

广东南昆山与大岭山孑遗植物伯乐树群落特征比较与谱系地理学研究

王美娜^{1,2}, 乔琦³, 张荣京⁴, 胡普炜^{1,2}, 杨国^{1,2}, 陈红锋^{1*}

(1. 中国科学院华南植物园, 中国科学院植物资源保护与可持续利用重点实验室, 广州 510650; 2. 中国科学院研究生院, 北京 100039; 3. 河南科技大学农学院, 河南 洛阳 471003; 4. 华南农业大学生命科学学院, 广州 510642)

摘要: 以群落学方法和谱系地理学方法, 分析广东省南昆山与大岭山珍稀孑遗植物伯乐树种群之间的关系, 揭示它们的遗传结构并比较所处群落的异质性。群落分析发现, 南昆山和大岭山伯乐树所在群落无论在区系成分上还是在物种组成上均表现出极大相似性, 同时也稍有差异; 大岭山伯乐树所在群落的物种多样性不及南昆山; 两群落内伯乐树种群龄级结构均不完整, 而南昆山伯乐树种群相对表现出更强的生活力。谱系地理分析发现, 南昆山和大岭山伯乐树种群的单倍型多样性(h_d)分别为 0.682 和 0, 核苷酸多样性(π)分别为 0.181×10^{-3} 和 0, 两种群间的遗传分化系数 $G_{ST} = 0.167$, 基因交流系数 $N_m = 2.49$ 。研究表明, 南昆山和大岭山伯乐树种群为复合种群, 南昆山伯乐树种群起源可能更为古老。南昆山伯乐树种群单倍型多样性和核苷酸多样性较之大岭山伯乐树种群为高, 更具保护价值。

关键词: 伯乐树; 叶绿体 DNA; 群落特征; 谱系地理; 南昆山; 大岭山

中图分类号: Q948 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3142(2011)06-0789-06

Studies on the community feature comparison and phylogeography of relic plant *Bretschneidera sinensis* in Nankun and Daling Mountain, Guangdong Province

WANG Mei-Na^{1,2}, QIAO Qi³, ZHANG Rong-Jing⁴, HU Pu-Wei^{1,2},
YANG Guo^{1,2}, CHEN Hong-Feng^{1*}

(1. Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Sustainable Utilization, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China; 2. Graduate University of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China; 3. College of Agriculture, Henan University of Science and Technology, Luoyang 471003, China; 4. College of Life Sciences, South China Agriculture University, Guangzhou 510642, China)

Abstract: Chloroplast DNA (cpDNA) markers and community analysis methods were used to determine the relationship between populations of rare and relic plant *Bretschneidera sinensis* in Nankun Mountain and Daling Mountain and to identify the genetic structure and community feature differences. Community analysis revealed a strong similarity between the two populations in both floristic elements and species compositions, while also implied differences in species diversity, which was much greater in Nankun Mountain. The age structures of *B. sinensis* in the two communities were incomplete, and the population in Nankun Mountain showed greater vital force. Phylogeographical analyses indi-

收稿日期: 2011-03-07 修回日期: 2011-08-15

基金项目: 国家自然科学基金(31170196); 中国科学院生命科学领域前沿项目(Y021101002); 广东省自然科学基金(9151027501000070)[Supported by the National Natural Science Foundation of China(31170196); Leading Program for Life Sciences of Chinese Academy of Sciences(Y021101002); the Natural Science Foundation of Guangdong Province (9151027501000070)]

作者简介: 王美娜(1986-), 女, 山东莒县人, 在读硕士, 从事保护生物学和谱系地理学研究。

* 通讯作者: 陈红锋, 男, 博士, 研究员, 主要从事植物分类学与生物地理学研究, (E-mail) h. f. chen@scbg. ac. cn.

cated that the haplotype diversity(h_d) of populations in Nankun and Daling Mountains was 0.682 and 0 respectively, and the nucleotide diversity(π) was 0.181×10^{-3} and 0 respectively. G_{ST} and N_m between the two populations were 0.167 and 2.49 respectively. The study indicated that the two populations represented a metapopulation, and the origin of the *B. sinensis* population in Nankun Mountain might be more primitive. Both haplotype diversity and nucleotide diversity of *B. sinensis* were much higher in Nankun Mountain than in Daling Mountain; therefore, the conservation of *B. sinensis* in Nankun Mountain should be of higher significance.

Key words: *Bretschneidera sinensis*; cpDNA; community features; phylogeography; Nankun Mountain; Daling Mountain

伯乐树(*Bretschneidera sinensis*)是以我国为分布中心的单种科植物,它曾为第三纪古热带植物区系常见的阳性先锋树种,但经过地质气候变迁及人类活动干扰等因素的共同作用,现零星残存于中国长江以南各省区海拔 500~1 500 m 的山地常绿阔叶林或山地常绿阔叶混交林中(吴征镒等,2003),成片断化分布的濒危状态,亟需保护。保护物种从某种意义上说就是保护物种的遗传多样性或进化潜力(杨琴军等,2009)。遗传多样性是生物多样性的本质,是物种长期进化的产物,是种群生存和发展的前提,研究遗传多样性的空间分布对珍稀濒危物种保护措施的制定有重要意义(Escudero 等,2003);同时,因为每个生物有机体的分布都不是随机的,而是气候、地形、土壤及生物区系等各种因子总和作用的结果(Saek 等,2009),因此对珍稀濒危物种所经历的种群历史的研究在保护生物学实践中也同样不可忽视(Byrne,2007)。为此,近年来谱系地理学被越来越多的应用在保护生物学的研究中(王翀等,2008;Saeki,2009)。目前,关于伯乐树的保护生物学研究大都停留在单个种群的层面上,对其濒危机制的探讨主要集中在伯乐树个体生物学和生态学特性上(乔琦,2010b),关于伯乐树多种群的联合研究及谱系地理学研究尚未见报。

在广东省,除了粤北南岭山地和粤东部分地区外,伯乐树仅在粤中南昆山、大岭山及邻近地区有零星分布[1]。本研究选择广东南昆山与大岭山伯乐树种群为研究对象,采用谱系地理学方法并结合群落特征以探讨两种群之间的关系,揭示两种群的遗传结构,比较所处群落的差异性,为伯乐树的保护提供科学依据。

1 研究地概况

1.1 广东惠州南昆山

广东南昆山横跨广东省龙门、增城和从化三县

市,是珠江三角洲地区生物资源最丰富的地域之一,属典型南亚热带海洋性季风气候,植物种类丰富,于 1984 年建立国家级森林公园和省级自然保护区。在地质构造上处于新丰江—花县北东—南西走向大断裂带的南缘,呈北西南三面高、东面低的马蹄形封闭式中山地形(陈章和等,1983;林媚珍等,1996)。该地区也是伯乐树野生资源最丰富的地域之一。

1.2 广东从化大岭山

广东从化大岭山位于广州市东北部,北回归线附近。区内中山、低山和丘陵三种地貌类型交错、形成险峻的沟谷景观。山地东北—西南走向,属南岭山系的九连山余脉。该地属亚热带季风气候,气候终年温和,雨量充沛,干湿季节明显。该地保留有广州地区仅存的 1 067 hm² 原始次生林,也是珠三角生物多样性保存最完好的地区之一(乔琦,2010)。

2 材料与方法

2.1 群落学方法

以《广东省南昆山伯乐树的群落特征和就地保护策略》及《广东大岭山伯乐树群落特征及其保护策略》中的群落数据为基础(乔琦,2010),来分析广东南昆山和大岭山两伯乐树种群植物区系的异质性。本研究采用区系的科、属、种相似性统计方法,来比较两群落地理成分的;采用 α 多样性指数(Simpson,1949;Magurran,1998;钱迎倩等,1994)计算两群落乔木层的物种多样性:

物种丰富度指数: $R_0 = S$;

Margalef 指数: $E = (S - 1) / \ln N$;

优势度 Simpson 指数(D): $D = 1 - \sum P_i^2$;

Shannon-Wiener 指数(H'): $H = -\sum P_i \ln P_i$;

Pielou 均匀度指数: $J = (-\sum (P_i \ln P_i)) / \ln S$

式中, S 为样方的植物种类总和; P_i 为物种 i 的个体数占所有种个体数的比率; N 为样方所有物种个体数总和。

2.2 谱系地理学方法

分别从南昆山和大岭山两个伯乐树种群中选取 12 株伯乐树, 采集其较为幼嫩的叶片作为分子实验材料。所采集个体基本覆盖了伯乐树在大岭山和南昆山的整个分布范围, 所采个体间相隔至少 30 m 以上, 新鲜叶片采集后随即用硅胶干燥。总 DNA 提取采用 CTAB 法 (Doyle & Doyle, 1987)。选取两个叶绿体 DNA (cpDNA) 非编码区片断 (rps11-rps8, trnT-trnL) 对两个居群 24 个个体进行扩增和测序。扩增反应在 Robocycler Gradient 96 (Sensoquest Germany) 扩增仪上进行, 反应体系为 40 μL : 4 μL 10 \times PCR buffer (Takara, 含 Mg^{2+}), 100 mm dNTP, 上、下游引物各 10 μM , 以及 4 个单位的 rTaq 酶 (Takara)。扩增反应程序为: 预变性 94 $^{\circ}\text{C}$ 4 min, 接以 35 个以下循环: 95 $^{\circ}\text{C}$ 50 s, 退火温度 50 s, (rps11-rps8 和 trnT-trnL 的退火温度分别为: 57 $^{\circ}\text{C}$ 和 54 $^{\circ}\text{C}$), 72 $^{\circ}\text{C}$ 1.5 min, 最后以 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min 结束。大岭山伯乐树种群因叶片保存不当, 12 个个体中只有 9 个个体成功扩增并测序。

测序结果采用 Bioedit 7.0.9.0 (Hall, 1999) 软件中 Clustal W 程序进行序列比对, 并加以手工校

正。用 DnaSP 5.00.05 (Librado & Rozas, 2009) 统计两种群中单倍型的数目, 并计算单倍型多样性及遗传分化系数 G_{ST} 。利用 Arlequin 3.5 (Excoffier & Lischer, 2009) 计算种群核苷酸多样性。为探讨两种群单倍型之间的关系, 用 Network 4.6.0.0 (Fluxus Technology Ltd. at www.fluxus-engineering.com/network_terms.htm) 软件中的 median-joining 方法构建 cpDNA 单倍型网络关系, 各单倍型之间由突变连接。

3 结果与分析

3.1 两群落地理成分比较

从表 1 看出, 南昆山伯乐树所在群落与大岭山伯乐树所在群落在属的分布区类型上表现出极大相似性, 两群落中属的分布区类型都以泛亚热带成分为主, 分别占 29.79% 和 39.62%; 其次均为热带亚洲分布, 分别为 15.96% 和 18.87%。属温带性质的分布区类型在两个群落中所占的比重都较小。值得注意的是, 在南昆山伯乐树群落中, 中国特有分布属占 4.26%, 而大岭山伯乐树群落中仅占 1.89%, 即

表 1 南昆山和大岭山伯乐树所在群落属的分布区类型

Table 1 The genera distribution types of *B. sinensis* community in Nankun and Daling Mountain

分布区类型 Distribution types	大岭山		南昆山	
	属数 No. of genera	占总属数百分比 Percentage in total genera (%)	属数 No. of genera	占总属数百分比 Percentage in total genera (%)
1 世界分布 Cosmopolitan	2	—	6	—
2 泛热带分布 Pantropic	21	39.62	28	29.79
3 热带亚洲和热带美洲间断分布 Trop. Asia-Trop. Amer. Disjunction	2	3.77	8	8.51
4 旧世界热带分布 Old World Tropics	7	13.21	10	10.64
5 热带亚洲至热带大洋洲分布 Trop. Asia-Trop. Austr.	3	5.66	12	12.77
6 热带亚洲至热带非洲分布 Trop. Asia-Trop. Africa	2	3.77	3	3.19
7 热带亚洲(印度—马来西亚)分布 Trop. Asia(Indo-Malesia)	10	18.87	15	15.96
8 北温带分布 N. Temp.	4	7.55	2	2.13
9 东亚和北美洲间断分布 E. Asia-N. Amer. Disjunction	2	3.77	6	6.38
11 温带亚洲分布 Temp. Aisa	—	—	1	1.06
14 东亚分布 E. Asia	1	1.89	5	5.32
15 中国特有分布 Endemic to China	1	1.89	4	4.26
合计 Total	55	100.00	100	100.00

注: 数据来源(乔琦, 2010)。下同。

只出现了伯乐树属 1 属。在 800 m^2 的南昆山伯乐树所在群落共统计到维管束植物有 100 属, 而 1 200 m^2 的大岭山伯乐树所在群落只有 55 属。

对含有 4 种以上的木本维管束科进行统计和比较(表 2)发现, 在两个群落中含有 4 种以上的科均

包含了樟科、茜草科、紫金牛科、山茶科和蔷薇科, 其中樟科植物是两个群落中植物种类最多的科。而在南昆山伯乐树群落中植物种类出现最多的另外一个大科——壳斗科——在大岭山伯乐树群落中出现种类却很少。另外, 在南昆山伯乐树群落中出现的另

外两个重要的科——木兰科和冬青科——在大岭山伯乐树群落中也鲜有出现。比较两群落的优势种发现:大岭山伯乐树所在群落乔木层优势种为浙江润楠(*Machilus chekiangensis*),南昆山伯乐树所在群落乔木层优势种不明显,以挺叶柯(*Lithocarpus ithyphyllus*)重要值最高。

3.2 两群落乔木层物种多样性分析

物种多样性是群落的种数、个体总数以及均匀度的综合概念,它不仅由群落本身的类型结构决定,亦受其演替阶段、微生物及人类活动的影响,可以作为反映群落稳定性和动态的定量指标(彭少麟等,

1983)。对南昆山和大岭山伯乐树所在群落乔木层物种多样性指数进行计算,计算结果如表3所示。Shannon-Wiener 指数为变化的指数,物种数量越多,分布越均匀,其数值越大;而 Simpson 指数表示该群落优势度的统计量,其值越大表明群落的优势种越明显,它随一个或几个物种优势度的增加而增加。物种丰富度 Margalef 指数是一定样方面积内的物种数,其大小与群落的取样面积有关。从表3可见,1200 m² 大岭山伯乐树所在群落乔木层的物种多样性各项指数均低于 800 m² 大岭山伯乐树所在群落乔木层的物种多样性指数。表明南昆山伯乐

表2 大岭山、南昆山伯乐树所在群落中含有4种以上科的木本维管束植物统计
Table 2 Woody vascular Families including 4 or more than 4 species in the *B. sinensis* community of Nankun and Daling Mountain

大岭山			南昆山		
科名 Families	属数 Genera	种数 Spices	科名 Families	属数 Genera	种数 Spices
樟科 Lauraceae	3	5	樟科 Lauraceae	3	8
茜草科 Rubiaceae	4	5	壳斗科 Fagaceae	2	8
紫金牛科 Mrsinaceae	3	4	紫金牛科 Mrsinaceae	4	7
山茶科 Theaceae	2	4	山茶科 Theaceae	4	6
蔷薇科 Rosaceae	2	4	茜草科 Rubiaceae	5	5
—	—	—	木兰科 Magnoliaceae	3	4
—	—	—	蔷薇科 Rosaceae	2	4
—	—	—	冬青科 Aquifoliaceae	1	4

表3 南昆山和大岭山伯乐树所在群落乔木层物种多样性指数

Table 3 The species diversity index of tree-layer in *B. sinensis* community in Nankun and Daling Mt.

群落 Community	面积 Size (m ²)	物种丰富度指数 Species diversity index (S)	多样性指数 Shannon index (H')	多样性指数 Simpson index (D)	物种丰富度指数 Margalef (E)	均匀度指数 Evenness index (Jsw)
南昆山伯乐树所在群落 <i>B. sinensis</i> community in Nankun Mt.	800	57	1.461	0.943	22.568	0.832
大岭山伯乐树所在群落 <i>B. sinensis</i> community in Daling Mt.	1200	21	0.938	0.826	8.822	0.709

树所在群落乔木层有更好的物种丰富度和均匀度。

3.3 种群龄级结构分析

参照曲仲湘的立木级法(曲仲湘等,1952),将伯乐树植株划分为6个等级。I级:树高≤1 m,胸径≤2 cm;II级:树高1~4 m,胸径2~5 cm;III级:树高4~8 m,胸径5~8 cm;IV级:树高8~13 m,胸径8~15 cm;V级:树高13~18 m,胸径15~30 cm;VI级:树高于18 m,胸径大于30 cm。比较伯乐树种群在两群落中的年龄结构发现(图1):两群落中伯乐树种群的年龄结构均不完整。在大岭山伯乐树种群中,缺少V、VI级大树,在南昆山伯乐树种群中缺少II级幼树。两种群的生活力都较弱,表现在:整个

种群规模小,幼苗、幼树稀少或缺乏,大树亦不多。相比而言,南昆山伯乐树种群有更多个体,并有可以开花结实的数株大树出现,表现出更强的生活力。

3.4 遗传结构分析

在伯乐树2个种群21个个体中,rps11-rps8和trnT-trnL排序后的片段长度分别为832 bp和741-749 bp,检测到两处核苷酸变异:1处碱基替换,1处cpSSRs长短变异,共产生3个单倍型(表4)。南昆山和大岭山伯乐树种群的核苷酸多样性(Nucleotide diversity, π)分别为 0.181×10^{-3} 和0;单倍型多样性(haplotype diversity h_d)分别为:0.682和0。南昆山伯乐树种群无论在核苷酸多样性还是单倍型

多样性上都远高于大岭山伯乐树种群。南昆山种群表现出较高的单倍型多样性, 两种群的核苷酸多样性均较低。两种群间的遗传分化系数($G_{ST}=0.167$)相对较低, 表明两种群间存在一定遗传分化; 基因交流系数 $N_m=2.49$, 大于 1, 表明两种群间存在基因交流。

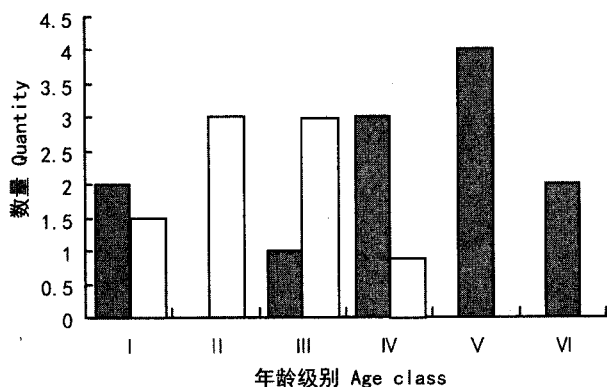


图 1 南昆山和大岭山伯乐种群的年龄结构
(蓝色和白色分别示南昆山和大岭山伯乐树种群年龄结构)

Fig. 1 Size-class structure of *B. sinensis* populations in Nankun and Daling Mountain

表 4 各单倍型出现地点、个体数及变异位点

Table 4 The location, individual size and variable sites of each haplotype

单倍型 Haplotype	地点 Location	个体数 Individual size	变异位点 Variable Sites
A	南昆山	3	C A(TA)4
B	南昆山	3	A A(TA)3
C	南昆山、大岭山	15	C A(TA)5

表 5 南昆山和大岭山伯乐树种群个体数、单倍型个数、单倍型多样性及核苷酸多样性

Table 5 Sample sizes (n), haplotype diversity (h_d) and nucleotide diversity (π) of *B. sinensis* population in Nankun and Daling Mountain

居群 Population	个体数 Individual size	单倍型 个数 No. of hap.	单倍型 多样性 h_d	核苷酸 多样性 $\pi \times 10^{-3}$
南昆山 Nankun Mt.	12	3	0.68182	0.181(0.201)
大岭山 Daling Mt.	9	1	0	0(0)

3.5 单倍型关系分析

本研究所产生的 3 个单倍型在南昆山种群中均有分布, 而大岭山种群只有单倍型 C 出现。单倍型 A、B 为南昆山种群所特有, 单倍型 C 为两个种群所共有。利用 NETWORK 所构建的单倍型网络关系图如图 2 所示。根据溯祖理论可知, 古老的、在进化上出现较早的单倍型往往出现在单倍型网络图的内

支, 由古老单倍型衍生的单倍型往往出现在网络图的外支。由此可推断, 单倍型 A 为较古老的单倍型, 单倍型 B 和 C 为单倍型 A 的衍生单倍型。

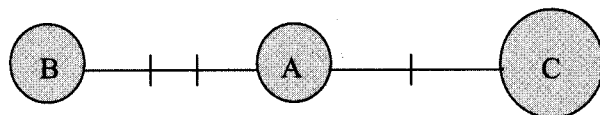


图 2 南昆山和大岭山伯乐树种群
3 个单倍型的 MJ 网络图

(圆圈大小表示单倍型出现的频率)

Fig. 2 Median-joining network of the 3 haplotypes detected in Nankun and Daling Mountain of *B. sinensis* populations. (Solid bars indicate the number of mutational steps).

4 讨论

群落学研究结果表明, 大岭山和南昆山伯乐树所在群落无论从区系成分上还是在物种组成上均表现出极大的相似性, 异质性低。两群落种类的区系成分均以泛热带成分占优势, 并有少量温带性质的分布区类型出现; 在物种组成上均以樟科植物为主, 并伴有热带性质的茜草科、紫金牛科等植物出现, 表现出典型的南亚热带山地常绿阔叶林的特征。两群落在表现出相似性的同时, 也稍有差异, 壳斗科、木兰科及冬青科在南昆山群落中均为非常重要的科, 而在大岭山群落中鲜有出现; 南昆山伯乐树所在群落中国特有分布属成分较大岭山群落为多; 大岭山群落的物种组成不论在丰富度还是均匀度上都小于南昆山。两群落的优势种亦有所不同。出现这种现象的原因可能是南昆山伯乐树所在群落物种组成更加丰富的表现; 或是南昆山与大岭山的生境差异造成了两地物种组成及优势种的不同。

谱系地理分析发现, 大岭山伯乐树种群遗传多样性低于南昆山伯乐树种群。南昆山伯乐树种群中检测到较高的单倍型多样性 ($h_d=0.682$), 相对于其他子遗或特有物种已经表现出了较高的种群单倍型多样性, 如银杏 (*Ginkgo biloba*) 单倍型多样性最高的种群 h_d 为 0.564 (Gong 等, 2008), 伞花木 (*Eurycorymbus cavaleriei*) 单倍型多样性最高的种群 h_d 为 0.688 (Wang 等, 2009)。冰期避难所往往是遗传多样性丰富、有古老单倍型和特有单倍型出现, 并在冰川来临时期生态环境表现较为稳定的地区 (Templeton, 1995; Gong 等, 2008; Wang 等, 2009)。在本

研究所检测到的3个单倍型中,有两个单倍型(包括较为古老的单倍型A)为南昆山所特有,衍生单倍型C为两种群所共有,说明南昆山伯乐树种群起源更为古老。群落学分析发现,南昆山群落中除伯乐树外还有其他中国特有成分出现,具有较多的中国特有成分和较好的物种丰富度。据此,我们推测南昆山可能为伯乐树第四纪冰期在中国的避难所之一,当然这一观点需要进一步的研究来确证。南昆山和大岭山伯乐树种群间的遗传分化系数 $G_{ST}=0.167$, 基因交流系数 $N_m=2.49$ 。Petit等(2005)研究表明被子植物的平均 G_{ST} 为 0.637, 说明南昆山和大岭山伯乐树种群间遗传分化低于被子植物的平均水平, 有一定基因交流存在。综上, 我们可做两种可能的推测: 大岭山伯乐树种群由南昆山与大岭山相邻近区域的伯乐树个体短距离扩散而来; 亦或, 伯乐树曾经在大岭山和南昆山及其邻近地区均匀分布, 经过冰期间冰期气候变换、地质变迁及人为因素影响等致使其分布区破碎化, 形成“孤岛”, 而曾在两地相邻的伯乐树群体在遗传结构上必定相似, 这也是大岭山和南昆山拥有共同单倍型的原因所在, 同时, 两种群的所处的生境条件极其相似, 因此在生境破碎化后大岭山种群应该并没有产生过多的遗传变异而表现出较大的遗传分化。

伯乐树在南昆山和大岭山两地的分布均在海拔500 m以上, 空间上不相连续, 又存在一定的基因交流使两者在功能上相互联系。空间上彼此隔离, 而功能上又相互联系的两个或两个以上亚种群或局域种群组成的种群缀块系统(Systems of patch populations)称为复合种群。本研究中两伯乐树种群满足复合种群的条件, 为复合种群。伯乐树自身扩散能力低, 种子大又有光滑的假种皮, 很难依靠动物携带进行长距离扩散; 伯乐树的传粉昆虫的携粉能力均较弱(乔琦, 2010), 种群间依靠花粉进行的基因交流也较为有限。本研究中两伯乐树种群规模都较小加之年龄结构不完整, 使得两地伯乐树受环境气候变迁及种间竞争关系影响敏感, 且南昆山和大岭山伯乐树种群异质性低, 在长期自然和人为因素的影响下, 伯乐树分布区的周边环境大多已被开发, 生态环境脆弱, 加剧了南昆山和大岭山保护区生物多样性的敏感和脆弱, 两种群难以长期续存。加强繁殖体间的交流, 减少局部灭绝概率、促进再定居过程, 是稳定和保护复合种群的有效策略之一(Hanksi, 1999)。想要使伯乐树在广东地区乃至伯乐树整个

分布区域内长期续存可从以下三方面入手: 首先, 在对伯乐树区域种群进行长期、全面的调查和观测的基础上, 加入更多的局域种群, 构建亚种群数量更多、生境异质性更丰富的伯乐树复合种群, 探索建立其间的生境廊道, 加强保护区的建设。其次, 采用传统的控制授粉策略恢复受威胁或衰退的群体, 丰富其遗传多样性, 具体的方法是在遗传上有显著差异的个体或群体间进行人工杂交, 将杂交后代引进新的适宜生境, 这可能是有效的缓解其生境片断化和群体衰退的有效方法(Ge等, 1998)。然而, 随意加强种群间基因交流可能会导致种群内适应各个异质性生境的特化基因消失从而降低物种的适应性(张仁波等, 2007), 所以在进行人工群体或地区间杂交之前应先通过实验进行认真的评估。第三, 加强其生物学、生态学特性和繁殖技术的研究、突破繁殖难关对伯乐树种群复壮也非常必要。研究还表明, 南昆山伯乐树种群拥有更高的核苷酸多样性和单倍型多样性, 且有较为古老的单倍型和特有单倍型出现, 起源更为古老, 并且南昆山有更多的中国特有种和较好的物种丰富度, 保护南昆山伯乐树可以更为全面的保护伯乐树的遗传多样性, 同时还可以保护更多的其它物种, 因此, 南昆山伯乐树种群较之大岭山伯乐树种群更具保护生物学意义。

致谢 本文在撰写过程中承蒙广西植物研究所韦霄研究员、中国科学院华南植物园王峥峰研究员、刘卫副研究员以及李忠超、颜海飞博士提出建设性修改意见和建议, 承蒙杰克逊州立大学标本馆馆长Jimmy Triplett对本文英文摘要提出宝贵修改意见, 在此诚表感谢!

参考文献:

- 王翀. 2008. 绞股蓝属遗传多样性与谱系地理学研究[D]. 西北大学博士论文, 1-83
- 乔琦. 2010. 珍稀植物伯乐树的濒危机制和保育技术研究[D]. 中国科学院研究生院博士论文: 1-156
- 吴征镒, 路安民, 汤彦承, 等. 2003. 中国被子植物科属综论[M]. 北京: 科学出版社: 702-703
- Byrne, M. 2007. Phylogeography provides an evolutionary context for the conservation of a diverse and ancient flora[J]. *Aus J of Bot*, 55: 316-325
- Chen ZH(陈章和), Li MG(李鸣光), Lv XH(吕小红). 1983. A study on the forest communities in Natural Reserve of Nankun Mountain, Guangdong(广东南昆山自然保护区森林群落)[J]. *Ecol Sci(生态科学)*, 12: 19-29
- Doyle JJ, Doyle JL. 1987. A rapid DNA isolation procedure for (下转第812页 Continue on page 812)

- the Kozak sequence[J]. *Br J Haematol*, **124**(2):224-231
- Diella F, Cameron S, Gemund C, et al. 2004. ELM: a database of experimentally verified phosphorylation sites in eukaryotic proteins BMC[J]. *Bioinformatics*, **5**:79
- Farriol-Mathis N, Garavelli JS, Boeckmann B, et al. 2004. Annotation of post-translational modifications in the Swiss-Prot knowledge base[J]. *Proteomics*, **4**(6):1 537-1 550
- Gasteiger E, Hoogland C, Gattiker A. 2005. Protein Identification and Analysis Tools on the ExPASy Server[M]//John M, Walker(ed). *The Proteomics Protocols Handbook*. New York: Humana Press:571-607
- Hiraga S, Sasaki K, Ito H, et al. 2001. A large family of class III plant peroxidases[J]. *Plant Cell Physiol*, **42**(5):462-468
- Jacek S, Loewen PC. 2002. Diversity of properties among catalases [J]. *Arch Biochem Biophys*, **401**(2):145-154
- Jiang XL(蒋选利), Li ZC(李振歧), Kang ZS(康振生). 2001. The recent progress of research on peroxidase in plant disease resistance(过氧化物酶与植物抗病性研究进展)[J]. *J Northwest Sci-Tech Univ Agric Fore*(西北农林科技大学学报), **29**:124-129
- Kozak M. 1987. An analysis of 5'-noncoding sequences from 699 vertebrate messenger RNAs[J]. *Nucleic Acids Res* **15**(20):8 125-8 148
- Li YX, Chen L. 2003. Isolation of total RNA from dry seeds of *Davidia involucrata*[J]. *J Southwest Chin Norm Univ*(Nat Sci Edi), **28**:108-111
- Liu YD(刘应迪), Cao T(曹同), Xiang F(向芬), et al. 2001. Effect of high temperature stress on the activity of peroxidase of two species of mosses(高温胁迫下两种藓类植物过氧化物酶活性的变化)[J]. *Guihaia*(广西植物), **21**(3):255-258
- Luo YJ(罗勇军), Luo GF(罗光富), Huang YP(黄应平). 2004. Advances on the simulation of peroxidase and its applications(过氧化物酶模拟及应用研究进展)[J]. *J Instr Analysis*(分析测试学报), **23**:36-142
- Mackey AJ, Haystead TA, Pearson WR. 2002. Getting more from less: algorithms for rapid protein identification with multiple short peptide sequences[J]. *MCP*, **1**(2):139-147
- Rodriguez-Lopez JN, Espin JC, Del Amor F, et al. 2000. Purification and kinetic characterization of an anionic peroxidase from melon(*Cucumis melo*) cultivated under different salinity conditions[J]. *J Agric Food Chem*, **48**:1 537-1 541
- Stefan AR, Daniel L, Andreas DZ, et al. 2008. The physcomitrella genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants[J]. *Science*, **319**(5 859):64-69
- Urry DW. 2004. The change in Gibbs free energy for hydrophobic association - Derivation and evaluation by means of inverse temperature transitions[J]. *Chem Phys Lett*, **399**(1-3):177-183
- Welinder KG, Justesen AF, Kjaersgard IV. 2002. Structural diversity and transcription of class III peroxidases from *Arabidopsis thaliana*[J]. *FEBS J*, **269**:6 063-6 081

(上接第 794 页 Continue from page 794)

- small quantities of fresh leaf material[J]. *Phytochem Bull*, **19**:11-15
- Escuder A, Iriond JM, Torres ME. 2003. Spatial analysis of genetic diversity as a tool for plant conservation[J]. *Biol Conserv*, **113**:351-365
- Excoffier L, Lischer H. 2009. Arlequin Ver3. 5: An integrated software package for population genetics data analysis. <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>
- Ge S, Hong DY, Wang HQ, et al. 1998. Population genetic structure and conservation of an endangered conifer, *Cathaya argyrophylla* (Pinaceae)[J]. *Int J Plant Sci*, **159**:351-357
- Gong W, Chen C, Dobeš C, et al. 2008. Phylogeography of a living fossil, pleistocene glaciations forced *Ginkgo biloba* (Ginkgoaceae) into two refuge areas in China with limited subsequent postglacial expansion[J]. *Mol Phylogenet Evol*, **48**:1 094-1 105
- Hall, TA. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT[J]. *Nucleic Acids Symp Ser*, **41**:95-98
- Hanski I. 1999. Metapopulation ecology[M]. Oxford University Press, Oxford.
- Librado P, Rozas J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data[J]. *Bioinformatics*, **25**:1 451-1 452
- Lin MZ(林媚珍), Zhou ZD(卓正大). 1996. Basic features of the flora in Mt. Nankun of Guangdong Province(广东南昆山植物区系的基本特征)[J]. *J South Chin Norm Univ*(华南师范大学学报), **2**:74-79
- Peng SL(彭少麟), Wang BS(王伯荪). 1983. Analysis on the forest communities of Dinghushan. I. species diversity[J]. *Ecol Sci*(生态科学), **1**:11-17
- Petit RJ, Duménil J, Fineschi S, et al. 2005. Comparative organization of chloroplast, mitochondrial and nuclear diversity in plant population[J]. *Mol Ecol*, **14**:689-701
- Qu Z X, Liu ZW, Zhu K G. 1952. An analytical study of the Spirit Valley, Nanjing. *Acta Bot Sin*, **1**(1):18-19
- Saeki I, Murakami N. 2009. Chloroplast DNA phylogeography of the endangered Japanese Red Maple (*Acer pycnanthum*): the spatial configuration of wetlands shapes genetic diversity[J]. *Divers Distrib*, **15**:917-927
- Templeton AR, Routman E, Phillips CA. 1995. Separating population structure from population history: a cladistic analysis of the geographical distribution of mitochondrial DNA haplotypes in the tiger salamander, *Ambystoma tigrinum*[J]. *Genetics*, **140**:767-82
- Wang J, Gao P, Huang HW. 2009. Refugia within refugia: the case study of a canopy tree (*Eurycorymbus cavaleriei*) in subtropical China[J]. *J Biogeogr*, **36**:2 156-2 164
- Yang QJ(杨琴军), Chen GF(陈光富), Liu XQ(刘秀群), et al. 2009. Analysis of genetic diversity of *Taiwania cryptomerioides* in Xingdoushan, Hubei province(湖北星斗山台湾杉居群的遗传多样性研究)[J]. *Guihaia*(广西植物), **29**(4):450-454
- Zhang RB(张仁波), Dou QL(窦全丽), He P(何平), Deng HP(邓洪平). 2007. Analysis of genetic diversity in *Thuja sutchuenensis* populations as revealed by morphological and molecular data (濒危植物崖柏遗传多样性研究)[J]. *Guihaia*(广西植物), **27**(5):687-691