

森林砍伐对苦槠种群遗传结构的影响

简 耘¹, 石 磊¹, 李 丹¹, 张纯淳¹, 石苗苗¹, 王 嵘¹, 陈小勇^{1,2,*}

(1. 华东师范大学环境科学系, 上海市城市化生态过程与生态恢复重点实验室, 上海 200062

2. 浙江天童森林生态系统国家野外观测研究站, 上海 200062)

摘要:人类活动严重干扰着自然生态系统, 其中砍伐是对森林生态系统最常见的干扰之一, 它导致森林退化, 植物种群变小, 甚至灭绝, 遗传多样性也随之下降。当被破坏的森林未被转换性利用时, 则会逐渐恢复, 但由于瓶颈效应, 恢复起来的生态系统中植物种群的遗传结构可能会改变。恢复种群遗传组成的改变一方面与干扰的强度、频度和持续时间有关, 另一方面, 也受植物生活史特点的深刻影响。然而, 我国对于砍伐后恢复起来的森林生态系统中生物多样性的改变, 尤其是遗传多样性的改变的研究并不多见。研究在浙江省宁波市天童国家森林公园及周边地区选择了 5 个苦槠种群, 采用 SSR 微卫星标记来分析砍伐对苦槠种群遗传结构的影响。5 对多态 SSR 引物共得到了 29 个等位基因。种群内维持了较高的遗传多样性, 种群间遗传分化程度较低, 基因流达 8.68。恢复林和成熟林种群的遗传多样性相差不大, 以阿育王寺地区恢复种群的最高; 表明砍伐对于苦槠种群遗传多样性的影响不大, 这与苦槠较强的萌条能力有关。尽管如此, 在恢复种群中观察到近期的种群瓶颈, 显示出砍伐对种群遗传组成的影响; 而在一个成熟林中也观察到种群瓶颈, 这是因片段化导致种群变小之故。植被保存最好的天童国家森林公园内苦槠种群的遗传多样性却较低, 这可能与成熟林中苦槠优势度较低有关。

关键词:砍伐; 苦槠; 微卫星标记; 遗传结构; 遗传多样性; 恢复林

文章编号: 1000-0933(2008)12-6228-07 中图分类号: Q948 文献标识码: A

Effects of deforestation on the genetic structure of *Castanopsis sclerophylla*

JIAN Yun¹, SHI Lei¹, LI Dan¹, ZHANG Chun-Chun¹, SHI Miao-Miao¹, WANG Rong¹, CHEN Xiao-Yong^{1,2,*}

1 Department of Environmental Sciences, Shanghai Key Laboratory for Ecological Processes and Restoration in Urban Areas, East China Normal University, Shanghai 200062 China

2 Tiantong State Field Observation and Research Station for Forest Ecosystems, Shanghai 200062 China

Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(12): 6228 ~ 6234.

Abstract: Human activities have vital impacts on ecosystems. Deforestation is one of the most common human activities. Deforestation leads to reduced population sizes of the remnant plants, or leads to local extinction. When deforestation stops, population size of remnant plants may increase gradually and some extinct species may appear via seed dispersal. However, genetic composition of the restored populations may be changed due to bottleneck effect or founder effect. Theoretical studies have proven that deforestation has negative impacts on genetic variation, and that rare alleles are especially vulnerable to loss. However, there are few empirical studies concerning the genetic consequences of deforestation on plant species.

基金项目:国家自然科学基金资助项目(30470287); 新世纪优秀人才支持计划资助项目(NCET-05-0431); 华东师范大学主干课程建设资助项目(2006-ZG186)

收稿日期:2007-08-02; **修订日期:**2008-08-29

作者简介:简耘(1985~), 女, 四川成都人, 硕士生, 主要从事环境生态学研究。

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: xychen@des.ecnu.edu.cn

Foundation item: The project was financially supported by National Natural Science Foundation of China (No. 30470287); Program for New Century Excellent Talents in University (No. NCET-05-0431) and Program for Course Reformation of ECNU (No. 2006-ZG186)

Received date:2007-08-02; **Accepted date:**2008-08-29

Biography: JIAN Yun, Master candidate, mainly engaged in environmental ecology.

East China has suffered from serious deforestation, and there is hardly any pristine forest remaining. Zonal vegetation in subtropical areas of East China is constituted largely by evergreen broadleaved forests (EBLFs). *Castanopsis sclerophylla* is one of the dominant species of EBLFs and is also one of the earliest evergreen plants to recover during the restoration process that follows after deforestation. Therefore, it is an ideal species to check the effects of deforestation on genetic variation.

To study the effects of deforestation on genetic variation of *Castanopsis sclerophylla*, a total of 138 individuals were collected from 5 populations, among them two were from mature forests and three were from restored forests. We used microsatellites to detect the genetic composition. After screening the microsatellite primers available in congener species *C. cuspidata* var. *sieboldii*, we got five pairs of primer suitable for *C. sclerophylla*. Each individual was genotyped at the five microsatellite loci. The five loci revealed 29 alleles in the global population. Mean number of alleles per locus, effective number of alleles per locus and allelic richness of the global population were 5.80, 3.54 and 4.85 respectively. The observed heterozygosity (0.53) was significantly lower than the expected heterozygosity (0.72) ($p < 0.01$). Within-population genetic diversity was high, and no significant difference was found between populations from mature forests and from restored forests. Little genetic differentiation ($G_{ST} = 0.028$, $F_{ST} = 0.032$) was observed among populations and the calculated gene flow was 8.68. Comparable genetic variation in populations from restored and mature forests indicated that deforestation in this region has not significantly reduced genetic diversity of *C. sclerophylla*, mainly due to its extensive sprouting. However, the software BOTTLENECK indicated a recent population bottleneck in 3 restored populations, a sign of distinct population decline in recent generations. A recent bottleneck was also observed in 1 mature population, mainly due to recent forest fragmentation.

Key Words: deforestation; *Castanopsis sclerophylla*; SSRs; genetic differentiation; genetic diversity; bottleneck; restored forests

遗传变异是物种适应变化环境的基础,它受许多因素的影响,包括物种的生活史特征以及历史和现实的外部(自然或人为的)干扰^[1]。当前情况下,对自然生态系统及其中的物种影响最大的是人类活动的干扰,特别是人类对自然生态系统的转换性利用,带来毁灭性的影响,导致残余生态系统片断化严重,对其种群遗传后果已有不少研究^[2~6]。砍伐是对森林生态系统最常见的干扰之一,在频繁、高强度砍伐影响下,森林退化成次生灌丛、灌草丛、甚至裸地;或者砍伐后改种经济作物或粮食作物^[7]。森林被砍伐后形成的次生植被一旦停止干扰,残存的一些种群逐渐恢复,或者伴随着种子的迁入,一些消失的物种也逐渐出现。

砍伐对植物种群遗传组成的影响主要源于两个方面。一方面,砍伐直接降低植物种群大小,导致遗传多样性降低,尤其是稀有等位基因更易丧失;砍伐严重时,引起植物种群局部绝灭,则所含遗传变异也随之消失。另一方面,当被砍伐森林未被转换性利用,繁殖体的迁入使得消失的种群逐渐恢复,这一过程中由于奠基者效应的影响,新建立种群的遗传变异往往较低,并与原有种群存在较大的遗传分化;遗传组成方面的这些差异随着定居世代数的增加而逐渐减少^[8]。砍伐的这些遗传后果也与物种的生活史特征(特别是萌条能力等无性繁殖能力、种子库等)有关,如果萌条能力很强,则对砍伐的不利影响具有较强的缓冲能力,甚至基本上不受影响,因为砍伐导致地上部分生物量的丧失很快会通过萌条得到补充^[9];而具有较大、持久种子库的植物,遗传组成也可能通过种子库得以在世代间延续。然而这些理论上可能带来的遗传后果只在很少几种植物种群中进行了研究^[10~15]。

我国东部地区经济较发达,人类活动历史长、活动强度大,该地区历史上大都有过建设用材的大规模砍伐活动,由于未受破坏的自然生态系统几乎丧失殆尽,现存植被基本上都是恢复起来的次生林^[7]。苦槠(*Castanopsis sclerophylla*)为壳斗科常绿乔木,雌雄异花同株,风媒传粉,种子主要靠重力散布,也可经由啮齿类进行二次散布。苦槠是我国亚热带常绿阔叶林最常见的优势种之一,也是受损常绿阔叶林恢复过程中最先出

现的常绿阔叶树种之一^[16]。本文在浙江东部地区选择砍伐破坏较少的成熟林和恢复的次生林,对比苦槠种群遗传结构,分析森林砍伐对其遗传组成带来的潜在影响,为生态恢复提供科学参考。

1 材料和方法

1.1 研究地点与采样方法

本文研究地点位于浙江省宁波市鄞州区和北仑区,在这里选择了 5 个种群作为研究对象,具体采样地点如表 1 和图 1。天童国家森林公园(TT)自 1956 年起由国营天童林场管辖,面积 349hm²,1981 年建立国家森林公园,森林植被保存较完好,是浙东丘陵地区地带性植被类型的一块难得的代表性地段,其中常绿阔叶林是其主要植被类型,优势种包括栲树、米槠、木荷等,苦槠为伴生种,散生于常绿阔叶林以及常绿落叶阔叶混交林中。瑞岩寺林场(RY)位于宁波市北仑区,这里保存着以苦槠为优势种的常绿阔叶林,但面积不大。这 2 个地点都为成熟林,受砍伐的影响相对较小,苦槠大树多。勤勇-凤岭村(QY)、东钱湖地区(CY)属于村民活动区,均有明显的人为活动痕迹,由于长期的人类活动干扰

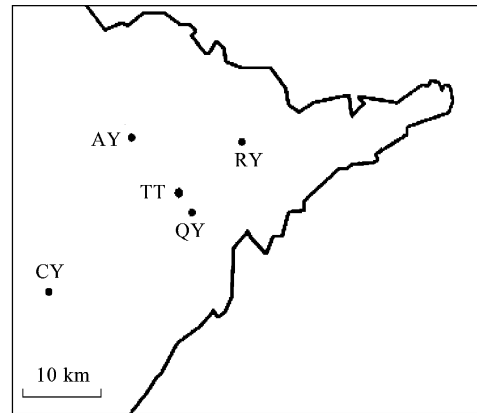


图 1 本研究中苦槠种群的采样地点

Fig. 1 Sampling sites in the present study

种群编码见表 1 Codes of populations are same in Table 1

(特别是樵采砍伐),常绿阔叶林被破坏殆尽,基本上为退化次生植被,近年来普遍使用液化气和煤炭,植被逐渐得到恢复,成为以马尾松、常绿和落叶阔叶树种为优势种的幼龄林,其中苦槠为较常见的树种之一。阿育王寺林场(AY)属天童国家森林公园管辖,主要优势种为马尾松,苦槠、木荷等常绿树种为较常见的伴生种,近年来,由于松材线虫的危害,群落类型逐渐向常绿阔叶林演替。各种群的基本情况见表 1。

在各种群中,对间距 30m 以上的苦槠个体随机采样,考虑到样本的随机性,样本不区分成体、幼体等,在选定的植株上尽量选择健康、完整的叶片,置于自封袋中,加硅胶干燥,用于 DNA 提取。

表 1 苦槠种群位置及遗传多样性

Table 1 Localities and parameters of genetic diversity of sampled populations of *Castanopsis sclerophylla*

项目 Item	种群 Population					平均 Mean	合计 Total
	天童森林公园 Tiantong Forest Park	北仑瑞岩寺林场 Ruiyan Forestry Station	勤勇-凤岭 Qinyong- Fenling	东钱湖区 Dongqian Lake Area	阿育王寺 Temple Ayuwang		
代码 Code	TT	RY	QY	CY	AY	—	—
性质 Attribute	成熟林 Mature forest	成熟林 Mature forest	恢复林 Restored forest	恢复林 Restored forest	恢复林 Restored forest	—	—
地理位置 Location	N29°48', E121°47'	N29°50', E121°52'	N29°46', E121°48'	N29°41', E121°37'	N29°51', E121°44'	—	—
种群大小 Estimated population size	>1000	>1000	~100	>1000	~500	—	—
样本量 Sample size	31	30	17	30	30	27.6	138
平均每位点等位基因数目 A	4.80	4.80	4.40	5.00	5.60	4.92	5.80
平均每位点有效等位基因数目 Ae	3.28	3.25	3.20	3.30	3.61	3.33	3.54
基因丰富度 AR	4.52	4.57	4.40	4.75	5.04	4.66	4.85
稀有等位基因数目 NR	7	8	5	7	11	7.6	12
期望杂合度 He	0.68	0.69	0.68	0.68	0.71	0.69	0.72
观察杂合度 Ho	0.46	0.54	0.58	0.48	0.60	0.53	0.53
近交系数 F	0.33	0.22	0.19	0.31	0.17	0.25	0.27

1.2 样品处理

DNA 提取采用改良的 CTAB 法(Doyle & Doyle 1987)进行。用于苦槠微卫星多态性分析的引物从与苦槠

同属的 *C. cuspidata* var. *sieboldii* 的微卫星引物^[17,18] 中筛选,获得了 5 对多态引物(*Ccu16H15*、*Ccu62F15*、*Ccu87F23*、*Ccu33*、*Ccu93*)。PCR 反应体系(总体积 20 μ l)如下:13.50 μ l dH₂O、2.00 μ l 缓冲液、1.50 μ l MgCl₂、0.20 μ l dNTP、0.20 μ l Primer F、0.20 μ l Primer R、0.20 μ l Tag DNA 聚合酶、2.00 μ l DNA 模板。微卫星 PCR 扩增程序如下:94℃下 DNA 模板预变性 3min,1 个循环;94℃下 DNA 模板变性 30s,退火 30s,72℃延伸 30s,共 35 个循环;72℃下延伸 10min。PCR 产物采用 6 或 8% 的聚丙烯酰胺胶电泳分离,银染显色后,在 BIO-RAD 凝胶成像系统下拍照、分析,以 pUC19 DNA/MspI (HpaII) marker 23 (Fermentas 公司产品)作参照,确定条带长度,判译各个体的基因型。

1.3 数据处理

遗传多样性参数主要采用了 TFGA version 1.3^[19] 和 FSTAT v. 2.9.3.2^[20] 两个软件进行处理,包括平均每位点等位基因数(A)、平均每位点有效等位基因数(A_e)、基因丰富度(A_R)、稀有等位基因数目(N_R , 即频率 <10% 的等位基因)、期望杂合度(H_e)、观察杂合度(H_o)、近交系数(F)和基因流(N_m)。Hardy-Weinberg 平衡采用 χ^2 检验。种群间遗传分化采用 Nei's 基因分化系数(G_{ST})^[21] 与 Weir 和 Cockerham 的 F -统计(F_{ST})^[22] 衡量,种群间的遗传距离与遗传一致度以及 UPGMA 聚类分析采用 TFGA version 1.3^[19] 进行。遗传距离与空间距离的关系采用 Mantel 检验进行。采用 BOTTLENECK 程序^[23] 检验各种群中是否存在近期发生的种群瓶颈,由于微卫星标记一般不符合 IAM 模型,故采用 TPM 模型;同时由于本文采用的微卫星标记较少,因此,采用 Wilcoxon test 进行检验。

2 结果

共分析了天童国家森林公园及周边地区 5 个种群 138 个样品,5 对多态 SSR 引物(*Ccu87*、*Ccu16*、*Ccu62*、*Ccu33*、*Ccu93*)共检出 29 个等位基因,其中 12 个为稀有等位基因。平均每位点等位基因数目、有效等位基因数目和基因丰富度分别为 5.80、3.54 和 4.85。观察杂合度(0.53)低于期望杂合度(0.72), χ^2 检验表明明显偏离 Hardy-Weinberg 平衡($p < 0.01$),其原因是杂合子不足,近交系数为 0.27。

从种群水平来看(表 1),遗传多样性最高的是阿育王寺地区(AY)的苦槠种群。该种群无论是平均每位点等位基因数、平均有效等位基因数、基因丰富度、稀有等位基因数目,还是期望杂合度、观察杂合度,在 5 个种群中均最高,近交系数最低(0.17),但仍然偏离 0($p < 0.05$),也不符合 Hardy-Weinberg 平衡。而常绿阔叶林保存最好的天童森林公园内的苦槠种群,不管从等位基因数目,还是观察杂合度,其值在 5 个种群中偏低,其近交程度最严重($F = 0.34$)。纵观 5 个种群,均有不同程度的近交,并且除勤勇-凤岭种群(QY)以外,其他 4 个种群都偏离 Hardy-Weinberg 平衡($p < 0.05$)。

从成熟林和恢复林中苦槠种群遗传多样性来看,两类种群并无显著差异,这也体现在很小遗传分化上。5 个种群的基因分化系数(G_{ST})仅为 0.028, F_{ST} 也只有 0.032,说明遗传变异绝大多数存在于种群内部,种群间的变异只占 3%。计算的种群间基因流强度很高,达到 8.68。种群两两间遗传一致度高,为 0.7783~0.9523;而遗传距离的范围为 0.0489~0.2507。差异最大的是种群 QY 与 RY 之间,最小的是 CY 与 TT 之间(表 2)。UPGMA 聚类显示 TT 和 CY 最先聚在一起,然后逐次与 AY、RY、QY 种群聚类(图 2)。从空间距离来看,TT 与 QY 种群的距离最近,但遗传距离却很大,说明遗传距离与空间距离不一定存在相关性,这也得到 Mantel 检验结果的证实($r = -0.4388$)。

表 2 苦槠种群间遗传距离(下三角)和遗传一致度(上三角)

	TT	AY	QY	RY	CY
TT		0.8949	0.8474	0.8400	0.9523
AY	0.1111		0.7922	0.8847	0.9074
QY	0.1656	0.2273		0.7783	0.8883
RY	0.1744	0.1226	0.2507		0.8519
CY	0.0489	0.0972	0.1184	0.1603	

采用 BOTTLENECK 软件分析,发现 5 个种群中只有 TT 不存在近期种群瓶颈,其他 4 个种群中都存在显著的近期种群瓶颈,表明这 4 个种群在最近一些世代中经历了种群大小显著下降的过程。

3 讨论

利用微卫星标记检测的天童及其周边地区苦槠种群遗传多样性较高,其中期望杂合度平均达到 0.69。这一方面与分子标记类型有关,微卫星标记是多态性很高的共显性标记,揭示的多态性远高于传统的等位酶标记以及 RAPD 等显性标记。另一方面,较高的遗传多样性与苦槠的生物学特点有关,苦槠是长寿命的多年生物种,风媒传粉,尽管对其异交率没有报道,但同科其他物种基本上都为混合交配或异交类型^[24]。已有研究表明,这类物种的遗传多样性往往较高^[1,25]。

5 个苦槠种群遗传多样性程度差异不大,成熟林与恢复林种群的遗传变异程度没有显著差异,遗传变异主要存在于种群内部,遗传分化程度很低,这表明森林砍伐对苦槠遗传多样性的影响不是很大。与已有的一些研究结果不大一致。在东方白松(*Pinus strobus*)中,当砍伐降低 75% 的种群密度时,21% 的低频($0.25 > p$)等位基因丧失,92% 的稀有($p < 0.01$)等位基因丢失了^[11],杂合度略有降低,但不显著。由此可见,这些遗传多样性参数对砍伐引起的种群变小不是很敏感,但是在恢复起来的种群中观察到明显的瓶颈效应,表明砍伐导致这些苦槠种群大小明显下降,这是由于等位基因数目和杂合度对种群变小的响应存在差异,使得偏离突变-漂变平衡。在受砍伐影响较小的 TT 种群中没有观察到近期的种群瓶颈,表明尽管天童种群由于自然的种间竞争导致其密度不高,但在最近 20 个世代种群大小没有经历显著的变化;而在另一种群 RY 中观察到的种群瓶颈,则是由于片断化导致种群变小但内部结构受影响不大的缘故。在糖槭(*Acer saccharum*)中,砍伐后恢复起来的种群中,多态位点百分比、等位基因丰富度显著降低,并且恢复种群间的分化程度高于过熟林种群^[14]。在哥斯达黎加恢复的热带林优势种 *Iriarte deltoidea* (棕榈科)的遗传多样性较相邻的过熟林种群低,且个体间相似程度高,个体间平均相异系数为 0.58,而在过熟林中为 0.73^[15]。亲本分析发现成熟林中总共 66 个成熟个体中的 2 个贡献了次生林奠基种群中 56% 的基因,另 23 个个体贡献了其余 44% 的基因,而其余 41 个个体对次生林中奠基种群基因的贡献为 0^[15]。张欣等人也发现人工生态恢复的青冈种群中遗传多样性也有所降低^[26]。人工水杉种群多样性较自然种群略低,但遗传分化程度较大^[27],而不同时期栽植的人工种群相似程度高^[28]。但在黑云杉(*Picea mariana*)中,采伐与其他处理对遗传结构的影响没有显著差异^[13]。

本研究未能在恢复种群中检测出降低的遗传变异主要在于受砍伐破坏的程度以及苦槠的生物学特点。苦槠萌条能力极强,在受到砍伐等影响时,尽管地上部分生物量损失严重,但可很快重新萌发出来,植物的这种能力使得它们能够较好地适应干扰生境^[29],甚至成为优势种,这是植物重要的一种生活史策略^[30]。本研究中的苦槠恢复种群遭受了严重的破坏,一些生境未经转换性利用,保留了根桩,从而对遗传多样性影响不大。苦槠的这一特点也使得它成为干扰后最先天然恢复的常绿阔叶树种之一^[16]。另一方面,也与指示遗传组成的参数有关,这体现在恢复种群中存在的近期种群瓶颈。

处于演替最顶极、常绿阔叶林保存最好的天童森林公园内苦槠种群遗传多样性并不最高,而是较低,这主要与苦槠在演替系列中的地位有关。苦槠是处于演替中期的优势种类,随着演替进程的发展,苦槠逐渐被其他物种所取代,逐渐演替为顶极群落,在天童及其周边地区顶极常绿阔叶林为栲树群落,天童国家森林公园常绿阔叶林植被保存较好,大多为处于顶极阶段的栲树群落^[31],苦槠处于从属位置,由于种间竞争,个体数逐渐减少,从而遗传多样性有所下降,但是由于这种变化是自然因素引起的缓慢变化,并且经历的时间很长,因而观察不到近期的瓶颈效应。

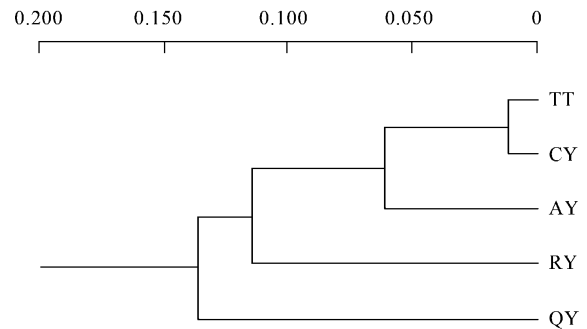


图2 5个苦槠种群的 UPGMA 聚类分析

Fig. 2 UPGMA of five populations of *Castanopsis sclerophylla*

本文的结果对于生态恢复具有两个方面的参考价值。一是表明常绿阔叶林一些种类,尤其是萌条能力比较强的种类受砍伐等的影响较小,从而容易得到恢复,并且由于保留了较高的遗传变异,因而只要未被演替后期群落取代,可以在较长时间内维持下去。实际上,由于常绿阔叶林大多是由壳斗科物种为优势种,这些种类主要靠重力传播种子,散布距离较短,因而在种源缺乏时很难得到恢复。不同植物萌条能力的差异决定了自然恢复的群落的性质和组成。由于亚热带常绿阔叶林区主要顶极群落优势种(如栲树、甜槠)的萌条能力相对较差,因而恢复起来的常绿阔叶林大多是由苦槠、青冈、木荷等萌条能力强的种类所组成。其二,在衡量生态恢复或生物多样性保护价值时,以往大多是从物种多样性角度加以考虑,由于遗传变异在物种长期维持中起着十分重要的作用,因此还需要关注恢复起来的优势种的遗传组成,因为这些种类的稳定性决定了群落的稳定性;另外,对森林保护价值的指示意义则需要关注常绿阔叶林一些固有种类(特别是阴生种类),这些种类在次生恢复林中的出现以及遗传多样性的高低指示了所在群落内环境的改善和相对稳定性。

References:

- [1] Hamrick J L, Godt M J W. Allozyme diversity in plant species. In: A. H. D. Brown, M. T. Clegg, A. L. Kahler, and B. S. Weir, eds. Plant population genetics, breeding, and genetic resources: Sunderland, Massachusetts, USA, Sinauer, 1989. 43—63.
- [2] Chen X Y. Effects of habitat fragmentation on genetic structure of plant populations and implications for the biodiversity conservation. *Acta Ecologica Sinica*, 2000, 20: 884—892.
- [3] Wang Z F, Gao S H, Tian S N, *et al.* Genetic structure of *Cryptocarya chinensis* in fragmented lower subtropical forests in China based on ISSR markers. *Biodiversity Science*, 2005, 13: 324—331.
- [4] Lienert J. Habitat fragmentation effects on fitness of plant populations—a review. *Journal of Nature Conservation*, 2004, 12: 53—72.
- [5] Young A, Boyle T, Brown T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends in Ecology & Evolution*, 1996, 11: 413—418.
- [6] Xu F H, Kang M, Huang H W, *et al.* Genetic diversity in fragmented populations of *Berchemiella wilsonii* var. *pubipetiolata*, an endangered plant endemic to eastern China. *Journal of Plant Ecology*, 2006, 30: 157—164.
- [7] Song Y C, Chen X Y. Degradation mechanism and ecological restoration of evergreen broad-leaved forest ecosystem in East China. Beijing: Science Press, 2007.
- [8] Chen X Y. Population genetics considerations for ecological restoration. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2000, 9: 313—319.
- [9] Yan E R, Wang X H, Shi J Y, *et al.* Sprouting ecology of woody plants: a research review. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2005, 16: 2459—2464.
- [10] Buchert G P, Rajora O P, Hood J V, *et al.* Effects of harvesting on genetic diversity in old-growth eastern white pine in Ontario, Canada. *Conservation Biology*, 1997, 11: 747—758.
- [11] Rajora O P, Rahman M H, Buchert G P, *et al.* Microsatellite DNA analysis of genetic effects of harvesting in old-growth eastern white pine (*Pinus strobus*) in Ontario, Canada. *Molecular Ecology*, 2000, 9: 339—348.
- [12] Gerwein J B, Kesseli R V. Genetic diversity and population structure of *Quercus rubra* (Fagaceae) in old-growth and secondary forests in southern New England. *Rhodora*, 2006, 108: 1—18.
- [13] Rajora O P, Pluhar S A. Genetic diversity impacts of forest fires, forest harvesting, and alternative reforestation practices in black spruce (*Picea mariana*). *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 106: 1203—1212.
- [14] Baucom R S, Estill J C, Cruzan M B. The effect of deforestation on the genetic diversity and structure in *Acer saccharum* (Marsh): Evidence for the loss and restructuring of genetic variation in a natural system. *Conservation Genetics*, 2005, 6: 39—50.
- [15] Sezen U U, Chazdon R L, Holsinger K E. Genetic consequences of tropical second-growth forest regeneration. *Science*, 2005, 307: 891.
- [16] Zhang X, Xu G F, Shen D W, *et al.* Maintenance and natural regeneration of *Castanopsis sclerophylla* populations on islands of Qiandao Lake Region. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27: 424—431.
- [17] Ueno S, Yoshimaru H, Kawahara T, *et al.* A further six microsatellite markers for *Castanopsis cuspidata* var. *sieboldii* Nakai. *Conservation Genetics*, 2003, 4: 813—815.
- [18] Ueno S, Yoshimaru H, Kawahara T, *et al.* Isolation of microsatellite markers in *Castanopsis cuspidata* var. *sieboldii* Nakai from an enriched library. *Molecular Ecology*, 2000, 9: 1188—1190.
- [19] Miller M P. Tools for population genetic analyses (TFPGA) v1.3: A windows program for the analysis of allozyme and molecular genetic data. Flagstaff: Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, 1997.

- [20] Goudet J. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, 1995, 86: 485—486.
- [21] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1973, 70: 3321—3323.
- [22] Weir B S, Cockerham C C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 1984, 38: 1358—1370.
- [23] Piry S, Luikart G, Cornuet J M. BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective size using allele frequency data. *Journal of Heredity*, 1999, 90: 502—503.
- [24] Chen X Y, Song Y C. Mating system and inferred inbreeding depression of a *Cyclobalanopsis glauca* population in Diaojiao, Huangshan. *Acta Ecologica Sinica*, 1997, 17: 462—468.
- [25] Nyblom H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology*, 2004, 13: 1143—1155.
- [26] Zhang X, Chen X Y, Zhong D. Effects of regeneration methods on RAPD-based genetic variation of *Cyclobalanopsis glauca* (Fagaceae). *New Forests*, 2006, 32: 347—356.
- [27] Li Y Y, Chen X Y, Zhang X, *et al.* Genetic differences between wild and artificial populations of *Metasequoia glyptostroboides* Hu et Cheng (Taxodiaceae): Implications for species recovery. *Conservation Biology*, 2005, 19: 224—231.
- [28] Chen X Y, Li Y Y, Wu T Y, *et al.* Size-class differences in genetic structure of *Metasequoia glyptostroboides* Hu et Cheng (Taxodiaceae) plantations in Shanghai. *Silvae Genetica*, 2003, 52: 107—109.
- [29] Bond W J, Midgley J J. Ecology of sprouting in woody plants: the persistence niche. *Trends in Ecology & Evolution*, 2001, 16: 45—51.
- [30] Bellingham P J, Sparrow A D. Resprouting as a life history strategy in woody plant communities. *Oikos*, 2000, 89: 409—416.
- [31] Da L J, Yang Y C, Song Y C. Population structure and regeneration types of dominant species in an evergreen broadleaved forest in Tiantong National Forest Park, Zhejiang Province, eastern China. *Acta Phytocologica Sinica*, 2004, 28: 376—384.

参考文献:

- [2] 陈小勇. 生境片段化对植物种群遗传结构的影响及植物遗传多样性保护. *生态学报*, 2000, 20: 884~892.
- [3] 王峥峰, 高三红, 田胜尼, 等. 南亚热带森林片段化对厚壳桂种群遗传结构的影响. *生物多样性*, 2005, 13: 324~331.
- [6] 许凤华, 康明, 黄宏文, 等. 濒危植物毛柄小勾儿茶片段化居群的遗传多样性. *植物生态学报*, 2006, 30: 157~164.
- [7] 宋永昌, 陈小勇. 中国东部常绿阔叶林生态系统退化机制与生态恢复. 北京: 科学出版社, 2007.
- [8] 陈小勇. 生态恢复过程中的种群遗传学考虑. *长江流域资源与环境*, 2000, 9: 313~319.
- [9] 闫恩荣, 王希华, 施家月, 等. 木本植物萌枝生态学研究进展. *应用生态学报*, 2005, 16: 2459~2464.
- [16] 张欣, 徐高福, 沈栋伟, 等. 千岛湖岛屿苦槠种群的维持和天然更新. *生态学报*, 2007, 27: 424~431.
- [24] 陈小勇, 宋永昌, 黄山桥青冈种群的交配系统和近交衰退. *生态学报*, 1997, 17: 462~468.
- [31] 达良俊, 杨永川, 宋永昌. 浙江天童国家森林公园常绿阔叶林主要组成种的种群结构及更新类型. *植物生态学报*, 2004, 28: 376~384.