

盐度变化对秋茄种群遗传分化的影响

葛菁萍^{1,2}, 林 鹏¹

(1. 厦门大学生命科学学院, 厦门 361005; 2. 黑龙江大学生命科学学院, 哈尔滨 150080)

摘要:探讨盐分选择对秋茄种群遗传变异与遗传分化的影响。结果表明, 海沧、金山与浮宫 3 个亚种群的遗传变异性较小, 期望杂合度(H_e)分别为 0.301、0.253、0.304, 遗传一致度较高, 为 0.9778~0.9920, 但亚种群间遗传分化程度很小(0.0230), 表明仅有 2.3% 的分化来自亚种群间, 而 97.7% 来自亚种群内部, 说明盐分选择对秋茄种群遗传分化影响不大, 这种遗传结构的维持机制是秋茄亚种群之间强大的基因流($Nm=10.62$)。

关键词:秋茄; 遗传分化; 盐分选择

Effect of salinity on genetic differentiation of *Kandelia candel* population

GE Jing-Ping^{1,2}, LIN Peng¹ (1. Xiamen University, Xiamen 361005, China; 2. Heilongjiang University, Harbin 150080, China) *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24(4): 730~735.

Abstract: *Kandelia candel* is a species of mangrove which are woody plant communities growing in tropical and subtropical areas along seashores and widely distributed in Guangdong, Guangxi, Hainan, Fujian and Taiwan provinces of China. This study investigates the genetic structure of three *Kandelia candel* subpopulations growing on different soil salinity along Jiulong River of the Fujian province. The three *Kandelia candel* subpopulations are Haicang, Jinshan and Fugong named after their location, and the soil salinity of each subpopulation is 10.26‰, 1.910‰ and 13.28‰, respectively. The aims of this study were: (i) to analyze the genetic diversity in three *Kandelia candel* subpopulations; (ii) to analyze the genetic differentiation and gene flow within the subpopulations; (iii) to investigate the effect of soil salinity on the forming of subpopulations. Mutilocus enzyme electrophoresis (MLEE), using starch and polyacrylamide gels, was used to detect the genetic diversity and differentiation in randomly selected young leaves in three sample sites. The allozyme detected were: esterase (EST), superoxide dismutase (SOD), aspartate aminotransferase (AAT), peroxidase (POD), malic enzyme (ME), malate dehydrogenase (MDH) and alcohol dehydrogenase (ADH) representing 8 distinct allelic loci (*Est-1*, *Est-2*, *Sod-1*, *Adh-1*, *Aat-1*, *Pod-1*, *Me-1*, *Mdh-1*). According to the allelic frequency of each allele, several other indices were also measured including the percentage of polymorphic loci (P), the expected heterozygosity (H_e), the observed heterozygosity (H_o), the fixation index (F), the genetic identity (I), the coefficient of gene differentiation (G_{ST}) and gene flow (Nm). The results showed that the genetic diversity of three subpopulations is high, with an average of 0.286. However, the genetic diversity between the Haicang and Fugong subpopulations was small. Most of the F values for the different alleles were smaller than 0, which indicated that these alleles were hybrid. However, the genetic differentiation among each subpopulations was quite small ($G_{ST}=0.0230$), which indicated that only 2.3% of total differentiation was coming from inter-subpopulation whereas the rest (97.7%) was from intra-subpopulation. At the same time, the genetic identity of the three subpopulations were quite high ($I=0.9850$) and genetic distances were quite small, with a mean genetic distance of 0.0151. These results clearly show that the three *Kandelia candel* subpopulations have a high degree of genetic identity and have little genetic differentiation, suggesting that the salinity differences may have little or no effect on their genetic differentiation of this species. This low genetic differentiation may be a consequence of the significant gene flow among different *Kandelia candel* subpopulations ($Nm=10.62$).

基金项目:国家自然科学基金资助项目(39670135)

收稿日期:2003-01-13; **修订日期:**2003-08-26

作者简介:葛菁萍(1972~), 女, 黑龙江省齐齐哈尔人, 博士, 副教授, 主要从事生态遗传学研究。E-mail: gejingping9178@hotmail.com

Foundation item: National Natural Science Foundation of China (No. 39670135)

Received date: 2003-01-13; **Accepted date:** 2003-08-26

Biography: GE Jing-Ping, Ph.D., Associate professor, mainly engaged in genetic ecology. E-mail: gejingping9178@hotmail.com

Key words: *Kandelia candel*; genetic diversity; genetic differentiation
文章编号:1000-0933(2004)04-0730-06 中图分类号:Q945.78 文献标识码:A

遗传分化在地理空间和微生境水平上都能发生^[1],因此在研究物种遗传变异与分化时,一方面需探讨在大的地理范围上,种群间基因交换的能力^[2],即用分子水平的证据来反映种群基因频率的变化^[3~5];另一方面也需要在微生境水平上,探讨选择对种群形成亚种群的决定作用。这种选择压力很多,例如盐分、水分、温度、纬度等等。本研究既是用秋茄作试验材料,探讨在微生境水平上,盐分(选择压力)对秋茄亚种群遗传变异与分化的影响,从而揭示在小生境范围内,选择对植物种群内遗传分化的影响及维持机制。

1 材料与方法

1.1 采样地点与样地自然状况

沿福建省九龙江两岸分布有大量的秋茄群落。不同地点的秋茄群落其平均底泥盐度(20~40 cm)差别很大。据 1982 年统计(见表 1),沿九龙江沿岸,从东屿到石美形成了盐度梯度。但是在不同的盐度上,秋茄长势依然良好(除人为破坏外)。因此,选择了福建省九龙江口的一个秋茄种群,将其中底泥盐度有差别的 3 个地点划分为 3 个亚种群,按其所处位置定名为海沧(24°26′, 118°04′)、浮宫(24°24′, 117°55′)、金山(24°26′, 118°04′)亚种群,其中,海沧与金山样地相距约 5~6km。这 3 个样地的底泥盐度分别为 10.26‰、13.28‰和 1.91‰。

表 1 九龙江口秋茄种群底泥盐度

地点 Position	东屿 Dongyu	海沧 Haicang	白礁 Baijiao	浮宫 Fugong	琼头 Qiongtou	石美 Shimei	金山 Jinshan
平均底泥盐度(1982 年 7 月数据)Average salinity of soil (Data of July, 1982)(20~40cm) ‰ ^[6]	22.16	18.09	14.14	13.28	12.30	3.66	
平均底泥盐度(1998 年 4 月数据)Average Salinity of soil (Data of April, 1998)(20~40cm) ‰		10.26		13.28			1.91

1.2 样品采集及处理

1.2.1 样品采集 在样地内,每隔 5~10m 选择长势良好的植株,采集当年萌生的幼嫩叶片,用棉花蘸取足够的水分包住茎枝条的基部,保持叶片新鲜不变质,迅速携至实验室内,处理待测。

1.2.2 样品处理 取新鲜幼嫩叶片,剪碎,放入研钵中,再加入适量的 Tris-HCl 提取缓冲液,研磨,整个提取过程在冰镇条件下进行。当研磨至匀浆状后,用 4×7mm 的双层滤纸片(沁子)吸取匀浆液(即酶粗提液),上样电泳。或者存放于-70℃冰箱中待用。样品要尽量快速测完,以防止酶液变质,影响分析。

由于红树植物叶片内均富含单宁^[6],因此酶提取液采用复杂的 Tris-HCl 提取液^[7,8],并适当加以改进。

1.3 电泳及酶谱分析

实验采用垂直板型不连续聚丙烯酰胺凝胶(PGE)和水平切片淀粉凝胶(SGE)两种凝胶类型。共测定了 7 个酶系统 8 个位点。其中 PGE 浓缩胶和分离胶的浓度分别为 2.5%和 7.0%,pH 分别为 6.7 和 8.9;SGE 采用美国 Sigma 公司的水解淀粉(S-5691),淀粉胶浓度为 12%,相应凝胶缓冲液为 Tris-硼酸-EDTANa₄(pH 8.6)(#10)。用于本次实验的酶系统、代码、位点数目及缓冲系统等详见表 2。酶组织化学染色方法见文献 8。

表 2 秋茄种群的酶系统、E. C. 代码、位点数目和缓冲系统

酶系统 Enzyme system	E. C. 代码 E. C. code	凝胶类型(括号内为缓冲液) Type of gel(buffer in parentheses)	位点数目 Numbers of loci
酯酶 (EST)Esterase	E. C. 3. 3. 3—	SGE(TVB)	2
超氧化物歧化酶(SOD)Superoxide dismutase	E. C. 1. 15. 1. 1	SGE(#10)	1
天冬氨酸转氨酶(AAT)Aspartate	E. C. 2. 6. 1. 1	SGE(#10)	1
过氧化物酶 (POD)Peroxidase	E. C. 1. 11. 1. 7	PGE	1
苹果酸酶(ME)Malic enzyme	E. C. 1. 1. 40	SGE(TVB)	1
苹果酸脱氢酶 (MDH)Malate dehydrogenase	E. C. 1. 1. 37	PGE(& SGE #10)	1
乙醇脱氢酶(ADH)Alcohol dehydrogenase	E. C. 1. 1. 1. 1	SGE(#10)	1

万方数据

1.4 计算方法

1.4.1 遗传变异的计算

多态位点百分率(P) $P=(k/n)\times 100\%$, k 为多态酶位点的数目, n 为所测定酶位点的总和。多态位点的标准按 Nei 氏 0.99 划分, 即最常见的等位基因出现的频率小于或等于 0.99。

杂合度(H), 即杂合位点的百分数 期望杂合度 $He = \sum_{i=1}^n \left(1 - \sum_{j=1}^{mi} q_{ij}^2\right) / n$, 观察杂合度 $Ho = \sum_{i=1}^n \left(1 - \sum_{j=1}^{mi} p_{ij}\right) / n$ 式中, q_{ij} 为第 i 个位点上第 j 个等位基因的频率, p_{ij} 为第 i 个位点上第 j 个等位基因观察到的纯合基因型频率。

平均每位点有效等位基因数 (Ae) $Ae = \sum_{i=1}^n \left(1 / \sum_{j=1}^m q_{ij}^2\right) / n$ 式中, q_{ij} 为第 i 个位点上第 j 个等位基因的频率。

固定指数(F) $F=1-Ho/He$

1.4.2 遗传分化的测定

基因分化系数(G_{ST}) $G_{ST}=D_{ST}/H_T$ 式中, D_{ST} 为种群间的基因多样性; H_T 为基因多样性总量。

遗传距离, 采用 Nei 氏的标准遗传距离 $I = \sum_k \sum_i XiYi / \sqrt{\sum_k \sum_i Xi^2 \cdot \sum_k \sum_i Yi^2}$ $D = -\ln I$

基因流, 采用 Wright 的 F_{ST} 法统计出的 F_{ST} 值来计算 $Nm = (1 - F_{ST}) / 4F_{ST}$

2 实验结果

2.1 秋茄亚种群的遗传变异性

表 3 是秋茄 3 个亚种群的等位基因频率及标准差。

表 3 秋茄亚种群的等位基因频率(括号内为标准差)					
Table 3 Allelic frequencies of subpopulations of <i>K. candel</i> (standard errors in parentheses)					
位点 Locus	等位基因 Alleles	金山 Jinshan	海沧 Haicang	浮宫 Fugong	种群水平 Pop. level
<i>Est-1</i>	A	0.500(0.050)	0.500(0.077)	0.500(0.057)	0.500(0.034)
	B	0.500(0.050)	0.500(0.077)	0.500(0.057)	0.500(0.034)
<i>Est-2</i>	A	1.000(0.000)	1.000(0.000)	1.000(0.000)	1.000(0.000)
	Sod-1	0.951(0.021)	0.952(0.033)	0.987(0.013)	0.964(0.013)
<i>Sod-1</i>	B	0.049(0.021)	0.048(0.033)	0.013(0.013)	0.036(0.013)
	<i>Adh-1</i>	1.000(0.000)	1.000(0.000)	1.000(0.000)	1.000(0.000)
<i>Aat-1</i>	A	0.630(0.048)	0.643(0.074)	0.615(0.055)	0.627(0.033)
	B	0.370(0.048)	0.357(0.074)	0.385(0.055)	0.373(0.033)
<i>Pod-1</i>	A	0.765(0.042)	0.477(0.075)	0.652(0.059)	0.670(0.032)
	B	0.235(0.042)	0.500(0.075)	0.348(0.059)	0.326(0.032)
	C	0.000(0.000)	0.023(0.023)	0.000(0.000)	0.005(0.005)
<i>Me-1</i>	A	0.000(0.000)	0.000(0.000)	0.130(0.046)	0.069(0.025)
	B	1.000(0.000)	0.950(0.049)	0.833(0.051)	0.902(0.029)
	C	0.000(0.000)	0.050(0.049)	0.037(0.026)	0.029(0.017)
<i>Mdh-1</i>	A	0.064(0.028)	0.276(0.059)	0.207(0.053)	0.170(0.027)
	B	0.000(0.000)	0.034(0.024)	0.017(0.017)	0.016(0.009)
	C	0.423(0.056)	0.224(0.055)	0.328(0.062)	0.335(0.034)
	D	0.462(0.056)	0.345(0.062)	0.397(0.064)	0.407(0.035)
	E	0.051(0.025)	0.121(0.043)	0.052(0.029)	0.072(0.019)

在秋茄所检测的 8 个位点中, 有 2 个是单态位点(*Est-2*、*Adh-1*), 其余的都为多态位点。*Est-1* 位点的两个等位基因在 3 个亚种群中的频率完全相同, *Sod-1A*、*Sod-1B*、*Aat-2A*、*Aat-2B*、*Pod-1A*、*Pod-1B*、*Me-1B*、*Me-1D* 以及 *Mdh-1E* 这 9 个等位基因的频率在 3 个亚种群中差别不大。共出现了两个稀有等位基因, 一个是海沧亚种群的 *Pod-1C*, 另一个是浮宫亚种群的 *Me-1A*。

从秋茄亚种群的遗传变异性可以看出(表 4), 秋茄亚种群的等位基因数目以金山最小, 为 1.875, 海沧和浮宫最大, 为 2.250。亚种群各项遗传变异性指标的平均值小于种群水平。

秋茄各亚种群有效等位基因数目以海沧的最大为 1.747; 金山的最小为 1.505, 平均值为 1.641, 小于种群水平(1.647)。秋茄各亚种群的遗传多样性(He)比较高。就平均值而言, 海沧与浮宫的遗传多样性相差无几, 分别为 0.301 和 0.304。3 个亚种群遗传多样性平均值(0.286)小于种群水平的遗传多样性(0.294)。

表 4 秋茄各亚种群的遗传变异性

Table 4 Genetic variance of subpopulations of *K. candel*

位点 Locus	金山 Jinshan	海沧 Haicang	浮宫 Fugong	亚种群水平 Subpop. level	种群水平 Pop. level
<i>A</i>	1.875	2.250	2.250	2.115	2.250
<i>P</i> %	62.5	75.0	75.0	70.83	75.0
<i>Ae</i>	1.505	1.747	1.672	1.641	1.647
<i>He</i>	0.253(0.091)	0.301(0.101)	0.304(0.094)	0.286(0.093)	0.294(0.093)
<i>Ho</i>	0.388(0.158)	0.484(0.168)	0.457(0.151)	0.447(0.015)	0.437(0.015)

秋茄各亚种群的观察杂合度普遍高于期望杂合度,从种群水平上看也是如此(*Sod-1* 除外)。整体杂合度过量也可以由 F_{IT} 反映出来。与 Hardy-Weinberg 平衡的偏差主要来自种群个体之间,表现在 F_{IS} 所占的比例都较大(*Sod-1* 除外)。

总的来看,秋茄亚种群水平的遗传变异性小于种群水平(*Aep* 和 *Hep* 除外)。在各亚种群中,海沧与浮宫之间在各项指标上都相差很小,这也体现在这两个亚种群之间的遗传一致度也最高。

2.2 秋茄亚种群间的遗传分化

秋茄亚种群间的分化程度很小(表 5),为 0.0230,表明仅有 2.3%的分化来自亚种群间,而 97.7%来自亚种群内部。其总的遗传多样性 H_T 为 0.2924,亚种群内遗传多样性 H_S 为 0.2857,而亚种群间 D_{ST} 仅为 0.0067。在多态位点中,以 *Me-1* 的分化度最大,为 0.0666,*Est-1* 的最小,为 0.0000,位点平均值为 0.0260。

表 5 秋茄亚种群间的遗传分化

Table 5 Genetic differentiation between *K. candel* subpopulations

位点 Locus	H_T	H_S	D_{ST}	G_{ST}	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
<i>Est-1</i>	0.5000	0.5000	0.0000	0.0000	-1.000	-1.000	0.000
<i>Sod-1</i>	0.0701	0.0706	0.0005	0.0079	0.329	0.334	0.008
<i>Aat-1</i>	0.4663	0.4665	0.0002	0.0006	-0.590	-0.589	0.001
<i>Pod-1</i>	0.4451	0.4710	0.0259	0.0551	-0.519	-0.435	0.055
<i>Me-1</i>	0.1276	0.1367	0.0091	0.0666	-0.036	0.032	0.066
<i>Mdh-1</i>	0.6762	0.6942	0.0180	0.0259	-0.402	-0.366	0.026
全部位点 All locus	0.2857	0.2924	0.0067	0.0230	-0.551	-0.516	0.023

从对秋茄 3 个亚种群等位基因的固定指数 F 的分析看出(表 6),绝大部分都为负值,表明这些等位基因杂合过量,而亚种群间的固定指数 F_{ST} 值也很低,平均为 0.023,这与 G_{ST} 值完全相同,表明各基因在 3 个亚种群间的分化是很低的。从对多态位点的 F -统计量进一步分析看出,*Me-1* 的分化度最大,为 0.066;*Est-1* 的分化度最小,仅为 0.000。不少位点的种群固定指数(F_{IT})小于 0,说明杂合体过量,并且是由各亚种群的 F_{ST} 造成的。

分别对秋茄 3 个亚种群的遗传距离和遗传一致度进行统计表明(表 7),3 个亚种群的遗传一致度很高,平均为 0.9850;反之表明其分化程度很低,其中以海沧和浮宫亚种群间的遗传一致度最高为 0.9920,金山和海沧的遗传一致度最低,为 0.9778。

秋茄各亚种群间的最大、最小和标准遗传距离都很小(表 7 和 8),其平均值分别为 0.0153、0.0111 和 0.0151。3 个亚种群间都以浮宫和海沧之间的遗传距离最小(0.0081、0.0056、0.0080),以海沧和金山之间的遗传距离最大(0.0227、0.0165、0.0225)。分析表明,3 个亚种群之间的相似程度很高,分化很小,盐分含量的差别对其遗传分化几乎没产生影响。

表 6 秋茄 3 个亚种群多态位点等位基因的固定指数 F

Table 6 The fixation indices of alleles of polymorphic loci in three subpopulations of *K. candel*

位点 Locus	等位基因 Allele	金山 Jinshan	海沧 Haicang	浮宫 Fugong
<i>Est-1</i>	A	-1.000	-1.000	-1.000
	B	-1.000	-1.000	-1.000
<i>Sod-1</i>	A	0.790	-0.500	-0.013
	B	0.790	-0.500	-0.013
<i>Aat-1</i>	A	-0.587	-0.556	-0.625
	B	-0.587	-0.556	-0.625
<i>Pod-1</i>	A	-0.090	-0.913	-0.401
	B	-0.090	-1.000	-0.401
	C	0.000	-0.023	0.000
<i>Me-1</i>	A	0.000	0.000	-0.149
	B	0.000	-0.053	0.067
	C	0.000	-0.053	-0.038
<i>Mdh-1</i>	A	-0.068	-0.381	-0.261
	B	0.000	-0.036	-0.018
	C	-0.733	-0.289	-0.487
	D	-0.651	-0.374	-0.369
	E	-0.054	-0.137	-0.055

在秋茄种群内部的基因流动情况如何呢？用 Wright 的 F_{ST} 方法计算出的基因流见表 9。

秋茄亚种群间的基因流很大,平均为 10.62。在各位点中,以 *Aat-1* 最大,高达 249.75,*Sod-1* 次之,为 31.00。由此可见,如此强大的基因流足以克服秋茄亚种群间的遗传分化。

3 讨论

植物种群遗传变异性的分布情形和该物种的地理分布情形、生态特征都有关系^[9,2]。而且在一个地区内,亚种群间生境的差异,也有可能影响到这个种群的生态或遗传本质^[10,11]。一般而言,红树林生长在沼泽区内,环境均一,存在着潮汐变化和盐度的变化^[12~15]。这些因子的影响使红树林的植被形式与其它陆生木本植物截然不同。它的遗传结构也很难与其它生态系统中的物种的遗传结构相比较。

九龙江口 3 个秋茄亚种群间的遗传分化很低, G_{ST} 仅为 2.30%,也就是说,亚种群间的遗传变异在全部遗传变异中仅占 2.30%,其余 97.7% 都存在于各亚种群内。从而表明盐度选择所起的作用不大。

种群内遗传分化是植物种群的普遍现象,不同物种种群内遗传分化不同,影响植物种群内遗传分化的因素很多,主要是微生境的异质性。不同的基因型在不同的微生境上适合度相异,导致具相同基因型的个体集聚在较适宜的生境上。但是,在本研究中,虽然生境出现异质性(底泥盐分含量不同),却对该生境下 3 个秋茄亚种群间的遗传分化影响不大,而且相似的情况也在其它研究中报道过。例如,黄生^[16]对台湾淡水河口不同干湿状态条件下的秋茄的研究表明,该地不同微生境的秋茄种群未有分化($F_{ST}=0.043$)。综合水分和盐度对秋茄种群内分化影响不大的结果,究其原因有二:一是由于秋茄为虫媒异花授粉,配子为随机分布,在各亚种群内的变异也是

随机分布,因而使遗传分化度偏低;二是由于秋茄的胚轴受潮水携带,种子的传播是随机散布。这样使秋茄有极为顺畅的基因流。黄生^[16]在研究中发现秋茄的 $Nm=5.56$,而本研究发现其 Nm 高达 10.62。如此强大的基因流足以克服秋茄种群内由于盐分选择而导致的分化。类似的研究也在青冈(*Cyclobalanopsis glauca*)种群内开展过。青冈种群内的分化也很低, G_{ST} 仅为 0.976%。这一方面是由于青冈为风媒传粉植物,种子靠重力传播;另一方面是由于青冈亚种群间的 $Nm=7.37\sim 26.07$,远大于 1,完全可以防止由于遗传漂变导致的遗传分化^[17,18]。

种群内遗传分化受环境异质性的影响,而分化不大则受到物种生物学性质的作用。李军^[19]对浙江金华北山南坡野大豆的研究发现,各样本内遗传分化程度与外界环境无关,也就是说不受环境异质性的影响。这与胡志昂^[20]的结论相一致:即种群内遗传多态现象的成因是突变,随机漂变是其分布格局的主要因素。

种群内遗传分化的大小还与物种的交配系统有关。Gottlieb^[21]指出,自交植物有两种极端的情况,某些种在各个位点上几乎都是同一个基因;在另一些自交种的群体之间一些位点等位基因频率变化很大,会出现在某一些群体里一个等位基因的频率很低,而在另一些群体里有很高的频率甚至固定(100%)的现象。因此自交种种群内遗传分化很大^[22],而杂交植物的群体杂合性在种群间很接近,甚至一个等位基因在所有群体里都是最常见的基因。野生大豆亚种群内存在着大量的遗传分化,这与野生大豆为自交植物有关^[19]。而青冈、秋茄都为杂交植物^[7,15],因此其种群内的遗传分化不大。

References:

[1] Schnabek A, Hamrick J L. Organization of genetic diversity within and among populatons of *Gleditsia triacanthos* (Leguminosae). *Amer. J. Bot.* 万 方 数 据 8): 1060~1069.
[2] Loveless M D, Hamrick J L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 1984, **15**: 65~

表 7 秋茄亚种群之间的遗传一致度(下三角)和标准遗传距离(上三角)(括号内为标准差)

Table 7 Genetic identity (below diagonal) and standard genetic distance (above diagonal) between subpopulations of *K. candell* (standard errors in parentheses)

	金山 Jinshan	海沧 Haicang	浮宫 Fugong
金山 Jinshan	—	0.0225(0.0165)	0.0149(0.0097)
海沧 Haicang	0.9778	—	0.0080(0.0055)
浮宫 Fugong	0.9852	0.9920	—

表 8 秋茄亚种群之间的最大遗传距离(下三角)和最小遗传距离(上三角)(括号内为标准差)

Table 8 The maximum genetic distance (below diagonal) and minimum genetic distance (above diagonal) between subpopulations of *K. candell*(standard errors in parentheses)

	金山 Jinshan	海沧 Haicang	浮宫 Fugong
金山 Jinshan	—	0.0165(0.0107)	0.0112(0.0066)
海沧 Haicang	0.0227(0.0641)	—	0.0056(0.0036)
浮宫 Fugong	0.0150(0.0620)	0.0081(0.0769)	—

表 9 秋茄亚种群间的基因流
Table 9 Gene flow between *K. candell* subpopulations

位点 Locus	F_{ST}	Nm
<i>Est-1</i>	0.000	0.000
<i>Sod-1</i>	0.008	31.00
<i>Aat-1</i>	0.001	249.75
<i>Pod-1</i>	0.055	4.30
<i>Me-1</i>	0.066	3.54
<i>Mdh-1</i>	0.026	9.37
平均 Mean	0.023	10.62

95.

[3] Xu B, Zhao S W, Zou S H. Electrophoresis analysis on proteins of wild soybean seeds in China: geographical distribution of allele frequency of Ti and Sp' and the origin of soybean. *Soybean Science*, 1985, (4): 7~13.

[4] Chiang Y C. Genetic and quantitative variation in wild soybean (*Glycine soja*) populations. *Dissertation Abstracts International*, 1985, **47**: 490.

[5] Kiang Y T, Chiang Y C. Comparing differentiation of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.) populations based on isozymes and quantitative traits. *Bot. Bull. Acad. Sin.*, 1990, **31**: 129~142.

[6] Lin P. *Mangrove Vegetation*. Beijing: Ocean Press, 1984.

[7] Chen X Y. Mating system and inbreeding depression of *Cyclobalanopsis glauca* Diaojiao of Huangshan. *Acta Ecologica Sinica*, 1997, **17** (5): 463~468.

[8] Wang Z R. *Analysis on plant allozyme*. Beijing: Science Press, 1996.

[9] Hamrick J L, Linhart Y B, Mitton J B. Relationship between history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 1979, **10**: 173~200.

[10] Hamrick J L. Isozymes and the analysis of genetic structure in plant popualtions, In : D. E. Soltis and P. S. Soltis eds. *Isozyme in Plant Biology*. Portland: Dioscorides Press, 1989. 73~86.

[11] Hartl D L ed. *A primer of population genetics*. 2nd. Sunderland: Sinayer Associates, 1987.

[12] Chou C H, Bi C C. Dynamic distribution of nutrients and variations of enviromental factors in Tamshui estuary ecosystem. *Proc. Natl. Sci. Conc. B. Roc.*, 1990, **14**: 131~141.

[13] Dan S T, Intri E. Factors affecting the death of mangrove trees in the Pedada Strait, Indragiri Hilir, Riau (Indonesia), with reference to the site condition. *Bull Penelition Hutan*, 1990, **10**(531): 33~48.

[14] Lugo A E , Snedaker S C. The ecology of mangroves. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 1974, **5**: 39~64.

[15] Tomlinson P B. *The botany of mangroves*. Cambridge:Cambridge University Press, 1986.

[16] Huang S. Genetic structure of *Kandelia candel* population in certain district. *Biological Diversity*, 1994, **2**(2): 68~75.

[17] Wright S. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 1931, **16**: 97~159.

[18] Slatkin M. Gene flow and geographic structure of natural populations. *Science*, 1987, **236**: 787~792.

[19] Li J, Tao Y, Zheng S Z. Study on genetic differentiation of wild soybean population on the level of isozyme. *Acta Botanica Sinica*, 1995, **37**(9): 669~676.

[20] Hu Z A, Wang H Z. Genetic structure of natural soybean population. *Acta Botanica Sinica*, 1985, **27**(6): 599~604.

[21] Gottlieb L D. Electrophoretic evidence and plant populations. *Progress in Phytochem*, 1981, **7**: 1~46.

[22] Ann N Y. *Bartonella grahamii* infecting rodents display high genetic diversity over short geographic distances. *Acad. Sci.*, 2003, **990**: 233~235.

参考文献:

[3] 徐豹, 赵树文, 邹淑华. 中国野生大豆种子蛋白质的电泳分析:Ti 和 Sp' 各等位基因频率地理分布与大豆起源问题. *大豆科学*, 1985, (4): 7~13.

[6] 林鹏. 红树林. 北京: 海洋出版社, 1984.

[7] 陈小勇. 黄山钓桥青冈种群交配系统及近交衰退. *生态学报*, 1997, **17**(5): 463~468.

[8] 王中仁. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社, 1996.

[16] 黄生. 秋茄(*Kandelia candel*)的区域性种群遗传结构. *生物多样性*, 1994, **2**(2): 68~75.

[19] 李军, 陶芸, 郑师章. 同工酶水平上野生大豆种群内分化的研究. *植物学报*, 1995, **37**(9): 669~676.

[20] 胡志昂, 王洪新. 北京地区野大豆天然群体遗传结构. *植物学报*, 1985, **27**(6): 599~604.