

# 浙江省境内七子花天然种群遗传多样性研究\*

李钧敏\*\* 金则新

(台州学院, 临海 317000)

**【摘要】** 利用 RAPD 技术对浙江省境内的七子花 9 个天然种群遗传多样性和遗传分化进行研究. 结果表明, 12 种随机引物对 180 棵植物进行检测, 共得到 164 个可重复的位点. 多态位点百分率在 14.60%~27.44% (平均为 20.73%), 以括苍山种群最高, 其次是四明山种群, 最低是观音坪种群. Shannon 指数和 Nei 指数均反映出七子花各种群具有较低的遗传多样性, 但遗传分化明显. Shannon 指数显示种群内遗传多样性只占总遗传多样性的 27.28%, 而种群间遗传多样性却占 72.72%; Nei 指数表明种群内的遗传变异较小, 种群间的遗传变异较大, 种群间的遗传分化系数为 0.7157. 七子花种群间的基因流为 0.1987, 遗传相似度平均为 0.7306, 遗传距离平均为 0.3150, 各种群间的遗传分化明显. 根据遗传距离聚类分析, 大致可以将 9 个七子花种群分为东部和西部两大类群.

**关键词** 七子花 天然种群 遗传多样性 遗传分化 RAPD

**文章编号** 1001-9332(2005)05-0795-06 **中图分类号** Q948.1 **文献标识码** A

**Genetic diversity of *Hepatocodium miconioides* natural populations in Zhejiang Province.** LI Junmin, JIN Zexin (Taizhou University, Linhai 317000, China). -*Chin. J. Appl. Ecol.*, 2005, 16(5):795~800.

*Hepatocodium miconioides* is the Class II protected plant species in China. This paper studied the genetic diversity and differentiation of its nine natural populations in Zhejiang Province by using random amplified polymorphic DNA (RAPD) technique. Twelve random primers were selected in the amplification, and 164 repetitive loci were produced. The percentage of polymorphic loci in each *H. miconioides* population ranged from 14.60% to 27.44%, with an average of 20.73%. Among the test populations, Kuochangshan population had the highest percentage of polymorphic loci, Simingshan population took the second place, and Guanyinping population had the lowest one. As estimated by Shannon index, the genetic diversity within *H. miconioides* populations accounted for 27.28% of the total genetic diversity, while that among *H. miconioides* populations accounted for 72.72%. The genetic differentiation among *H. miconioides* populations as estimated by Nei index was 0.7157. The genetic differentiation estimated by Nei index was generally consistent with that estimated by Shannon index, i. e., the genetic differentiation among populations was relatively high, but that within populations was relatively low. The gene flow among *H. miconioides* populations was relatively low (0.1987), and the genetic similarity ranged from 0.6557 to 0.8119, with an average of 0.7306. The highest genetic distance among populations was 0.4229, while the lowest one was 0.2083. All the results showed that there was a distinct genetic differentiation among *H. miconioides* populations. The genetic distance matrix of nine test populations was calculated by using the method, and the clustering analysis was made by using the unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA). The cluster analysis suggested that the nine populations of *H. miconioides* in Zhejiang Province could be divided into two groups, i. e., eastern Zhejiang group and western Zhejiang group.

**Key words** *Hepatocodium miconioides*, Natural population, Genetic diversity, Genetic differentiation, RAPD.

## 1 引 言

遗传多样性是生物多样性的的重要组成部分,是物种多样性和生态系统多样性的基础<sup>[27]</sup>. 对濒危物种遗传多样性的研究有助于了解物种进化历史和适应潜力,探讨物种濒危的机制,以及采取科学有效的保护措施<sup>[5,6]</sup>. 七子花(*Heptacodium miconioides*)为我国特有的落叶小乔木,属忍冬科(Caprifoliaceae)的单属植物. 多生于悬崖峭壁、沟谷和山坡灌丛,分布于浙江、安徽(宣城、泾县)和湖北(兴山)等省的

少数地区,在模式标本产地的湖北兴山已难觅其踪,浙江是其分布中心. 由于长期樵采,生境破坏,使原本分布范围狭窄的七子花更为稀少<sup>[26]</sup>,现列为国家Ⅱ级重点保护植物. 目前对分布在浙江省天台山的七子花群落结构、种群动态以及光合生理生态特性等已进行了研究<sup>[9,10,12]</sup>,但尚未见有关七子花种群

\* 国家自然科学基金项目(39870160)和浙江省自然科学基金资助项目(399203).

\*\* 通讯联系人.

2004-04-15 收稿, 2004-10-18 接受.

遗传变异和遗传分化的研究报道。

RAPD 技术作为一种简便、快速、易行的分子标记技术<sup>[2,23]</sup>,近年来被广泛地应用于植物遗传多样性和遗传结构的研究中<sup>[4,8,16,18,20,22,25,28,29]</sup>。本研究利用 RAPD 技术对分布在浙江省境内的 9 个七子花天然种群的遗传多样性、种群内和种群间的遗传分化进行了研究,以了解七子花种群遗传变异水平以及种群分化的大小,为进一步阐明七子花种群的遗传变异、进化潜力以及采取合理的保护措施提

供基础资料。

## 2 材料与方法

### 2.1 供试材料

试验材料采自浙江省境内的 9 个七子花种群分布地,各样地的基本情况见表 1。每个种群均随机选取 20 株成年植株,相邻植株间的距离在 30 m 以上。取植株的幼嫩叶片置于保鲜袋中,封口,于样品贮藏箱(由超低温冰袋保持冷藏条件)带回实验室, -70 ℃ 低温冰箱保存,供 DNA 提取。

表 1 七子花种群基本情况

Table 1 Basic conditions of each spot of *H. miconioides* populations

种群 Population	产地 Locality	地理位置 Geographical location	海拔高度 Altitude (m)
小将 Xiaojiang(XJ)	新昌小将林场 Xiaojiang Forestry Centre, Xinchang City	29 23'N, 121 06'E	880
四明山 Simingshan(SMS)	宁波四明山林场 Siming Mountain Forestry Centre, Ningbo City	29 39'N, 120 59'E	560
大盘山 Dapanshan(DPS)	磐安大盘山 Dapan Mountain, Panan City	28 59'N, 120 32'E	720
括苍山 Kuochangshan(KCS)	临海括苍山 Kuochang Mountain, Linhai City	28 49'N, 120 55'E	950
天台山 Tiantaishan(TTS)	天台天台山 Tiantai Mountain, Tiantai City	29 15'N, 121 06'E	780
北山 Beishan(BS)	金华北山 Bei Mountain, Jinhua City	29 13'N, 119 38'E	600
东白山 Dongbaishan(DBS)	东阳东白山 Dongbai Mountain, Dongyang City	29 30'N, 120 26'E	930
干坑 Gankeng(GK)	临安颊口镇干坑 Gankeng, Xiakou Town, Linan City	30 08'N, 119 01'E	980
观音坪 Guanyinping(GYP)	临安龙岗镇观音坪 Guangyinping, Longgang Town, Linan City	30 10'N, 119 06'E	1140

### 2.2 研究方法

**2.2.1 DNA 提取与定量** 采用改进的 SDS 法,按文献<sup>[15]</sup>提取基因组 DNA。DNA 经 0.8% 琼脂糖凝胶电泳分析,用 GIS 凝胶成像分析系统(上海天能科技服务公司)拍照定量, -20 ℃ 保存备用。

**2.2.2 RAPD 扩增及产物鉴定** 随机引物购自上海 Sangon 公司,扩增反应条件按照文献<sup>[14]</sup>,经优化的 PCR 扩增程序为:94 ℃ 预变性 5 min,94 ℃ 变性 1 min,40 ℃ 退火 1 min,72 ℃ 延伸 1.5 min,共 35 个循环;72 ℃ 完全延伸 5 min。所有反应在美国 Thermol 公司生产的 P×2 热循环仪中进行,扩增产物在 1.4% 的琼脂糖凝胶(含 0.5 μg·mL<sup>-1</sup>溴化乙锭)中电泳,电泳缓冲液为 0.5×TBE,用 200 bp DNA 梯度做分子量标记,用 GIS 凝胶成像分析系统(上海天能科技服务公司)拍照保存。

RAPD 多样性表型带计数用 200 bp DNA 梯度做分子量标记,对照反应产物在凝胶上的对应位置,有带记为“1”,无带记为“0”,得到原始数据。

**2.2.3 数据处理** 采用 POPGEN32 软件进行多态位点比率、Shannon 指数、Nei 指数、遗传分化系数的统计分析,采用算术平均数的非加权成组配对法(Unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)进行聚类分析。

## 3 结果与分析

### 3.1 引物筛选

从 9 个七子花种群中各选出一个 DNA 样品进行 RAPD 扩增,同时以蒸馏水取代 DNA 设置阴性对照,扩增产物经电泳分离后进行引物筛选。从 150 个引物中筛选出在 9 个七子花种群中均可扩增出清晰条带,且条带不弥散、不模糊,重复性好,同时阴性对照中无带的 12 个引物作为正式扩增的 RAPD 引物,12 个引物的碱基序列见表 2。

表 2 RAPD 分析用的 12 个随机引物序列

Table 2 Sequence of 12 random primers used in RAPD analysis

引物 Primers	序列 Sequences
S125	CCGAATTCCC
S169	TGGAGAGCAG
S24	AATCGGGCTG
S313	ACGGGAGCAA
S71	AAAGCTGCGG
S315	CAGACAAGCC
S328	GGGTGGGTAA
S323	CAGCACCGCA
S65	GATGACCGCC
S160	AACGGTGACC
S23	AGTCAGCCAC
S89	CTGACGTCAC

### 3.2 多态位点比率

利用 12 种随机引物对 9 个七子花种群 180 个个体的 DNA 样品进行 RAPD 分析(图 1),共扩增出 164 个条带.各种群的多态位点百分率有较大差异(表 3),括苍山种群最高,为 27.44%;其次是四明山种群(23.17%);观音坪种群最低(14.63%);其大小顺序为括苍山>四明山>北山>天台山>小将>东白山>大盘山>干坑>观音坪.9 个七子花种群的多态位点百分率平均为 20.73%.各种群的特有位点数和特有位点百分率均较低,其中四明山、北山和观音坪种群没有特有位点.

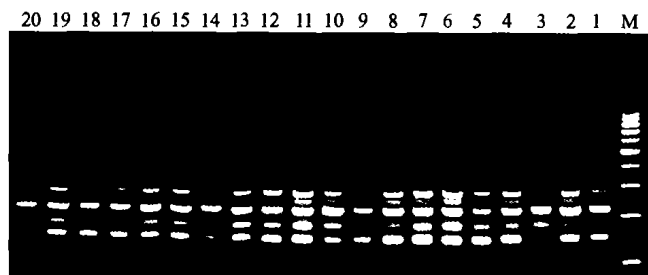


图 1 东白山七子花引物 S125 扩增结果  
Fig. 1 RAPD amplification of *H. miconioides* in Dongbaishan population produced with primer S125.  
1~20:个体数 Individual;M:200 bp DNA 梯度分子量参照物 200 bp DNA ladder molecular weight marker.

表 4 不同七子花种群内的遗传多样性

Table 4 Genetic diversity within 9 populations of *H. miconioides*

指数 Index	XJ	SMS	DPS	KCS	TTS	BS	DBS	GK	GYP	平均 Average
Shannon	0.1079	0.1407	0.1163	0.1704	0.1346	0.1352	0.1243	0.1109	0.0909	0.1257
Nei	0.0717	0.0974	0.0809	0.1184	0.0939	0.0931	0.0861	0.0775	0.0634	0.0869

### 3.4 种群遗传分化

由表 5 可知,Shannon 指数显示七子花种群内平均遗传多样性为 0.1257,总的遗传多样性平均为 0.4608;在总遗传变异中,大部分存在于种群间(72.72%),种群内的遗传变异占 27.28%.Nei 指数估算的 9 个种群总的基因多样性平均为 0.3057,种群内平均为 0.0869,种群间平均为 0.2188,种群间的遗传分化系数为 0.7157.这与 Shannon 指数估算的结果一致,说明种群内的遗传多样性比较低,有相当一部分遗传变异存在于种群间.七子花种群间的基因流为 0.1987,表明种群间的基因流很小.

按 Nei<sup>[17]</sup>方法计算七子花种群间的遗传相似度和遗传距离(表 6),结果表明,9 个七子花种群间的遗传相似度在 0.6557~0.8119 之间,平均为 0.7306.其中临安的观音坪与干坑两种群相距很近,遗传相似度最高,观音坪与四明山种群的遗传相似度最低,观音坪种群除与干坑种群有较高的遗传相

表 3 七子花不同种群多态位点比率

Table 3 Percentage of polymorphic loci within populations of *H. miconioides*

种群 Populations	样本数 Samples	位点数 Total of loci	多态位点数 Number of polymorphic loci	多态位点百分率 Percentage of polymorphic loci, P (%)	特有位点数 Number of unique loci	特有位点百分率 Percentage of unique loci, P (%)
XJ	20	164	34	20.73	2	1.22
SMS	20	164	38	23.17	0	0.00
DPS	20	164	31	18.90	2	1.22
KCS	20	164	45	27.44	1	0.61
TTS	20	164	35	21.34	1	0.61
BS	20	164	37	22.56	0	0.00
DBS	20	164	33	20.12	1	0.61
GK	20	164	29	17.68	2	1.22
GYP	20	164	24	14.63	0	0.00
平均 Average	20	164	34	20.73	1	0.61

### 3.3 种群遗传多样性

由表 4 可知,Shannon 指数估计的 9 个七子花种群内的遗传多样性为 0.1257.括苍山种群的遗传多样性最高,其次是四明山种群,观音坪种群最低.Nei 指数估算 9 个七子花种群内的基因多样性为 0.0869,较 Shannon 指数低.个别种群内的基因多样性大小顺序与 Shannon 信息指数估计的值有所不同,但仍以括苍山种群最高,四明山种群次之,观音坪种群最低.

似度外与其它种群的相似度相对较小,表明观音坪种群与其它种群的分化最大.种群间的遗传距离最高为 0.4229,最低为 0.2083.由此可以看出,七子花种群间出现明显的分化,就连相距很近的观音坪与干坑种群,其遗传距离也为 0.2083,表明两个种群间也出现了一定的分化.

表 5 不同七子花种群遗传多样性特征指数分析

Table 5 Genetic diversity index analysis of 9 populations of *H. miconioides*

Shannon 指数 Shannon index	Nei 指数 Nei index
种群内遗传多样性 Within population genetic diversity, $H_{pop}$	种群内基因多样性 Within population gene diversity, $H_i$
0.1257	0.0869
种群总的遗传多样性 Total genetic diversity, $H_{sp}$	种群总的基因多样性 Total gene diversity, $H_T$
0.4608	0.3057
种群内遗传多样性比率 Ratio of genetic diversity within population, $H_{pop}/H_{sp}$	种群内基因多样性比率 Ratio of gene diversity within population, $H_i/H_T$
0.2728	0.2843
种群间遗传多样性比率 Ratio of genetic diversity among population, $(H_{sp}-H_{pop})/H_{sp}$	遗传分化系数 Genetic differentiation among populations, $G_{ST}$
0.7272	0.7157
基因流 Gene flow, $N_m$	
0.1987	

表6 七子花种群间的遗传相似性与遗传距离

Table 6 Genetic similarity and genetic distances among 9 populations of *H. miconioides*

种群 Populations	XJ	SMS	DPS	KCS	TTS	BS	DBS	GK	GYP
XJ	-	0.7562	0.7646	0.7524	0.7300	0.7095	0.7185	0.7227	0.6708
SMS	0.2795	-	0.7303	0.7433	0.7349	0.7085	0.7207	0.6825	0.6557
DPS	0.2684	0.3143	-	0.7531	0.7781	0.7562	0.7348	0.6862	0.6696
KCS	0.2845	0.2966	0.2836	-	0.7696	0.7579	0.7402	0.7278	0.7072
TTS	0.3147	0.3080	0.2509	0.2619	-	0.7604	0.7481	0.7581	0.6875
BS	0.3431	0.3446	0.2794	0.2772	0.2739	-	0.7794	0.7525	0.7142
DBS	0.3306	0.3276	0.3081	0.3009	0.2902	0.2492	-	0.7245	0.6844
GK	0.3248	0.3820	0.3765	0.3178	0.2770	0.2844	0.3222	-	0.8119
GYP	0.3993	0.4220	0.4010	0.3464	0.3747	0.3366	0.3793	0.2083	-

对角线上方为 Nei 遗传相似度, 对角线下方为遗传距离 Nei's genetic similarity (above diagonal) and genetic distances (below diagonal).

根据七子花种群间的遗传距离, 采用算术平均数的非加权成组配对法, 对 9 个种群进行聚类(图 2)。根据聚类结果大致可将 9 个七子花种群分为两大类群: 东部类群和西部类群。东部类群包括小将、四明山、大盘山、天台山、括苍山、北山和东白山种群。这 7 个种群中, 地理距离相对较近的小将和四明山, 大盘山、天台山和括苍山, 北山和东白山先聚在一起; 西部类群的临安观音坪和干坑两种群间相距很近, 遗传距离较小, 而与其它种群保持着相对较远的遗传距离。这与其地理分布格局大致吻合, 即种群间的地理距离较近, 其遗传距离也相对较小。

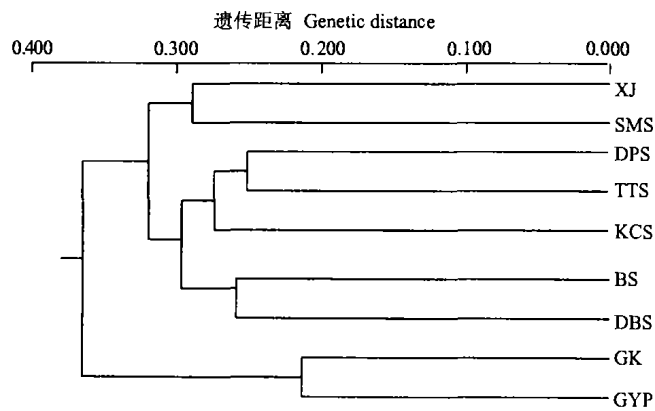


图2 七子花种群间的遗传距离聚类分析

Fig. 2 Dendrogram produced by POPGENE software for 9 populations of *H. miconioides*.

#### 4 讨 论

通过 RAPD 研究表明, 9 个七子花天然种群的多态位点百分率在 14.60%~27.44% 之间, 平均为 20.70%。Shannon 指数和 Nei 指数对 RAPD 数据的统计结果表明, 七子花各种群具较低的遗传多样性, 其平均值分别为 0.1257 和 0.0869。但各种群间存在明显的遗传分化, Shannon 指数显示种群内的遗传多样性只占总多样性的 27.28%, 而种群间却占 72.72%; Nei 指数表明种群内的变异较小, 种群间的变异较大。说明七子花种群内、种群间的个体均存在一定的遗传分化, 而种群间的遗传分化明显高于

种群内。Nei 指数估计的种群间的遗传分化系数为 0.7157。

造成种群内遗传衰退的原因有选择作用、种群有效规模下降、遗传漂变以及自交等<sup>[30]</sup>。由于人类的过度樵砍, 造成生境的严重破碎化, 导致七子花个体数锐减, 造成很大程度的近亲繁殖, 增加了种群内遗传上的同源性<sup>[13]</sup>, 使种群内的遗传水平降低。而且七子花喜光, 不耐荫蔽, 也不耐强光, 对光适应的生态幅度较窄<sup>[10]</sup>, 在生存竞争中处于不利地位, 在立地条件较好的山坡等地有让位于其它常绿阔叶树种的趋势, 退回到土层瘠薄、岩石裸露的沟谷等恶劣的生境中<sup>[11]</sup>, 造成七子花的分布不连续, 被分隔成若干个呈岛状分布的小种群。种群变小的两个遗传学后果是增加了遗传漂变和近交的作用, 通过近交衰退和杂合度的降低而影响个体的适合度, 进而导致遗传多样性的丧失。此外, 种群内较低的遗传多样性还与七子花繁育机制等生物学特性有关。七子花虽是虫媒花, 但自花授粉的比例很高<sup>[1]</sup>, 并且种子的休眠期长, 萌发率极低<sup>[21]</sup>, 有性生殖作用不明显, 限制了其基因交流, 导致大量遗传变异的丧失, 使其遗传结构趋于简单和单调。由于人为干扰和生境的破坏, 以及由此引起的种子适合度下降和繁育系统的变化, 阻碍了七子花种群的天然更新, 使种群内遗传多样性的降低, 导致其对环境的适应性下降, 使七子花种群更加濒危。

影响植物种群间遗传分化的因素很多, 基因流是使种群遗传结构均质化的主要因素之一, 具有有限基因流的物种比具有广泛基因流的物种有较大的遗传分化。Wright<sup>[24]</sup>认为, 种群间基因流大于 1, 则能发挥其均质化作用; 若小于 1, 则表明基因流成为遗传分化的主要原因。而七子花种群间的基因流只有 0.1987, 远小于 1, 极低的基因流有利于种群间的遗传分化。此外, 微生境的异质性也是种群间遗传分化的主要因素之一, 不同的基因型在不同生境上的

适合度相异,导致具相同基因型的个体聚集在较适应的微生物中,从而产生遗传分化<sup>[3]</sup>。研究表明,不同生态小生境的适应可以导致不同种群遗传结构的差异<sup>[7,19]</sup>。9个七子花天然种群所分布的地理位置不同,且海拔高度有所差异,如观音坪种群的海拔为1140 m,而四明山种群只有560 m,生境的差异及长期的适应性变化使七子花种群间在遗传组成上产生差异。

七子花种群间的遗传相似度在0.6557~0.8119之间,平均为0.7306。其中临安的观音坪与干坑两种群相距最近,遗传相似度最高,观音坪与四明山种群的遗传相似度最低。七子花各种群间存在明显的遗传分化,种群间的遗传距离最高为0.4229,最低为0.2083。连相距很近的观音坪与干坑种群的遗传距离也为0.2083,表明两个种群间也出现了分化。根据种群间的遗传距离,采用UPGMA法对9个种群进行聚类分析。根据聚类的结果,大致可将浙江省9个七子花种群分为两大类群:东部类群和西部类群。东部类群包括小将、四明山、大盘山、天台山、括苍山、北山和东白山等7个种群,西部类群指临安观音坪和干坑两种群。这与其地理分布格局大致吻合,即种群间的地理距离较近,其遗传距离也相对较小。

近年来,对遗传多样性在物种保护中所起的作用说法各异。一些学者认为,遗传多样性对物种的生存和发展起着决定性作用;而另一些学者则认为,生态因素(如生境的破坏和环境的变迁等)是物种濒危和灭绝的直接原因,因此是物种多样性保护中应首先考虑的问题<sup>[6]</sup>。事实上,物种的遗传多样性水平、生活史特性以及生态因素等均会影响物种的生存和发展。因此,对七子花实施保护不能运用单一的手段和简单的方法,而应采取综合措施,抑制其种群衰败趋势。首先,要制止乱砍滥伐,努力保存现有的种群和个体。其次,由于七子花的遗传多样性主要存在于种群间,保护天然七子花种群对于保护遗传多样性非常重要。应在七子花的原产地建立保护小区,为七子花的生存创造适宜的生境。在遗传变异大的种群间进行七子花植株的迁移,人为加大七子花种群间的基因流,有利于其多样性的提高,从而提高七子花对环境的适应能力。第三,由于七子花种群间有较大的遗传分化,在迁地保护时,既要选择代表性的种群,又要考虑各个分支,尽可能在较多的种群中取样,才能更有效地保护七子花的遗传多样性。第四,进一步对七子花种子的活力进行研究,打破种子的

休眠期,提高种子的萌发率,并在较大的空间上进行补播,增加种群中幼苗的数量,创造基因交流和重组的条件,以达到保护遗传多样性的目的。

#### 参考文献

- 1 Bian C-M(边才苗), Jin Z-X(金则新), Li J-M(李钧敏). 2002. A study on the reproductive biology of *Heptacodium miconioides*. *Acta Bot Yunnanica* (云南植物研究), 24(5): 613~618 (in Chinese)
- 2 Caetano-Anolles G. 1993. Amplifying DNA with arbitrary oligonucleotide primers. *PCR Meth Appl*, 3: 85~94
- 3 Chen X-Y(陈小勇), Song Y-C(宋永昌). 1998. Microgeographic differentiation in a *Cyclobalanopsis glauca* population in western Huangshan, Aihui province. *J Plant Resour Environ* (植物资源与环境), 7(1): 10~14 (in Chinese)
- 4 Dawson IK, Chalmers KJ, Waugh R, et al. 1993. Detection and analysis of genetic variation in *Hordeum spontaneum* populations from Israel using RAPD markers. *Mol Ecol*, 2: 151~159
- 5 Falk DA, Holsinger KE. 1991. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York: Oxford University Press Inc.
- 6 Ge S(葛颂), Hong D-Y(洪德元). 1999. Studies of morphological and allozyme variation of the endangered *Adenophora lobophylla* and its widespread congener *A. potaninii*. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 26(4): 410~417 (in Chinese)
- 7 Gehring JL, Linhart YB. 1992. Population structure and genetic differentiation in native and introduced populations of *Deschampsia caespitosa* (Poaceae) in the Colorado alpine. *Amer J Bot*, 79: 1337~1343
- 8 Guo S-L(郭水良), Zhang D-X(张东旭), Cao T(曹同). 2002. Principal axes analyses on population genetic differentiation of *Plantago asiatica* in Zhejiang. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 13(10): 1283~1286 (in Chinese)
- 9 Jin Z-X(金则新). 1997. A study on population structure and distribution pattern of *Heptacodium miconioides* in the Tiantai Mountain, Zhejiang. *Chin J Ecol* (生态学杂志), 16(4): 15~19 (in Chinese)
- 10 Jin Z-X(金则新). 1998. A study on *Heptacodium miconioides* community in the Tiantai Mountains of Zhejiang province. *Acta Ecol Sin* (生态学报), 18(2): 127~132 (in Chinese)
- 11 Jin Z-X(金则新). 1999. Studies on distributive pattern of *Heptacodium miconioides* population in Tiantai mountain in Zhejiang province. *Guihaia* (广西植物), 19(1): 47~52 (in Chinese)
- 12 Jin Z-X(金则新), Ke S-S(柯世省). 2002. The photosynthetic characteristics of the main species of the *Heptacodium miconioides* community in Tiantai Mountain of Zhejiang province, China. *Acta Ecol Sin* (生态学报), 22(10): 1645~1652 (in Chinese)
- 13 Li J(李进), Chen K-Y(陈可咏), Li B-S(李渤生). 1998. The variation of genetic diversity of *Quercus aquifolioides* in different elevations. *Acta Bot Sin* (植物学报), 40(8): 761~767 (in Chinese)
- 14 Li J-M(李钧敏), Jin Z-X(金则新), Ke S-S(柯世省). 2002. Optimal choice for compositions in RAPD analysis of *Heptacodium miconioides*. *Chin Bull Bot* (植物学通报), 19(4): 452~456 (in Chinese)
- 15 Li J-M(李钧敏), Ke S-S(柯世省), Jin Z-X(金则新). 2002. Extraction and determination of DNA from *Heptacodium miconioides*. *Guihaia* (广西植物), 22(6): 499~502 (in Chinese)
- 16 Liu D-Y(刘登义), Chu L(储玲), Yang Y-H(杨月红). 2004. Genetic diversity of rare and endangered plant *Magnolia amoena*. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 15(7): 1139~1142 (in Chinese)
- 17 Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *Am Nat*, 106: 283~292
- 18 Palacios C, Gonzalez CF. 1997. Lack of genetic variability in the rare and endangered *Limonium cavanillesii* (Plumbaginaceae) using RAPD markers. *Molecul Ecol*, 6(7): 671~675
- 19 Su X-H(苏晓华), Zhang Q-W(张绮文), Zheng X-W(郑先武).

1997. Genetic structure in *Populus ussuriensis* Kom. confirmed by RAPD markers. *Sci Silvae Sin* (林业科学), 33(6): 504~512 (in Chinese)
- 20 Wachira FN. 1995. Detection of genetic diversity in tea (*Camellia sinensis*) using RAPD markers. *Genome*, 38: 201~210
- 21 Wang S-Y(王诗云), Xu H-Z(徐惠珠), Zhao Z-E(赵子恩). 1995. A study on the conservation of the rare and threatened plants in Hubei and its surroundings. *J Wuhan Bot Res* (武汉植物学研究), 13(4): 354~368 (in Chinese)
- 22 Wang Z-F(王峥峰), Zhang J-L(张军丽), Wang B-X(王伯荪), et al. 2000. Molecular ecology of *Cryptocarya chinensis* population in different communities. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 11(3): 342~344 (in Chinese)
- 23 Williams JPK, Kubelik AR, Livak KJ, et al. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res*, 18: 6531~6535
- 24 Wright S. 1931. Evolution in Mendelian population. *Genetics*, 16: 91~159
- 25 Xia M(夏 铭), Zhou X-F(周晓峰), Zhao S-D(赵士洞). 2001. RAPD analysis of genetic diversity of natural populations of *Quercus mongolica*. *Sci Silvae Sin* (林业科学), 37(5): 126~133 (in Chinese)
- 26 Yu J(俞 建), Yu M-J(于明坚), Jin X-F(金孝锋). 2003. Present resource situation and suggestion for conservation of *Heptacodium miconioides* in Zhejiang province, east China. *J Zhejiang Univ* (Nat Sci) (浙江大学学报·自然科学版), 30(3): 314~326 (in Chinese)
- 27 Zeng J(曾 杰), Wang Z-R(王中仁), Zhou X-L(周世良), et al. 2003. Allozyme diversity in natural populations of *Betula aloindes* from Guangxi, China. *Acta Phytocol Sin* (植物生态学报), 27(1): 66~72 (in Chinese)
- 28 Zhang J-L(张军丽), Wang Z-F(王峥峰), Li M-G(李鸣光), et al. 2000. Molecular markers and their application in plant population research. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 11(4): 631~636 (in Chinese)
- 29 Zhang J-L(张军丽), Wang Z-F(王峥峰), Wang B-S(王伯荪), et al. 2001. AFLP analysis on genetic structure of planted *Acacia auriculiformis* population in Heshan. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 12(4): 491~495 (in Chinese)
- 30 Zou Y-P(邹喻莘), Ge S(葛 颂), Wang X-D(王晓东). 2001. Molecular Markers in Phylogeny and Evolution Plant. Beijing: Science Press. 140~149 (in Chinese)

---

作者简介 李钧敏,女,1973年12月生,硕士,副教授.主要从事植物分子生态学研究,发表论文50余篇. Tel: 0576-5137065; E-mail: lijm@mail.tzptt.zj.cn

---

## ·书 讯·

### 《Wind on Tree Windbreaks》出版

中国科学院沈阳应用生态研究所朱教君(Zhu Jiaojun)研究员、姜凤岐(Jiang Fengqi)研究员,日本国立新潟大学松崎健(Matsuzaki Takeshi)教授共同编著的《Wind on Tree Windbreaks》(英文版)(风与树木防护林)一书由中国林业出版社出版发行.该书是作者在近20年来从事防护林科学研究工作成果的总结.本书以防护林通过改变风的运行方式从而实现其防护效益为基本出发点,较系统地阐述了风在单株树木内,农田林带附近,海岸林分内、林冠上的分布规律;建立了风速分布与树木、林带、林分结构之间的关系模型;阐明了树木或林带对风的反应规律;并从防护林防风效益的角度论述了树木防护林营造与更新等问题.本书可供从事林业、生态建设的科研、教学、工程技术人员、学生参考.

该书标准A4开本,235页,全书共分7章36节,有148幅图、63张表,附有400余篇国内外参考文献.有需要者请与以下地址联系.

联系地址:辽宁省沈阳市沈河区文化路72号,中国科学院沈阳应用生态研究所《应用生态学报》或《生态学杂志》编辑部

邮编:110016

电话:024-83970394, 83970393, 83970342

E-mail: cjae@iae.ac.cn, cje@iae.ac.cn, jiaojunzhu@iae.ac.cn