

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw201511032

引文格式: 李龙梅, 石晓蒙, 蒋维昕, 等. 广西境内马褂木天然群体遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 广西植物, 2017, 37(1):22-28.

LI LM, SHI XM, JIANG WX, et al. ISSR analysis on genetic diversity of *Liriodendron chinense* natural populations in Guangxi [J]. Guihaia, 2017, 37(1): 22-28.

## 广西境内马褂木天然群体遗传多样性的 ISSR 分析

李龙梅<sup>1</sup>, 石晓蒙<sup>1,2</sup>, 蒋维昕<sup>1</sup>, 白天道<sup>1\*</sup>, 蒙奕奕<sup>1</sup>, 谭飞燕<sup>1</sup>, 黄寿先<sup>1</sup>

( 1. 广西大学 林学院, 国家林业局中南速生材繁育重点实验室, 南宁 530004;

2. 南京林业大学, 林木遗传与生物技术省部共建重点实验室, 南京 210037 )

**摘要:** 为弄清广西境内马褂木 (*Liriodendron chinense*) 天然群体的遗传多样性及分布情况, 该研究运用 ISSR 分子标记, 对广西境内现存的 6 个野生马褂木种群进行遗传多样性分析及评价。结果表明: 广西马褂木群体具有较丰富的遗传多样性, 6 个参试群体的平均 (及总体) 有效等位基因数 ( $N_e$ )、Nei's 基因多样性 ( $H$ ) 和 Shannon 信息指数 ( $I$ ) 分别为 1.454 1 (1.633 7)、0.257 6 (0.363 3) 和 0.378 6 (0.529 3); 群体间存在基因流动但水平有限 ( $N_m = 1.218 4$ ), 使群体间存在较高遗传分化 ( $G_{st} = 0.291 0$ ); 聚类分析 (UPGMA) 将 6 个天然群体分为东部 (全州 QZ、资源 ZY 及融水老堡 RS-L)、西部 (融水安太 RS-A、环江 HJ 及乐业 LY) 两组, 其中东部组具有较低遗传多样性及较高的遗传分化, 可能受到较强的人为干扰; Mantel 检验表明群体间符合距离隔离模式 ( $R = 0.545$ ,  $P = 0.043$ ), 表明人为破坏导致的生境碎片化是造成广西马褂木天然群体遗传分化的重要原因。针对广西马褂木天然群体较丰富的遗传多样性及较高的遗传分化, 除了考虑对遗传多样性较高群体 (如 RS-A 及 HJ) 进行原地保护外, 宜对各群体采集种子或穗条, 统一营建基因资源收集区, 以供后续育种及生产利用。

**关键词:** 马褂木, 天然种群, ISSR 标记, 遗传多样性, 遗传分化

中图分类号: Q943 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142(2017)01-0022-07

## ISSR analysis on genetic diversity of *Liriodendron chinense* natural populations in Guangxi

LI Long-Mei<sup>1</sup>, SHI Xiao-Meng<sup>1,2</sup>, JIANG Wei-Xin<sup>1</sup>, BAI Tian-Dao<sup>1\*</sup>,  
MENG Yi-Yi<sup>1</sup>, TAN Fei-Yan<sup>1</sup>, HUANG Shou-Xian<sup>1</sup>

( 1. Key Laboratory of Fast-growing Tree Breeding in Central South China of State Forestry Administration, Forestry College Guangxi University, Nanning 530004, China; 2. Key Laboratory of Forest Genetics & Biotechnology, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China )

**Abstract:** In order to understand the genetic diversity and distribution model of *Liriodendron chinense* natural population in Guangxi Zhuang Autonomous Region, the genetic diversity and structure of six natural populations were analyzed by using ten ISSR markers. The results showed that there were abundant genetic diversity in six *Liriodendron chinense* natural populations. The average (or total) effective number of alleles ( $N_e$ ), Nei's gene diversity ( $H$ ) and Shannon information index ( $I$ ) of six populations were 1.454 1 (1.633 7), 0.257 6 (0.363 3) and 0.378 6 (0.529 3). A limited gene flow ( $N_m = 1.218 4$ ) resulted in a high genetic differentiation ( $G_{st} = 0.291 0$ ) among populations. The six populations were divided into two groups depending on cluster analysis (UPGMA method). One group (west group) contains the populations near the west (RS-A, HJ and LY) and the other (east group) included the populations near the east (QZ,

收稿日期: 2016-02-25 修回日期: 2016-05-06

基金项目: 广西科技攻关项目 (桂科攻 10100012-2) [Supported by Science and Technology Project of Guangxi (10100012-2)].

作者简介: 李龙梅 (1989-), 女, 广西柳州人, 硕士研究生, 主要研究方向为用材林培育, (E-mail) 354085440@qq.com.

\*通信作者: 白天道, 博士, 讲师, 从事林木遗传与良种选育研究, (E-mail) btdman20@163.com.

ZY and RS-L). The east group had a lower genetic diversity and higher differentiation than the west one, which probably implied that populations in east group were strongly disturbed by human activities. Mantel test ( $R=0.545$ ,  $P=0.041$ ) displayed a significant isolation by distance model among populations, which also implied that habitat fragmentation due to human activities was an important factor for a highly genetic differentiation among populations. In the light of abundant genetic diversity and highly genetic differentiation on *L. chinense* populations in Guangxi, not only in situ conservation for the populations with abundant genetic diversity (e.g. RS-A, HJ) is critical, but also ex situ conservation by seeds or cuttings collecting for all populations is also essential for further breeding and propagation.

**Key words:** *Liriodendron chinense*, natural population, ISSR marker, genetic diversity, genetic differentiation

马褂木 (*Liriodendron chinense*) 系木兰科 (Magnoliaceae) 鹅掌楸属 (*Liriodendron*) 高大乔木, 是国家公布的 II 级濒危保护植物 (王章荣, 2005)。马褂木干形直、生长快, 是优良的用材树种; 叶形奇特, 形似马褂, 花大而美, 是优良的园林观赏树种 (李周歧和王章荣, 2000); 也是一个很古老的孑遗树种, 对古植物系统学研究具有重要的科研价值 (惠利省, 2010)。马褂木在我国分布范围较广 ( $22^{\circ}37' \sim 32^{\circ}38' N$ ,  $103^{\circ}15' \sim 120^{\circ}17' E$ ), 分布于 11 个省区的 84 个县 (郝日明等, 1995)。但随着生境变化及人为破坏, 其天然分布及群体数量越来越稀少 (贺善安和郝日明, 1999)。在广西, 现有马褂木天然分布区主要位于桂北与黔、湘交界区域, 呈片段状分布。作为广西北部重要的树种之一, 其天然种群的遗传多样性如何, 群体间遗传差异有多大, 目前尚不得而知。

ISSR 是一种比较理想的分子标记 (Reddy et al, 2002; 王建波, 2002; 赵谦等, 2008)。已被用于许多树种的遗传多样性、种质鉴定、遗传作图、基因定位等研究中 (张博, 2005; Feyissa et al, 2007; 汪琼等, 2013; 林乐静等, 2015; 刘春英等, 2013)。遗传多样性及遗传结构反映了一个物种生存和发展的重要特征。一些学者对中国马褂木种源或野生群体进行了遗传多样性研究, 部分研究认为中国马褂木的遗传多样性处于较低水平 (惠利省, 2010; 占志勇, 2010), 但亦有研究认为其具有较高的遗传多样性 (Li et al, 2014)。但在遗传分化上均一致认为群体间分化较大, 彼此基因交流较少, 认为马褂木天然群体生境已严重碎片化 (李建民和周志春, 2002; 惠利省, 2010; Li et al, 2014)。以往研究主要从大尺度上 (全国范围) 对马褂木的遗传多样性及遗传结构进行了研究, 采样地点涉及全国诸多省区。但对广西区内天然马褂木群体的分布现状及遗传多样性水平鲜有涉及, 仅少数文献在研究中涉及到了广西资源猫儿山群体 (朱晓琴等, 1997; Li et al, 2014)。

虽然这些研究从整体上对中国马褂木的分布格局和遗传资源的保护和利用提供了非常有价值的信息, 但对局部范围内马褂木天然种群进行遗传多样性及区域遗传结构研究可以更清楚地揭示小尺度水平上马褂木遗传多样性水平及变化规律, 剖析其产生原因, 进而为该地区天然马褂木遗传资源的合理保存和利用提供理论依据。同时也作为马褂木大尺度研究的有效补充, 完善中国马褂木遗传资源的保存策略。基于此, 本研究利用 ISSR 分子标记, 分析了广西境内马褂木天然群体的遗传多样性及遗传结构, 力求为广西现有马褂木天然群体的合理保存、收集与利用提供参考。

## 1 材料与amp;方法

### 1.1 研究材料及采样策略

研究材料为广西境内的 6 个马褂木野生群体 (表 1), 采样地分别位于广西全州安和 (QZ)、资源两水 (ZY)、融水老堡 (RS-L) 及安太 (RS-A)、环江明伦 (HJ) 及乐业雅长 (LY) 6 个乡镇。

采样策略为每个群体随机挑选 30 个植株, 尽量保证群体内采样株间距在 30 m 以上 (其中 LY 群体由于株数太少 (9 株) 而对群体内所有植株进行了采集), 样本共计 159 个。分别采集 3~5 片嫩叶装入塑料自封袋, 编号后置于冰盒中, 带回实验室备用。

### 1.2 研究方法

1.2.1 DNA 提取与检测 马褂木叶片总 DNA 采用试剂盒 (杭州博日) 提取。然后取 5  $\mu\text{L}$  DNA 样品, 利用 1% 琼脂糖凝胶进行电泳检测 (DYY-12 型高压电泳仪, 北京六一)。利用 NanoDrop ND-1000 (Thermo scientific, 美国) 检测 DNA 的浓度与纯度, 并根据测定结果将浓度稀释至 60  $\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 。

1.2.2 ISSR 引物筛选 ISSR 引物源于加拿大不列颠哥伦比亚大学 (University of British Columbia) 公布

表 1 6 个采样群体的基本情况

Table 1 Information about the six sampling sites of *Liriodendron chinense* natural populations

群体 Population (Code)	经纬度 Longitude and latitude	海拔 Elevation (m)	林分起源 Origin of stand	取样数 Sample size
全州 QZ	110°53' E, 25°40' N	919	天然林 Natural forest	30
资源 ZY	110°25' E, 25°56' N	1206	天然林 Natural forest	30
融水老堡 RS-L	109°29' E, 25°39' N	664	天然林 Natural forest	30
融水安太 RS-A	109°05' E, 25°23' N	896	天然林 Natural forest	30
环江 HJ	108°25' E, 25°12' N	668	天然林 Natural forest	30
乐业 LY	106°13' E, 24°49' N	903	天然林 Natural forest	9

的序列(Set No.9, No.801-900)。经引物合成(上海捷瑞)、筛选,选取了扩增条带清晰、稳定的 10 条引物作为标记引物(表 2),进行群体检测。

1.2.3 ISSR-PCR 扩增条件与检测 ISSR-PCR 扩增体系:总体积 20  $\mu\text{L}$ ,其中含 10 $\times$ buffer 为 2.0  $\mu\text{L}$ 、 $\text{MgCl}_2$ 浓度为 1.8  $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ 、dNTPs 终浓度为 0.2  $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ 、引物终浓度为 0.5  $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 、Taq DNA 聚合酶 1 U、DNA 模板 60 ng。于 Biometra TGradient 96 PCR 仪(德国)上进行扩增,扩增程序为 94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min,94  $^{\circ}\text{C}$  变性 1 min,50~56  $^{\circ}\text{C}$  退火 45 s,72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 2 min,45 个循环,72  $^{\circ}\text{C}$  完全延伸 7 min,4  $^{\circ}\text{C}$  保存(石晓蒙等,2013)。PCR 产物检测:取 8  $\mu\text{L}$  PCR 产物,用水平电泳分离条带(1%琼脂糖凝胶)。电压 100 v,电泳时间 1 h,以 100 bp ladder DNA 为参照。电泳完成进行凝胶成像(Biosens SC750 凝胶成像系统)(其中,10 $\times$ buffer、dNTPs、Taq DNA 聚合酶均购自捷瑞生物工程有限公司。)

1.2.4 数据分析 能清晰扩增的位点进行记录(有条带记为 1,无条带记为 0,构建各群体的 0,1 矩阵)。利用 POPGENE1.32(Yeh et al,1999)计算群体遗传多样性指标,包括有效等位基因数( $N_e$ )、Nei's 基因多样性( $H$ )、Shannon 信息指数( $I$ )及多态位点百分率( $PPB$ )等、群体间 Nei's 遗传距离( $D$ )及基因分化系数( $G_{st}$ );利用 GenAlEx 6.5 进行 Mantel 检验(Peakall & Smouse,2012);利用 MEGA 5 绘制系统聚类图(UPGMA 法)(Tamura et al,2011)。

## 2 结果与分析

### 2.1 参试 ISSR 标记扩增多态性分析

对 ZY、QZ、RS-A、RS-L、HJ 及 LY 共 6 个自然群体进行 ISSR-PCR 扩增,结果显示:每个标记在参试群体中扩增出的条带数不等,在 10~16 条之间(平均 12.5 条)。10 个标记的多态位点百分率( $PPB$ )在 92.86%~100%之间(平均 97.95%);扩增位点的片段大小在 200~2 200 bp 之间;其中扩增位点最多的为 UBC-881(16 个),最少为 UBC-889 及 UBC-890(10 个)(表 2,图 1)。

表 2 ISSR 引物编号、序列及其扩增结果

Table 2 ISSR primer number, sequences and their amplification results

引物编号 Primer code	序列 Primer sequence	总位点数 Total number of loci	多态性位 点数 Number of polymorphic loci	多态位点 百分比 $PPB$ (%)
UBC-807	(AG) <sub>8</sub> T	13	13	100
UBC-818	(CA) <sub>8</sub> G	10	10	100
UBC-825	(AC) <sub>8</sub> T	14	14	100
UBC-826	(AC) <sub>8</sub> C	14	13	92.86
UBC-829	(TG) <sub>8</sub> C	12	12	100
UBC-847	(CA) <sub>8</sub> RC	14	13	92.86
UBC-881	(GGCT) <sub>3</sub> G	16	15	93.75
UBC-889	DBD(AC) <sub>6</sub> AC	10	10	100
UBC-890	VHV(GT) <sub>7</sub>	10	10	100
UBC-891	HVH(TG) <sub>7</sub>	12	12	100
平均 Mean		12.5	12.2	97.95
总计 Total		125	122	97.60

### 2.2 群体遗传多样性分析

总体来看,6 个参试群体的有效等位基因数( $N_e$ )、Nei's 基因多样性( $H$ )、Shannon 信息指数( $I$ )及多态位点百分率( $PPB$ )分别在 1.383~1.546、0.213~0.309、0.312~0.455 及 57.6~81.6 之间。RS-A 群体在参试群体中遗传多样性水平相对最高( $N=1.546$ , $H=0.309$ , $I=0.455$ , $PPB=81.6$ ),而 RS-L 群体各遗传多样性指标均最低( $N=1.383$ , $H=0.213$ , $I=0.312$ , $PPB=57.6$ ),6 个群体中有 3 个群体(ZY、RS-

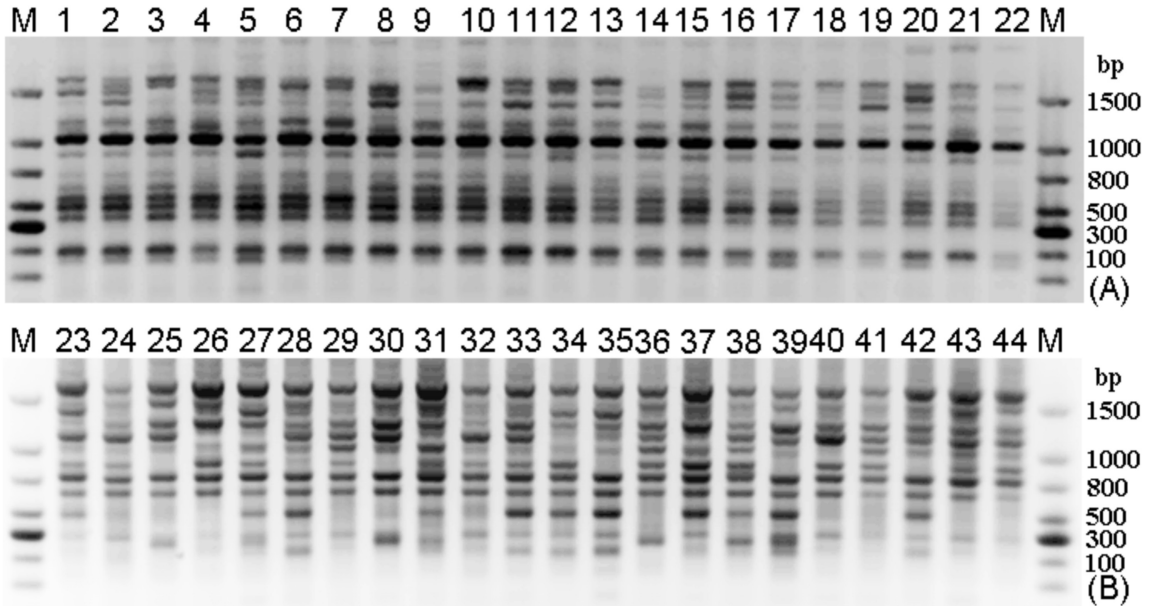


图 1 2 条 ISSR 引物在两个参试群体中的扩增片段 A. UBC-807 在 ZY 群体中的扩增; B. UBC-826 在 QZ 群体中的扩增。

Fig. 1 ISSR-PCR bands from two *Liriodendron chinense* natural populations with two primers

A. Population ZY amplified by UBC-807; B. Population QZ amplified by UBC-826.

表 3 6 个参试群体的遗传多样性水平

Table 3 Genetic diversity of six *Liriodendron chinense* natural populations

居群 Population	全州 QZ	资源 ZY	融水老堡 RS-L	融水安太 RS-A	环江 HJ	乐业 LY	均值 Mean	总体 Total
等位基因数 ( $N_a$ )	1.688	1.664	1.576	1.816	1.712	1.632	1.681	1.976
有效等位基因数 ( $N_e$ )	1.488	1.417	1.383	1.546	1.446	1.444	1.454	1.634
Nei's 基因多样性 ( $H$ )	0.273	0.242	0.213	0.309	0.258	0.249	0.258	0.359
Shannon 信息指数 ( $I$ )	0.399	0.359	0.312	0.455	0.383	0.365	0.379	0.529
多态位点百分率 ( $PPB$ )	68.8	66.4	57.6	81.6	71.2	63.2	68.1	97.6

表 4 参试群体的遗传分化系数及基因流

Table 4 Coefficient of gene differentiation and gene flow of given six *Liriodendron chinense* natural populations

参数 Parameter	均值 $\bar{x} \pm s$
总基因多样性 Total gene diversity ( $H_t$ )	0.363 $\pm$ 0.021
种群内 Within population ( $H_s$ )	0.258 $\pm$ 0.016
种群间 Between populations ( $D_{st}$ )	0.106
遗传分化系数 Coefficient of gene differentiation ( $G_{st}$ )	0.291
基因流 Gene flow ( $N_m$ )	1.218

L、LY) 的遗传多样性指标均低于平均值(表 3)。

### 2.3 群体遗传分化分析

经过计算,发现有 29.1% 的遗传变异发生在 6 个群体间( $G_{st}=0.291$ )(表 4),而种群内遗传变异为 70.9%;AMOVA 分析亦获得类似结果,6 个参试群体间的遗传变异约为 31.5% ( $\Phi_{ST}=0.315$ )。这接近于以往马褂木大尺度水平上的研究结果(李建民等,2002;惠利省,2010)。群体间的基因流  $N_m$  为 1.218,稍高于 Wright(1931)提出的可以有效阻止因遗传漂变而引起的群体间遗传分化的临界值( $N_m > 1$ )。说明参试种群间虽存在基因交流,但群体间在遗传上仍然有不小的分化,这意味着该基因流水平



未能有效阻止参试群体间在遗传上的分化。

## 2.4 群体的遗传距离及聚类分析

6个马褂木野生群体的遗传距离的变化在0.101 4~0.232 8之间(平均0.1742)(表5)。其中LY群体与其他几个群体的遗传差异相对较大。基于群体间遗传距离,构建了6个马褂木自然群体的亲缘关系图(图2)。6个群体主要分为两大类,一类是由处于东部的QZ、RS-L及ZY群体构成;另一类由靠近西部的HJ、RS-A及LY群体组成。总体上距离较近的群体聚为一类。

表5 6个参试群体间的遗传距离

Table 5 Genetic distance matrix of six *Liriodendron chinense* natural populations

	QZ	ZY	RS-L	RS-A	HJ	LY
QZ	1.000 0					
ZY	0.167 9	1.000 0				
RS-L	0.165 3	0.170 2	1.000 0			
RS-A	0.161 9	0.190 2	0.174 0	1.000 0		
HJ	0.155 6	0.172 8	0.190 7	0.101 4	1.000 0	
LY	0.212 3	0.199 5	0.232 8	0.156 1	0.162 0	1.000 0

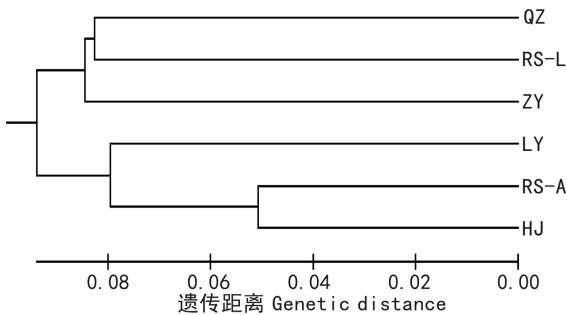


图2 6个参试种群遗传距离聚类(UPGMA)

Fig. 2 UPGMA tree of six *Liriodendron chinense* natural populations

Mantel 检验表明参试群体间在遗传距离和地理距离上存在显著的正相关性( $R = 0.545$ ,  $P = 0.043$ )(图3),遗传距离随地理距离的增大而增大,说明地理隔离是导致群体间遗传分化的原因之一。

## 3 讨论与结论

### 3.1 广西现存马褂木自然群体的遗传多样性

该研究利用 ISSR 标记对广西境内现存的 6 个

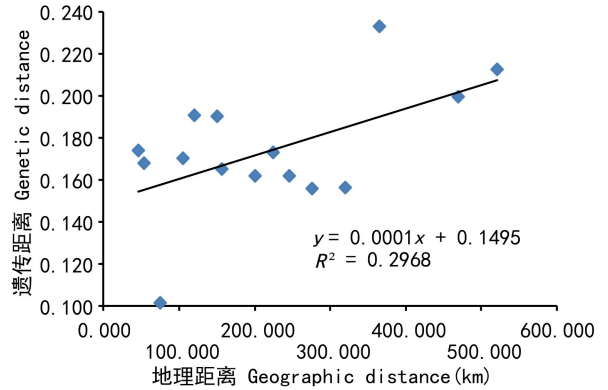


图3 6个参试群体间遗传距离与地理距离的相关性  
Fig. 3 Correlation between the genetic distance and geographic distance of six *Liriodendron chinense* natural populations

马褂木自然群体的遗传多样性进行了分析,结果表明,广西现存马褂木自然群体具有较丰富的遗传多样性。广西马褂木天然群体平均 Nei's 基因多样性( $H$ )为0.257 6,总 $H$ 为0.358 9。与前人研究利用等位酶(0.265 0)(朱晓琴等,1997)、RAPD(0.256 8)(李建民等,2002)及SRAP(0.252 1)(赵亚琦等,2014)标记研究的马褂木天然群体(或种源试验林)的多样性水平相当。与其他树种比较,广西马褂木ISSR遗传多样性高于银杏(*Ginkgo biloba*)(葛永奇等,2003)、枫香(*Liquidambar formosana*)(毕泉鑫等,2010)、锥栗(*Castanea henryi*)(龚榜初和刘国彬,2013)等树种。在群体规模较小、其生境碎片化情况下,各群体仍能维持较高的遗传多样性,这一方面很可能与马褂木高度异交的繁殖策略有关(Li et al,2014),另一方面,有效种群大小小于20个,不存在选择和基因流时,遗传漂变和近交对群体遗传变异大小的影响才会凸显(陈小勇,2000)。而本研究中,除LY群体外,其他群体大小均在30个以上,且大多为成年树,同时群体间或多或少存在一定程度的基因流动( $Nm = 1.218 4$ ),因此,群体的遗传多样性水平能够在一定程度上得以维持。

### 3.2 广西马褂木自然群体的遗传分化及原因

与其他从大尺度(全国范围)上研究马褂木遗传分化的结果类似(惠利省,2010),广西马褂木天然群体间存在较高的遗传分化( $G_{st} = 0.291 0$ )。虽然群体间基因流动( $Nm = 1.218 4$ )稍高于大尺度水平上的研究结果(朱晓琴等,1997;惠利省,2010;Li et al,2014),但与其他一些遗传分化较低的树种比

较,该基因流水平仍然偏低(郎萍和黄宏文,1999;徐小林等,2005;毕泉鑫等,2010),不能有效阻止群体间的分化。Mantel 检验 ( $R = 0.545, p = 0.041$ ) 表明,群体间符合距离隔离模式,群体间分化程度大小与地理距离大小呈显著正相关。这与以往马褂木自然群体的研究结果一致(惠利省,2010;Li et al, 2014)。马褂木作为虫媒植物(王章荣,1997),昆虫对花粉传播能力会显著受到地理隔离的影响。

需要指出的是,尽管 6 个参试群体总体上符合距离隔离模式,但群体间现有的遗传结构显然还受到其他一些因素的影响。从遗传距离聚类结果可知(图 3),群体间的遗传距离大小与地理距离变化并不完全一致,从组间来看,RS-A 和 RS-L 群体间的地理距离并不大,却各自聚类到不同组中。主要原因可能是两个群体受到的人为影响不同,RS-L 群体相对更靠近人类聚居区,受到的人为干扰和破坏更大。两个群体截然不同的遗传多样性水平(RS-L 各项指标均最小)也侧面证实了这一点;此外,另一可能原因是位于两个采样群体间的元宝山对传粉媒介起到了一定的阻隔作用,降低了基因流。从两个组的遗传多样性及聚类图可知,西部组群体具有相对较高的遗传多样性(其中 LY 群体因规模较小除外,可能近年几十年来遭受较大强度的采伐破坏),群体间遗传距离较小,据此可以推测,东部组群体演化过程受到人为干扰要远大于西部组。这可能归因于东部组群体位于桂东北交通要道,人为活动频繁,使群体规模剧减,群体间分化加大。

### 3.3 广西现有马褂木自然资源的收集与保存

在国内野生马褂木资源日渐稀少,遗传多样性急剧下降情况下,广西境内现有马褂木野生群体仍具有较高的遗传多样性,这使得广西现有马褂木资源的保护、收集和保存具有重要意义。尤其对于遗传多样性较高的 RS-A 及 HJ 群体,应加强其现有栖息地的保护,减少人为破坏,通过结合自然保护区或生态防护林的方式,对其进行就地保存。同时,针对广西马褂木群体间较高的遗传分化现状,应考虑对各群体采集种子及穗条等,采用有性及无性繁殖方式,摸索适宜的配套繁育措施,在合适区域统一营建基因保存林,并结合种源试验,筛选出优良种源及个体,在后续育种及生产中加以利用。

### 参考文献:

BI QX, JIN ZX, LI JM, et al, 2010. Genetic diversity in the natu-

- ral populations of *Liquidambar formosana* revealed by ISSR molecular markers [J]. Bull Bot Res, 1: 120-125. [毕泉鑫, 金则新, 李钧敏, 等, 2010. 枫香自然种群遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 植物研究, 1: 120-125.]
- CHEN XY, 2000. Effects of habitat fragmentation on genetic structure of plant populations and implications for the biodiversity conservation [J]. Acta Ecol Sin, 20(5): 884-892. [陈小勇, 2000. 生境片断化对植物种群遗传结构的影响及植物遗传多样性保护 [J]. 生态学报, 20(5): 884-892.]
- FEYISSA T, NYBOM H, BARTISH IV, et al, 2007. Analysis of genetic diversity in the endangered tropical tree species *Hagenia abyssinica* using ISSR markers [J]. Genet Resour Crop Ev, 54(5): 947-958.
- GE YQ, QIU YX, DING BY, et al, 2003. An ISSR analysis on population genetic diversity of the relict plant *Ginkgo biloba* [J]. Biodivers Sci, 11(4): 276-287. [葛永奇, 邱英雄, 丁炳扬, 等, 2003. 孑遗植物银杏群体遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 生物多样性, 11(4): 276-287.]
- GONG BC, LIU GB, 2013. ISSR analysis of genetic diversity in natural population of *Castanea henryi* [J]. J Plant Genet Resour, 14(4): 581-587. [龚榜初, 刘国彬, 2013. 锥栗自然居群遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 14(4): 581-587.]
- HAO RM, HE SA, TANG SJ, et al, 1995. Geographical distribution and significance of *Liriodendron chinense* [J]. J Plant Resour Environ, 4(1): 1-6. [郝日明, 贺善安, 汤诗杰, 等, 1995. 鹅掌楸在中国的自然分布及其特点 [J]. 植物资源与环境, 4(1): 1-6.]
- HE SA, HAO RM, 1999. Study on the natural population dynamics and the endangering habitat of *Liriodendron chinense* in China [J]. Acta Phytoecol Sin, 23(1): 87-95. [贺善安, 郝日明, 1999. 中国鹅掌楸自然种群动态及其致危生境的研究 [J]. 植物生态学报, 23(1): 87-95.]
- HUI LS, 2010. Genetic diversity and phylogeography of *Liriodendron chinense* [D]. Nanjing: Nanjing Forestry University: 3-5. [惠利省, 2010. 马褂木遗传多样性及系统地理学研究 [D]. 南京: 南京林业大学: 3-5.]
- LANG P, HUANG HW, 1999. Genetic diversity and geographic variation in natural populations of the endemic *Castanea* species in China [J]. Bull Bot, 41(6): 651-657. [郎萍, 黄宏文, 1999. 栗属中国特有种居群的遗传多样性及地域差异 [J]. 植物学报, 41(6): 651-657.]
- LIN LJ, LIN L, ZHU ZY, 2015. ISSR analysis of the genetic relationships among 25 *Acer* plants germplasm resources [J], Guihaia, 2015, 35(1): 9-14. [林乐静, 林立, 祝志勇, 2015. 25 份槭属优良种质资源亲缘关系的 ISSR 分析. 广西植物, 2015, 35(1): 9-14.]
- LI JM, ZHOU ZC, 2002. Genetic differentiation of geographic populations in *Liriodendron chinense* using RAPD makers [J]. Sci Sil Sin, 38(4): 61-66. [李建民, 周志春, 2002. RAPD 标记研究马褂木地理种群的遗传分化 [J]. 林业科学, 38(4): 61-66.]
- LI K, CHEN L, FENG Y, et al, 2014. High genetic diversity but limited gene flow among remnant and fragmented natural populations of *Liriodendron chinense* Sarg [J]. Biochem Syst Ecol, 54: 230-236.
- LIU CY, FAN JF, GAO JS, et al, 2013. Establishment of ISSR fingerprint for new populus hybrid varieties (clones) [J]. J Northwest A & F Univ (Nat Sci Ed), 41(6): 56-60. [刘春英, 樊

- 军锋, 高建社, 等, 2013. 杨树新杂种(无性系)ISSR 指纹图谱的构建 [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 41(6): 56-60.]
- LI ZQ, WANG ZR. 2000. Thereseearch status of *Liriodendron chinense* [J]. Chin For Sci Technol, 14(6): 3-6. [李周歧, 王章荣, 2000. 中国马褂木的研究现状 [J]. 林业科技开发, 14(6): 3-6.]
- PEAKALL R, SMOUSE PE, 2012. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update [J]. Bioinformatics, 28(19): 2 537-2 539.
- REDDY MP, SARLA N, SIDDIQ E, 2002. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding [J]. Euphytica, 128(1): 9-17.
- SHI XM, TAN FY, HUANG SX, et al, 2013. Optimization of ISSR reaction system of *Liriodendron chinense* [J]. J Sou Agr, 44(7): 1087-1091. [石晓蒙, 谭飞燕, 黄寿先, 等, 2013. 马褂木 ISSR-PCR 扩增体系的优化 [J]. 南方农业学报, 44(7): 1087-1091.]
- TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al, 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [J]. Mol Biol Evol, 28(10): 2731-2739.
- WANG Q, YAO QJ, XU ZL, et al, 2013. Genetic diversity of four populations of *Calycanthus chinensis* based on ISSR and RAPD markers [J]. Guihaia, 2013, 33(1): 30-34. [汪琼, 姚青菊, 徐增莱, 等, 2013. 基于 ISSR 和 RAPD 标记的四个夏腊梅种群的遗传多样性研究 [J]. 广西植物, 33(1): 30-34.]
- WANG JB, 2002. ISSR markers and their applications in plant genetics [J]. Hereditas, 24(5): 613-616. [王建波, 2002. ISSR 分子标记及其在植物遗传学中的应用 [J]. 遗传, 24(5): 613-616.]
- WANG ZR, 2005. Utilization and species hybridization in *Liriodendron* [M]. Beijing: China Forestry Publishing House: 1-3. [王章荣, 2005. 鹅掌楸属树种杂交育种与利用 [M]. 北京: 中国林业出版社: 1-3.]
- WANG ZR, 1997. The genetic resources preservation and cross-breed prospects of *Liriodendron chinense* [J]. For Sci Technol, 9: 8-10. [王章荣, 1997. 中国马褂木遗传资源的保存与杂交育种前景 [J]. 林业科技通讯, 9: 8-10.]
- WRIGHT S, 1931. Evolution in mendelian populations [J]. Genetics, 16(2): 97.
- XU XL, XU LA, HUANG MR, et al, 2005. Genetic diversity of microsatellites (SSRs) of natural populations of *Quercus variabilis* [J]. Hereditas, 26(5): 683-688. [徐小林, 徐立安, 黄敏仁, 等, 2005. 栓皮栎天然群体 SSR 遗传多样性研究 [J]. 遗传, 26(5): 683-688.]
- YEY FC, YANG RC, BOYLE T, 1999. POPGENE VERSION 1.31, Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis, quick user guide [M]. 1-28.
- ZHANG B, 2005. The comparative mapping QTLs localization and important properties of poplar [D]. Nanjing: Nanjing Forestry University: 12-13. [张博, 2005. 杨树比较作图及重要性状 QTLs 定位 [D]. 南京: 南京林业大学: 12-13.]
- ZHAO Q, DU H, ZHUANG DH, 2008. ISSR makers and their applications in plant research [J]. Mol Plant Breed, 5(F11): 123-129. [赵谦, 杜虹, 庄东红, 2008. ISSR 分子标记及其在植物研究中的应用 [J]. 分子植物育种, 5(F11): 123-129.]
- ZHAO YQ, CHENG TL, SHI JS, et al, 2014. Optimization of a SRAP-PCR system for analysis of genetic diversity of *Liriodendron* [J]. Sci Sil Sin, 50(7): 37-43. [赵亚琦, 成铁龙, 施季森, 等, 2014. 鹅掌楸属 SRAP 分子标记体系优化及遗传多样性分析 [J]. 林业科学, 50(7): 37-43.]
- ZHAN ZY, 2010. Analyse genetic relationship and diversity of the different geographic *Liriodendron* by ISSR [D]. Changsha: Central South University of Forestry and Technology: 25-26. [占志勇, 2010. 不同地理种源鹅掌楸的 ISSR 遗传分析 [D]. 长沙: 中南林业科技大学: 25-26.]
- ZHU XQ, HE SA, YAO QJ, et al, 1997. Population genetic structure and conervation strategy of *Liriodendron chinense* (Hemsl.) Sarg [J]. J Plant Resour Environ, 6(4): 7-14. [朱晓琴, 贺善安, 姚青菊, 等, 1997. 鹅掌楸居群遗传结构及其保护对策 [J]. 植物资源与环境, 6(4): 7-14.]

## 《广西植物志》(第五卷)正式出版发行

由广西壮族自治区中国科学院广西植物研究所编著的《广西植物志》(第五卷), 日前由广西科学技术出版社正式出版发行。

《广西植物志》(第五卷)收录了全区单子叶植物 1 677 种 19 亚种 90 变种和 1 杂交种(隶属 45 科 451 属), 对科、属、种的名称、形态特征、产地、生境、分布及已知经济用途等均作了扼要的介绍, 并有形态特征比较图或全貌图的图版 298 幅, 含 681 种或种下等级。文字描述简要翔实, 图文并茂, 可读性强, 可供植物学、农学、林业、园艺、药学、轻工业等工作及有关教学、生产和供销部门参考应用, 是广西及邻近地区乃至越南等植物区系地理、石漠化生态修复、植物学及其他分支学科研究与教学等的重要参考书。

参与本卷编著的单位还有中国科学院植物研究所、中国科学院华南植物园、中国科学院昆明植物研究所、华南农业大学、广西中医药研究院、广西林业科学研究院、广西天然药物研究中心、玉林师范学院等。

