

# 小毛茛居群的遗传分化及其与空间隔离的相关性

汪小凡<sup>1</sup> 廖万金<sup>2</sup> 宋志平<sup>3</sup>

1(武汉大学植物发育生物学教育部重点实验室, 武汉 430072)

2(北京师范大学生物多样性与生态工程教育部重点实验室, 北京 100875)

3(武汉大学生命科学院, 武汉 430072)

**摘要:** 采用聚丙烯酰胺凝胶电泳技术,对分布于华中地区的11个小毛茛(*Ranunculus ternatus*)居群的遗传分化进行了检测。对8个酶系统17个酶位点上的分析结果表明,该种各居群的各项遗传多样性指标处于一个相对较低的水平:多态位点比率( $P$ )为0~53.0%,平均每位点等位基因数( $A$ )为1~1.647,平均预期杂合度( $He$ )和观察杂合度( $Ho$ )分别为0~0.108和0~0.102。居群间遗传一致度甚高( $I=0.9754\sim 0.9991$ )。根据Nei's遗传距离所作出的聚类分析表明,豫南信阳地区3个居群与湖北省武汉地区8个居群之间关系较远。而在武汉地区,长江以北的居群及长江以南的部分居群分别相聚在一起。用GPS定位方法得到居群间空间距离并据此聚类,结果显示了该种的遗传分化与地理因素的相关性,并推测出长江的隔离作用加强了两岸居群间的遗传分化。同时发现一个生于独特生境的居群在表型和遗传结构上都已与其他邻近居群有了很大分异,由于该居群在所检测的酶位点上均无特有等位基因出现,作者认为不宜将其作为新种或新变种处理。

**关键词:** 小毛茛,遗传分化,遗传距离

中图分类号:Q346,Q311,Q949.746.5

文献标识码:A

文章编号:1005-0094(2001)02-0138-07

## Genetic differentiation and the relation to spatial isolation among populations of *Ranunculus ternatus*

WANG Xiao-Fan<sup>1</sup>, LIAO Wan-Jin<sup>2</sup>, SONG Zhi-Ping<sup>3</sup>

1 Key Laboratory of Ministry of Education for Plant Developmental Biology, Wuhan University, Wuhan 430072

2 Key Laboratory of Ministry of Education for Biodiversity and Ecological Engineering, Beijing Normal University, Beijing 100875

3 College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan 430072

**Abstract:** Genetic differentiation of 11 populations in *Ranunculus ternatus* Thunb. from Central China was detected by means of PAGE. Eight enzymes encoded by seventeen loci were assessed. Genetic diversity within populations was relatively low. The proportion of polymorphic loci ( $P$ ) ranged from 0 to 41.2%, the average number of alleles per locus ( $A$ ) from 1 to 1.647, the mean expected and observed heterozygosity ( $He$ ,  $Ho$ ) per locus were from 0 to 0.108 and 0 to 0.102 respectively. The genetic identities between populations were remarkably high ( $I=0.9754\sim 0.9991$ ). According to the results of cluster analysis based on Nei's genetic distances, three populations distributed in the southern part of Henan Province were far from the populations in Wuhan, Hubei Province. In Wuhan, very high similarity appeared among populations situated north of the Yangtze River (Changjiang), and among those on the area south of the river. Analysis based on the spatial distance measured by GPS indicated a relationship between genetic distances and geographical factors. The authors deduced that the genetic differentiation of populations was enhanced by the isolating effect of the Yangtze River. A population from Wuhan was found to be remarkably different from the others in both morphological characters and genetic structures. But this population was not suggested as a new species or a new variety because no unusual allele was

found in the enzyme loci detected.

**Key words:** *Ranunculus*, genetic differentiation, genetic distance

小毛茛 (*Ranunculus ternatus*) 为一年生或多年生小草本植物, 属毛茛科毛茛属, 分布于我国陕西、河南南部及湖北、湖南、江西、广西等省区, 日本亦有分布(王文采, 1995, 1980)。该种生长周期较短, 叶及花部变异频繁发生(廖亮等, 1991; 王文采, 1980), 是研究植物居群变异式样的较好材料。对该种的核型(廖亮等, 1991)、同工酶(徐玲玲, 廖亮, 1998; 徐玲玲等, 1997)有过一些探讨。王金平等(1999)探讨了小毛茛的花粉流潜能, 认为该种花粉以近距离散布为主, 但具有远距离传播的潜能。最近, 张竞男等<sup>①</sup>研究了该种的株高、叶性和花瓣数目的变异幅度并分析了其居群内/间形态分化式样, 认为其形态变异主要与生境因素有关。问题在于这些表征性状哪些是可遗传的、哪些是环境饰变性质, 尚有待于进一步探讨。汪小凡等<sup>②</sup>对小毛茛的遗传分化作出了初步分析, 但仅是用少数酶系统和少数位点上的检测结果, 这一研究尚需完善。

等位酶分析是研究植物遗传变异的有效手段, 且在许多植物类群中有很好的应用(王中仁, 1994a, b, 1996)。在毛茛属中这类研究还少有报道。本研究拟以小毛茛的主要分布区之一——华中地区的若干居群为代表, 用等位酶技术对其遗传分化作出较深入的分析, 在此基础上探讨花粉流距离对居群分化的影响, 表型变异与遗传变异的关系以及遗传分化与地理因素、生态因素的相关性。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料来源

供试材料为小毛茛的 11 个居群。为探讨居群分化与空间距离的关系, 8 个居群样本取自湖北武汉市及郊区(30°28'24"~30°49'14"N, 114°03'29"~114°29'00"E), 其中 5 个居群(LJ1、LJ2、FD、SZ 和 JF)位于长江以南, 3 个居群(GS、XF 和 HD)位于长江以北(图 1); 另 3 个居群(XY1、XY2 和 XY3)的样本取自河南信阳市郊(32°07'00"~32°08'17"N, 114°02'10"~114°03'05"E)。所有取样居群皆生于自然生境, 各居群之间的距离在 0.2~180 km 的范围。居群 LJ1 与 LJ2 之间、XY1 与 XY2 之间空间距离较近, 但处于显著不同的生境且有空间阻隔。每居群

取样量均为 27 株, 取样时用 GPS 标定了每样点的精确经纬度。凭证标本存于武汉大学植物标本馆(WH)。

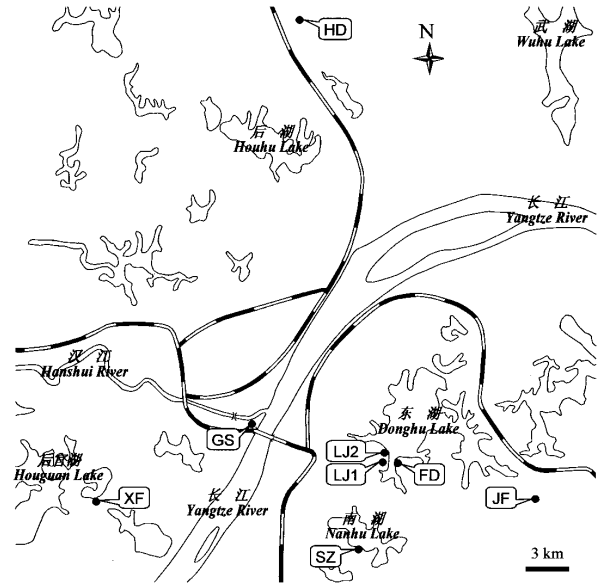


图 1 武汉地区小毛茛取样居群

Fig. 1 Populations of *Ranunculus ternatus* sampled in Wuhan, Hubei Province

### 1.2 电泳检测

分别从每单株各取幼嫩的鲜叶及花瓣各约 50 mg 混合, 加 Tris-HCl 提取缓冲液(pH 7.5)约 200  $\mu$ l, 冰浴研磨以提取酶样, -20 $^{\circ}$ C 下保存备用, 点样前移至 0~4 $^{\circ}$ C 下静置 15 min 后离心(10 000 r/min) 1 min, 取上清液。采用聚丙烯酰胺凝胶电泳, 电泳条件: 分离胶浓度 10% 或 7%, a:b=37.5, pH8.9, 规格 96 mm(长)×112 mm(宽)×1.2 mm(厚); 浓缩胶浓度 4%, pH6.8; 点样量 27 个样品/板, 4~20  $\mu$ l(视不同酶的活性而定); 电极液为 Tris-甘氨酸缓冲液, pH 8.3; 电压 240 V, 电泳时间 2.5 h。同工酶染色参考 Soltis et al.(1983)的方法。

### 1.3 等位酶分析及数据处理

根据所获得的清晰酶谱确定每一居群每个个体

① 张竞男, 周巍, 汪小凡, 予茜, 张刚, 2001. 小毛茛 (*Ranunculus ternatus* Thunb.) 居群分化研究初报 (I): 居群内和居群间的形态变异. 广西植物 (待发表)  
② 汪小凡, 靳宝锋, 庞新安, 张竞男, 2001. 小毛茛 (*Ranunculus ternatus* Thunb.) 居群分化研究初报 (II): 居群间的遗传变异的等位酶分析. 广西植物 (待发表)

在每一酶位点的基因型,位点和等位基因的命名依常规(王中仁,1996)。遗传结构和多样性度量采用以下指标:①多态位点比率( $P$ ) (proportion of polymorphic loci)、②平均每位点等位基因数( $A$ ) (average number of alleles per locus)、③平均预期杂合度( $He$ ) (average expected heterozygosity)、④平均观察杂合度( $Ho$ ) (average observed heterozygosity)、⑤基因分化系数( $G_{ST}$ ) (coefficient of gene differentiation)、⑥内繁育系数( $F$ ) (inbreeding coefficient)和⑦基因流(居群每代迁移数  $Nm$ ) (number of migrants per generation)。用 Nei(1975,1978)的遗传一致性( $I$ ) (genetic identity)和遗传距离( $D$ ) (genetic distance)来衡量各居群之间的遗传分化的大小。各项参数的含义与计算方法详见王中仁(1996,1994c,d)。

基于遗传距离  $D$  值,采用 UPGMA 法对各居群进行聚类分析。为考察居群间空间距离与遗传距离

的关系,同时用 GPS 定位得到空间距离对各居群聚类并与遗传距离的聚类结果进行比较。

## 2 结果与分析

本研究对小毛茛的 11 个居群,每居群 27 个(共 297 个)个体进行了 12 个酶系统的检测,对其中 8 个酶系统的 17 个清晰、稳定的位点作出了判读。其余如 PGI、G6PD、SKD 等酶系统因分离效果不佳或不易判读暂未作进一步分析;EST 酶谱上可读出 4 个酶位点,但仅采用了 2 个可靠的位点。实验分析所依据的 8 个酶系统和 17 个酶位点详见表 1。

### 2.1 居群的遗传多样性

在所检测的小毛茛各居群 8 个酶系统的 17 个酶位点中,有 13 个为多态位点,每个多态位点的等位基因数在 2~5 个之间。另 4 个为单态位点(其中  $Adh-2$  为杂合单态)。各位点的等位基因频率见表 2。

表 1 电泳检测的酶系统及酶位点数目

Table 1 The enzyme systems for electrophoresis and the number of loci scored

酶系统 Enzyme system	缩写 Abbreviation	酶分类编码 EC No.	位点数目 No. of loci
天冬氨酸转氨酶 Aspartate aminotransferase	AAT	E. C. 2.6.1.1	1
(乙)醇脱氢酶 Alcohol dehydrogenase	ADH	E. C. 1.1.1.1	3
酯酶 Esterase	EST	E. C. 3.1.1.-	2
甲酸脱氢酶 Formate dehydrogenase	FDH	E. C. 1.2.1.2	3
谷氨酸脱氢酶 Glutamate dehydrogenase	GDH	E. C. 1.4.1.2	1
苹果酸脱氢酶 Malate dehydrogenase	MDH	E. C. 1.1.1.37	2
苹果酸酶 Malic enzyme	ME	E. C. 1.1.1.40	2
超氧化物歧化酶 Superoxide dismutase	SOD	E. C. 1.15.1.1	3

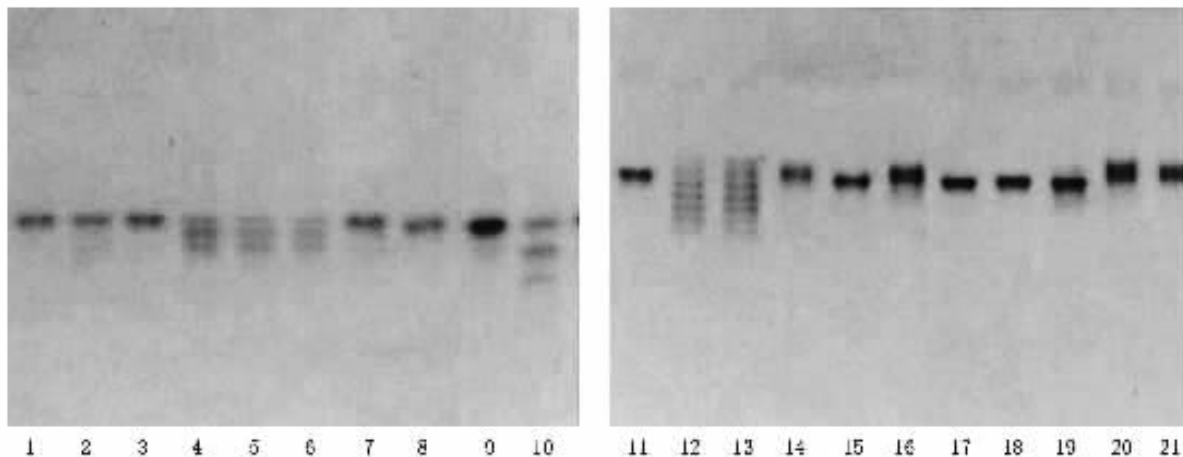


图 2 小毛茛的甲酸脱氢酶(左)和谷氨酸脱氢酶(右)同工酶酶谱

Fig. 2 FDH (left) and GDH (right) bands of *Ranunculus ternatus*

表 2 小毛茛各居群在每个酶位点的等位基因频率

Table 2 Allele frequencies in the populations of *Ranunculus ternatus*

Locus	Allele	Populations and their allele frequencies										
		LJ1	LJ2	FD	SZ	JF	GS	XF	HD	XY1	XY2	XY3
<i>Aat-1</i>	a	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.074	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.019
	c	0.815	1.000	0.981	0.944	0.963	1.000	1.000	0.963	0.796	0.796	0.685
	d	0.093	0.000	0.019	0.056	0.019	0.000	0.000	0.019	0.204	0.204	0.296
	e	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Adh-1</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Adh-2</i>	a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	1.000	1.000	1.000	0.963	0.981	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	c	0.000	0.000	0.000	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Adh-3</i>	a	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500
	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500
<i>Est-1</i>	a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.759	1.000	1.000	0.889	0.963	1.000	0.907	1.000	1.000	0.981	0.926
	c	0.241	0.000	0.000	0.111	0.037	0.000	0.074	0.000	0.000	0.019	0.074
<i>Est-3</i>	a	0.167	0.000	0.093	0.019	0.037	0.056	0.000	0.056	0.204	0.111	0.074
	b	0.833	1.000	0.907	0.981	0.963	0.944	1.000	0.870	0.778	0.852	0.870
	c	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.074	0.019	0.000	0.056
	d	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037	0.000
<i>Fdh-1</i>	a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	1.000	1.000	1.000	1.000	0.981	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Fdh-2</i>	a	0.000	0.000	0.037	0.056	0.074	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.981	1.000	0.907	0.907	0.926	0.963	0.981	1.000	1.000	0.981	0.815
	c	0.019	0.000	0.056	0.037	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.019	0.185
<i>Fdh-3</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Gdh-1</i>	a	0.037	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.204	0.000	0.204	0.222	0.241	0.407	0.352	0.481	0.519	0.426	0.352
	c	0.759	1.000	0.667	0.741	0.722	0.593	0.611	0.519	0.481	0.481	0.648
	d	0.000	0.000	0.037	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	e	0.000	0.000	0.037	0.000	0.037	0.000	0.037	0.000	0.000	0.093	0.000
<i>Mdh-1</i>	a	0.000	0.000	0.000	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	1.000	1.000	1.000	0.963	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Mdh-2</i>	a	0.019	0.000	0.019	0.000	0.037	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.981	1.000	0.981	1.000	0.963	0.981	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Me-1</i>	a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111
	b	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.778	1.000	0.889
	c	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000
<i>Me-2</i>	a	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.093	0.000	0.000	0.000	0.037
	b	1.000	1.000	0.981	1.000	1.000	1.000	0.907	1.000	1.000	1.000	0.963
<i>Sod-1</i>	a	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.963	1.000	1.000	1.000	1.000	0.944	0.963	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Sod-2</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Sod-3</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	0.981	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	b	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

以居群为单位统计的遗传多样性指标(表 3)在各个居群间差异甚大。各项指标的变幅:多态位点比率  $P=0 \sim 0.530$ , 平均每位点等位基因数  $A=1 \sim 1.647$ , 平均预期杂合度和观察杂合度  $He=0 \sim$

$0.108$ ,  $Ho=0 \sim 0.102$ 。居群 LJ2 在各个酶位点上均为单态,显著区别于其他居群。居群间遗传多样性指标的较大变幅正是由于这一显著区别所导致的,因此,除 LJ2 外的居群的各项指标较为接近。

表 3 小毛茛各居群遗传多样性指标及固定指数

Table 3 The genetic diversity and fixation index in 11 populations of *Ranunculus ternatus*

Populations	<i>P</i>	<i>A</i>	<i>A<sub>e</sub></i>	<i>H<sub>e</sub></i>	<i>H<sub>o</sub></i>	<i>F</i>
LJ1	0.412	1.588	1.108	0.078	0.081	-0.035
LJ2	0.000	1.000	1.000	0.000	0.000	1.000
FD	0.353	1.588	1.092	0.056	0.065	-0.161
SZ	0.412	1.529	1.082	0.060	0.063	-0.053
JF	0.530	1.647	1.077	0.056	0.055	0.025
GS	0.294	1.294	1.063	0.043	0.033	0.243
XF	0.294	1.412	1.094	0.059	0.046	0.222
HD	0.176	1.294	1.081	0.047	0.046	0.034
XY1	0.235	1.294	1.143	0.069	0.072	-0.039
XY2	0.235	1.353	1.127	0.073	0.074	-0.017
XY3	0.412	1.529	1.145	0.108	0.102	0.054

2.2 居群的遗传结构与基因流

各居群内基因多样性( $H_s$ )、总居群基因多样性( $H_T$ )、居群间基因多样性( $D_{ST}$ )及由此推算出的基因分化系数( $G_{ST}$ )在各位点的状况见表 4。小毛茛总居群的基因分化系数平均值为 0.0602(0 ~ 0.3296), *Gdh-1* 位点基因分化较为剧烈,但总的来看小毛茛基因分化处于一较低水平。由表 2 可见,各居群中在不同位点上的等位基因频率分布总是集中于同一常见的等位基因上,这样,总居群的基因分化系数不会是一个较大的数值。由于小毛茛具有异

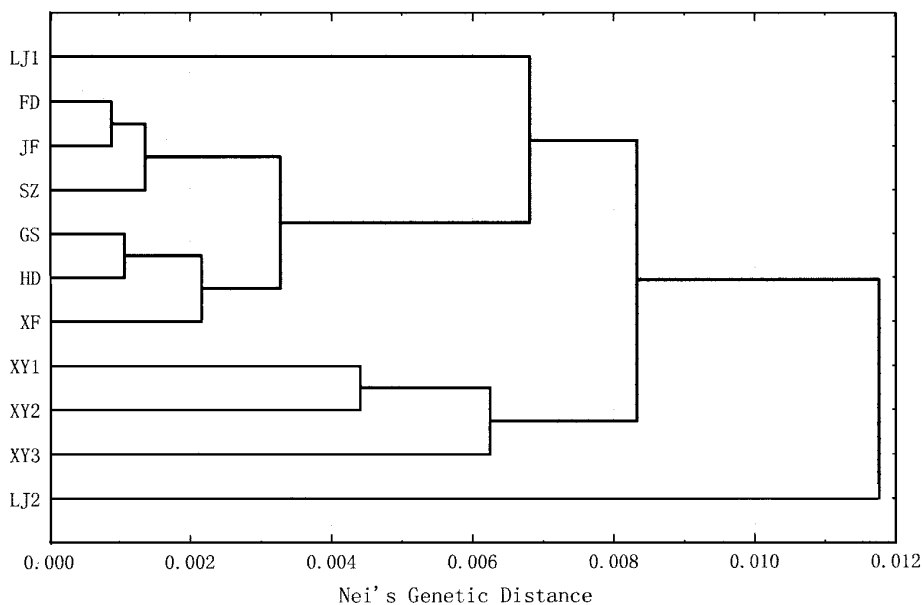


图 3 基于等位酶资料对小毛茛 11 个居群作出的聚类图

Fig. 3 Cluster analysis of 11 populations in *Ranunculus ternatus* based on allozyme data

表 4 小毛茛各位点的遗传分化系数

Table 4 The coefficient of gene differentiation for 17 loci in populations of *Ranunculus ternatus*

Locus	$H_s$	$H_T$	$D_{ST}$	$G_{ST}$	Locus	$H_s$	$H_T$	$D_{ST}$	$G_{ST}$
<i>Aat-1</i>	0.1546	0.1761	0.0215	0.1221	<i>Gdh-1</i>	0.4208	0.6277	0.2069	0.3296
<i>Adh-1</i>	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	<i>Mdh-1</i>	0.0065	0.0067	0.0002	0.0299
<i>Adh-2</i>	0.0099	0.0102	0.0003	0.0294	<i>Mdh-2</i>	0.0167	0.0169	0.0002	0.0118
<i>Adh-3</i>	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	<i>Me-1</i>	0.0493	0.0591	0.0098	0.1658
<i>Est-1</i>	0.0891	0.0993	0.0102	0.1027	<i>Me-2</i>	0.0262	0.0267	0.0005	0.0187
<i>Est-3</i>	0.1585	0.1682	0.0097	0.0577	<i>Sod-1</i>	0.0227	0.0234	0.0007	0.0299
<i>Fdh-1</i>	0.0034	0.0035	0.0001	0.0286	<i>Sod-2</i>	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
<i>Fdh-2</i>	0.0880	0.0944	0.0064	0.0678	<i>Sod-3</i>	0.0034	0.0035	0.0001	0.0286
<i>Fdh-3</i>	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	Mean	0.0617	0.0774	0.0157	0.0602
					(SD)	(0.1064)	(0.1532)	(0.0496)	(0.0840)

交为主的混合交配方式(王金平等,1999),该种的基因分化主要存在于居群内,可以理解其总居群的基因分化系数的较低水平。

用居群每代迁移数( $Nm$ )来度量居群之间的基因流,以所有居群为一总居群, $Nm = 3.90$ 。这表明居群之间有较高水平的基因流,它足以防止遗传漂变所导致的居群间遗传分化。位于武汉市长江以南(武昌地区)的居群 FD 和 JF 之间, $Nm = 34.96$ ;而居群 FD 与处于河南南南部居群 XY1 之间, $Nm = 3.02$ 。可见居群之间的基因流状况与居群间的空间距离有一定关联。

### 2.3 居群间的遗传一致度

根据各酶位点的基因型频率计算出了居群间遗传一致度和遗传距离。各居群的遗传一致度在 0.9754 ~ 0.9991 之间,这说明小毛茛各居群有较近的遗传关系。只有 LJ2 与其他居群( $I = 0.9754 \sim 0.9954$ )以及湖北武汉与河南信阳两地的居群之间( $I = 0.9754 \sim 0.9960$ )遗传一致度稍低。位于武昌地区的居群 JF 与 FD、SZ 之间具有最高的遗传一致度( $I = 0.9982 \sim 0.9991$ )。

### 2.4 居群间的遗传分化(聚类分析结果)

基于各酶位点的基因型频率计算出的各居群间遗传距离( Nei, 1978 ),采用 UPGMA 法得到的小毛茛居群水平聚类分析结果(图 3)。图中可见,位于湖北武汉长江以南地区的居群( FD、JF、SZ ),长江以北地区的居群( GS、HD、XF )及河南信阳的居群( XY1、XY2、XY3 )分别聚在一起。而处于武汉长江

以南的 LJ2 则与其他所有居群保持着相对较远的遗传距离。

为了便于了解遗传距离与空间距离的相关性,本研究中采用 GPS 定位方法计算出居群与居群之间的空间距离。采用空间距离数据同样用 UPGMA 法对小毛茛的各个居群进行聚类分析,结果与图 3 相比,除居群 XY1、XY2、XY3 远离其他居群外,其他居群的关系有所不同。在对以长江相隔的各对居群间的距离作了适当加权后,基于空间距离所作的聚类可得到与图 3 类似的结果,这暗示着长江的阻隔作用加剧了其两岸的小毛茛居群之间的遗传分化。

## 3 讨论

### 3.1 地理因素及生态因素对遗传分化的影响

地理因素对遗传分化的影响主要表现于两个方面:首先,由于小毛茛花粉流距离有限(王金平等,1999),空间隔离在一定程度上决定了居群之间基因交流的水平。所以在理想的条件下,空间距离越近,居群间基因交流越频繁,遗传分化水平越低,这可能是本研究中得到的遗传分化与地理距离呈正相关的主要原因。尽管该种的花粉具有一定的远距离散布的潜能,但其花粉散布主要依赖昆虫传粉(王金平等,1999),由于宽阔的水面对昆虫的长距离飞行有不利的影响,这可能是长江的阻隔作用导致两岸的小毛茛居群间基因交流受阻的主要原因。其次,地理因素如经纬度、海拔高度对生态因子有着规律性影响,从而控制居群分化,但由于小毛茛为狭域

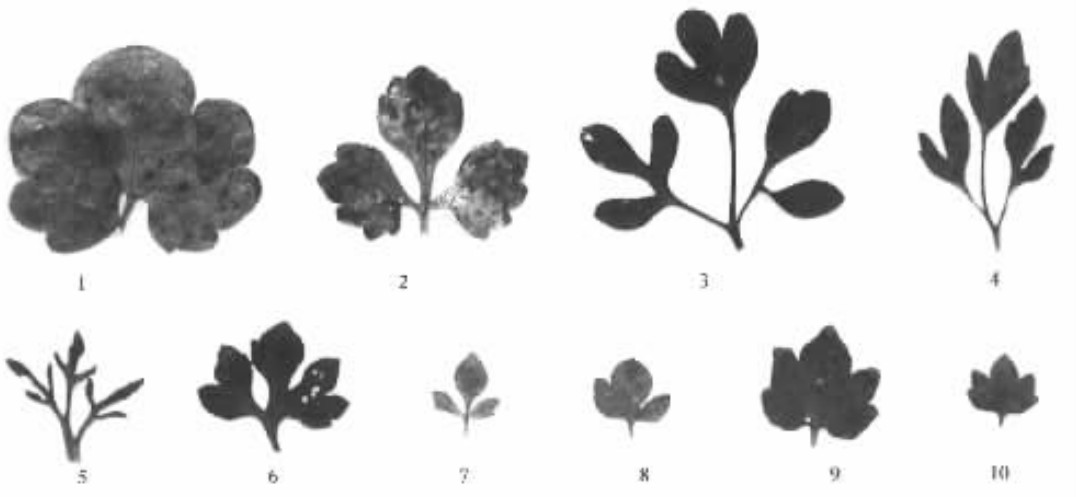


图 4 小毛茛不同居群基生叶叶片形态变异

Fig. 4 Morphological variance of leaves in different populations of *Ranunculus ternatus*

1、2 来自居群 LJ2 ; 3 ~ 10 来自其他居群。1、2 : from population LJ2 ; 3 ~ 10 : from other populations

分布种[在中国仅分布于豫南、陕南至桂北一带(王文采,1995,1980)],因此,这种机制的作用可能不会太明显。

生态因素则可作为一种选择压来控制居群中的基因型频率,对居群的遗传分化起更为重要的作用。本研究所调查和取样的小毛茛居群大多处于生态条件变化不大的生境(如阳坡、草地、路边、林缘等处所),仅居群 LJ2 处于阴坡、林下的潮湿生境中。作者推测,LJ2 在遗传结构上与其他居群的显著分异,正是因特殊生境对各个位点等位基因的选择作用所导致的。

### 3.2 形态变异与遗传分化的关系

已有多位研究者注意到,小毛茛居群内和居群间的形态变异十分复杂。廖亮等(1991)报道了形态变异与染色体倍性的某种关联(四倍体个体的基生叶常裂成细丝状)。张竞男等<sup>①</sup>则定量分析了其株高、叶形和花瓣数目等方面的显著变异,发现形态变异与居群所在生境的某些生态因子有一定的相关性,并注意到生于湖北武汉地区的居群 LJ2 在表型上明显区别于生于同一地区或不同地区的其他居群(图4)。但值得注意的是,从本研究的结果来看,小毛茛 11 个居群的各项遗传多样性指标均为相对较低的水平,而各居群之间更具有甚高的遗传一致度。用其他类型的分子标记如 PAPD 等也许会检测出更高水平的遗传多态性,但本研究结果或多或少能说明该种的表型变异含有较多的环境饰变成份。居群 LJ2 在各酶位点上均表现为常见等位基因的纯合基因型,实验中未检测到其特有等位基因或出现稀有等位基因(对其他居群而言)的高频率。尽管居群 LJ2 在形态上与其他各居群有着明显区别,而且从本研究的等位酶分析结果来看,这种变异显然有其遗传基础,但与其他居群的遗传一致度仍在 97% 以

上,作者认为这是由于特殊生境的选择压塑造的,该居群并未形成新的遗传特质(见表2)。因此,本研究结果还不能支持将此居群作为一个新种或新变种的分类学处理。

### 参考文献

- 王中仁,1994a. 植物遗传多样性和系统学研究中的等位酶分析. 生物多样性, 2(1): 38~43
- 王中仁,1994b. 植物遗传多样性和系统学研究中的等位酶分析(续). 生物多样性, 2(2): 91~95
- 王中仁,1994c. 等位酶分析的遗传学基础. 生物多样性, 2(3): 149~156
- 王中仁,1994d. 等位酶分析的遗传学基础(续). 生物多样性, 2(4): 213~219
- 王中仁,1996. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社.
- 王文采,1995. 中国毛茛科修订(一). 植物研究, 15(2): 137~168
- 王文采(编),1980. 中国植物志(第二十八卷). 北京: 科学出版社, 267~302
- 王金平,李天煜,汪小凡,李海军,贾宗超,1999. 小毛茛 (*Ranunculus ternatus* Thunb.) 花粉流潜能初探. 广西植物, 19(3): 225~228
- 徐玲玲,廖亮,1998. 猫爪草和肉根毛茛的同工酶研究. 中国植物学会. 中国植物学会六十五周年年会学术报告及论文摘要汇编. 北京: 中国林业出版社, 148
- 徐玲玲,廖亮,刘芳,1997. 禹毛茛复合体及其近缘种过氧化物同工酶研究. 武汉植物学研究, 15(1): 43~48
- 廖亮,徐玲玲,杨涤清,1991. 江西 5 种毛茛科植物核型研究. 植物分类学报, 29(2): 178~183
- Nei M, 1975. Molecular Population Genetics and Evolution. Amsterdam and New York: North Holland Publication Company
- Nei M, 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583~590
- Soltis D E, Haufler C H, Darrow D C and Gastony G J, 1983. Starch gel electrophoresis of ferns: a compilation of gridding buffers, gel and electrode buffers, and staining schedules. *American Fern Journal*, 73(1): 9~29

(责任编辑:时意专)