybom^[16]统计的多种植物种群水平的遗传多样性(基于 RAPD 和 ISSR 等显性标记)平均值(H_e)为 0.22; Amin 等^[17]报道喜马拉雅密叶红豆杉(*Taxus fuana*)的 H_e 为 0.1165;李乃伟^[18]报道南方红豆杉小种群的 H_e 为 0.2076。不同南方红豆杉种群的基因多度都大于期望杂合度,表明南方红豆杉种群内的遗传变异多于种群间的,这也解释了植物园南方红豆杉迁地保护小种群取得成效的原因之一,极少数几个种群的取样即能涵盖大部分的遗传多样性。根据贺善安等^[7]对南京中山植园内南方红豆杉生长特性的连续观测,1999 年南方红豆杉自然种群共有 461 株,到 2010 年调查时种群已经扩展到 786 株,且各衍生种群间存在明显的遗传分化($G_{st} > 0.19$)。野生种群的遗传分化表现更为明显,分别达到 Buso^[19]的遗传分化大和极大水平,这表明虽然存在着奠基者效应,但是影响不大。基因流也是影响种群遗传分化的一个重要因素,高水平的稳定基因流可防止种群间的遗传分

化^[20],使种群趋于一致。但本研究中南方红豆杉各种群间的基因流均大于 1,这可能是过去的基因流不能反映目前实际基因流的情况。如果相邻种群的基因频率相似,可能只是表明它们具有相同的选择压力,而并不一定存在基因的流动^[21]。在中山植物园内,迁地保护小种群地理位置较近,而且都是由同一栽培种群发展而来,所以它们之间的基因流动的真实情况是一个复杂的问题,需要进行综合分析,对某个时间点的分析容易导致盲目的判断,不太准确。

南方红豆杉种群所处的群落结构对其遗传结构有一定的影响,总体上,迁地保护群落中南方红豆杉种群的遗传多样性虽然略低于野生群落,但相同面积内迁地保护群落南方红豆杉密度大于野生群落,说明迁地保护南方红豆杉种群所处群落还处于演替早期,有进一步演替发展的可能,进而可能影响到南方红豆杉种群的发展。在迁地保护南方红豆杉种群中,演替期的群落(杉木林、柳杉林、枫杨林)以阳性植物为主,南方红豆杉遗传多样性高,个体数量较多;而稳定期群落(栓皮栎林、枫香林)南方红豆杉遗传多样性较低,个体数量较少。说明在群落的演替过程中,当群落结构趋于稳定,郁闭度增大时,不利于南方红豆杉的定居、扩展。同时,南方红豆杉种群出现了一定的遗传分化,以适应不同的群落环境。南京中山植物园内的迁地保护小种群与野生苦槠林、野生杉木林的遗传距离很近,野生苦槠林位于江西九江市武宁县罗坪镇长水村

庄屋里和孙家埠,野生杉木林位于江西九江市修水县黄港镇茅竹山林场金坑,这两个县地理距离非常近,推测南京中山植物园内的南方红豆杉小种群的引种初始地在武宁和修水地区。

参考文献

- [1] Paschkel M, Abs C, Schmid B. Relationship between population size, allozyme variation, and plant performance in the narrow endemic *Cochleria babarica* [J]. *Conserv Genet*, 2002, 3(2): 131–144.
- [2] Reed D H, Frankham R. Correlation between fitness and genetic diversity [J]. *Conserv Biol*, 2003, 17(1): 230–237.
- [3] Gienapp P, Teplitsky C, Alho J S, et al. Climate change and evolution: Disentangling environmental and genetic responses [J]. *Mol Ecol*, 2008, 17(1): 167–178.
- [4] Heath D D, Heath J W, Bryden C A, et al. Rapid evolution of egg size in captive salmon [J]. *Science*, 2003, 299(5613): 1738–1740.
- [5] Kang M, Ye Q G, Huang H W. Genetic risks in plant *ex situ* conservation [J]. *Hereditas*, 2005, 27(1): 160–166.
康明, 叶其刚, 黄宏文. 注意植物迁地保护中的遗传风险 [J]. *遗传*, 2005, 27(1): 160–166.
- [6] Li X H, He S A, Sheng N. Establishment of a natural population during the *ex situ* conservation of *Taxus chinensis* [J]. *J Plant Resour Environ*, 1999, 8(1): 38–41.
李新华, 贺善安, 盛宁. 南方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.
- [7] He S A, Li X H, Peng F, et al. Study on dynamic of small *ex-situ* conservation population of *Taxus chinensis* var. *mairei* [J]. *J Plant Resour Environ*, 2007, 16(1): 35–39.
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.
- [8] Franklin I A. Evolutionary change in small populations [M]// Soule M E, Wilcox B A. *Conservation Biology: An Evolutionary Ecological Perspective*. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, 1980: 135–150.
- [9] Liu H F, Gao Y B, Ruan W B, et al. Genetic differentiation within and between *Leymus chinensis* populations from different zones of mid-eastern Inner Mongolia steppe [J]. *Acta Ecol Sin*, 2004, 24(10): 2157–2164.
刘惠芬, 高玉葆, 阮维斌, 等. 内蒙古中东部不同草原地带羊草种群遗传分化 [J]. *生态学报*, 2004, 24(10): 2157–2164.
- [10] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. *Genetics*, 1978, 89(3): 583–590.
- [11] Allendorf F W, Knudsen K L, Blake G M. Frequencies of null alleles at enzyme loci in natural populations of ponderosa and red pine [J]. *Genetics*, 1982, 100(3): 497–504.
- [12] Hamrick J L, Godt M J W. Allozyme diversity in plant species [M]// Brown A D H, Clegg M T, Kahler A L. *Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Resources*. Sunderland, USA: Sinauer Associates Inc., 1989: 43–63.
- [13] Tan T, Jin Z X, Li J M, et al. Genetic differentiation of *Calycanthus chinensis*, an endangered plant [J]. *J NW For Univ*, 2008, 23(2): 77–82.
谈探, 金则新, 李钧敏, 等. 濒危植物夏蜡梅遗传分化研究 [J]. *西北林学院学报*, 2008, 23(2): 77–82.
- [14] Zhang R, Zhou Z C, Jin G Q, et al. Genetic diversity and genetic differentiation of *Taxus wallichiana* var. *mairei* provenances [J]. *Sci Silv Sin*, 2009, 45(1): 50–56.
张蕊, 周志春, 金国庆, 等. 南方红豆杉种源遗传多样性和遗传分化 [J]. *林业科学*, 2009, 45(1): 50–56.
- [15] Zhang L L. Studies on the DNA fingerprinting of *Taxus chinensis* var. *mairei* [D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2009: 1–62.
张玲玲. 南方红豆杉DNA指纹图谱技术研究 [D]. 福州: 福建农林大学, 2009: 1–62.
- [16] Nybom H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants [J]. *Mol Ecol*, 2004, 13(5): 1143–1155.
- [17] Shah A, Li D Z, Gao L M, et al. Genetic diversity within and among populations of the endangered species *Taxus fuana* (Taxaceae) from Pakistan and implications for its conservation [J]. *Biochem Syst Ecol*, 2008, 36(3): 183–193.
- [18] Li N W, He S Z, Shu X C, et al. Genetic diversity and structure analyses of wild and *ex-situ* conservation populations of *Taxus chinensis* var. *mairei* based on ISSR marker [J]. *J Plant Resour Environ*, 2011, 20(1): 25–30.
李乃伟, 贺善安, 束晓春, 等. 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 [J]. *植物资源与环境学报*, 2011, 20(1): 25–30.
- [19] Buso G S C, Rangel P H, Ferreira M E. Analysis of genetic variability of south American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers [J]. *Mol Ecol*, 1998, 7(1): 107–117.
- [20] Wright S. *Evolution and the Genetics of Populations: Variability within and among Natural Populations*, Vol. 4 [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 1–67.
- [21] Merrell D J. *Ecological Genetics* [M]. London: Longman, 1981: 254–256.