植物遗传资源学报 2015,16(1):80-86
Journal of Plant Genetic Resources DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.2015.01.012

湖南白檀居群形态多样性及与环境的相关性

杨 艳[1,2],刘 强[1],尹 翔[1],陈景震[1,2],蒋丽娟[1]
([1] 中南林业科技大学,长沙 410004;[2] 湖南省林业科学院,长沙 410004)

摘要:为了解白檀在湖南地区不同环境的适应性及遗传变化程度,对湖南地区6个白檀天然居群的189个个体的11个表型性状进行形态遗传多样性分析。结果表明,11个表型性状均具有丰富的遗传多样性($H'=1.389$),居群间的平均方差分量为52.60%,居群内的平均方差分量为37.03%,说明在白檀形态性状多样性分布上是居群间多样性程度大于居群内,即居群间的形态变异是白檀形态变异的主要来源。聚类分析结果表明,6个居群的表型性状并没有严格依地理距离聚类,主成分与相关分析结果显示在11个表型中树型因子是主要形态变异因子,年降雨量与树型因子呈显著正相关,其他表型变异受遗传的影响可能大于受环境的影响。

关键词:白檀;居群;形态多样性

Phenotypic Diversity and Environment Relations in *Symplocos paniculata* of Hunan

YANG Yan[1,2],LIU Qiang[1],YIN Xiang[1],CHEN Jing-zhen[1,2],JIANG Li-juan[1]
([1] *Central South University of Forestry & Technology*,*Changsha 410004*;[2] *Forestry Academy of Hunan*,*Changsha 410004*)

Abstract:In order to investigate variational degree and adaptability of different habitats of *Symplocos paniculata* in Hunan province,the phenotypic diversity of 6 natural populations of *Symplocos paniculata* were analyzed based on 11 phenotypic traits of 189 individuals. The results showed that there was abundant genetic diversity($H'=1.389$)in the 11 phenotypic traits. The average variance component among population was 52.60%,while within population was 37.03%,indicating that the phenotypic variation among populations was greater than within populations,therefore the variation among populations was the main source of phenotypic variation. The cluster analysis showed 6 populations were not clustered according to geographic distances,the principal component and correlation analysis of the 11 phenotypic traits indicated that the factors of tree shape were the main resources accounting for phenotypic variations,which were significantly correlated with annual precipitation while the other phenotypic traits might be influenced by genetic variation greater than environment factors.

Key words:*Symplocos paniculata*;population accessions;phenotypic diversity

表型多样性是基因和环境因子共同作用的结果,是基因组DNA序列与其调控序列多样性的具体表现,表型性状的差异是遗传多样性最明显的表现[1-2]。形态学标记由于其简单易行、比较直观地表现出个体的差异,而被广泛地应用于农作物[3]、经济植物[4]、林木[5]及园艺植物[6]物种遗传多样性、种质资源鉴定和育种材料选择等方面研究。

白檀(*Symplocos paniculata* (Thunb.)Miq.)为山矾科山矾属落叶灌木或小乔木,自然分布广,具有耐干旱瘠薄、根系发达、易繁殖等优点,是优良的水土保持树种[7]。白檀果实含油率高,且其果实油富含不饱和脂肪酸[8],既是高品质食用油[9],又可以作为工业

收稿日期:2014-03-10 **修回日期**:2014-04-09 **网络出版日期**:2014-12-16
URL:http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20141216.1112.001.html
基金项目:"十二五"科技支撑项目(2011DAD22B08);长沙市科技计划项目(k1307012-21);湖南省林业科技计划项目(XLK201456)
第一作者主要从事林木育种与栽培方向。E-mail:yangyanzupei@126.com
通信作者:蒋丽娟,主要从事能源植物培育与利用研究。E-mail:znljiang2542@yahoo.cn

原料油,更是制取生物柴油的理想原料[10],生态经济栽培潜力大。目前对白檀的研究报导极少,且主要是对其生物学特性、水土保持功能及野生资源的开发利用。对白檀资源的分布及遗传多样性还未见研究报道。为了解白檀资源的适应性及遗传特点,本研究对湖南地区白檀分布较集中的 6 个居群进行性状多样性分析,以了解该种质的自然表型变异情况,揭示变异程度、变异格局及其与地理环境的关系,为筛选优良变异种质、建立核心种质库、制定资源保护及利用策略提供参考依据。

1　材料与方法

1.1　材料来源与居群选择

2013-2014 年通过广泛的白檀野外资源调查,充分了解不同居群所处的自然条件、分布和生境特点,并统计野生植株数量、分布式样,观察其生长发育等特点后,共选择 6 个天然居群,分别来自湘中(浏阳大围山 A 区和 B 区)、湘南(南岳衡山、道县)、湘北(岳阳)、湘西(龙山县)5 个地区。每个居群内随机选择 35 株长势相同、树龄相仿、健康无病虫害并结有果实的样株,以保证取样均匀性和一致性,并通过 GPS 定位挂牌,确定每个样株间水平距离 5 倍株高(50 m)以上,海拔高度相差 5 m 以上,最大限度地降低了样本植株间的亲缘关系。使所采集的样本尽可能充分代表各分布区及其生态环境的特点,各白檀居群的分布和基本特点见表 1、图 1。

表 1　不同白檀居群分布及生境特点

Table 1　Characteristics of different *Symplocos paniculata* populations

居群编号 Population ID	产地 Region	样本数(株) Sample size	生境 Habitate	土壤概况 Soil conditions	经度(N) Longitude	纬度(E) Latitude	海拔(m) Elevation	年均气温(℃) T_{AM}	最高气温(℃) T_H	最低气温(℃) T_L	年日照(h) H_{AS}	无霜期(d) D_F	年均降雨量(mm) R_{AM}
A	浏阳大围山 A 区	31	东坡山顶,灌丛草甸,地势开阔,光照强	土壤肥沃,pH4.9	114°09′	28°25′	1550	8.1	39.8	-13	1376.3	245	1570.5
B	浏阳大围山 B 区	35	北坡山腰,竹林中,光照弱	黄棕中偏上,pH5.1	114°08′	28°26′	1263	9.6	39.3	-11.5	1367.5	249	1788.4
C	湘西龙山	32	松林下,阴湿,光照弱	黄紫壤中偏上,pH6.5	109°10′	28°44′	1002	12.8	32.1	-6	1261	231	1589.1
D	南岳衡山	30	草甸中,地势开阔,光照强	黄壤中等,pH4.7	112°42′	27°15′	450	16.9	37.3	-11.6	1337.5	256	1605.5
E	岳阳	30	矮坡上,混合林,光照强	红壤肥沃,pH6.7	113°06′	29°22′	80	17	38.0	-4	1722.1	277	1302.0
F	道县	31	林缘,光照强	红壤贫瘠,pH6.2	111°46′	25°24′	100	16.6	36.1	-4.9	1600.0	287	1300.0

T_{AM}: Annual mean temperature, T_H: Highest temperature, T_L: Lowest temperature, H_{AS}: Annual sunlight hours, D_F: Frost-free day, R_{AM}: Annual mean rainfall

1.2　性状的选取与测定方法

采取随机选样方法,对每个居群内选定的白檀样株逐个测量具有遗传性状相对稳定的表型性状的指标,比如树高、冠幅、地径、枝下高、叶长、叶宽、叶柄长、叶色、果实纵/横径、果粒数 11 项形态指标并记录。观测的形态性状及标准(表 2)。

1.3　数据统计及分析方法

数据的标准化:叶色是非数值性状(质量性状),无法进行量化和统计分析,因此需要将其赋值后再进行数据化分析,赋值情况见表 2。通过原始数据对数量性状进行基本分析,采用数值性状的分级数据来计算多样性指数[11],将数值性状分为 10

级,1 级 $< X - 2\alpha$,10 级 $\geqslant X + 2\alpha$,中间每级间隔为 0.5α,α 为标准差。

变异系数:应用 SAS 8.2 软件对各表型性状进行方差分析。应用巢式方差分析,线性模型为:$Y_{ijk} = \mu + S_i + T_{(i)j} + e_{(ij)}k$;其中 Y_{ijk} 为第 i 个居群第 j 个单株第 k 个观测值;μ 为总均值;S_i 为居群效应(固定);$T_{(i)j}$ 为居群内单株效应(随机);$e_{(ij)}$ k 为试验误差[12]。

表型分化系数(V_{st})常用来表示居群间变异占遗传总变异的百分比,反映居群间表型分化的程度,表型分化系数的计算公式为:$V_{st} = [(\delta^2_{t/s})/(\delta^2_{t/s} + \delta^2_s)] \times 100\%$。式中,$\delta^2_{t/s}$ 和 δ^2_s 分别为居群间和居群内方差分量。$\delta^2_{t/s} = (M_{St} - M_{Ss})/jk$,$\delta^2_s = (M_{Ss} - M_{Se})/k$;式中,$M_{St}$ 为居群间均方,M_{Ss} 为居群内均方,M_{Se} 为随机误差均方,j 为居群内样本数,k 为观测重复数值[13]。

图 1 湖南 6 个白檀野生居群的地理分布图

Fig. 1 The geographic distributions of sixnatural populations of *Symplocos paniculata* in Hunan

表 2 白檀形态性状及标准

Table 2 The main morphological characters and their measure criteria for *Symplocos paniculata*

性状 Traits	代码 Code	测量标准 Measurement criteria
树高(m)	SG	实际测量的各株树的高度
冠幅(m×m)	GF	选定东西和南北为坐标,分别用卷尺测量树体东西、晴天中午南北方位树枝投影密集区的东西端和南北端距离
地径(cm)	DJ	距离地面 30 cm 处测量所得的树干直径
枝下高(cm)	ZXG	测量主干的第 1 分枝处离地面的距离所得值,若树从地面起分为两枝,则第 1 分枝高为 0
叶长/叶宽(mm/mm)	YC/YK	取植株上、中、下部叶片各 5 片,叶长为叶片基部至叶尖的横向距离,叶宽为与叶片长度垂直的最大距离,取平均值
叶柄长(mm)	YBC	叶柄长度为叶片基部至叶柄基部的距离
叶色	YS	1 = 黄绿色,2 = 绿色,3 = 深绿色
果实纵径/横径(mm/mm)	GZJ/GHJ	每株树任选大小不等的 20 粒果实,记录游标卡尺测量纵横方向的值,取平均值
单穗果粒数	DSGS	每株树选 5 个果穗测量结果数,取平均值

多样性指数:通过 Shannon′s 信息指数计算性状多样性指数 H,即:

$H' = -(i = 1, \cdots, m)\Sigma P_{ij}\ln P_{ij}$, $H = (1/n)(j = 1, \cdots, n)\Sigma H'$。其中:i 为第 i 个性状的代码($i = 1, 2, 3, \ldots, m$,为性状所划分的等级数),j 为性状数($j = 1, 2, 3, \ldots, n$),$P_{ij}$ 为第 j 个性状第 i 个代码值出现的频率,即其在群体中所占有的比率。

主成分分析:应用 PASW Statistics 18.0 软件中“分析”的“降维”项,对已录入的生物学性状数据进行均值化,建立协方差距阵,计算出特征根和累积贡献率。

聚类分析:应用 PASW Statistics 18.0(汉化版)软件,利用离差平方和法对不同白檀居群表型性状进行数据标准化后计算欧氏距离,以分层聚类平均距离 5.0 为阈值,采用非加权配对算数平均(UPGMA)方法进行聚类分析[14]。

2 结果与分析

2.1 白檀形态性状方差分析与表型分化

对 6 个居群的 90 株白檀的树高、冠幅、地径等 11 个形态性状进行巢式设计方差分析居群差异显著性,结果在观测的 11 个性状中,树高,冠幅等 10 个表型性状在居群内和居群间 2 个层次上的差异均表现极显著($P < 0.01$),单穗果粒数性状在居群间差异显著($P < 0.05$),在居群内差异不显著。表明白檀表型性状在居群间和居群内绝大部分存在广泛的差异,而生殖器官在不同环境下比营养器官较稳定,受到外界因子的影响相对较小(表 3)。

表 3　白檀形态性状的方差分析

Table 3　Variance analysis of morphologic traits of *Symplocos paniculata* populations

性状 Traits	均值 Mean		*F* 值 *F* values		
	居群间 Among populations	居群内 Within populations	机误 Errors	居群间 Among populations	居群内 Within populations
SG	60.516	0.748	0.277	80.936**	58.318**
GF	1839.414	56.337	1.669	32.650**	20.350**
DJ	516.716	25.260	0.954	20.456**	9.659**
ZXG	2.660	0.083	0.064	31.861**	26.605**
YC	14.038	2.741	0.230	5.121**	5.622**
YK	3.008	0.660	0.111	4.559**	5.618**
YBC	0.502	0.049	0.035	10.280**	7.727**
YS	1.939	0.408	0.088	4.754**	3.809**
GZJ	16.206	0.754	0.167	21.496**	17.045**
GHJ	9.495	0.571	0.135	16.621**	20.221**
DSGS	170.446	73.944	1.092	2.505*	1.344

** 表示极显著差异($P<0.01$),* 表示显著差异($P<0.05$)

** means significance at the 0.01 probability level, * means significance at the 0.05 probability level

依据方差分析结果,分别计算出树高、冠幅、地径等 11 个形态性状居群间与居群内的方差分量和各性状的表型分化系数(表 4),结果表明,除叶性状(即叶长、叶宽和叶色)、单穗果粒数居群内的方差分量大于居群间外,其他形态性状的方差分量均为居群间大于居群内。居群间的平均方差分量为 52.60%,居群内为 37.03%,机误为 10.66%,表明居群间的变异是白檀形态总变异的主要来源。各性状的表型分化系数在 17.45% ~91.90% 之间,变异最小的是单穗果粒数,而最大变异为树高,其次是枝下高,平均变异系数为 59.16%,说明居群间的形态变异对总变异的贡献率约占 60%,而这其中又以树形因子(树高、枝下高、冠幅)的变异对居群间形态变异的贡献率最大。

表 4　白檀形态性状的方差分量及居群间表型分化系数

Table 4　Variance components and phenotye of differention coefficient among populations of *Symplocos paniculata*

性状 Traits	方差分量 Variance component			方差分量百分比(%) Percentage of variance portion			表型分化系数(%) Phenotype of differentiation coefficient
	居群间 Among populations	居群内 Within populations	机误 Errors	居群间 Among populations	居群内 Within populations	机误 Errors	
SG	5.367	0.501	0.278	88.12	7.84	4.43	91.90
GF	163.719	54.659	1.658	75.43	23.94	0.66	74.96
DJ	45.948	24.321	0.953	63.94	34.15	1.44	65.42
ZXG	0.221	0.020	0.065	73.62	7.01	18.36	91.32
YC	1.229	2.509	0.234	31.21	64.31	6.79	32.89
YK	0.260	0.548	0.112	29.17	58.99	11.17	31.70
YBC	0.041	0.013	0.046	46.22	14.56	28.13	74.54
YS	0.166	0.321	0.078	28.79	55.93	25.45	34.23
GZJ	1.430	0.588	0.159	65.35	27.53	8.68	70.85
GHJ	0.841	0.440	0.148	59.44	30.94	9.80	65.46
DSGS	15.082	72.853	1.176	17.35	82.13	2.33	17.45
平均值 Mean	21.300	14.252	0.446	52.60	37.03	10.66	59.16

2.2 白檀居群内形态性状的变异特点

统计分析 6 个白檀居群树高、冠幅、地径、枝下高和叶片形状等 11 个形态指标的变异系数,结果显示白檀表型性状在不同居群内个体之间的变异幅度存在差异,在同一居群内各个性状的变异程度也不尽相同(表 5)。

表 5 白檀居群表型性状的变异系数

Table 5 Variance coefficient of phenotypic traits among populations of *Symplocos paniculata* (%)

性状 Traits	居群 Populations						平均 Mean
	A	B	C	D	E	F	
SG	21.98	13.39	20.52	21.29	15.21	17.66	18.34
GF	59.35	39.51	17.12	30.89	86.36	15.09	41.39
DJ	29.52	45.18	20.16	35.88	47.82	21.02	33.26
ZXG	44.13	26.97	29.04	26.45	32.69	13.69	28.83
YC	9.42	37.7	15.42	25.93	16.22	18.44	20.52
YK	11.02	21.03	12.43	15.45	12.78	15.98	14.78
YBC	26.06	33.12	37.80	31.61	31.28	20.24	30.02
YS	21.36	22.94	31.09	19.99	35.20	31.95	27.09
GZJ	7.13	11.89	18.78	8.61	12.89	10.74	11.67
GHJ	9.59	8.17	19.89	13.25	14.14	15.23	13.38
DSGS	3.41	48.85	20.84	45.56	18.92	16.76	25.72
平均值 Mean	22.09	28.07	22.10	24.99	29.41	17.89	

在 11 个形态性状中,居群内形态性状中平均变异系数最小的是果实纵径(11.67%),其次是果实横径,而冠幅的平均变异幅度最大,平均变异系数为 41.39%,说明各性状中果实的形状(长与宽)变化较小,而冠幅大小变化较大。总的趋势是树高、地径、冠幅、枝下高及叶形态变异程度高于果实纵/横径,说明白檀的营养器官性状变异程度大于其生殖器官性状变异,生殖器官在不同环境下比营养器官更稳定,受到外界因子的影响相对较小。但单穗果粒数不同居群间变异幅度较大,可见与果实的大小相比,每一果穗的果实数量易受到外界因子的影响。

不同居群因地理位置不同,各形态性状的变异程度亦存在差异。在 6 个居群中形态性状平均变异系数变异幅度为 17.89% ~29.41%,以岳阳白檀居群平均变异系数最大(29.41%),道县居群形态性状的平均变异系数最低,不同居群各形态性状平均变异系数由大到小依次是:岳阳(E) > 浏阳大围山 B 区(B) > 南岳衡山(D) > 湘西龙山(C) > 浏阳大围山 A 区(A) > 道县(F)。

2.3 白檀形态性状的多样性分析

根据白檀的形态指标数据,计算形态多样性指数(表 6),结果显示,11 个形态性状的平均多样性指数为 1.389,且不同性状的多样性指数差异较大。冠幅的多样性指数最大;不同性状多样性指数从高至低依次为:冠幅 > 树高 > 叶片长 > 果实纵径 > 叶片宽 > 果实横径 > 地径 > 枝下高 > 叶柄长度 > 单穗果粒数 > 叶片颜色。丰富的性状多样性,尤其是树形的多样性,为白檀优良资源的多用途栽培育利用与定向选育提供了丰富的遗传基础。

表 6 白檀形态性状多样性指数的比较

Table 6 Comparisons of Shannon′s indices based on morphological characters of *Symplocos paniculatas*

性状 Traits	多样性指数 H'	性状 Traits	多样性指数 H'
SG	1.763	YBC	1.068
GF	1.779	YS	1.043
DJ	1.152	GZJ	1.683
ZXG	1.120	GHJ	1.331
YC	1.723	DSGS	1.064
YK	1.554	平均 Mean	1.389

2.4 白檀形态性状的主成分分析

通过多变量的主成分分析可以显示各因素在形态多样性构成中的作用。白檀形态多样性主成分分析(表 7),结果表明,在 11 个形态性状中,前 2 个主成分累积贡献率达 61.40%,保留了原始因子中所

代表的大部分信息。第 1 主成分贡献率为 40.42%,起决定性作用的表型性状有树高、冠幅、地径、枝下高;第 2 主成分贡献率为 20.98%,特征向量绝对值较大的分量是叶片长宽比、叶柄长、叶色;第 3 主成分贡献率为 14.69%,起较大作用的表型性状有叶色、果实纵横径比和单穗果粒数。第 1 主成分主要反映了树形特征,第 2 主成分主要反映叶的特征,而第 3 主成分主要反映果实特征。该分析结果进一步说明,在白檀居群的形态分化中,树形是主要差异来源,验证了变异系数和表型多样性指数研究结果的可靠性。

表 7　白檀形态性状主成分分析计算结果表

Table 7　Values of principal components for *S. paniculata* strains based on morphological characters

项目 Item	第 1 主成分 Principal component 1	第 2 主成分 Principal component 2	第 3 主成分 Principal component 3
SG	0.246	-0.040	-0.023
GF	0.246	-0.038	-0.026
DJ	0.248	-0.040	0.036
ZXG	0.234	-0.029	-0.060
YC/YK	-0.026	0.341	0.053
YBC	-0.047	0.319	-0.090
YS	-0.010	0.242	0.211
GZJ/GHJ	0.055	-0.103	0.477
DSGS	0.161	-0.035	0.187
特征值 Eigenvalue	4.45	2.32	1.64
贡献率(%) Contribution rate	40.42	20.98	14.69
累计贡献率(%) Accumulative Contribution rate	40.39	61.38	76.13

2.5　白檀形态性状的聚类分析

对白檀 6 个居群 11 个性状进行聚类分析(图 2),可将白檀分为 3 类:I 类:道县(F)和岳阳(E)居群,该类群植株主要分布在低坡(岳阳)和丘陵(道县)地带,其植株为小灌木,即株高较矮,冠幅小,地径小,枝下高较低;叶色主要呈黄绿色,叶片呈近椭圆形,叶柄较短;果实近圆球形,单穗果粒数相对较少。II 类:大围山 A 区(A)、衡山(D)居群和龙山(C)居群,其中包括 2 个亚类群,大围山 A 区与衡山聚为一个亚类群,龙山单独聚成一个亚类群;这一类白檀的树体、冠幅、地径和枝下高均介于小乔木与灌木之间,即植株为较高的灌木;叶片多呈椭球形绿叶,叶柄较长;果实近圆球形,单穗果粒数较多。III 类:大围山 B 区(B)居群,植株分布在海拔较高的山地,该类白檀树体较高,冠幅比较大,地径和枝下高较大,为小乔木至乔木;叶片多为绿色长椭圆形,叶柄长度中等;果实呈椭球形,单穗果粒数中等。

上述分析结果表明,I 类白檀可作为矮化油料植物种质的备选资源,II 类是潜在的高产油料植物种质资源。

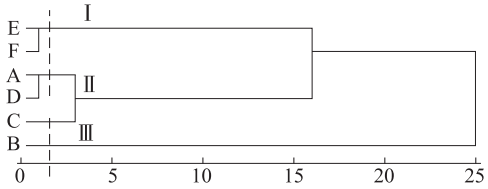

图 2　白檀居群表型性状聚类图

Fig. 2　Cluster map of phenotypic traits of *Symplocos paniculata* populations

2.6　白檀表型性状与地理因子的相关性分析

对白檀 11 个形态性状的平均值与其采样地的地理气候因子进行相关性分析和检验(表 8),结果

表 8　白檀各形态性状与地理气候因子的相关系数

Table 8　Correlation coefficient between phenotypes and geographical and climatic conditions of *Symplocos paniculata*

	SG	GH	DJ	ZXG	YC	YK	YBC	YS	GZJ	GHG	DSGS
经度(N) Longitude	0.413	0.269	0.384	0.288	0.119	-0.827*	-0.305	-0.195	0.564	0.218	0.530
纬度(E) Latitude	0.326	0.299	0.425	0.516	-0.046	0.021	0.340	0.121	0.106	-0.125	0.274
海拔(m) Elevation	0.630	0.708	0.760	0.532	0.305	-0.115	0.619	0.590	0.547	0.093	0.680
年均气温(℃) Annual mean temperature	-0.569	-0.627	-0.687	-0.439	-0.099	0.330	-0.407	-0.382	-0.535	-0.059	-0.565
年均降雨量(mm) Annual mean rainfall	0.944**	0.985**	0972**	0.894*	0.549	0.159	0.603	0.556	0.174	-0.292	0.832*
年日照时数(h) Annual sunlight hours	-0.609	-0.736	-0.691	-0.579	-0.665	-0.527	-0.879*	-0.860*	-0.212	0.032	-0.658

*:在 0.05 水平相关性显著;**:在 0.01 水平相关性显著

*:Correlation is significant at the 0.05 level, **:Correlation is significant at the 0.01 level

表明,地理因子中经度与叶宽呈显著负相关,树形(树高、冠幅、地径与枝下高)因子与海拔呈不显著正相关,其他地理因子与形态性状呈不显著正或负相关性。气候因子中,年降雨量与树高、冠幅、地径呈极显著正相关,与枝下高、单穗果粒数呈显著正相关,这说明白檀的树形(树体结构)受降雨量的影响最大,其次是单穗果粒数;而年日照时数与叶柄长、叶色呈显著负相关,即光照日数长叶柄较短、叶色浅。

3 讨论

3.1 白檀野生居群表型变异与遗传多样性

表型性状变异是最直观的适应进化的表现[15],本研究发现油料植物白檀表型性状在居群内和居群间均存在丰富的表型变异及遗传差异,这是白檀种质资源表型多样性的来源。6 个野生白檀居群树高、冠幅、地径与枝下高、果实纵/横径等表型性状的变异系数较大,变幅为 17.45% ~91.90%,与杨维泽等[16]对云南滇龙胆的多样性研究结果相似。居群间的变异反映了地理和生殖隔离上的差异,居群内的变异是构成居群间变异的基础,反映了生物对不同环境的适应程度,白檀绝大部分表型性状在居群内、居群间差异均达到极显著或显著水平,且居群间的表型性状变异大于居群内,这与杨树华等[17]研究结果相反,原因可能是其采样点为新疆东天山地区,居群间距离较小,气候环境特点相似,而湖南地区白檀不同野生居群自然分布区跨度大、环境条件多样,经过长期地理隔离、自然选择与人工选择,使其产生了极其丰富的表型变异[18]。因此形态水平上对遗传多样性进行的探索,可以帮助进一步了解群体遗传与环境的复杂性及其适应环境压力的广泛程度[19],而且这些遗传特性将有利于筛选优良种质资源和培育新品种。白檀是极具发展潜力的油料植物,目前对该资源的研究报道极少,本研究填补了这一空白,研究结果对该资源的发掘利用具有较高的参考价值。

3.2 环境与白檀野生居群表型遗传多样性的关系

湖南地区 6 个野生白檀居群依据其表型性状聚为 3 类,结果显示白檀不同居群表型性状并没有完全依地理距离而聚类,说明其居群间表型性状的变异是不连续的,杨树华等[17]有过类似报道,而这 3 个类群形态性状变异的差异主要来源树形。将表型性状欧式距离与地理环境和主要气候因子进行相关分析,发现这些性状的差异与环境因子降雨量和海拔呈极显著和显著的相关性,其中对总形态性状变异贡献率最大的树形因子与降雨量呈极显著正相关,与海拔呈正相关,刘冬云等[20]研究也证实该结论,其他形态性状的遗传特性也能影响其变异,表明气候对表型变异的影响在一定程度上反映了植物遗传变异。因此环境因素多样性是影响植物变异的重要因子之一,其分布区的环境条件越复杂,则居群的表型变异越大[21]。本研究为将来从遗传角度上探索研究提供一些参考依据[22]。为更全面揭示白檀的遗传多样性,今后将需要通过分子手段进行更深入的研究。

参考文献

[1] 沈浩,刘登义. 遗传多样性概述[J]. 生物学杂志,2001,18(3):5-7

[2] King J N,Yeh F C,Heaman J C H. Selection of growth and yield traits in controlled crosses of coastal Douglas-fir[J]. Silvae Genet,1998,37(3-4):158-164

[3] 陈光,杜雄明. 我国陆地棉基础种质表型性状的遗传多样性分析[J]. 西北植物学报,2006,26(8):1649-1656

[4] 蒋会兵,田易萍,陈林波,等. 云南茶树地方品种农艺性状与品质性状遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(4):634-640

[5] 辜云杰,罗建勋,吴远伟,等. 川西云杉天然种群表型多样性[J]. 植物生态学报,2009,33(2):291-301

[6] 赵冰,张启翔. 蜡梅种质资源表型多样性[J]. 东北林业大学学报,2007,35(5):10-35

[7] 马倩,蒋丽娟,李昌珠. 能源植物系列讲座 12-白檀[J]. 太阳能,2009(12):27-28

[8] 刘强,杨艳,尹翔,等. 油料植物白檀果实形态发育过程特性研究[J]. 中国野生植物资源,2012,31(6):53-61

[9] 管正学,朱太平,仇田青. 白檀种子的油脂和氨基酸的分析与利用评价[J]. 中国野生植物资源,1991(2):11-14

[10] 刘光斌,刘苑秋,黄长干,等. 白檀油的理化性质及其制备生物柴油的研究[J]. 中国粮油学报,2011,26(3):64-67

[11] 余跃辉. 小豆种质资源研究[D]. 南京:南京林业大学,2005

[12] 李斌,顾万春,卢宝明. 白皮松天然群体种实性状表型多样性研究[J]. 生物多样性,2002,10(2):181-188

[13] 杨维泽,金航,杨美权,等. 云南滇龙胆居群表型多样性及其与环境关系研究[J]. 西北植物学报,2011,31(7):1326-1334

[14] 卢纹岱. SPSS for windows 统计分析[M],3 版. 北京:电子工业出版社,2006

[15] 曾杰,郑海水,甘四明,等. 广西西南桦天然居群的表型变异[J]. 林业科学,2005,41(2):59-65

[16] 杨维泽,金航,杨美权,等. 云南滇龙胆居群表型多样性及其与环境关系研究[J]. 西北植物学报,2011,31(7):1326-1334

[17] 杨树华,郭宁,葛维亚,等. 新疆东天山地区宽刺蔷薇居群表型多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(3):455-461

[18] 司国臣,张延龙,赵冰,等. 太白杜鹃天然居群的表型多样性[J]. 西北植物学报,2012,32(8):1560-1566

[19] 陆景伟,王赞,严欢,等. 内蒙古中部地区小叶锦鸡儿天然居群表型多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(1):77-80

[20] 刘冬云,刘燕. 山丹不同居群花器官的形态多样性研究[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(6):997-1004

[21] 马玉敏,陈学森,何天明,等. 中国板栗 3 个野生居群部分表型性状的遗传多样性[J]. 园艺学报,2008,35(12):1717-1726

[22] Robinson A J,Love C G,Batley J,et al. Simple sequence repeat marker loci discovery using SSR primer[J]. Bioinformatics,2004,20(9):1475-1476