

荷木种群在不同群落中的分子生态研究^{*}

王峥峰, 张军丽, 王伯荪, 李鸣光

(中山大学生命科学学院, 广东 广州 510275)

摘 要: 用扩增片段长度多态性 (AFLP, amplified fragment length polymorphism) 方法对荷木 (*Schima superba*) 在 3 个不同群落中的遗传变异进行了研究. AFLP 分析结果表明其遗传多样性较高. 用 AMOVA (analysis of molecular variance) 分析表明, 95.99% 的遗传变化表现在种群内, 4.01% 的遗传分化表现在种群间 ($P < 0.001$). 上述结果说明荷木在不同群落中有很小的遗传分化, 说明了荷木较广的生态适应性.

关键词: 荷木; AFLP; 遗传多样性

中图分类号: Q948 **文献标识码:** A

种群是生活在一定时间与一定空间上的所有同种个体的总和^[1], 这些个体由于自然或者人为的原因会发生种群隔离, 或者种群间基因流虽没有割断, 但是不同生境的自然选择作用也可能造成种群间的遗传分化. 引起种群遗传分化的原因有两种: 一是内因, 即种群本身的遗传特性所引起的, 如花粉、种子的传播方式; 另一种是外因, 即由于环境变化、人为干扰所引起的隔离. 后者包括大的环境的变化和由于微环境的不同造成的种群遗传分化. 本文拟对荷木在不同群落 (微环境) 中遗传分化进行初步研究, 以进一步了解环境对其生长的影响.

1 材料与方法

1.1 材 料 叶样 (自然更新种) 采集于鼎湖山 ($112^{\circ}30'39'' \sim 112^{\circ}33'41''\text{E}$, $23^{\circ}09'21'' \sim 23^{\circ}11'30''\text{N}$), 3 个采样点分别是常绿阔叶林群落、针阔混交林群落和针叶林群落, 采样数目分别是 16 株. 常绿阔叶林群落与针阔混交林群落相距 600 m, 针阔混交林群落与针叶林群落相距 350 m, 常绿阔叶林群落与针叶林群落相距 800 m.

1.2 实验方法

(1) 样品处理 新鲜树叶 1 g 采用 CTAB 法提取 DNA^[2], 用电泳法测其含量. AFLP 方法参照 Vos^[3], 2 个 *Eco*R 引物和 2 个 *Mse* 引物分别是:

*Eco*R1: 5' - GACTGCGTACCAATTC - AGG - 3'

*Eco*R2: 5' - GACTGCGTACCAATTC - ACT - 3'

*Mse*1: 5' - GATGAGTCCTGAGTAA - CAG - 3'

*Mse*2: 5' - GATGAGTCCTGAGTAA - CTC - 3'

(2) 数据处理 把上述电泳产物所得的各带进行 1/0 标记, 采用 AMOVA (the analysis of molecular variance, AMOVA 1.55)^[4] 分析软件进行数据分析.

* 基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (39670136); 国家博士点基金资助项目 (98055808); 广东省自然科学基金资助项目 (990254)

收稿日期: 1999-10-09; 作者简介: 王峥峰 (1973~), 男, 博士.

2 结果与讨论

4 对引物分别扩增出 26, 27, 40, 和 27 条 AFLP 带 (表 1). 从表 1 可以看出 4 个引物带所扩增的多样性带十分丰富, 最多的 *Eco*R2—*Mse*1 引物对所得多样性带为 85.2%, 最低是 *Eco*R1—*Mse*2, 57.5%. 同时这些引物对扩增所得的杂合度也较高 (表 1), 这一杂合度代表了遗传多样性的 大小, 说明荷木在 3 个群落中的遗传多样性较高.

表 1 4 对引物扩增结果
Tab 1 Genetic variability identified with AFLP in three subpopulations

引物对	所有带	单一带	多态性带	多态性百分率/ %	群落	平均非偏差杂合度
<i>Eco</i> R1— <i>Mse</i> 1	26	9	15	62.5	常绿阔叶林	0.202(±0.060)
					针阔混交林	0.283(±0.069)
					针叶林	0.259(±0.064)
<i>Eco</i> R2— <i>Mse</i> 1	27	4	23	85.2	常绿阔叶林	0.269(±0.068)
					针阔混交林	0.354(±0.069)
					针叶林	0.403(±0.060)
<i>Eco</i> R1— <i>Mse</i> 2	40	17	23	57.5	常绿阔叶林	0.344(±0.076)
					针阔混交林	0.317(±0.071)
					针叶林	0.330(±0.062)
<i>Eco</i> R2— <i>Mse</i> 2	27	11	16	59.2	常绿阔叶林	0.392(±0.071)
					针阔混交林	0.385(±0.064)
					针叶林	0.404(±0.071)

表 2 是 AMOVA 的分析结果, 从中可以看出荷木种群有 4.01% 的遗传变异发生在种群间, 95.99% 的遗传变异发生在种群内. 种群分化不是很大, 但是显著性检测表明这种分化极显著 ($P < 0.001$).

表 2 对荷木 48 个样品的 AMOVA 分析
Tab 2 AMOVA analysis for 48 individuals of *Schima superba*

变异来源	自由度	方差	均方差	变异成分	变异百分率	Φ_{st}	显著度检测 ¹⁾
种群间	2	43.958	21.979	0.551	4.01	0.040	< 0.001
种群内	45	592.688	13.171	13.171	95.55		—

1) 对 AFLP 扩增产物带进行 1 000 次随机重复所得的显著性检测

Φ_{st} 相当于分化指数, Wright (1978), 引自 Buso^[5], 认为分化指数介于 0~0.05 之间说明分化很弱, 0.05~0.15 之间是中等分化, 0.15~0.25 之间是分化大, 大于 0.25 表明分化极大. 我们的结果为 0.034, 说明种群之间有很弱的遗传分化. 荷木作为演替中期种, 种源多, 分布广. 从它的生态学和生物学特性看, 荷木是虫媒花, 种子较轻, 可以随风传播. 而我们选择的 3 个群落虽然是有着不同的群落类型, 但相距较近 (最大距离只有 800 米), 种群之间的基因交流频繁, 抵消了群落不同所造成的分化. 但是我们也应该注意到虽然分化很弱, 却是表现极显著, 反映了分化的存在. 王伯荪等^[6]在对群落小气候的研究中, 发现种群在不同群落中有不同的外表、生理生态分化. 对照我们的结果, 进一步从分子角度证实了分化的存在. 由于 3 个采样点最大相距 800 m, 造成这种差异很弱.

参考文献:

- [1] 王伯荪, 李鸣光, 彭少麟. 植物种群学[M]. 广州: 广东高等教育出版社, 1995.
- [2] DOYLE J J, DOYLE J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf material[J]. Phytochem Bull, 1987, 19: 11 ~ 15.
- [3] VOS P, HOGER R, BLEEKER M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting[J]. Nucl Acid Res 1995, 23: 4407 ~ 4414.
- [4] EXCOFFIER L, SMOUSE P E, QUATTRO J M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data[J]. Genetics 1992, 131: 479 ~ 491.
- [5] BUSO G S C, RANGEL P H, FERREIRA M E. Analysis of genetic variability of south American wild rice population (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers[J]. Mole Ecol, 1998, 7: 107 ~ 117.
- [6] 王伯荪, 黄庆昌, 黄培佑. 广东鼎湖山森林群落的小气候[J]. 中山大学学报(自然科学版), 1965(3): 366 ~ 382.

Molecular Ecology of *Schima superba* Population in Different Communities

WANG Zheng-feng^{*}, ZHANG Jun-li, WANG Bo-sun, LI Ming-guang

Abstract: Amplified fragment length polymorphism (AFLP) was used to analyze *Schima superba*, one of middle succession species in lower subtropical broad-leaved forest, across three communities representing three succession stages, in Dinghu Mountain, China. AFLP results showed that *S. superba* owed high genetic diversity. Analysis of molecular variance (AMOVA) indicated that most of the genetic variation was due to the differences within the population (95.99%), with significant genetic variation among population (4.01%). These results showed that there existed low genetic divergence among *Schima superba* which possessed high ecological adaptation.

Keywords: *Schima superba*; AFLP; genetic diversity

^{*} School of Life Sciences, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China