

42-43 2547 736 S 782 1601
四川南江两种水青冈种群遗传多样性初步研究*李俊清^① 吴刚^② 刘雪萍^①

(①北京林业大学森林资源与环境学院 北京 100083 ②中国科学院生态环境研究中心 北京 100085)

摘要 利用凝胶电泳法研究米心水青冈(*Fagus engleriana*)和巴山水青冈(*F. pashanica*)2个种4个种群的遗传多样性。所测定的酶系统包括:过氧化物酶(PX₁和PX₂)、磷酸葡萄糖脱氢酶(PGD)、酸性磷酸化酶(ACP)、超氧化物歧化酶(SOD)、谷氨酸草酰乙酸转氨酶(GOT₁和GOT₂)、异柠檬酸脱氢酶(IDH)、磷酸果糖异构酶(PGI)、甲基萘醌还原酶(MNR)、葡萄糖磷酸变位酶(PGM₁和PGM₂)和苹果酸脱氢酶(MDH₂)10种酶系统。测定和分析了水青冈等位基因频率、遗传多样性、固定指数、Hardy-Weinberg平衡和遗传距离指标,为进一步研究水青冈属各种间的亲缘关系和进化提供了科学依据。

关键词 基因频率,遗传多样性,Hardy-Weinberg平衡,固定指数,遗传距离。

STUDIES ON GENETIC DIVERSITY OF CHINESE BEECHES
IN NANJIANG, SICHUAN PROVINCELI Jun-Qing⁽¹⁾ WU Gang⁽²⁾ LIU Xue-Ping⁽¹⁾

(①. College of Forest Resources & Environment, Beijing Forestry University, Beijing, 100083, China
②. Research Centre for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Science, Beijing, 100085, China)

Abstract A gel electrophoresis method, was used to study the genetic diversity of *Fagus engleriana* and *F. pashanica* at Nanjiang Country, Sichuan Province. Ten allozymes were identified and they are: Peroxydase (PX₁ and PX₂), Phosphogluconate dehydrogenase (PGD), Acide phosphatase (ACP), Superoxyde dismutase (SOD), Glutamate oxaloacetate transaminase (GOT₁ and GOT₂), Isocitrate dehydrogenase (IDH), Phosphate glucose isomerase (PGI), Menadione reductase (MNR), Phosphoglucomutase (PGM₁ and PGM₂), and Malate dehydrogenase (MDH₂). We have determined and analysed the allelic frequency, genetic diversity, fixation index, Hardy-Weinberg equilibrium, and genetic distances of the 2 beech species. This results could be applied in the silvicultural practice, such as genetic improvement and species selection, and they could also provide some basic scientific information for the further studies of taxonomic relations and systematic evolution of the beech species in China.

Key words allelic frequency, genetic diversity, fixation index, Hardy-Weinberg law, genetic distance.

* 国家自然科学基金资助项目。

法国波尔多大学 B. COMPS 教授对本文的试验分析给予帮助,在此表示感谢。

收稿日期:1996-05-24,修改稿收到日期:1997-05-07。

水青冈属(*Fagus*)植物广泛分布于北半球温带地区,尤其在欧洲和北美是当地气候性顶极植被。中国水青冈属植物7种^[1],占全世界14种的一半,从数量上看是起源与分布中心,但从面积和优势程度看^[2],远非如此。水青冈化石在我国的黑龙江^[3],吉林和华北地区等^[4]都有发现,可见它在中国北方有生存的历史,并在长期的地理历史演化过程中逐渐衰退。水青冈是一世界性广泛分布树种;*F. engleriana*, *F. orientalis* 和 *F. sylvatica* 连接欧亚大陆;*F. grandifolia* 和 *Nothofagus* 横贯南北半球^[5]。研究它们的变化过程,对于揭示全球气候变化对植被的影响,以及欧亚大陆的地质与生物上的联系与分异都有重要参考价值。

遗传多样性是物种所携带遗传信息的总和,是长期进化的产物。一个种群的遗传多样性越高或越丰富,对环境变化的适应能力越强,越容易扩展其分布范围和开拓新的环境。可见物种的进化潜力和抵御不良环境的能力取决于遗传多样性的大小^[6]。研究四川南江两种水青冈遗传多样性有助于进一步了解其分布区减小的原因,以及为探讨与世界各地区水青冈属植物的进化关系和分布规律提供基础数据。

四川省南江县是我国水青冈属植物最集中分布区之一^[7],常见的有米心水青冈(*F. engleriana*),巴山水青冈(*F. pashanica*),长柄水青冈(*F. longipetiolata*)和亮叶水青冈(*F. lucida*)。尤其巴山水青冈是1987年才在该地区发现的新种^[8]。然而,这一地区的水青冈正在重复中国水青冈的历史,无论是面积还是蓄积都在以惊人的速度减少,当地林业部门担心在不远的将来,水青冈林会在这一地区消失。当然,这里面有过量采伐和更新不及时的原因,而另一方面是否存在水青冈等遗传多样性低,在人为干扰和自然环境突变时缺少潜在的基因资源去适应周围环境条件而逐渐衰退?从实践上看,要发展水青冈林就要从现有的各种资源中选择遗传多样性高,适应性强和生长快的品种。为此,基础性的遗传多样性研究无论在理论还是在实践上都具有十分重要的意义。

1 研究地区概况和研究方法

1.1 研究地区概况

四川省南江县保存有十分完整的大片原始水青冈林,面积近5~6万 hm^2 ,蓄积约200万 m^3 。由于该林区地处米苍山以南($32^{\circ}30' \sim 44^{\circ}N$; $106^{\circ}37' \sim 107^{\circ}07'E$),冬季受来自北方的冷空气干扰小,夏季东南季风至此又可凝云降雨,因此形成了该地温暖湿润的气候条件,地带性植被为山地常绿与落叶阔叶混交林。一些地段受局部气候条件的影响,落叶阔叶类仍居优势。另外由于大面积的人工造林,海拔1200m以下是以马尾松(*Pinus massoniana*),杉木(*Cunninghamia lanceolata*)和各种柏木(*Cupress*)等人工林为主的常绿针叶林;海拔1200~2100m是由水青冈,青冈属(*Cyclobanopsis*),槭属(*Acer*)和桦属(*Betula*)等形成的常绿阔叶与落叶阔叶混交林;海拔2100m以上是华山松(*Pinus armandii*),巴山松(*Pinus henryi*)和冷杉属(*Abies*)等形成的暗针叶林。四川南江属大巴山区,山地坡度 $20^{\circ} \sim 45^{\circ}$ 之间,年平均降水量1400mm,山高坡陡雨水大是其典型特征。水青冈林是南江林区的地带性植被,面积占林区的23.2%,蓄积占32.3%。保护水青冈林是维持区域生态平衡,防止水土流失和保障平原农业高产稳产的关键。

1.2 研究方法

1.2.1 取样 样品均于1995年春季取自四川省南江县国营林场,取样林分的环境条件相似,其方法是从每株树上剪下2个40~50cm长的枝条。采样时注意每两株距离保持在30~50m之间,每种群均分布在不同的集水区或有10km以上的地理隔离,每种群的样本数量为50株。巴山水青冈和米心水青冈各选择2个种群,其中只有巴山水青冈的1个种群(种群4)采自巴山水青冈纯林,其余均取自此2种及其它常绿阔叶树的混交林。

1.2.2 处理 在实验室内取每株树2枝条的新鲜叶,研磨后离心,取上清液,放入 -20°C 冰箱内贮存待用。

1.2.3 分析 采用两种凝胶电泳做10种酶系统13个位点的分析。其中过氧化物酶(PX_1 和 PX_2),磷酸葡萄糖酸脱氢酶(PGD),酶性磷酸化酶(ACP),超氧化物歧化酶(SOD)和谷氨酸草酰乙酸转氨酶(GOT_1 和 GOT_2)用聚丙烯酰胺凝胶电泳法;异柠檬酸脱氢酶(IDH),磷酸果糖异构酶(PGI),甲基萘醌还原酶(MNR),葡萄糖磷酸变位酶(PGM_1 和 PGM_2)和苹果酸脱氢酶(MDH_2)用淀粉凝胶电泳法^[9-11]。

1.2.4 计算^[12]

$$(1) \text{基因频率 } x_i = [2(i) + \sum_{ij}]/2N$$

(ii) 代表纯合子数; ij 代表包含一个 i 等位基因的杂合子数; N 代表种群个体数量。

(2) 基因多样性 某位点的基因多样性观测值为 $h = 1 - \sum x_i^2$

(3) 遗传距离 $D = -\ln I, I = P_{xy} / (P_x P_y)^{1/2}, P_{xy} = \sum x_i y_i, x_i$ 和 y_i 代表种群 x 和种群 y 在同一基因位点上第 i 个等位基因的频率, $P_x = \sum x_i^2, P_y = \sum y_i^2$ 。

(4) Hardy-Weinberg 平衡 $\chi^2 = \sum \frac{[|(O-E)| - 0.5]^2}{E}$

此公式应用 YATES 修正项, 其中 O 代表观测值, E 代表理论值

(5) 固定指数 $F_{is} = \frac{X - x^2}{x(1-x)}$

其中: X 代表某等位基因纯合子基因型频率, 当种群自交和杂合子适合度小于纯合子时, $F_{is} > 0$; 相反当种群杂合子适合度大于纯合子时, $F_{is} < 0$ 。

2 结 果

2.1 等位基因频率

表1所列13个基因位点中, 米心水青冈和巴山水青冈有2个明显特点, 以此相互区别: ①共有等位基因数量少, 除 SOD 外其余12个位点上, 2种群各具有1~3条特有等位基因。PX₁ 和 PX₂ 位点上有10条等位基因, 可以说数量不少, 但却没有一条为2种所共有。②基因频率不同, 虽然表1中有23条等位基因为米心水青冈和巴山水青冈共有, 约占总数(47条)的一半, 但却找不到一条频率完全相同的共有基因酶带, 甚至某些基因的频率相差极大, 如 GOT2-79 和 GOT2-61, 2种间基因频率相差10~40倍。

不过, 两种水青冈间的基因频率也有一定的相似性, 由表1可以发现, 几乎全部特有等位基因, 尤其是只为某一种群所特有的等位基因, 其频率都很低。如 PX₁-105=0.173, PGD-112=0.012, PGD-70=0.017, PGI-122=0.077等。另外大多数共有等位基因, 特别是为全部4个种群所共有的等位基因的频率均较高, 如 PGD-100, ACP-85, MDH-100, IDH-116, MNR-100, PGI-100, PGM1-100 和 PGM2-86 等。上述这2个特性又保证了同属间这2个种, 以及同种间2种群的同一性。

水青冈基因频率的变化不仅表现在种间, 而且也表现在种内。米心水青冈有4个不为2种群所共有的等位基因, 而巴山水青冈却有15个这样的等位基因。种群1(米心水青冈)在 PGM1 和 PGM2 位点上表现多型性, 而种群2确是单型的。种群3在 GOT1 和 GOT2 位点上各有3条基因酶带, 而种群4却只是1条, 可见, 种内不但有基因数量上的差异, 也有频率上的高低之分。总之, 两种水青冈在基因频率上, 具有较高的多态性, 相对比较, 巴山水青冈种内的变异比米心水青冈更大些。

2.2 遗传多样性

表2是4个水青冈种群的遗传多样性统计, 从中可以发现种间及种内的遗传多样性差别很大, 变化范围0~0.646。凡是只具有1条基因酶带的位点, 其多样性为0, 如种群4的 GOT1 和 GOT2; 种群2的 PGM1 和 PGM2。有时即使不是1条基因酶带, 但在该位点上有1条等位基因占绝对优势(频率极高), 基因多样性也低, 这一点可以从巴山水青冈在 IDH 和 MDH 位点上的多样性明显低于米心水青冈看出。

米心水青冈2种群的遗传多样性具有相似的变化规律, 如 PGD, ACP 和 MNR 较高, PGM1 和 PGM2 较低。与之比较巴山水青冈却不同, 如种群3在 GOT1 和 GOT2 位点上的基因多样性分别为0.356和0.371, 而种群4却为0, 在 PGI 位点上, 种群3是种群4基因多样性的23倍。可见巴山水青冈的种内变异大, 而米心水青冈2种群保持相对一致的多态结构。再从13个位点的平均基因多样性看, 种群3最高, 而种群4最低, 二者相差1.6倍, 相反种群1和2间的差别却很小。所以, 在蛋白质水平上检测的遗传变异对种内各种群间的测定更敏感。

2.3 Hardy-Weinberg 平衡检验

表3的 χ^2 统计证明, 米心水青冈的2个种群在13个基因位点上的频率完全符合 Hardy-Weinberg 平衡规律, 是一平衡种群。而巴山水青冈的种群3在 PX₂, GOT1, GOT2, PGD, PGI 和 PGM1, 种群4在 PX₂ 和 ACP 位点上与 Hardy-Weinberg 平衡有极显著的差别($P < 0.01$)。通过表2, 还可以清楚地看到这些偏离 Hardy-

Weinberg 平衡规律位点的基因多样性也高。应用一种非参数统计检验方法^[13]证明,种群3和4在上述不符

表1 米心水青冈和巴山水青冈的基因频率分布

Table 1 The genetic frequencies of *F. engleriana* and *F. pashanica*

基因位点 Gene loci	等位基因 Allelomorph	米心水青冈 <i>F. engleriana</i>		巴山水青冈 <i>F. pashanica</i>	
		种群1 Population 1	种群2 Population 2	种群3 Population 3	种群4 Population 4
PX1	105				0.173
	102			0.700	0.750
	98			0.300	0.077
	92	0.357	0.273		
	82	0.643	0.727		
PX2	52			0.217	0.113
	39			0.400	0.532
	26			0.383	0.355
	13		0.245		
	10	0.885	0.684		
	7	0.115	0.071		
GOT1	105	0.115	0.135	0.050	
	100	0.808	0.855	0.783	1.000
	95	0.077	0.010	0.167	
GOT2	79	0.404	0.360	0.033	
	70	0.577	0.640	0.200	
	61	0.019		0.767	1.000
PGD	112				0.012
	100	0.327	0.479	0.750	0.988
	92	0.154	0.323		
	84	0.519	0.198	0.233	
	70			0.017	
ACP	100	0.038	0.052	0.071	0.610
	92	0.442	0.458	0.571	
	85	0.519	0.490	0.357	0.390
SOD	112	0.192	0.180	0.483	0.663
	100	0.808	0.820	0.517	0.337
MDH	118	0.019	0.087		0.012
	100	0.778	0.808	0.900	0.988
	77	0.204	0.106	0.100	
IDH	125			0.050	0.012
	116	0.741	0.615	0.950	0.988
	84	0.259	0.385		
MNR	100	0.667	0.620	0.783	0.942
	86	0.037	0.080		
	68			0.217	0.058
	24	0.296	0.300		
PGI	122			0.077	
	108			0.308	
	100	0.850	0.804	0.615	0.988
	93	0.100	0.157		
	87	0.050	0.039		0.012
PGM1	110	0.056		0.155	0.465
	100	0.944	1.000	0.431	0.535
	93			0.414	
PGM2	90	0.056		0.063	0.523
	86	0.944	1.000	0.937	0.477

表2 米心水青冈(2种群)和巴山水青冈(2种群)遗传多样性比较

Table 2 Genetic diversity comparison among the populations of *F. engleriana* (2 populations) and *F. pashanica* (2 populations)

基因位点 Gene loci	米心水青冈		巴山水青冈	
	种群1	种群2	种群3	种群4
PX1	0.459	0.397	0.420	0.402
PX2	0.204	0.468	0.646	0.578
GOT1	0.328	0.249	0.356	0
GOT2	0.504	0.461	0.371	0
PGD	0.600	0.627	0.383	0.023
ACP	0.533	0.548	0.541	0.476
SOD	0.311	0.295	0.499	0.447
MDH	0.353	0.329	0.180	0.023
IDH	0.384	0.473	0.095	0.023
MNR	0.466	0.519	0.339	0.110
PG1	0.265	0.328	0.521	0.023
PGM1	0.105	0	0.619	0.498
PGM2	0.105	0	0.117	0.499
平均 Mean	0.355	0.361	0.391	0.239
标准差 Standard deviation	0.157	0.193	0.178	0.240

合 Hardy-Weinberg 平衡位点的遗传多样性显著大于同种群其它位点的遗传多样性($p=0.05$)。可见,在遗传多样性高的位点上,基因型频率有偏离 Hardy-Weinberg 平衡规律的趋势。

2.4 固定指数

多数杂交有机体的多态基因位点符合 Hardy-Weinberg 平衡规律,导致偏离这个规律的主要原因是一些生态因子的干扰,对此用一反映种群配子相互关系的参数(F_{is}),即固定指数来检测。表4是水青冈各种群的 X^2 检验结果,不难发现,许多位点上都是非零 F 值,其中巴山水青冈最为明显。种群3的8个非0位点上,均为 $F>0$,且6个是差异极显著($p<0.001$),说明该种群自交比例高,或杂合子适合度低。相对比较,米心水青冈的非零 F 值较少,受选择作用也弱。种群1和4的许多基因位点 $F<0$,可见它们自交率低,或杂合子适合度高于纯合子。

将表4和表3作一对比,就可清楚的看到,基因型频率偏离 Hardy-Weinberg 平衡规律的位点其种群的固定指数与0有显著或极显著差别。由于选择作用或者非随机交配,使基因频率与基因型频率在世代间不能保持恒定关系。从这点分析,巴山水青冈比米心水青冈受的影响更强烈,作用更显著。

2.5 遗传距离

根据两种水青冈4个种群之间的基因频率分布,得到它们种内种间遗传距离。由表5清楚看到,两种水青冈的种间遗传距离明显大于种内,尽管巴山水青冈两种群间的基因频率和多样性等差异很大,甚至大于它们与米心水青冈的差异,但这两种群间的遗传距离仍较小。可见,决定种群间遗传距离的因素主要是等位基因在数量和频率的大小,尽管巴山水青冈两种群间有较大的变异,但这种差异还主要是量上的,用遗传距离来衡量,巴山水青冈两种群的遗传结构相似,作为一个物种的基本特征不变。

3 讨论与结论

上述两种水青冈树的4个种群的遗传多样性分析结果说明,每个物种都具有特有的等位基因,但这个特有等位基因频率通常又较低,以保持两种间的一致性。米心水青冈种内变异较小,两种群的基因频率和基因多样性相似。巴山水青冈2个种群间等位基因频率和多样性差别较大,这显然受局部林分条件和酶活性的影响表现在基因水平上的变化。由于只有巴山水青冈的1个种群(种群4)取自混交林,而在其它环境条件下无显著差别,这就说明林分内不同种间可能存在一定的基因交流,从而导致巴山水青冈种内变异增大。从遗传距离上分析,种群3与种群1和2间的遗传距离均小于种群4与它们的遗传距离,可见来自混交林

表3 米心水青冈(种群1,2)和巴山水青冈(种群3,4)的 Hardy-Weinberg 平衡检验

Table 3 Fitness of the observed genotypes in *F. engleriana* and *F. pashanica* to the expected proportion of Hardy-Weinberg equilibrium

基因位点 Gene loci	种群	纯合子 (aa)	纯合子 (bb)	纯合子 (cc)	杂合子 (ab)	杂合子 (ac)	杂合子 (bc)	X ² 检验
PX1	1	4/2.7	10/8.7		7/9.6			0.881
	2	5/5.8	0/0.8		6/4.4			0.491
	3	14/14.7	2/2.7		14/12.6			0.111
	4	13/14.6	0/0.2	0/0.8	4/3.0	9/6.8	0/0.7	0.678
PX2	1	20/20.3	0/0.3	0/0.0	6/5.3	0/0.0	0/0.0	0.009
	2	21/22.9	1/2.9	2/0.2	22/16.4	3/4.8	0/1.7	0.208
	3	5/1.4	6/4.8	7/4.4	3/5.2	0/5.0	9/9.2	6.907**
	4	3/0.4	12/8.8	7/3.9	1/3.7	0/2.5	8/11.7	9.375**
GOT1	1	17/17.0	1/0.2	0/0.3	2/3.2	6/4.8	0/0.5	0.000
	2	40/38.1	2/0.9	0/0.0	9/12.0	0/0.9	1/0.1	0.627
	3	21/18.4	3/0.8	1/0.1	4/7.8	1/2.4	0/0.5	3.906**
GOT2	1	4/4.2	9/8.7	0/0.0	12/12.1	1/0.4	0/0.6	0.025
	2	10/6.5	24/20.5		16/23.0			3.443
	3	21/17.6	4/1.2	0/0.0	3/9.2	1/1.5	1/0.4	4.532**
PGD	1	3/2.8	1/0.6	6/7.0	1/2.6	10/8.8	5/4.2	0.001
	2	12/11.0	4/1.9	2/5.0	3/9.1	19/14.9	8/6.1	0.015
	3	21/16.9	5/1.6	0/0.0	3/10.5	0/0.8	1/0.2	6.880**
	4	42/42.0	0/0.0		1/1.0			0.247
ACP	1	4/5.1	6/7.0	1/0.0	15/11.9	0/0.9	0/1.0	0.062
	2	15/11.5	13/10.1	0/0.1	15/21.5	2/2.4	3/2.3	2.811
	3	10/9.1	6/3.6	0/0.1	8/11.4	4/2.3	0/1.4	1.005
	4	10/15.2	1/6.2		30/19.5			9.755**
SOD	1	16/17.0	0/1.0		10/8.1			0.364
	2	2/1.6	34/33.6		14/14.8			0.006
	3	10/7.8	9/6.8		10/14.5			2.188
	4	16/18.9	2/4.9		25/19.2			2.622
MDH	1	16/16.3	1/1.1	0/0.0	9/8.6	1/0.8	0/0.2	0.000
	2	33/33.9	0/0.4	0/0.6	8/7.3	10/8.9	1/1.0	0.169
	3	24/24.3	0/0.3		6/5.4			0.002
	4	42/42.0	0/0.0		1/1.0			0.247
IDH	1	14/14.8	1/1.8		12/10.4			0.200
	2	19/19.7	7/7.7		26/24.6			0.060
	3	27/27.1	0/0.1		3/2.9			0.047
	4	42/42.0	0/0.0		1/1.0			0.247
MNR	1	13/12.0	3/2.4	0/0.0	9/10.7	1/1.3	1/0.6	0.178
	2	22/19.2	3/0.3	5/4.5	0/5.0	18/18.6	2/2.4	2.388
	3	21/18.4	4/1.4		5/10.2			3.216
	4	38/38.1	0/0.1		5/4.7			0.010
PGI	1	16/14.4	1/0.2	0/0.1	1/3.4	1/1.7	1/0.2	0.832
	2	32/33.0	0/1.3	0/0.1	15/12.9	3/3.2	1/0.6	0.287
	3	6/2.5	15/9.8	0/0.2	1/9.8	3/1.2	1/2.5	9.958**
	4	42/42.0	0/0.0		1/1.0			0.247
PGM1	1	24/24.1	0/0.1		3/2.8			0.044
	3	11/5.0	8/5.4	1/0.7	2/10.3	0/3.7	7/3.9	10.435**
	4	10/9.3	13/12.3		20/21.4			0.075
PGM2	1	25/24.1	0/0.1		1/2.8			0.701
	3	21/21.1	0/0.1		3/2.8			0.039
	4	13/11.8	11/9.8		19/21.5			0.355

表4 米心水青冈(2种群)和巴山水青冈(2种群)的固定指数^{*}Table 4 Fixation (Fis) of *F. engleriana* (2 populations) and *F. pashanica* (2 populations) ^{*}

基因位点 Gene loci	米心水青冈		巴山水青冈	
	种群1	种群2	种群3	种群4
PX1	0.274 ⁺	-0.375 ^{**}	-0.111	-0.245 ⁺
PX2	-0.130	-0.091	0.381 ^{**}	0.498 ^{***}
GOT1	0.063	0.229	0.532 ^{***}	—
GOT2	0.007	0.306 [*]	0.551 ^{***}	—
PGD	-0.026	0.003	0.652 ^{***}	0.012
ACP	-0.082	0.239 ⁺	0.208	-0.537 ^{***}
SOD	-0.238 ⁺	0.051	0.310 [*]	-0.301 [*]
MDH	-0.049	-0.111	-0.111	-0.012
IDH	-0.157	-0.056	-0.053	-0.012
MNR	0.126	0.230	0.509 ^{***}	-0.062
PGI	0.434 ^{**}	-0.137	0.631 ^{***}	-0.012
PGM1	-0.059	—	0.499 ^{***}	0.065
PGM2	0.647 ^{***}	—	-0.067	0.114

*、+、: 0.05 < P < 0.10; *, 0.01 < P < 0.05; **, 0.001 < P < 0.01; ***, P < 0.001

表5 米心水青冈(种群1和2)和巴山水青冈(种群3和4)的遗传距离

Table 5 Genetic distance of *F. engleriana* (2 populations) and *F. pashanica* (2 populations)

种群	2(<i>F. engleriana</i>)	3(<i>F. pashanica</i>)	4(<i>F. pashanica</i>)
1(<i>F. engleriana</i>)	0.022	0.314	0.456
2(<i>F. engleriana</i>)		0.316	0.454
3(<i>F. pashanica</i>)			0.128

的种群3有更多的机会与米心水青冈进行基因交流。不过这种差异并未产生很强的种内遗传分化,即它们的遗传距离仍很小,可见同种水青冈仍保持其较稳定的遗传结构。

米心水青冈的2个种群完全符合 Hardy-Weinberg 平衡规律,而巴山水青冈的2个种群有8个基因位点偏离这个平衡。Hardy-Weinberg 平衡是关于种群基因频率和种群基因型频率相互关系的规律,是指在随机交配的大群体内,若没有选择,突变或迁移因素的作用,基因频率和基因型频率在世代间保持恒定^[14]。从这个意义上说,巴山水青冈不同世代种群间已受到选择或其它因素的影响,因而,基因频率与基因型频率偏离 Hardy-Weinberg 平衡规律。

巴山水青冈只在我国四川南江,湖北石门和浙江临安等狭小范围内分布^[7],文献[4]指出中国水青冈属的5个种中没有巴山水青冈,《中国植被》也没有巴山水青冈的林型分布和记载^[15],甚至有人怀疑巴山水青冈是否可作为一个独立的种存在,认为它可能是某一种水青冈的变型^[1,16]。由于巴山水青冈与米心水青冈的共有等位基因数量少,遗传距离大,而遗传距离正是代表种内和种间亲缘关系远近程度和基因流交换程度,以及相互授粉和种质渗入的可能性。二者具有如此大的差异,由同种产生新的地理变种的可能性很小。所以,即使巴山水青冈是一地理变种的话,也可能是由其它水青冈,如亮叶水青冈向西南分布的一个地理变型。由固定指数的测定和分析证明,巴山水青冈的 *F* 值多数大于0,显然受环境因子影响和选择作用较强,这里面既有杂合子适合度低的影响,也有自交和非随机交配的可能性。由于杂交种或新的地理变型必然受到诸多环境和遗传因素的影响,所以会出现偏离 Hardy-Weinberg 平衡规律和非零 *F* 值的现象。

与分布于欧洲的水青冈 *F. sylvatica* 相比,上述水青冈种群1,2和3都显著高于欧洲水青冈的遗传多样性^[19],这与我国水青冈的分布范围广,交配群体数量多和基因资源丰富有关。除有各地区种源的遗传变异外,还有基因流和基因飘移因素常导致种内和种间在时空上的遗传分化和多样性^[18~20]。所以生产实践中可以考虑开发遗传资源,尤其巴山水青冈种群变异大,应选择基因多样性高的地理类型,以利于保持优良性状,培育新的造林树种。

参 考 文 献

- 1 张永田,黄成就.壳斗科植物摘录(Ⅱ).植物分类学报,1988,26(2):111~119
- 2 Muhs H J. *The scientific basis for the evaluation of the genetic resources of Beech*. Proceedings of an EC Workshop. Ahrensburg, 1993
- 3 李景文主编.黑龙江森林.北京:中国林业出版社,1993
- 4 洪必恭,安树青.中国水青冈属植物的地理分布初探.植物学报,1993,35(3):229~233
- 5 Li Junqing & Wang Xianpu. Genetic diversity conservation and development of some rare and endangered species of beech forests in China's subtropical mountainous areas. *J. Beijing Forestry University*, 1995, 4: 1~16
- 6 葛 松,洪德元.遗传多样性及其监测方法.钱迎倩,马克平主编.生物多样性研究的原理与方法.北京:中国科学技术出版社,1994
- 7 杨玉波,李承彪主编.四川森林.北京:中国林业出版社,1992
- 8 杨钦凤.四川水青冈一新种.植物分类学报,1978,16(4):100~101
- 9 Thiebaut B, Lumaret R & Vernet P. The bud enzyme of beech (*Fagus sylvatica*). *Silvae Genet* 1982; 31: 51~60
- 10 D. Merzeau F, Di Giusto B, Comps B, et al. The allozyme Variants of beech (*Fagus sylvatica*). *Silvae Genet* 1989; 38: 195~201
- 11 Pasteur N. *Manuel Technique de Genetique par Electrophoresedes proteines*. Lavoisier, Paris, 1987
- 12 Nei M. *Molecular evolutionary genetics*. New York: Columbia University press, 1987
- 13 Schwartz. D. *Methodes statistiques a l'usage des medecines et des biologies*. Paris: Flammarion Medecine-Sciences, 1991
- 14 郭平仲.群体遗传学导论.北京:农业出版社,1993
- 15 吴征镒主编.中国植被.北京:科学出版社,1980
- 16 Kun-Fang Cao. *Fagus dominance in Chinese mountain forests*. Wageningen: ISBN, 1991
- 17 Comps B, Thiebaut B, Sugar I, et al. Genetic variance of the Croatian beech tands. *Ann Sci For*, 1991, 48: 15~28
- 18 Teissier T, Cros Du, Hetre Le. Paris: Publications scientifiques et Litteraires, 1982
- 19 Kim Z S. Inheritance of leucine aminopeptidase and acid phosphatase isoenzymes in beech. *Silvae Genet*, 1979, 28: 68~71
- 20 Muller-Stark G. Genetic differences between "tolerant" and "sensitive" beeches in environmentally stressed adult forest stand. *Silvae. Genet*. 1985, 34: 241~247