

重金属污染下曼陀罗种群分化的 RAPD 分析

文传浩^{1,2}, 段昌群^{1,*}, 常学秀¹, 王宏斌¹, 王焕校¹

(1. 云南大学生物系, 昆明 650091; 2. 贵州工业大学生态与旅游资源研究所, 贵阳 550000)

摘要:将不同空间地段上获得的同一种质但污染年代各不相同的 4 个曼陀罗材料种子易地种植在同一模拟重金属污染生境中, 对这 4 个曼陀罗种群进行 RAPD 分析。结果表明, 在 105 个检测位点中发现有 78 个位点呈多态性。在这些多态位点中未发现与重金属抗性有关的特异性多态 DNA 片段。Shannon-Weiner 指数计算结果表明, 在短期污染时间内曼陀罗种群遗传多样性水平降低。随着污染时间的推移, 曼陀罗种群逐渐在污染迹地上稳定下来, 曼陀罗种群遗传多样性水平有所回升和提高, 4 个曼陀罗种群遗传多样性由高到低排列顺序为 $L > CK > M > S$ 。遗传多样性指数表明曼陀罗种群间变异程度远小于种群内的遗传变异。4 个种群两两间遗传距离较小, 遗传距离最大的种群为 L 和 S, 最小的为 L 和 CK 种群。因此, 在重金属胁迫环境选择下, 曼陀罗种群发生了一定程度的分化与微进化, 较高水平的遗传多样性可能是植物适应重金属污染胁迫环境的基础。

关键词:曼陀罗; 重金属污染; 抗性分化; 随机扩增多态 DNA (RAPD)

Differentiation in *Datura stramonium* L. populations exposed to heavy-metal pollution at different durations: RAPD analysis

WEN Chuan-Hao^{1,2}, DUAN Chang-Qun, CHANG Xue-Xiu, WANG Hong-Bin¹, WANG Huan-Xiao¹ (1. Department of Biology, Yunnan University, Kunming 650091; 2. Institute of Ecology and Tourism Resources, Guizhou Engineering University, Guiyang 550000 China)

Abstract: Four *Datura stramonium* L. (abbreviated as D.S. in context) populations were selected in the present study for genetica analysis. The populations with the identical germ plasm virgin and different duration of exposure to the pollutants had continually grown in similar heavy metal polluted soils, including a control, CK, a short-termed exposure S, a medium-termed exposure M, and a long-termed exposure L. The seeds from the three D.S. populations (S, M, and L) as different treatments were planted in a simulated heavy-metal-polluted soil. The seeds from CK were planted in a normal soil. By means of RAPD, DNA polymorphisms and genetic diversity among D.S. populations and within populations were analyzed. The result of RAPD analysis (with 31 random primers selected from 160 primers) showed that 78 polymorphic RAPD loci were detected from among 105 loci, and no specific band related to resistance to heavy-metal was found. During the initial pollution period, the genetic diversity decreased. With time, a higher level of DNA diversity was detected in L population than that in CK. The genetic diversity followed the orders $L > CK > M > S$ by Shannon-Weiner index. The value of genetic distance among populations was low. DNA data also showed that the differentiation degree of DNA polymorphism among populations was much lower than that within a population. A cluster analysis (N-J Method) based on genetic distance was

基金项目: 国家自然科学基金 (39760022, 39970142) 及云南省中青年学术与技术带头人培养基金 (97C010G)、教育部高校骨干教师资助项目 (GG-180-10673-2001)

本研究实验过程主要在云南大学生物系遗传工程及分子生物学重点实验室完成, 实验过程中得到云南大学生物系张云孙教授、谭德勇教授、孟玲、高照、赖建华等老师的大力支持, 特致谢忱!

* 通讯联系人

收稿日期: 1999-11-10; 修订日期: 2000-12-22

作者简介: 文传浩 (1972~), 男, 重庆人, 博士。主要从事污染生态学研究。

used to investigate genetic relationship between the four populations. It demonstrated a genetic differentiation between L and S populations. It is assumed that the high level of genetic diversity was possibly responsible to the adaptation of D. S. to heavy-metal polluted environment.

Key words: *Datura stramonium* L.; heavy-metal pollution; resistance differentiation; random amplified polymorphism DNA (RAPD)

文章编号:1000-0933(2001)08-1239-07 中图分类号:X171.5 文献标识码:A

工业革命以来,人类经济活动大大改变了地球自然生态环境面貌,使现存生物面临一种全新的生态环境^[1~4]。污染胁迫最显著效应就是消除敏感种或个体,改变生物群落物种构成。在此情形下,与自然进化相比,植物如何适应、进化?全球环境变化如何影响生态系统完整性和生物多样性?这些关系到人类活动下生物圈既定机制维持的问题^[5~9]。植物污染进化研究,为上述问题的解决提供了可能途径,这也正是植物抗性分化进化研究近 20a 来在进化生态学领域中异常活跃的重要原因之一^[4]。

重金属污染研究以往主要集中在大剂量的急性毒理研究,以及污染物在生物不同组织、器官、生态系统中的迁移积累、生理生化受害机制等方面的研究。事实上,环境中更多污染物对生物的效应方式是小剂量、长期持续性作用^[2,8,9]。除了 20 世纪 50 年代英国 Bradshaw A D 等对 *Agrostis myriantha* 等植物对有毒金属长期适应的经典研究外,众多的研究很少涉及到有毒金属污染物在长期作用下的进化生态效应研究,此类研究在国内外都少见报道^[6,7,10~13]。本文以经过重金属污染不同年代的曼陀罗 (*Datura stramonium* L.) 种群为实验材料,通过随机扩增不同种群多态性 DNA 片段,试图从分子水平上探寻长期持续性有毒重金属污染条件下植物种群的分化与微进化,从而为植物在重金属污染的分子生态学研究提供一定的基础资料。

1 实验材料与方法

1.1 实验材料获取、样点矿渣采集及分析

由于各种条件所限,目前同类研究很难在人工控制实验条件下的同一实验空间直接获得具较长时间跨度、并分别反映污染不同时间尺度的研究材料。因此,采用以空间代替时间变化的研究方法,即在其它环境条件基本相同或相似的不同地段上,获得在相近重金属污染强度条件下连续生长而时间长度各不相同的曼陀罗材料,从而研究经历不同污染时序条件下植物的适应及微进化过程^①。

本实验材料曼陀罗采集于云南会泽铅锌矿冶炼厂尾矿渣堆积区。矿区冶炼后的矿渣定点堆积,曼陀罗随着运输到矿渣堆上的生活垃圾发生迁移定居。连续 5a 的定点观察发现曼陀罗是该区域矿渣堆上的主要先锋植物^[14],新矿渣堆大多当年就有曼陀罗生长,经 2~3a 后即可完全生活在细碎风化的粉质矿渣上。由于矿渣定点分批堆放,各堆放地段距今时间可以比较准确地确定。在具有较明确堆放时间、各堆放地点的小环境基本一致的矿渣堆上定点观察,并采集曼陀罗种子。在离矿渣堆 750 m 以外的无污染山沟中,选取自然条件下生长的曼陀罗种群作为无污染经历的对照种群,各种群材料情况见表 1。对上述样点矿渣进行分析,指标为 pH、有机质、总 N、P、K、Pb、Cd、Zn、Cu、Mn、Mg。分析结果参见文献^[15]。

1.2 实验方法

1.2.1 实验材料的易地栽培及模拟污染的浓度设置 为了最大限度地剔除研究材料在各自空间地段上非污染因素的影响,采用模拟污染条件下的易地栽培实验。在云南大学校园花圃中选取一块无“人为”污染、无特殊干扰,光、温、水、肥相对充足的校园绿地作为易地栽培实验点。易地栽培实验地背景资料参见文献^[15]。土壤中模拟污染重金属添加量尽量与原生境条件相一致,其具体添加量为:铅 400~600mg/kg、镉 35~50mg/kg,添加形式为 $PbCl_2 \cdot 2H_2O$ 、 $CdCl_2 \cdot 2H_2O$ 。实验地经翻挖整理后,将上述重金属化合物一次性投入土壤中。添加的重金属量以曼陀罗根系到达的平均深度(50cm)与样方的面积计算土壤重量为标准,

——— 万方数据 ———

① 段昌群,在重金属污染条件下玉米和曼陀罗的生态分化与微进化。云南大学博士论文。昆明 1997

然后按比例称取药品在 50cm 深的土层内混匀以达到设计的重金属含量。处理后的样地划为 3 个小样方, 每一个样方面积为 $1\times 1\text{m}^2$, 样方之间设置 15cm 宽的隔离沟。S、M、L 3 个种群种子播入到模拟污染小样方中。在旁边设置对照组, 不进行模拟污染, CK 种子播入其中。

1.2.2 曼陀罗总 DNA 提取 随机分别选取易地栽培模拟污染条件下生长的 S、M、L 及对照 CK 4 个种群 9~15 个个体, 取每个个体距顶芽第 2~3 叶位的叶片作为 DNA 提取的实验材料。RAPD 实验中的植物总 DNA 提取方法基本参照 Zhang 等^[16]、Robert & Yerlan^[17]的方法, 根据在实验中的摸索作了改良。每株称取 0.2~0.3g 新鲜叶片提取 DNA, 利用 751-G 型紫外分光光度计和 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取的含量及效率。

表 1 曼陀罗种群命名及受污染情况
Table 1 Summary of *Datura stramonium* populations

种群	生长迹地矿渣 堆放年代	种群经历污染 时间(a)
Population	Stacking year of slag	Duration under pollution
S	1991	2~4
M	1984	10~12
L	1978	16~18
CK	—	0

authorized Thermal Cycler 半导体式 PCR 仪上进行。

循环步骤中温度时间参数主要参照 Zhang 等^[16]。产物用 1.5% 的琼脂糖进行检测, 用 EB 染色, 电压 80~90V, DNA Marker 选用 TakaRa BIOTECH 公司生产的 $\Phi\times 174$ -HaeIII digest DNA Marker。利用 BIO-RAD GEL-1000 紫外扫描自动成像系统上 Molecular Analyst 扫描程序进行扫描照相。

1.2.4 RAPD 扩增数据统计方法 遗传距离指数 (Genetic Distance Index): $D=1-F$, $F=2N_{xy}/(N_x+N_y)$ 。其中 D 为遗传距离, F 为基因相似系数; N_{xy} 为 x 和 y 扩增的共享片段数, N_x 和 N_y 分别为 X 和 Y 的扩增总位点数。

Shannon-Weiner 多样性指数: 利用 Shannon-Weiner 多样性指数可计算出不同污染经历种群内及种群之间的遗传多样性分布和差异, 从而了解污染对物种的遗传多样性的影响。

种群遗传多样性: $H_o=-\sum P_i\ln P_i$; 总种群遗传多样性: $H_{sp}=-\sum P\ln P$; 种群内遗传多样性指数: $H_{pop}=1/n\sum H_o$ 。其中 P_i 是一条扩增带在第 i 个种群中出现的频率, P 是一条扩增带在总种群中出现的频率, n 为研究的种群数。

根据以上指标, 可估测遗传多样性在种群内和种群间的分布, 即种群的遗传分化指数 $H_{st}=H_{pop}/H_{sp}$; $1-H_{pop}/H_{sp}$ 为遗传多样性在种群间的估测值。最后根据遗传距离通过 PHYLIP 程序软件包利用 $N-J$ 法对曼陀罗 4 个种群进行聚类^[19,20]。

2 实验结果

2.1 引物筛选结果

以往的文獻^[16~22,24]在对种群分化研究中对随机引物数量的选取一般限于 20~30 个, 最后一般仅能筛选出 5~15 个左右较理想的引物进行实验研究。鉴于引物数偏少可能导致所获取的遗传信息量偏小, 具有一定的局限性, 为避免此缺点, 本实验选用数量相对较多的随机引物, 经筛选获得稳定扩增产物的引物 31 个, 对 4 个种群进行随机扩增。31 个随机引物序列见表 2。

从 160 个随机引物中筛选出 31 个引物对经历不同污染年代的 4 个曼陀罗种群进行 RAPD 分析, 结果表明, 在总共 1240 个位点中发现有 78 个位点呈多态性。在这些多态位点中未发现与重金属抗性有关的特异性多态 DNA 片段。

2.2 RAPD 遗传分化数据的统计分析

2.2.1 Shannon-Weiner 多样性指数 根据 31 个引物扩增位点的频率计算种群遗传多样性水平 H_o 、总种群遗传多样性水平 H_{sp} 、种群内遗传多样性水平 H_{pop} 及种群间遗传变异水平 $(H_{sp}-H_{pop})/H_{sp}$, 结果见表 3。

统计结果表明:S 种群遗传多样性水平最低, 为 1.0185, 余下 M、CK、L 依次为 1.0576、1.1249、1.1292, 按多样性水平由小到大的排列顺序为:S 种群 < M 种群 < CK 种群 < L 种群。曼陀罗各种群内和种群间遗传多样性指数所占比例分别为 90.128%, 9.872%。由此可见遗传变异大部分来自于种群内, 种群间的变异远小于种群内的变异。种群内的变异也因不同引物而有所不同。

2.2.2 种群间的遗传距离指数 种群间的遗传距离指数的计算结果见表 4。将参数 F (共享片段百分数) 转化为遗传距离后列成矩阵可看出, 4 个曼陀罗种群间的遗传距离最小为 0.0885, 最大为 0.1335, 即种群 L 与种群 CK 遗传距离最小, 种群 L 与种群 S 遗传距离最大。

表 2 随机引物及序列
Table 2 Sequence of random arbitrary primers used in the experiment

引物 Primer	序列(5'~3') Sequence(5'~3')	引物 Primer	序列(5'~3') Sequence(5'~3')
OPB-04	GGA CTGGAGT	OPC-19	TGG TGGACCA
OPB-05	TGCGCCCTTC	OPE-01	CCCAAGGTCC
OPB-08	GTCCACACGG	OPE-02	GGTGC GGGAA
OPB-10	CTGCTGGGAC	OPE-18	GGACTGCAGA
OPB-11	GTA GACCCGT	OPF-05	CCGAATTCCC
OPB-13	TTCCCCGCT	OPI-06	AAGGCGGCAG
OPB-17	AGGGAACGAG	OPI-08	TTTGCCCGGT
OPB-18	CCACAGCAGT	OPI-11	ACATGCCGTG
OPC-01	TTCGAGCCAG	OPI-16	TCTCCGCCCT
OPC-02	GTGAGCGGTC	OPI-18	TGCCCCAGCT
OPC-04	CCGCATCTAC	OPJ-09	TGAGCCTCAC
OPC-06	GAACGGA CTCT	OPJ-10	AAGCCCCGAGG
OPC-07	GTCCCGACGA	OPL-07	AGGCGGGAAC
OPC-08	TGGACCGGTG	OPL-09	TGCGAGAGTC
OPC-11	AAAGCTGCGG	OPL-17	AGCCTGAGCC
OPC-14	ACCACCCACC		

2.2.3 聚类分析结果 根据遗传距离矩阵, 利用相邻法对 4 个曼陀罗种群进行聚类, 聚类树状图见图 1。由聚类图可看出, 污染时间最短的 S 种群与中期污染经历的 M 种群聚为一小类, 对照种群 CK 与 S、M 种群又聚为一类, 而经历污染时间最长的 L 种群单独聚为一亚类。

3 分析与讨论

31 个引物在曼陀罗种群中的 Shannon-Weiner 多样性指数分布结果表明, 4 个种群的 Shannon-Weiner 多样性水平有一定的差异变化。总体上看 4 个种群的遗传多样性变化规律为, 在短期污染条件下 S 种群多样性水平降低, 随后 M、L 种群遗传多样性逐渐回升, 其中 L 种群遗传多样性水平基本与 CK 种群持平并略高于 CK 种群。段昌群对本实验材料的 ALP、AMY、CAT、ACP、ADH、CTO、EST、MDH、PER、FDH、XDH、SOD 等 12 个等位酶系统分析结果与本实验用 RAPD 技术分析结果基本吻合^①。等位酶实验中 S、M、L、CK 种群的多态位点百分数分别为 69.6、74.2、91.3、73.9。这表明: 在污染环境中, 初始

阶段曼陀罗种群遗传多样性水平也有降低的趋势, 经过一定时间后, 种群的多样性水平开始恢复升高, 以至于一定时间阶段后, 不仅种群的遗传多样性水平高于没有污染经历的对照 CK 种群, 而且经历污染时间越长, 种群多样性水平越高。4 个种群两两间的相对 Shannon-Weiner 指数差异虽还不足以使 L 种群与 CK 或 S 种群之间的遗传多样性达到显著差异的水平, 但这说明 20a 左右的重金属污染时间内对曼陀罗种群遗传多样性产生了较大影响。

用 Shannon-Weiner 多样性指数对种群内和种群间的遗传多样性变化进行估算, 结果表明遗传变异绝大部分来自于种群内(占 90.12%), 种群间的变异远小于种群内的变异(种群间变异占 9.88%), 这一结果与李宽钰等^[21]对青杨的分化研究、恽锐等^[22]对蒙古栎、辽东栎的分化研究以及魏伟等^[19]对毛乌素沙地上的柠条种群的分化研究结果相似。恽锐等对蒙古栎、辽东栎的分化研究结果表明变异主要存在于种群内, 而种群间的变异只占总变异的 15% 左右。李宽钰对中国各地区青杨的研究也发现青杨种群间变异占 34.23%, 种群内占 65.77%。青杨种群和柠条种群在各自种群间的分化程度比本研究中的曼陀罗种群在种

—— 万方数据 ——
① 段昌群, 在重金属污染历史条件下玉米与曼陀罗的生态分化与微进化。云南大学博士论文, 昆明: 1997

群间的分化程度要大,其主要原因可能为曼陀罗在这一大种群中由于其异交能力使得曼陀罗种群遗传多样性本底值原本就较大,加上曼陀罗属于超量重金属积累植物,存在大量抗性曼陀罗个体,这些曼陀罗种子迁移到矿渣堆上后多数个体能定居生存下来,从而保存了原来大种群的绝大部分遗传多样性。对木本植物研究的资料也发现了类似结果^[23]。本研究中,生长在矿渣堆上曼陀罗种群种质均为随着垃圾、人为或自然因素迁移定居于矿渣堆上,而这些种质与相隔不到 1km 远的对照种群种质所分布的面积不足 2km²,因此严格说来这 4 个曼陀罗种群最初均属于生长在会泽铅锌矿区周围的同一种质的种群(只是这一种群相对于矿渣堆上的 S、M、L 以及对照 CK 种群的种质范围要大一些而已)。上述 Shannon-Weiner 多样性指数的变化说明在短短 20a 左右的重金属污染时间内虽还不足以使污染胁迫下的曼陀罗种群发生与其它物种种群(如青杨、柠条)相比非常显著的种群间遗传差异变化,但这一污染时间段与青杨、柠条漫长的自然分化进化历程相比,在如此短暂的时间内曼陀罗种群间的遗传变异发生如此大的变异(种群间变异为 9.88%),这在一定程度上说明重金属胁迫对曼陀罗种群分化进化的较大影响^[19,21,22]。

表 3 Shannon-Weiner 遗传多样性特征在曼陀罗各种群中分布

Table 3 Partioning of the genetic diversity (Shannon-Weiner Index) within and between the <i>D. s.</i> populations								
引物 Primers	H_o				H_{sp}	H_{pop}	H_{st}	$1-H_{pop}/H_{sp}$
	S	M	L	CK				
OPB-04	1.3848	1.254	1.3316	1.323	1.3547	1.32335	0.9769	0.0231
OPB-05	1.7227	1.7758	1.7441	1.7542	1.776	1.7492	0.9849	0.0151
OPB-08	1.4615	1.58296	1.5831	1.5982	1.5794	1.55644	0.9793	0.0207
OPB-10	1.5969	1.8065	1.7762	1.7762	1.7889	1.73895	0.9721	0.0279
OPB-11	1.0776	1.4327	1.6301	1.5859	1.56167	1.431575	0.91669	0.0833
OPB-13	0.5982	0.66156	0.68696	0.68696	0.670477	0.65842	0.982	0.01798
OPB-17	1.06855	1.0928	1.07339	1.0933	1.094	1.08201	0.989	0.01096
OPB-18	0.68696	0.68696	0.689	0.67301	0.690157	0.68398	0.9911	0.0084
OPC-01	1.4888	1.293	1.4988	1.8602	1.6258	1.5352	0.9443	0.0557
OPC-02	0	0	0	0	0	0	0	1
OPC-04	2.0795	2.0103	2.0555	2.0251	2.1093	2.0426	0.9684	0.0316
OPC-06	1.0043	0.9185	1.0852	1.0043	1.0246	1.0031	0.9789	0.021
OPC-07	1.1364	1.358	1.3714	1.3397	1.3584	1.3014	0.958	0.042
OPC-08	1.3534	1.3536	1.3909	1.3539	1.363	1.3622	0.9994	0.0006
OPC-11	1.0776	1.0609	1.0986	1.095	1.0901	1.083	0.9935	0.0065
OPC-14	1.0609	1.0686	1.0711	1.0887	1.0914	1.0723	0.9804	0.0194
OPC-19	1.0776	0.5624	1.0928	1.0124	1.0551	0.9363	0.8874	0.1126
OPE-01	1.1683	1.2659	1.5446	1.4377	1.4684	1.3541	0.9222	0.0778
OPE-02	0.6365	0.689	0.689	0.6931	0.6929	0.6769	0.9769	0.0231
OPE-18	0.673	0.6829	0.6869	0.6829	0.6927	0.6814	0.9837	0.0163
OPF-05	1.59185	1.6	1.5842	1.567	1.5982	1.5865	0.9927	0.0073
OPI-06	0.898	0.9917	1.058	1.0564	1.037	1.001	0.9653	0.035
OPI-08	0	0	0	0	0	0	0	1
OPI-11	0.4505	0.6829	0.687	0.6931	0.6853	0.6284	0.9169	0.0831
OPI-16	1.38193	1.3665	1.3801	1.3863	1.3852	1.3787	0.9953	0.0047
OPI-18	0.6931	1.2654	1.3335	1.3335	1.2843	1.1564	0.9004	0.0996
OPJ-09	0.6869	1.0297	1.358	1.3086	1.2648	1.0965	0.8669	0.1331
OPJ-10	0.6365	0.6616	0.6869	0.6931	0.6816	0.6695	0.9823	0.0177
OPL-07	1.0928	1.0297	1.0298	1.0298	1.0908	1.077	0.9874	0.0126
OPL-09	1.0948	1.0397	1.095	1.0852	1.0879	1.0787	0.9915	0.0085
OPL-17	0.6931	0.5623	0.6931	0.6365	0.6769	0.6463	0.9547	0.0453
平均 Mean	1.0185	1.0576	1.1292	1.1249	1.1251	1.0836	0.9012	0.0988

4 个种群间的遗传距离在 0.0885~0.1335 之间,这与柠条种群间的分化程度(0.0534~0.0949)相比要大^[19]。遗传距离的计算结果也与段昌群^①通过等位酶位点变异计算出的遗传距离结果相似,只是本研究中的遗传距离值相对要高一些,这可能是由于本研究采用了大量随机引物对各种群的 DNA 更大范围进行

检测所致,而等位酶所检测的位点一般都较少,这些酶位点不足以代表整个基因组。因此,等位酶电泳技术往往可能会低估种群间的遗传距离。

表 4 种群间的遗传距离矩阵
Table 4 Matrix of standard genetic distance among four *D. s* populations

种群 Population	S	M	L	CK
S	* * * * *			
M	0.1250	* * * * *		
L	0.1335	0.1104	* * * * *	
CK	0.0967	0.1079	0.0885	* * * * *

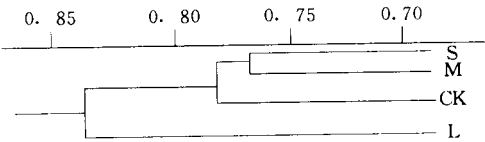


图 1 根据遗传距离获得的聚类图

Fig 1 The phylogenetic tree obtained by genitic distance

尽管 L 种群比 S、M、CK 种群有更高的遗传多样性水平,但 DNA 多样性研究表明,78 个多态位点中没有一个是某一个种群所专一的。这说明 RAPD 所检测的这些位点与重金属污染无直接相关性。王洪新等通过同工酶和 RAPD 分子标记对野生大豆种群遗传分化和适应研究也发现 DNA 基因组中绝大多数多态位点与野生大豆耐盐性无关^[24]。曼陀罗种群中是否已产生具有对重金属抗性的基因在本研究结果中还不能确定,这有待于应用更多的随机引物进行检测。

就目前资料来看,植物对重金属污染的抗性是一个综合性状,它是由很多基因共同作用控制的结果^[1,3,5],随着曼陀罗种群世代的推移,这些重组的基因将可能提高其对重金属污染的抗性水平,这就为其它与污染无关的基因在种群中得到扩大提供了机会,也为外来基因进入到该种群中进行重组并获得稳定提供了可能。因此,随着污染经历的延长,L 这一小种群的遗传多样性水平获得了提高。对于整个曼陀罗物种而言,由于敏感个体的消除,必然导致这一物种基因库中部分敏感个体基因丢失,使得总体遗传多样性不同程度地降低。同时,随着环境污染的加剧,并不是每一个自然物种都能象曼陀罗一样具有较强的抗性和适应性,对于整个自然生态系统,环境污染必然导致个别或部分敏感物种消失,这对全球生物遗传多样性、物种多样性而言就必然降低。本研究也佐证了物种或个体遗传多样性大小是植物生存(适应)和发展(进化)的前提,一个种群或种内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,亦越容易扩散其分布范围和开拓新的环境并从容地应付环境的变化和选择压力,这在一定程度上也说明了 L 种群高水平的遗传多样性和相对较强的抗性能力之间的原因。

对植物抗性分化进化的遗传机理研究,目前还只是处于刚刚起步阶段。所积累的资料中,尤其是有关分子水平上的遗传机理机制研究还相当缺乏^[25]。有关这方面工作,正有待于分子生物学技术的进一步引入和分子生态学研究的进一步深入开展。

参考文献

[1] 段昌群. 植物对环境污染的适应与植物的微进化. 生态学杂志, 1995, 14(5): 43~50

[2] Taylor G E, Pieta F L & Clegg M J eds. *Ecological genetics and air pollution*. Springer-Verlag, New York, Berlin, London, Paris, Tokyo, 1990. 62~210.

[3] Dhariwal H S, Kawai M & Uchimiya H. Genetic engineering for abilitic stress tolerance in plants. *Plant Biotechnology*, 1998, 15(1): 1~10.

[4] 文传浩, 王震洪, 段昌群. 植物抗污染分化进化研究进展及其分子生物学技术的应用. 生态科学, 1998, 17(1): 18~23.

[5] MacNair M R. The genetic control of copper tolerance in the yellow monkey flower *Minulus guttatus*. *Heredity*, 1983, 40: 177~207.

[6] Lin W, Bradshaw A D & Thurman D A. The potential for evolution of heavy metal tolerance in plants III: the rapid evolution of copper tolerance in *Agrostis stolorisifera*. *Heredity*, 1975, 34(2): 165~187.

[7] MacNeilly T & Antonovics J. Evolution in closely adjacent plant poplations. IV. Barriers to gene flow. *Heredity*, 1968, 23: 205~218

[8] 段昌群, 王焕校, 姜汉桥. 蚕豆在重金属污染条件下数量性状的分化研究. 生态学报, 1997, 17(2): 133~144.

[9] 段昌群, 王焕校, 姜汉桥. 重金属复合污染对蚕豆性状影响的模糊聚类与性状代间分化的摄动分析. 环境科学学报, 1996, 16(4): 450~460.

[10] Bradshaw A D. Populations of *Agrostis tenuis* resistant to lead and zinc poisoning. *Nature*, 1952, **169**:1098

[11] Antonovics J. Evolution in closely adjacent plant populations V: Evolution of self fertility . *Heredity*, 1968, **23**: 219~238.

[12] Humphreys M O & Nichalls M K. Relationships between tolerance to heavy metals in *Agrostis capollaris* L. *New Phytologist*, 1984, **98**:177~190.

[13] Campbell D R. Genetic and environmental variation in life-history traits of a monocarpic perennial: A decade-long field experiment. *Evolution*, 1997, **51**(2):373~382.

[14] 王宏镜,文传浩,段昌群,等. 云南会泽铅锌矿矿渣废弃地先锋植物群落调查及植被重建研究. 云南环境科学, 1998, **17**(2):32~36.

[15] 文传浩,常学秀,段昌群,等. 不同重金属污染历史条件下曼陀罗种群核酸代谢变化研究. 农业环境保护,1999, **18** (2):49~52

[16] Zhang X-Y, Wang R R-C & Dong Y-S. RAPD polymorphisms in *Aegilops geniculata* Roth(Ae ovata auct non L) . *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1996, **43**:429~433.

[17] Robert P A & Yerlan T. Taxonomic reassessment of some Central Asian and Himalayan scale-leaved taxa of Juniperus (Cupressaceae) supported by random amplification of polymorphic DNA. *TAXON*, 1998, **47**:75~87.

[18] Williams J G K, *et al.* DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic marker. *Nucleic Acid*, 1990, **18**:6531~6535.

[19] 魏 伟,王洪新,胡志昂,等. 毛乌素沙地柠条种群分子生态学初步研究:RAPD 证据. 生态学报,1999, **19**(1):16 ~22.

[20] Allan G J, Clark C & Rieseberg L H. Distribution of parental DNA markers in *Enceliz virginensis* (Asteraceae: Heliantheae), a diploid species of putative hybrid origin. *Pl Syst Evol.* , 1997, **205**:205~221.

[21] 李宽钰,黄敏仁,杨自湘,等. 青杨的 DNA 多态性及遗传分化 I. 青杨的 DNA 的多态性. 科学通报,1997, **42** (9):969~971.

[22] 恽 锐,王洪新,胡志昂,等. 蒙古栎,辽东栎的遗传分化:从形态到 DNA. 植物学报,1998, **40**(11): 1040~1046.

[23] Bergmann F & Scholz F. The impact of air pollution on the genetic structure of Norway Spruce. *Silvae Genetica*, 1987, **36**:80~83.

[24] 王洪新,胡志昂,钟 敏,等. 盐渍条件下野大豆种群的遗传分化和生理适应:同工酶和随机扩增多态 DNA 研究. 植物学报,1997, **39**(1):34~42.

[25] Konstantinou M & Babalonas D. Metal uptake by Caryophyllaceae species from metalliferous soils in northern Greece. *Pl Syst Evol.* , 1996, **203**: 1~10.

《农业生态学》新书介绍

由中国生态学会副理事长、华南农业大学热带亚热带生态研究所所长骆世明教授主编的普通高等教育“九五”国家级重点教材和面向 21 世纪课程教材《农业生态学》已于 2001 年 3 月由中国农业出版社出版。全书 55 万字,共分十章。第一章概述农业生态学的发展背景和研究内容,第二、三章介绍农业生态系统的结构(基本生物结构和综合结构),第四、五章阐述农业生态系统的基本功能(能流和物流),第六章讲述农业的资源 and 效益,第七章介绍农业生态系统的调节和控制。第八、九章利用农业生态学的基本概念和基本原理剖析农业发展的实际,探讨世界农业发展的道路(可持续发展)和中国农业发展的道路(生态农业)。第十章农业生态工程着重介绍比较实用的农业生态系统评价、分析和设计方法。该教材注重吸收最新的有关农业生态学的研究进展和研究热点,例如全球变化、可持续发展、生物多样性、中国生态农业发展、化感作用、分子生态学、景观生态学、资源经济学、环境经济学等内容。教材的最后还列举了农业生态学一些常用的实验和实习,有关生态农业的一些幻灯片和录象资料以及一些常用的能流、物流参数和计算机程序。该教材可供农学、土化、气象、农经、环保等专业的学生作为教材使用,也可作为教师、科研人员的教学参考书或工具书。农业出版社、各新华书店等有售。

(华南农业大学热带亚热带生态研究所 510642 蔡昆争)