

版纳青梅居群的遗传多样性和群体分化

李巧明, 许再富

(中国科学院西双版纳热带植物园, 云南 勐腊 666303)

摘要: 我国龙脑香科特有种版纳青梅 (*Vatica guangxiensis*) 仅局限分布于滇南(勐腊)和桂西南(那坡), 本文应用“水平切片淀粉凝胶电泳等位酶分析”方法, 对其进行了遗传多样性和群体分化的研究。对 14 个酶系统 23 个等位酶位点的研究表明, 其居群变异水平很低, 多态位点比率 P 为 13.0%~21.7%, 等位基因平均数 A 为 1.1~1.2, 平均期望杂合度 H_e 为 0.056~0.130, 平均观测杂合度 H_o 为 0.055~0.130。F 统计分析表明版纳青梅具有较高水平的群体分化, 基因分化系数高达 $G_{ST} = 0.265$ 。这与其居群内存在一定程度的近交, 以及种子的重力散布有关; 另外, 也可能是在其进化过程中, 由于居群的缩小而发生了遗传漂变。此外, 本研究也从等位酶水平为广西青梅 (*V. guangxiensis*) 和版纳青梅 (*V. xishuangbannaensis*) 的合并作一佐证。

关键词: 版纳青梅; 遗传多样性; 群体分化

中图分类号: Q 948, Q 945 **文献标识码:** A **文章编号:** 0253-2700(2001)02-09

Genetic Diversity and Population Differentiation of *Vatica guangxiensis*

LI Qiao-Ming, XU Zai-Fu

(Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla 666303, China)

Abstract: The genetic diversity and population differentiation of an endemic Dipterocarpaceae, *Vatica guangxiensis*, were examined using allozyme analysis of horizontal sliceable starch gel electrophoresis. It is distributed in Mengla of Southern Yunnan and Napo of Southwest Guangxi only. Allozyme data for 23 loci of 14 enzymes indicated low level of genetic diversity with the proportion of polymorphic loci (P) ranging from 13.0% to 21.7%, average number of alleles per locus (A) from 1.1 to 1.2, average expected (H_e) and observed (H_o) heterozygosity per locus from 0.056 to 0.130 and 0.055 to 0.130, respectively. Wright's F statistics analysis suggested the high level of subpopulation differentiation ($G_{ST} = 0.265$). The inbreeding and gravity dispersal of seeds contributed to the high subpopulation differentiation. Another possible reason of high subpopulation differentiation, could be from the reduced population size that induced the genetic drift. Furthermore, it supported the combination of *V. guangxiensis* and *V. xishuangbannaensis*.

Key words: *Vatica guangxiensis*; Genetic diversity; Population differentiation

龙脑香科 Dipterocarpaceae 是典型的泛热带分布科, 主要分布在热带亚洲及非洲, 以热

带亚洲为现代分布中心。亚洲诸种是东南亚热带雨林主要类型的上层优势种,也是世界上重要的商品材和油脂原料。我国为该科植物分布的北界,据中国植物志统计,产 5 属 13 种(陶国达等,1990)。该科植物版纳青梅 *Vatica guangxiensis* 是热带雨林的上层标志树种,也是国家二级重点保护植物,为特有种。目前仅分布于滇南的勐腊县和广西的那坡县(仅存一株母树),两地的版纳青梅在形态上存在差异,最初定为两个不同的种:版纳青梅 *V. xishuangbannaensis* 和广西青梅 *V. guangxiensis* (莫新礼,1980;陶国达等,1983),后又被合并为一个种 *V. guangxiensis* (朱华等,1992)。版纳青梅可能直接和间接地起源于马来西亚的祖先类群(朱华,1996),目前间断分布于我国古热带植物区的滇、缅、泰地区和北部湾地区(吴征镒,1979)。龙脑香科植物的果子较大,重力传播远大于风力传播;且其坚果不为动物所传播,种子寿命短,具快速的发芽方式,以致于种群难于扩张。尽管对版纳青梅的分类和分布、种群结构、生殖生物学特点以及保护和繁殖等进行了一些研究(肖来云等,1993;赵学农等,1993;朱华,1993),但迄今对版纳青梅这一重要类群的遗传多样性研究尚未见报道。本研究采用“水平切片淀粉凝胶电泳等位酶分析”方法,对其居群遗传结构、居群遗传分化进行探讨,为版纳青梅在保护研究上采取正确措施及方法提供科学依据,在保护生物学上有较高的科学意义。此外,也可为版纳青梅的分类鉴定提供酶电泳佐证资料。

1 材料和方法

1.1 采样及样品处理

版纳青梅的样品采自滇南勐腊县的南沙河一带(Nanshahe),以及桂西南的那坡县六韶山(仅存一株母树)(Liushaoshan)。同时还对勐仑植物园栽培的版纳青梅居群(Zhiwuyuan)取样,作为比较。采集母树树冠之下的同龄小苗的嫩叶作为样品。取样个体数量取决于居群大小,居群中能开花结果,在其下面有小苗生长的大树并不多,所以采样时尽量覆盖了整个居群。几乎能开花结果并有小苗生长的大树下,都取了小苗的叶片。勐腊南沙河取 11 个样;勐仑植物园取 9 个样(来自勐腊县南沙河);那坡六韶山仅存一株母树,取了 3 株小苗的叶片。由于交通运输不方便,刚采到的同龄嫩叶于 0~4℃ 保鲜,迅速运往实验室后,样品于 -70℃ 低温冷冻箱保存。

1.2 酶电泳实验

冷冻的嫩叶从低温冰箱里取出后,在其解冻以前及时加上 2% 的巯基乙醇予以保护,然后迅速进行研磨。用 Tris-HCl 提取缓冲液(pH7.5)冰镇研磨提取酶液,提取液中含 1% 的巯基乙醇,8% 的聚乙烯吡咯烷酮(PVP-40T),10% 的二甲基亚砜(DMSO)。沁子(wicks)用新华 III 号滤纸,制成 6 mm×3 mm 大小,蘸吸提取液后,置于 -70℃ 低温冰箱中保存备用。采用“水平切片淀粉凝胶电泳等位酶分析”方法,所用 3 种缓冲液系统采用 Soltis 等(1983)稍加调整: I. 0.02 mol/L Citrate/histidine (pH7.0); II. Tris-citrate (pH7.0); III. Lithium-borate (pH8.3)。所用水解淀粉为中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放研究实验室处理过的水解马铃薯淀粉,淀粉胶浓度为 12.5%。电泳时取出沁子上胶,于 40 mA 稳流条件下电泳 6~8 h。酶的组织化学染色方法参考 Soltis 等(1983)和 Wendel 等(1989)配方。对 18 种酶系统进行检测,获得 14 种酶系统共 25 个等

位酶位点 (表 1)。

1.3 等位酶分析及数据处理

等位酶位点和等位基因的命名按常规：以酶的缩写字母代表该酶系统，连字符后的数字代表该酶不同的位点，愈靠近正极（迁移率愈大）的位点以愈小的数字表示。等位酶位点上衡量遗传变异大小的指标主要为：多态位点比率 (P) (proportion of polymorphic loci)、等位基因平均数 (A) (average number of alleles per locus)、平均期望杂合度 (H_e) 和观测杂合度 (H_o) (average expected and observed heterozygosity) (葛颂, 1989; Nei, 1975)。用 Nei (1975) 的基因分化系数 (G_{ST}) (coefficient of gene differentiation) 和遗传一致度 (I) (genetic identity) 来衡量各居群之间遗传分化的大小。并进行聚类分析，得到各类群植物的聚类分支图。上述各项指标的计算均用 BIOSYS-1 (Swofford 等, 1989) 软件完成。

表 1 电泳检测所用酶系统、凝胶缓冲系统和位点数目

Table 1 The enzyme systems and electrophoretic data

酶系统 Enzyme system	缩写 Abb.	酶分类编码 E. C. No.	缓冲系统 Gel buffer	位点数目 No. of loci
天冬氨酸转氨酶 Aspartate aminotransferase	AAT	2.6.1.1	III	2
还原型辅酶 I 心肌黄酶 NAD (P) H - Diaphorase	DIA	1.6.2.2	I	1
果糖二磷酸醛缩酶 Fructose - bisphosphate aldolase	FBA	4.1.2.13	I	1
果糖二磷酸酶 Fructose - bisphosphatase	FBP	3.1.3.11	I	2
6-磷酸葡萄糖脱氢酶 Glucose - 6 - phosphate dehydrogenase	G6PD	1.1.1.49	II	1
异柠檬酸脱氢酶 Isocitrate dehydrogenase	IDH	1.1.1.42	II	2
苹果酸脱氢酶 Malate dehydrogenase	MDH	1.1.1.37	I	4
苹果酸酶 Malic enzyme	ME	1.1.1.40	I	1
甘露糖 - 6 - 磷酸异构酶 Mannose - 6 - phosphate isomerase	MPI	5.3.1.8	III	2
6-磷酸葡萄糖酸脱氢酶 Phosphogluconate dehydrogenase	PGD	1.1.1.44	II	2
磷酸葡萄糖异构酶 Phosphoglucose isomerase	PGI	5.3.1.9	I	2
磷酸葡萄糖变位酶 Phosphoglucomutase	PGM	2.7.5.1	I	2
过氧化物酶 Peroxidase	PER	1.11.1.7	III	2
莽草酸脱氢酶 Shikimate dehydrogenase	SKD	1.1.1.25	II	1

2 实验结果

通过对 18 种酶系统的检测，根据获得的清晰酶谱确定每一居群每个个体每一酶位点的基因型 (葛颂等, 1997)。其中 14 种酶系统 23 个酶位点获得了清晰和稳定的谱带。这 14 种酶系统共受 25 个基因位点编码，其中 Mdh-3 位点、Aat-2 位点因在某些个体中分离效果较差，不做进一步分析。本文以上述 14 种酶系统 23 个位点为遗传标记进行群体遗传学分析。这些酶系统的种类、编码位点数目和检测所用的凝胶缓冲液系统详见表 1。一些单态位点及多态位点的电泳谱带式样见图版 I。

2.1 遗传变异性

版纳青梅 3 个居群在所确定的 23 个等位酶位点上，只有 6 个位点为多态的 (有 2 个以上等位基因) (图版 I: 1~4)，其余 17 个位点 (Mdh-2、Skd、Idh-1、Idh-2、Pgd-1、

Pgd-2、G6pd、Aat、Per-1、Per-2、Pgm-1、Pgm-2、Fba、Mpi-1、Mpi-2、Fbp-1、Fbp-2) 均为单态位点 (只有 1 个等位基因) (图版 1: 1, 5~8), 多态位点占 26.1%。表 2 为上述 6 个多态位点的等位基因种类及其在 3 个居群中的频率。由表 2 可见, 6 个多态位点都只有 2 个等位基因。将表 2 数据计算出的群体变异水平的几个指标列于表 3。由表 3 可见, 不管是以每个小居群为单位还是以整个版纳青梅居群为单位, 遗传多样性水平都较低。多态位点比率 P 为 13.0%~21.7%, 等位基因平均数 A 为 1.1~1.2, 平均期望杂合度 H_e 为 0.056~0.130, 平均观测杂合度 H_o 为 0.055~0.130。版纳青梅天然居群 (南沙河居群和六韶山居群) 的平均值 $P=17.35\%$, $A=1.15$, $H_e=0.099$, $H_o=0.093$ 。实际观测的杂合体比率与理论期望比率相当, 差异不显著, 故固定指数 F 值均接近于 0, 未达到统计显著水平。但可看出南沙河居群中纯合体过量, 而植物园居群中杂合体过量。

表 2 版纳青梅居群在 6 个多态位点上的基因频率

Table 2 Allele frequencies at 6 polymorphic loci in three populations of *V. guangxiensis*

位点 Locus	等位基因 Allele	居群 Population		
		南沙河 Nanshahe	植物园 Zhiwuyuan	六韶山 Liushaoshan
个体数 (No.)		11	9	3
Mdh-1	A	0.182	0.111	1.000
	B	0.818	0.889	0.000
Mdh-4	A	1.000	1.000	0.500
	B	0.000	0.000	0.500
Me	A	0.182	0.111	0.000
	B	0.818	0.889	1.000
Pgi-1	A	0.909	1.000	1.000
	B	0.091	0.000	0.000
Pgi-2	A	0.500	0.389	0.500
	B	0.500	0.611	0.500
Dia	A	0.136	0.222	0.500
	B	0.864	0.778	0.500

表 3 版纳青梅居群的遗传变异指标

Table 3 Genetic variability in three populations of *V. guangxiensis*

居群 Population	A	P^*	H_o	H_e^{**}	固定指数 F	异交率 t
南沙河 Nanshahe	1.2 (.1)	21.7	0.055 (.033)	0.068 (.030)	0.191	0.679
植物园 Zhiwuyuan	1.2 (.1)	17.4	0.063 (.039)	0.056 (.028)	-0.125	1.286
六韶山 Liushaoshan	1.1 (.1)	13.0	0.130 (.072)	0.130 (.072)	0.000	1.000
平均值 Mean	1.17 (.1)	17.37	0.083 (.048)	0.085 (.043)	0.022	0.988

* A locus is considered polymorphic if the frequency of the most common allele does not exceed 0.99

** Unbiased estimate (see Nei, 1978)

2.2 群体分化大小

表 4 是版纳青梅 3 个居群 6 个多态位点的 F 统计分解值。 F_{IT} 表示将 3 个居群作为一个单位考虑时, 某位点上基因型偏离 Hardy - weinberg 期望比例的程度; F_{IS} 表示各居群中基因型偏离 Hardy - weinberg 期望比例的程度; 而 F_{ST} 则用来衡量亚居群之间的分化程度。Mdh - 1、Mdh - 4、Pgi - 2、Dia 位点的 F_{IT} 和 F_{IS} 值均为负值, 表明这些位点上的杂合体比率大于期望值, 即居群中, 杂合体过量的位点占全部位点的 17% 左右。群体间的基因分化系数 $G_{ST} = 0.265$, 即在总的遗传变异中, 有 26.5% 的变异存在于群体间。6 个多态位点中, 有两个位点 Mdh - 1, Mdh - 4 上的等位基因频率在群体之间有显著的分化。根据各居群基因频率算出各居群间的遗传一致度大小。表 5 显示了版纳青梅 3 个居群彼此间的遗传一致度和遗传距离。群体两两之间的 I 值分别为 0.998 (南沙河和植物园)、0.949 (南沙河和六韶山)、以及 0.947 (植物园和六韶山)。六韶山群体与另 2 个群体之间 I 值最低, 这说明遗传分化主要存在于六韶山群体与其它群体之间。根据居群间的遗传一致度和遗传距离, 按照 Nei (1978) 的方法进行不加权平均聚类分析, 得出版纳青梅 3 个居群的相似性聚类图, 结果见图 1, 南沙河居群和植物园居群几乎完全一致, 六韶山居群和其它两个居群略有差异。

表 4 版纳青梅 3 个居群 6 个多态位点的 F 统计量

Table 4 Summary of F -statistics at 6 loci of 3 populations

in <i>V. guangxiensis</i>			
Locus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Mdh - 1	-0.183	0.602	0.664
Mdh - 4	-1.000	-0.200	0.400
Me	1.000	1.000	0.064
Pgi - 1	1.000	1.000	0.062
Pgi - 2	-0.636	-0.618	0.011
Dia	-0.588	-0.401	0.118
Mean	-0.357	0.002	0.265

表 5 版纳青梅 3 个居群的遗传一致度和遗传距离

Table 5 Matrix of genetic similarity and/or distance coefficients of 3 populations in *V. guangxiensis*

Population	1	2	3
Nanshahe	*****	0.998	0.949
Zhiwuyuan	0.002	*****	0.947
Liushaoshan	0.052	0.054	*****

Below diagonal: Nei (1972) genetic distance

Above diagonal: Nei (1972) genetic identity

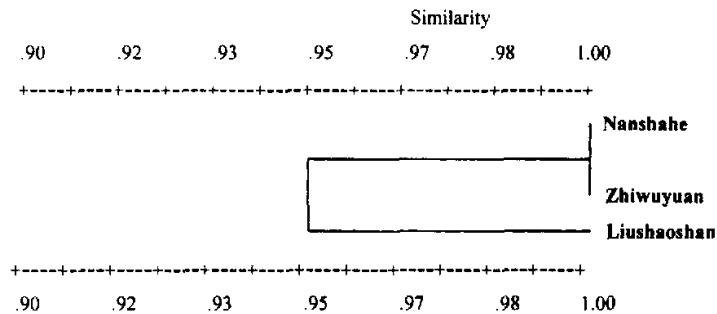


图 1 版纳青梅 3 个居群的相似性聚类图

Fig. 1 Phenograms of UPGMA cluster analysis based on Nei's genetic identity among three populations of *Vatica guangxiensis*

3 讨论

通过对版纳青梅的等位酶分析,可以看出版纳青梅居群的遗传结构及分化与其生活史有着密切的关系。现对以下几方面做一论述。

3.1 交配系统

表3给出了基于等位酶资料的异交率(t)的估计,虽然版纳青梅的花为两性花,但在其天然居群南沙河居群内显示了只有0.679的异交率,可能是由于“有效自交”或地方居群结构产生近亲交配的结果。估计其交配系统为混交。由于天然居群中个体间交配存在“邻接效应”,从而导致一定程度的近交。这是许多异交植物中杂合体不足的主要原因,即使风媒授粉占绝对优势的松杉类也不例外(葛颂,1988)。

3.2 居群内遗传变异

目前,已经使用等位酶电泳技术对不少热带木本物种进行了遗传多样性的检测。Hamrick等(1989)报告了热带物种(包括热带草本分类群)的 P 值为32.7%, H_e 值为0.109。特有的热带物种比更广分布的物种显示了更少的变异。热带特有种($P=18.7\%$, $H_e=0.045$),比一般的特有种($P=26.3\%$, $H_e=0.063$)具有更少的变异。而温带裸子植物具有高达平均66.7%的 P 值和平均0.207的 H_e 值(Hamrick等,1981)。这是与其生活史特性有关的,Hamrick等(1979)认为具有高水平遗传变异的植物种多为寿命长、地理分布广、风媒授粉、结实性高和处于演替末期的物种。本研究的检测结果表明版纳青梅在居群内的变异水平较低, $P=13.0\% \sim 21.7\%$, $A=1.1 \sim 1.2$, $H_e=0.056 \sim 0.130$,比热带特有种的平均值稍高一些。这也是与其生活史特性密切相关的。版纳青梅仅局限分布于滇南的勐腊县和广西的那坡县(目前仅存一株母树)。在版纳青梅的天然居群南沙河居群内,由于种群较小,以及种子的重力散布和快速萌发的特性,可能导致了一定程度的自交或近交。以至于种群内变异水平较低,纯合体过剩。而植物园居群(来自南沙河居群),可能由于取样的不全面,人为地减少了种群内的遗传变异所致,也说明了在植物迁地保护采种时,要应用多基因库采样法(multiple genepool sampling)(许再富,1998)。另外,版纳青梅在广西那坡县仅存一株母树,应对其加强保护,对其小苗也应加强复壮;在进行就地保护的同时也要进行迁地保护。

3.3 居群分化

37个热带分类群的 G_{ST} 平均值是0.109(Loveless,1992),表明了一个热带物种内平均11%的全部遗传变异来自居群间的分化。以前的研究(Loveless等,1984;Hamrick等,1989)已经表明了 G_{ST} 值在不同的分类群、生活型、分布范围、分布地区、繁育系统、传粉特征、种子散布机制和演替生境的植物中大不相同。其中,影响植物种群遗传变异大小的主要因素依次为:繁育系统、分布范围和生活型(Hamrick等,1979)。此外,种子散布机制也显示了类群间 G_{ST} 值的很大差异,非生物散布的物种显示了比生物散布的物种两倍多的居群分化。Hamrick等(1989)发现靠风散布的植物具有低水平的居群分化($G_{ST}=0.143$),而靠重力散布的植物具有相当强的居群趋异($G_{ST}=0.277$)。在本实验研究中,版纳青梅的不同居群间显示了较高水平的遗传分化,其 G_{ST} 值为0.265。版纳青梅居群内存在着一定程度的近交,考虑到其传粉机制(虫媒)和种子的重力散布,居群间必然存在一定程度的分化;加之其分布范围的局限性(仅分布于滇南的勐腊和桂西南的那坡),不

同分布生境的气候条件和生态地理的错综复杂, 又加大了其居群间的分化。

3.4 分类上的证据

稳定的形态变异是有遗传学基础的、能够反映到基因水平的检测。版纳青梅 (*V. xishuangbannaensis*) 曾根据形态上的差异与广西青梅 (*V. guangxiensis*) 区别为两个种, 后又认为其差异不大, 合并为一个种 *V. guangxiensis*。经过等位酶分析计算, 六韶山 (Liushaoshan) 居群和南沙河 (Nanshahe) 居群、植物园 (Zhiwuyuan) 居群的遗传一致度分别为 0.949 和 0.947。高于一般种内居群间的 0.90, 符合种内居群间的标准 (表 5, 图 1)。由此看来, 本研究的结果支持了把广西青梅和版纳青梅合并为一个种的做法 (朱华等, 1992)。虽然两个居群内的植株在形态上存在着一些差异, 但考虑到版纳青梅的生活史特征, 如传粉行为, 种子散布方式及地理分布范围等, 分布于勐腊和那坡的两居群间必然会产生大量分化, 但其分化水平并未超过种内居群间的水平。

此外, 版纳青梅群体低水平的遗传多样性和明显的群体分化, 可能和其特定的进化历史有关。据研究, 龙脑香科起源于第三纪早期的冈瓦那古陆, 古巽他大陆是这个科的多样化中心, 并从此向四周呈放射状的迁移分布。龙脑香科植物是在各自的分布区中逐渐演化, 并克服了气候、地形上的障碍, 进一步扩大了分布的范围, 我国的龙脑香科种类可以认为是这个科在东南亚分布的北缘成分 (许再富等, 1982)。植物地理研究表明, 版纳青梅可能直接和间接地起源于马来西亚的祖先类群 (朱华, 1996), 版纳青梅可以认为是龙脑香科在东南亚分布的北缘成分。作为特有种, 版纳青梅是我国古热带植物区系中的固有成分。在该种的进化历史上, 曾发生过分布区的不断退缩, 群体的不断缩小必然会导致遗传上的漂变, 其直接后果就是遗传变异性的下降和群体间出现分化。

致谢 本研究的实验部分在中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放研究实验室完成。

[参 考 文 献]

- 葛颂, 1988. 同工酶与林木群体遗传变异研究 [J]. 南京林业大学学报, 12 (1): 68-77
- 葛颂, 1989. 用同工酶定量分析林木群体变异和分化的方法 [J]. 西南林学院学报, 9 (1): 84-90
- 葛颂, 王海群, 张灿明等, 1997. 八面山银杉林的遗传多样性和群体分化 [J]. 植物学报, 39 (3): 266-271
- 莫新礼, 1980. 广西青梅——我国青梅属一新种 [J]. 植物分类学报, 18 (2): 232-233
- 陶国达, 张建候, 1983. 国产龙脑香科一新种 [J]. 云南植物研究, 5 (4): 379-380
- 陶国达, 童绍全, 1990. 中国植物志 50 卷 2 分册 [M]. 北京: 科学出版社, 113-131
- 吴征镒, 1979. 论中国植物区系的分区问题 [J]. 云南植物研究, 1 (1): 1-20
- 肖来云, 普正和, 1993. 版纳青梅野生和栽培的幼树生长研究 [C]. 见: 中国科学院西双版纳热带植物园编, 热带植物研究论文报告集, 第 2 集. 昆明: 云南大学出版社, 87-92
- 许再富, 禹平华, 1982. 引种的龙脑香科植物对低温适应性的探讨 [J]. 云南植物研究, 4 (3): 297-301
- 许再富, 1998. 稀有濒危植物迁地保护的原理与方法 [M]. 昆明: 云南科技出版社, 182
- 赵学农, 刘伦辉, 高圣义等, 1993. 版纳青梅种群结构动态与分布格局 [J]. 植物学报, 35 (7): 552-560
- 朱华, 王洪, 1992. 西双版纳龙脑香科植物纪要 [J]. 云南植物研究, 14 (1): 21-24
- 朱华, 1993. 西双版纳青梅林的群落学研究 [J]. 广西植物, 13 (1): 48-60
- 朱华, 1996. 西双版纳龙脑香林植物区系起源探讨 [C]. 见: 中国科学院西双版纳热带植物园编, 热带植物研究论文报

告集, 第四集. 昆明: 云南大学出版社, 36-52

- Hamrick J L, Linhart Y B, Mitton J B, 1979. Relationships between life history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants [J]. *Ann Rev Ecol Syst*, **10**: 173-200
- Hamrick J L, Mitton J B, Linhart Y B, 1981. Levels of genetic variation in trees influence of life history characteristics [C]. In: Conkle M T (eds), *Isozymes of North American Forest Trees and Forest Insects*. Berkeley, CA: USDA Forest Serv., Pac. Southwest Forest and Range Exp. Sta., Gen. Tech. Rep. PSW-48, 35-41
- Hamrick J L, Godt M J W, 1989. Allozyme diversity in plant species [C]. In: Brown A H D, Clegg M T, Kahler A L et al (eds), *Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Resources*. Sunderland, MA: Sinauer, Associates, Inc., 44-64
- Loveless M D, Hamrick J L, 1984. Ecological determinants of genetic structure in plant populations [J]. *Ann Rev Ecol Syst*, **15**: 65-75
- Loveless M D, 1992. Isozyme variation in tropical trees: Patterns of genetic organization [J]. *New For*, **6**: 67-94
- Nei M, 1972. Genetic distance between populations. *Amer Naturalist*, **6**: 283-293
- Nei M, 1975. *Molecular Population Genetics and Evolution* [M]. New York: Elsevier
- Nei M, 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. *Genetics*, **89**: 583-590
- Soltis D E, Hauffler C H, Darrow D C, et al., 1983. Starch Gel Electrophoresis of Ferns: A Complication of Grinding Buffers, Gel and Electrode Buffers, and Staining Schedules [J]. *Amer Fern J*, **73** (1): 9-27
- Swofford D L, Selander R B, 1989. BIOSYS-1, a computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics, release 1. 7. - Swofford D L [M]. IL, USA: Illinois Natural History Survey
- Wendel J F, Weeden N F, 1989. Visualization and Interpretation of Plant Isozymes [C]. In: Soltis D E, Soltis P S (eds), *Isozymes in Plant Biology*. Portland, Oregon: Dioscorides Press, 5-45

图版说明

图版1 版纳青梅的酶谱式样 1-4.6 个多态位点 (Mdh-1, Mdh-4, Pgi-1, Pgi-2, Me, Dia) 及 1 个单态位点 (Mdh-2) 的酶谱式样; 5-8.7 个单态位点 (Skd, Fbp-1, Fbp-2, Per-1, Per-2, Idh-1, Idh-2) 的酶谱式样。

Explanation of Plate I

Banding patterns of enzymes in the species of *Vatica guangxiensis* 1-4. Banding patterns at the 6 polymorphic loci (Mdh-1, Mdh-4, Pgi-1, Pgi-2, Me, Dia) and 1 monomorphic locus (Mdh-2); 5-8. Banding patterns at the 7 monomorphic loci (Skd, Fbp-1, Fbp-2, Per-1, Per-2, Idh-1, Idh-2).

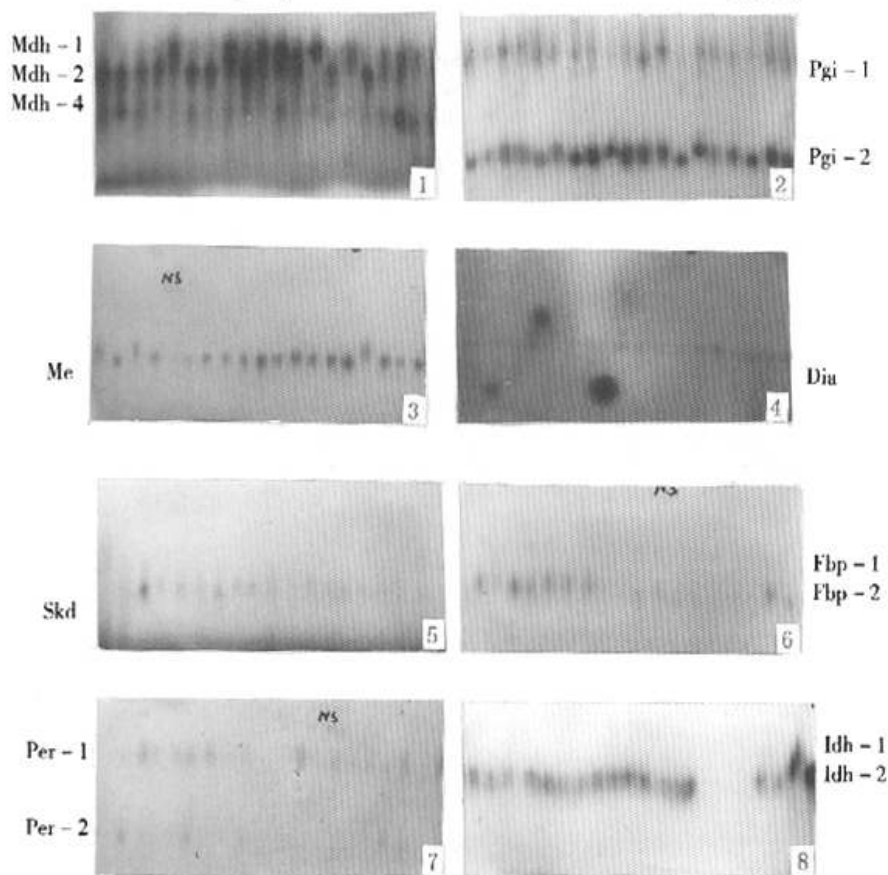
李巧明等：版纳青梅居群的遗传多样性和群体分化

图版 I

Li Qiao - Min *et al*: Genetic Diversity and Population Differentiation of *Vatica*

guangxiensis

Plate I



See explanation at the end of text