

西南地区麻疯树天然种群遗传多样性的等位酶变异

张 炜^{1,2} 罗建勋² 辜云杰² 胡庭兴^{1*}

¹四川农业大学林学院, 四川省林业生态工程省级重点实验室, 四川雅安 625014; ²四川省林业科学研究院, 成都 610081

摘 要 为了揭示麻疯树(*Jatropha curcas*)天然种群的遗传多样性和遗传结构, 采用聚苯烯酰胺凝胶垂直平板电泳技术, 对采自四川、云南、贵州3个省的10个麻疯树天然种群的叶片样本进行了同工酶分析。7个酶系统10个位点的检测结果表明: 麻疯树种群水平上的遗传多样性较高, 每位点平均等位基因数为2.428 6, 多态位点百分率为97.14%, 平均期望杂合度为0.396 4。种群间遗传分化系数为0.041 3, 种群间总的基因流较高, 为5.808 9, 种群间遗传一致度较高(Shannon信息指数为0.921 7–0.995 3)。非加权类平均法(UPGMA)聚类结果显示, 10个种群的遗传距离与地理距离相关性不显著。麻疯树天然种群具有较低程度的遗传分化、较高的基因流, 种内及种群内多样性丰富, 这为麻疯树优良品种的选育提供了良好的遗传基础。

关键词 同工酶, 遗传多样性, 麻疯树

Allozyme variation of genetic diversity in natural populations of *Jatropha curcas* germplasm from different areas in southwest China

ZHANG Wei^{1,2}, LUO Jian-Xun², GU Yun-Jie², and HU Ting-Xing^{1*}

¹Key Laboratory of Forestry Ecological Engineering of Sichuan Province, College of Forestry, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China; and ²Sichuan Academy of Forestry, Chengdu 610081, China

Abstract

Aims Our objectives was to investigate the genetic structure and diversity of ten natural populations of *Jatropha curcas*.

Methods Seven loci encodings were detected by vertical polyacrylamide gel electrophoresis.

Important findings The genetic diversity of *J. curcas* was high at the species level with a mean number of alleles per locus of 2.428 6, percentage of polymorphic loci of 97.14% and a mean expected heterozygosity of 0.396 4. A low level of genetic differentiation among populations (0.041 3) and a high estimate of gene flow (5.808 9) were detected together with a high level of genetic identity among populations (0.921 7–0.995 3). Unweighted pair-group mean arithmetic cluster analysis suggested that the genetic distances among populations were weakly correlated with their geographic distances. The results provided a good genetic base to select varieties.

Key words allozyme, genetic diversity, *Jatropha curcas*

对于麻疯树(*Jatropha curcas*)遗传多样性的研究国外近年来开展得比较多, 研究者们有的利用种子表型和含油率的性状(Kaushik *et al.*, 2007), 单引物扩增反应(SPAR)标记技术, 有的采用提取佛波酯通过高效液相色谱法测定生化指标的方法, 以及随机扩增多态性DNA (RAPD)标记、简单重复序列区间(ISSR)标记、简单重复序列(SSR)、序列特异性扩增区(SCAR)标记(Basha *et al.*, 2009)、扩增片段长度多态性(AFLP)标记(Tatikonda *et al.*, 2009)等方法分析麻疯树种源遗传多样性。国内麻疯树的研究主要集中在麻疯树各器官化学成分的分析、种子加工、

育苗造林技术以及毒蛋白等方面的研究, 分子水平遗传多样性方面的报道很少, 仅见表型性状研究(罗建勋等, 2008, 2009; 辜云杰等, 2009)、ISSR标记(何玮等, 2007; 向振勇等, 2007; 欧文军等, 2009)分析麻疯树遗传多样性。但到目前还未见在等位酶(同工酶)水平上系统研究麻疯树天然种群遗传变异的报道。

表型性状极易受环境条件影响, 用于研究种群遗传结果不可靠。同工酶技术为了解种群内的遗传变异、研究种群遗传学提供了有力的工具, 它是在种群、种甚至属的水平上研究生物遗传多样性的重

要方法,也是植物系统和进化研究必不可少的手段,以其共显性表达、重复性强、费用较低廉、操作简便等优点,在种群遗传、分子进化等方面具有DNA标记不可替代的作用。

本研究对来自云南、四川2个省区的具有地理代表性的10个麻疯树种群的遗传多样性进行分析,分析7种酶系统7个位点上21个等位基因的遗传变异。

1 材料和方法

1.1 采样及样品处理

试验材料来自10个种群,各种群的地理位置和样本数量详见表1。分单株采集,每个地区随机选取30个具有代表性的单株,每株采取的嫩叶迅速放到冰盒带回实验室作为试验材料,尽快提取酶液放入 -80°C 冰箱保存。

1.2 同工酶电泳

等位酶分析采用聚苯酰胺凝胶垂直平板电泳技术(王中仁,1996),得到分离良好、谱带清晰的酶系统,试验采用的酶系统见表2。切胶、染色与酶谱判读依据Soltis等(1983)、Wendel和Weeden (1989)与王中仁(1996)的原则和方法。

1.3 酶谱的判读和分析

酶谱的分析和判读参考(葛颂,1989;陈少瑜等,2001)文献,由此获得7种酶的基因位点和等位基因。

1.4 同工酶分析及数据处理

以各基因座的等位基因频率为基本数据,利用BIOSYS_11.7和POPGENE1.3232软件处理和运算

(Swofford & Selander, 1989; Yeh *et al.*, 1997),计算方法参见文献(葛颂,1989)。用下述8个遗传参数做遗传学方面的分析研究:(1)多态基因位点百分率(proportion of polymorphic loci, P);(2)平均每个基因位点的等位基因数(mean number of alleles per locus, A);(3)平均每个基因位点的等位基因的有效数目(mean effective number of alleles per locus, A_e);(4)平均杂合性的预期值(mean expected heterozygosity, H_e);(5)平均杂合性的观察值(mean observed heterozygosity, H_o);(6)每个基因座位的杂合度(H);(7)固定指数(F);(8)Shannon信息指数。

2 结果和分析

2.1 等位基因频率和等位基因分化

通过对10个种群13个酶系统(谷草转氨酶GOT、莽草酸脱氢酶SHDH、6-磷酸葡萄糖脱氢酶6PGD、丙氨酸氨基肽酶AAP、磷酸葡萄糖变位酶PGM、磷酸葡萄糖异构酶PGI、苹果酸脱氢酶MDH、亮氨酸氨基肽酶LAP、谷氨酸脱氢酶GDH、苹果酸酶ME、甲基萘还原酶MNR、乙醇脱氢酶ADH和淀粉酶DIA)的筛选,选定7种分离良好、酶带清晰的酶系统(GOT、SHDH、6PGD、AAP、PGM、PGI、MNR)。根据不同酶谱带在个体和种群中的分布,最终确定了7个基因位点,发现21个等位基因,等位基因频率的分布见表3。每个种群检测到的等位基因及其数目不同,SB检测到的最多,等位基因数为17个,HPZ检测到16个,PJ、LB、FY、XSBN、HL次之,等位基因数为15个,YL、YNPE为14个,最少的种群为LS,等位基因数为13个,平均每个种群检测到的等

表1 麻疯树采样种群的地理位置和样本量

Table 1 Geographic locations and sample size of *Jatropha curcas* populations

种群代号 Population code	采样地 Seed collection site	经纬度 Longitude and latitude	海拔 Altitude (m)	水系 River system	家系数量 No. of families
LS	卢水 Lushui	98°08' E, 25°08' N	850	怒江 Nujiang River	30
SB	双柏 Shuangbo	101°51' E, 25°49' N	1 066	红河 Honghe River	30
YNPE	普洱 Puer	100°59' E, 22°42' N	1 300	澜沧江 Lancang River	30
XSBN	西双版纳 Xishuangbanna	100°80' E, 22°35' N	1 000	澜沧江 Lancang River	30
PJ	坡脚 Pojiao	102°55' E, 26°74' N	1 080	金沙江 Jinsha River	30
FY	泸西 Luxi	103°76' E, 24°52' N	1 100	南盘江 Nanpan River	30
LB	雷波 Leibo	103°62' E, 28°21' N	960	金沙江 Jinsha River	30
HPZ	花棚子 Huapengzi	101°55' E, 26°22' N	983	金沙江 Jinsha River	30
HL	会理 Huili	101°55' E, 26°10' N	943	金沙江 Jinsha River	30
YL	金河 Jinhe	101°51' E, 27°42' N	1 200	雅砻江 Yagong River	30

表2 7种酶系统和每个酶系统检测到的位点数

Table 2 Seven enzyme systems assayed and No. of loci detected in each enzyme system

酶系统 Enzyme system	缩写 Abbreviation	标准代号 EC No.	位点数 No. of loci
谷草转氨酶 Glutamic-oxalacetic transaminase	GOT	(E.C.2.6.1.1)	2
莽草酸脱氢酶 Shikimate acid dehydrogenase	SHDH	(E.C.1.1.1.25)	1
6-磷酸葡萄糖脱氢酶 Phosphoglucose dehydrogenase	6PGD	(E.C.1.1.1.44)	2
丙氨酸氨基肽酶 Alanine aminopeptidase	AAP	(E.C.3.4.11.1)	2
磷酸葡萄糖变位酶 Phosphoglucose mutase	PGM	(E.C.5.4.2.23)	3
磷酸葡萄糖异构酶 Phosphoglucose isomerase	PGI	(E.C.5.3.1.9)	4
甲基萘醌还原酶 Menadione reductase	MNR	(E.C.1.6.99.2)	7

表3 10个麻疯树种群等位基因的频率分布

Table 3 Allele frequencies in ten natural populations of *Jatropha curcas*

位点 Locus	等位基因 Allele	种群 Population										
		金河 YL	坡脚 PJ	花棚子 HPZ	雷波 LB	法依 FY	双柏 SB	版纳 XSBN	普洱 YNPE	会理 HL	卢水 LS	平均 Mean
AAP-1	A	0.725	0.675	0.650	0.750	0.500	0.675	0.600	0.750	0.550	0.650	0.652
	B	0.275	0.325	0.350	0.250	0.500	0.325	0.400	0.250	0.450	0.350	0.348
SHDH	A	0.300	0.350	0.300	0.600	0.600	0.775	0.600	0.500	0.525	0.325	0.487
	B	0.675	0.500	0.500	0.400	0.400	0.175	0.400	0.500	0.450	0.675	0.467
	C	0.025	0.150	0.200	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.025	0.000	0.045
GOT-2	A	0.425	0.375	0.325	0.350	0.350	0.350	0.300	0.400	0.325	0.275	0.347
	B	0.575	0.625	0.675	0.650	0.650	0.650	0.700	0.600	0.625	0.725	0.647
PGI-4	A	0.625	0.500	0.450	0.550	0.475	0.525	0.575	0.500	0.550	0.550	0.530
	B	0.375	0.500	0.500	0.375	0.475	0.350	0.425	0.500	0.450	0.450	0.440
	C	0.000	0.000	0.050	0.075	0.050	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.030
6PGD-1	A	1.000	0.600	0.700	0.875	0.875	0.750	0.650	0.800	0.750	1.000	0.800
	B	0.000	0.400	0.300	0.125	0.125	0.250	0.350	0.200	0.250	0.000	0.200
MNR-3	A	0.250	0.175	0.175	0.200	0.175	0.150	0.200	0.275	0.250	0.175	0.177
	B	0.750	0.825	0.825	0.800	0.825	0.850	0.800	0.725	0.750	0.825	0.797
PGM-2	A	0.700	0.875	0.850	0.700	0.825	0.650	0.700	0.625	0.575	0.675	0.718
	B	0.300	0.125	0.150	0.300	0.175	0.325	0.300	0.375	0.425	0.325	0.280
	C	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002
基因频率平均值 Mean value of gene frequency		0.397	0.412	0.412	0.412	0.412	0.412	0.412	0.412	0.409	0.412	0.410
等位基因数 Number of alleles		14	15	16	15	15	17	15	14	15	13	14.9

种群代号见表1。位点缩写见表2。

Abbreviations of populations see Table 1. Abbreviations of loci see Table 2.

位基因数均值为14.9个,各位点的等位基因频率从0.000–1.000不等,从99%水平的多态基因座比例来看,所有基因都是多态的(表3)。

2.2 种级和种群水平的遗传多样性

种群在单位点的遗传多样性差异是评价其整体遗传多样性变异的基础,从分析结果看(表4),种群间在各单位点杂合度上均有差异。如在GOT-2位

点内期望杂合度相差较小,为0.40,而在6PGD-1位点的观测杂合度差异则达到了0.80。各位点的种群平均期望(观测)杂合度也有较大变异, H_e 变化在0.395 (MNR-3)至0.710 (PGI-4)之间, H_o 变化在0.265 (PGI-4)至0.605 (MNR-3)之间,AAP-1、SHDH、GOT-2、PGI-4位点的期望杂合度平均值都超过了0.50。

表4 10个麻疯树天然种群的遗传多样性

Table 4 Genetic diversity in ten natural populations of *Jatropha curcas*

种群 Population	个体 Individual	等位基因数 Number of alleles	多态位点百分率 P	Shannon信息指数 I	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e
LS	30	2.0 (0.2)	85.7	0.546 2	0.493 (0.092)	0.382 (0.065)
SB	30	2.1 (0.1)	100.0	0.642 5	0.600 (0.080)	0.440 (0.051)
YNPE	30	2.3 (0.2)	100.0	0.665 8	0.600 (0.076)	0.443 (0.050)
XSBN	30	2.1 (0.1)	100.0	0.608 8	0.564 (0.090)	0.413 (0.043)
PJ	30	2.1 (0.1)	100.0	0.596 4	0.529 (0.091)	0.407 (0.050)
FY	30	2.4 (0.2)	100.0	0.659 8	0.550 (0.089)	0.432 (0.040)
LB	30	2.0 (0.0)	100.0	0.628 2	0.679 (0.060)	0.449 (0.023)
HPZ	30	2.0 (0.0)	100.0	0.624 5	0.629 (0.055)	0.446 (0.027)
HL	30	2.1 (0.1)	100.0	0.662 0	0.679 (0.068)	0.472 (0.023)
YL	30	1.9 (0.1)	85.7	0.521 2	0.471 (0.091)	0.368 (0.066)
平均	30	2.1 (0.1)	97.1	0.615 5	0.579 (0.079)	0.425 (0.043)

种群代号见表1。括号内为标准误差。

H_e , mean expected heterozygosity; H_o , mean observed heterozygosity; I , Shannon information index; P , proportion of polymorphic loci. Abbreviations of populations see Table 1. Brackets for standard error.

表5 麻疯树10个种群的单位点杂合度

Table 5 Observed heterozygosity at single locus detected in ten populations of *Jatropha curcas*

位点 Locus	杂合度 Heterozygosity	种群 Population										平均值 Mean
		金河 YL	坡脚 PJ	花棚子 HPZ	雷波 LB	法依 FY	双柏 SB	版纳 XSBN	普洱 YNPE	会理 HL	卢水 LS	
AAP-1	H_o	0.450	0.350	0.300	0.500	0.400	0.350	0.200	0.500	0.100	0.400	0.355
	H_e	0.550	0.650	0.700	0.500	0.600	0.650	0.800	0.500	0.900	0.600	0.645
SHDH	H_o	0.600	0.300	0.200	0.200	0.200	0.550	0.200	0.300	0.150	0.550	0.325
	H_e	0.400	0.700	0.800	0.800	0.800	0.450	0.800	0.700	0.850	0.450	0.675
GOT-2	H_o	0.350	0.250	0.350	0.300	0.300	0.300	0.400	0.200	0.250	0.450	0.315
	H_e	0.650	0.750	0.650	0.700	0.700	0.700	0.600	0.800	0.750	0.550	0.685
PGI-4	H_o	0.250	0.300	0.200	0.100	0.250	0.500	0.150	0.300	0.300	0.300	0.265
	H_e	0.750	0.700	0.800	0.900	0.050	0.950	0.850	0.700	0.700	0.700	0.710
6PGD-1	H_o	1.000	0.200	0.400	0.750	0.750	0.500	0.300	0.600	0.500	1.000	0.600
	H_e	0.000	0.800	0.600	0.250	0.250	0.500	0.700	0.400	0.500	0.000	0.400
MNR-3	H_o	0.500	0.650	0.650	0.600	0.650	0.700	0.600	0.450	0.600	0.650	0.605
	H_e	0.500	0.350	0.350	0.400	0.350	0.300	0.400	0.550	0.400	0.350	0.395
PGM-2	H_o	0.400	0.750	0.700	0.600	0.750	0.700	0.400	0.250	0.350	0.350	0.525
	H_e	0.600	0.250	0.300	0.400	0.250	0.300	0.600	0.750	0.650	0.650	0.475
平均值 Mean	H_o	0.507	0.400	0.400	0.436	0.471	0.514	0.321	0.371	0.321	0.528	0.427
	H_e	0.493	0.600	0.600	0.564	0.429	0.550	0.679	0.628	0.678	0.471	0.569

种群代号见表1。位点缩写见表2。 H_o 、 H_e 见表4。

Abbreviations of populations see Table 1. Abbreviations of loci see Table 2. H_o , H_e see Table 4.

2.3 种群的遗传分化与基因流

麻疯树10个种群在7个位点的 F 统计量及其分解值和 N_m 值见表6。种群间的遗传分化系数(F_{st})在不同位点间的差异较大,变化范围为0.008 (GOT-2)–0.105 (6PGD-1),平均为0.042,表明仅有4.2%的变异

存在于麻疯树种群间,95.8%的变异存在于种群内,种群内的遗传变异是麻疯树总变异的主要来源。

根据基因分化系数估算得到麻疯树种群间的基因流(N_m)变化范围,从6PGD-1位点的2.1204到GOT-2位点的31.3408,位点间差异很大。种群间所

表6 麻疯树天然种群 F 统计量及基因流

Table 6 Estimated F -statistics and gene flow in natural population of *Jatropha curcas*

位点 Locus	F_{is}	F_{it}	F_{st}	N_m
AAP-1	-0.462 2	-0.422 3	0.027 3	8.920 6
SHDH	-0.365 0	-0.245 9	0.087 2	2.615 7
GOT-2	-0.512 6	-0.500 6	0.007 9	31.340 8
PGI-4	-0.506 9	-0.486 8	0.013 3	18.552 9
6PGD-1	-0.397 4	-0.250 0	0.105 5	2.120 4
MNR-3	-0.234 9	-0.223 0	0.009 6	25.692 8
PGM-2	-0.221 1	-0.167 7	0.043 7	5.467 3
Mean	-0.397 7	-0.340 0	0.041 3	5.808 9

F_{is} , 单个种群水平近交系数; F_{it} , 总种群水平近交系数; F_{st} , 种群间遗传分化系数; N_m , 基因流。位点缩写见表2。

F_{is} , inbreeding coefficient at individual population level; F_{it} , inbreeding coefficient at total population level; F_{st} , population differentiation; N_m , gene flow estimated from $F_{st} = 0.25(1 - F_{st})/F_{st}$. Abbreviations of loci see Table 2.

表7 麻疯树种群间的遗传距离 D (对角线下方)及遗传一致度 I (对角线上方)(Nei, 1978)

Table 7 Genetic distances (below diagonal) and genetic identities (above diagonal) among populations of *Jatropha curcas* (Nei, 1978)

种群代号 Population code	YL	PJ	HPZ	LB	FY	SB	XSBN	YNPE	HL	LS
YL	****	0.943 6	0.956 1	0.973 9	0.955 2	0.921 7	0.943 4	0.977 7	0.961 7	0.990 9
PJ	0.058 1	****	0.995 3	0.958 1	0.961 7	0.941 2	0.975 3	0.964 5	0.959 1	0.945 0
HPZ	0.044 9	0.004 7	****	0.964 1	0.969 9	0.941 8	0.972 1	0.967 6	0.962 8	0.962 4
LB	0.026 4	0.042 8	0.036 5	****	0.979 3	0.983 3	0.980 7	0.990 2	0.980 0	0.974 3
FY	0.045 8	0.039 0	0.030 5	0.020 9	****	0.969 4	0.979 3	0.968 1	0.977 6	0.966 8
SB	0.081 5	0.060 6	0.059 9	0.016 9	0.031 1	****	0.981 0	0.965 3	0.970 7	0.928 4
XSBN	0.058 3	0.025 0	0.028 3	0.019 5	0.020 9	0.019 2	****	0.979 3	0.989 5	0.953 8
YNPE	0.022 6	0.036 1	0.033 0	0.009 8	0.032 4	0.035 3	0.021 0	****	0.987 2	0.975 6
HL	0.039 0	0.041 8	0.037 9	0.020 2	0.022 7	0.029 7	0.010 5	0.012 9	****	0.968 7
LS	0.009 1	0.056 6	0.038 3	0.026 0	0.033 7	0.074 3	0.047 3	0.024 8	0.031 8	****

种群代号见表1。

Populations codes see Table 1.

有位点的 N_m 估计值较高, 为3.0472, 与麻疯树种群间遗传分化程度较小相一致(表6)。

配子贡献度(F_{it})和固定指数(F_{is})分别代表总体水平和单个种群内个体间近交的指标, 10个种群的 F_{it} 和 F_{is} 所有位点均为负值, 总种群的 F_{it} 和 F_{is} 也均为负值, 分别为-0.397 7和-0.340 0(表6), 表明无论在总体水平还是种群内个体间, 麻疯树种群都表现为杂合体过量的现象。

2.4 种群间的遗传距离与聚类分析

根据Nei (1972)的方法计算出遗传一致度 I 和遗传距离 D (表7)。各种群的 I 较高, 变幅为0.921 7-0.987 2, 而 D 的变化范围为0.004 7-0.081 5, 进一步比较发现云南普洱与云南双柏种群之间的 I 最高而 D 最近($I = 0.995 3, D = 0.004 7$), LS与FY的 I 最低而 D 最远($I = 0.921 7, D = 0.081 5$)。

以Nei (1972)遗传距离进行UPGMA聚类分析(图1), 结果显示, 麻疯树10个种群分为2组: 在第1组中, YL与LS两种群聚在一起形成一组, 在第2组

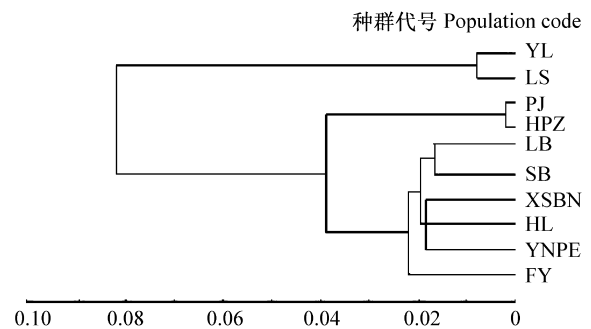


图1 麻疯树种群的Nei's遗传距离UPGMA聚类图。种群代号同表1。

Fig. 1 UPGMA dendrogram of *Jatropha curcas* populations based on Nei's genetic distance. Population codes see Table 1.

的8个种群中PJ与HPZ先聚在一起, LB与SB种群先聚在一起, XSBN与HL和YNPE先聚在一起, 然后三者再聚在一起, 再与FY聚在一起, 最后与聚在一起的两个种群PJ与HPZ聚成一组。

3 讨论

3.1 麻疯树种群遗传多样性

通过同工酶标记对10个天然种群的研究发现: 10个种群在物种水平的多态百分率(PPB)为97.1%, 与何玮等(2007)用ISSR标记对麻疯树种群遗传多样性研究结果中PPB为97.04%趋于一致, 表明麻疯树种群的遗传多样性处于丰富的水平。10个麻疯树种群的 H_e 为0.396 4。根据Hamrick (1989), 热带树木的 H_e 为0.211, 针叶树种的为0.207, 双子叶植物的为0.113, 所有植物的为0.141。这一结果表明, 西南地区的麻疯树具有较高的遗传多样性。

3.2 麻疯树种群间的遗传关系

比较麻疯树的种群分布(表1)和根据Nei's遗传距离的UPGMA聚类图(图1), 发现两个种群间PJ和HL的地理距离最近, 在聚类图上却分布在两支上, 而地理距离相对较远的盐源金河YL和云南卢水LS种群却聚在了一起。分析表明种群间的遗传距离与地理距离无明显的相关关系。Hamrik (1990)认为, 种群的地理分布和遗传多样性分布没有直接的相关性, 本研究结果支持这一结论。

3.3 麻疯树遗传多样性保护和树种改良

种群间的 F_{st} 平均为0.042, 表明仅有4.2%的变异存在于麻疯树种群间, 95.8%的变异存在于种群内, 说明这些种群内的遗传变异是麻疯树总变异的主要来源, 种群内杂合程度相当高, 说明有可能存在自花授粉不育现象。从DNA分子水平来看, 遗传距离的变幅越大, 说明其遗传分化越大、遗传多样性越高, 遗传背景越复杂, 这对麻疯树优良品种的选育极为有利。种群间基因流动大, 有利于该物种的进化和扩展, 但同时在育种中要防止花粉等的飘污等。从同工酶遗传变异研究结果可以看出, 麻疯树遗传改良策略主要利用种群间的遗传变异, 开展优良种源的选择和利用; 同时也要充分利用种群内的遗传变异, 开展优良单株的选择和利用, 筛选高油、高产和多抗的无性系优良品种。

致谢 国家“十一五”科技支撑计划项目(2007BAD-50B01-01)和四川省育种攻关项目(2006YZGG-10)

资助。

参考文献

- Basha SD, Francis G, Makkar HPS, Becker K, Sujatha M (2009). A comparative study of biochemical traits and molecular markers for assessment of genetic relationships between *Jatropha curcas* L. germplasm from different countries. *Plant Science*, 176, 812–823.
- Chen SY (陈少瑜), Wu LY (吴丽圆), Li JW (李江文), Xiang W (项伟), Zhou Y (周云) (2001). Study on genetic diversity of natural population of *Taxus yunnanensis*. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 37(5), 41–48. (in Chinese with English abstract)
- Ge S (葛颂) (1989). Quantitative analysis of tree population variation by allozyme and analysis method. *Journal of Southwest Forestry College* (西南林学院学报), 9(1), 84–91. (in Chinese with English abstract)
- Gu YJ (辜云杰), He CJ (何朝军), Zhang J (张俊), He SB (何绍彬), Zhang W (张炜), Luo JX (罗建勋) (2009). Study on phenotypic diversity of *Jatropha curcas* seeds from natural population in Liangshan Yi Autonomous Prefecture. *Journal of Southwest Forestry College* (西南林学院学报), 29(6), 11–14. (in Chinese with English abstract)
- Hamrick JL, Godt MJW (1989). Allozyme diversity in plant species. In: Brown AHD, Clegg MT, Kahler AL, Weir BS eds. *Plant Population Genetics, Breeding and Germplasm Resources*. Sinauer, Sunderland, Mass. 43–63.
- Hamrick JL, Godt MJW, Sherman-Bmyles SL (1992). Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forests*, 6, 95–124.
- He W (何玮), Guo L (郭亮), Wang L (王岚), Yang W (杨威), Tang L (唐琳), Chen F (陈放) (2007). ISSR analysis of genetic diversity of *Jatropha curcas* L. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology* (应用与环境生物学报), 13, 466–470. (in Chinese with English abstract)
- Kaushik N, Kumar K, Kumar S, Kaushik N, Roy S (2007). Genetic variability and divergence studies in seed traits and oil content of *Jatropha* (*Jatropha curcas* L.) accessions. *Biomass & Bioenergy*, 31, 497–502.
- Luo JX (罗建勋), Gu YJ (辜云杰), Tang P (唐平), He XF (和献峰), Peng JY (彭建勇), Zhang W (张炜) (2009). *Jatropha curcas* populations in west Panzhihua area. *Journal of Southwest Forestry College* (西南林学院学报), 29(3), 1–4. (in Chinese with English abstract)
- Luo JX (罗建勋), He XF (和献峰), Gu YJ (辜云杰), Tang P (唐平), Cao XJ (曹小军), Yang PJ (杨培金) (2008). Study on phenotypic diversity of natural populations of *Jatropha*

- curcas* in Panzhihua area, Sichuan Province. *Journal of Southwest Forestry College* (西南林学院学报), 28(6), 31–35. (in Chinese with English abstract)
- Nei M (1972). Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 6, 283–293.
- Nei M (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583–590.
- Ou WJ (欧文军), Wang WQ (王文泉), Li KM (李开绵) (2009). Molecular genetic diversity analysis of 120 accessions of *Jatropha curcas* L. germplasm. *Chinese Journal of Tropical Crops* (热带作物学报), 30, 284–292. (in Chinese with English abstract)
- Soltis DE, Haufler CH, Darow DC, Gastony GJ (1983). Starch gel electrophoresis of ferns: a compilation of grinding buffers, gel and electrode buffers, and staining schedules. *American Fern Journal*, 73, 9–27.
- Swofford DL, Selander RB (1989). BIOSIS-1, a computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. *Journal of Heredity*, 72, 281–283.
- Tatikonda L, Wani SP, Kannan S, Beerelli N, Sreedevi TK, Hoisington DA, Devi P, Varshney RK (2009). AFLP-based molecular characterization of an elite germplasm collection of *Jatropha curcas* L., a biofuel plant. *Plant Science*, 176, 505–513.
- Wang ZR (王中仁) (1996). *Plant Allozyme Analysis* (植物等位酶分析). Science Press, Beijing. (in Chinese)
- Wendel JF, Weeden NF (1989). Visualization and interpretation of plant isozymes. In: Soltis DE, Soltis PS eds. *Isozymes in Plant Biology*. Dioscorides Press, Portland. 5–44.
- Xiang ZY (向振勇), Song SQ (宋松泉), Wang GJ (王桂娟), Chen MS (陈茂盛), Yang CY (杨成源), Long CL (龙春林) (2007). Genetic diversity of *Jatropha curcas* (Euphorbiaceae) collected from southern Yunnan, detected by inter-simple sequence repeat (ISSR). *Acta Botanica Yunnanica* (云南植物研究), 29, 619–624. (in Chinese with English abstract)
- Yeh FC, Yang RC, Boyle T (1997). POPGENE, Version 1.32 Edition. Software Microsoft Window-Based Freeware for Population Genetic Analysis. University of Alberta, Edmonton, Alta.

责任编辑: 葛 颂 责任编辑: 李 敏