

张丽霞,张霞,王绍明,等.公路阻碍作用对古尔班通古特沙漠南缘羽毛针禾种群基因流的影响[J].江苏农业科学,2019,47(9):104-109. doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.09.022

公路阻碍作用对古尔班通古特沙漠南缘 羽毛针禾种群基因流的影响

张丽霞,张霞,王绍明,杨美玲

(石河子大学生命科学学院,新疆石河子 832000)

摘要:以新疆古尔班通古特沙漠南缘 3 条典型沙漠公路两侧的羽毛针禾(*Stipagrostis pennata*)为研究对象,利用 17 对微卫星标记(又称为简单重复序列,简称 SSR),探讨公路对阜康、沙湾和 148 团 3 个种群基因流的影响。单因素方差分析结果表明,平均等位基因数、有效等位基因数、Shannon 多样性指数、观测杂合度、预期杂合度和 Nei's 多样性指数在阜康种群和 148 团种群间整体上存在显著差异,在阜康种群和沙湾种群间均不存在显著差异,在沙湾种群和 148 团种群间只有观测杂合度存在显著差异,其余遗传多样性指标在沙湾种群和 148 团种群间均不存在显著差异;遗传分化系数和基因流在 3 个种群的两两间均存在显著差异。从长远上看,公路对羽毛针禾种群间的基因流起到一定的阻碍作用,此外,种群间的基因流还受到农田开垦和水库修建的影响。

关键词:羽毛针禾;基因流;公路阻隔;古尔班通古特沙漠

中图分类号: S759.95 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)09-0104-06

基因流是指种群间及种群内的基因通过生物个体或者其配子体等遗传物质,随着携带者从一个群体流动到另一个群体而产生的基因流动。如果种群间的基因流高,最后基因频率会变得一致,基因流趋向于阻止种群之间产生遗传上的差异。大多数关于植物基因流的研究认为,地理隔离是影响植物种群遗传结构的主要因素之一^[1-4]。种群的物理隔离,无

论是自然隔离(高山、峡谷、河流、湖泊和冰川),还是人为造成的隔离(例如公路、隧道和墙壁),都造成了适宜生境的不连续性,这可能会限制或阻止基因流动,最终导致隔离的种群间出现较高的遗传分化^[5-12]。此外,植物种群的基因流也可能是由其他生物学特性或进化过程引起的,如传粉生物学特性^[13]、交配系统^[14-15]、种子散布方式^[16]、花期或传粉媒介(花粉交换只能发生在拥有共同传粉媒介且同时开花的个体间)^[17]、气候因素(如风速和风向、昼夜温度、光和空气相对湿度)^[18-20]等。羽毛针禾(*Stipagrostis pennata*)为多年生草本植物,具有抗旱、耐风蚀、耐沙埋的特点,是一种生长在古尔班通古特沙漠南缘流动、半流动沙丘或沙垄上的优秀的固沙植物。长期以来,随着经济的发展,古尔班通古特沙漠南缘羽毛针禾种群受到公路工程、引水工程、石油开采、农田开垦等不

收稿日期:2018-01-22

基金项目:新疆生产建设兵团科技计划(编号:2015AD023)。

作者简介:张丽霞(1990—),女,山西应县人,硕士研究生,主要从事新疆特色物种的遗传多样性研究。E-mail:1294535698@qq.com。

通信作者:张霞,硕士,硕士生导师,主要从事遗传学教学及新疆特色物种的遗传多样性研究。E-mail:xiazh@shzu.edu.cn。

[12] Huelsenbeck J P, Ronquist F. MrBayes: Bayesian inference of phylogenetic trees[J]. Bioinformatics, 2001, 17(8): 754-755.

[13] Posada D. Jmodeltest: phylogenetic model averaging[J]. Molecular Biology and Evolution, 2008, 25(7): 1253-1256.

[14] Müller J, Müller K. TreeGraph: automated drawing of complex tree figures using an extensible tree description format[J]. Molecular Ecology Notes, 2004, 4(4): 786-788.

[15] Wang C, Zhang H, Qian Z Q, et al. Genetic differentiation in endangered *Gynostemma pentaphyllum* (Thunb.) Makino based on ISSR polymorphism and its implications for conservation[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2008, 36(9): 699-705.

[16] Baldwin B G, Sanderson M J, Porter J M, et al. The ITS region of nuclear ribosomal DNA: a valuable source of evidence on angiosperm phylogeny[J]. Annals of the Missouri Botanical Garden, 1995, 82(2): 247-277.

[17] Ainouche M L, Bayer R J. On the origins of the tetraploid *Bromus* species (section *Bromus*, Poaceae): insights from internal transcribed

spacer sequences of nuclear ribosomal DNA[J]. Genome, 1997, 40(5): 730.

[18] Haffner E, Hellwing F H. Phylogeny of the tribe *Cardueae* (*Compositae*) with emphasis on the subtribe *Carduinae*: an analysis based on ITS sequence data[J]. Willdenowia, 1999, 29(1/2): 27-39.

[19] Donghue M J, Baldwin B G, Li J, et al. *Viburnum* phylogeny based on chloroplast trnK Intron and nuclear ribosomal ITS DNA sequences[J]. Systematic Botany, 2004, 29(1): 188-198.

[20] Graham S A, Freudenstein J V, Luker M. A phylogenetic study of *Cuphea* (Lythraceae) based on morphology and nuclear rDNA ITS sequences[J]. Systematic Botany, 2006, 31(4): 764-778.

[21] Chung S Y, Choi S H. Genetic variability and relationships among interspecific hybrid cultivars and parental species of *Paphiopedilum* via ribosomal DNA sequence analysis[J]. Plant Systematics and Evolution, 2012, 298(10): 1897-1907.

[22] 孙彩云, 张明永, 叶秀萍. 利用 RAPD 和同工酶研究中国兜兰属种间亲缘关系[J]. 园艺学报, 2005, 32(2): 268-272.

同程度的扰动,造成连续种群分化成不连续的亚种群,限制或阻止了其基因流动,导致种群间出现遗传分化。本研究利用简单重复序列 (simple sequence repeats, 简称 SSR) 分子标记技术对新疆准噶尔盆地典型沙漠公路两侧的羽毛针禾亚种群进行研究,探讨沙漠公路工程对羽毛针禾遗传信息的影响,对理解羽毛针禾植物种群的动态及设计合理的管理策略以有效保护羽毛针禾类植物有重要的参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本研究区位于古尔班通古特沙漠南缘,其地理位置是 $44^{\circ}27'37.3''N \sim 44^{\circ}45'33.0''N$, $85^{\circ}37'47.5''E \sim 88^{\circ}51'7.9''E$ 。3 条沙漠公路中对阜康 (简称 FK) 种群起阻隔作用的是国道 216 线五彩湾一大黄山高速公路段。该段于 2011 年 4 月至 2013 年 10 月修建,起点位于火烧山岔路口附近,终点为幸福路口立交,主线全长 101 km,为四车道高速公路,设计速度为 120 km/h。该公路段于 2013 年 12 月通车,省道 201 线是克拉玛依至榆树沟公路,简称克榆公路。该公路起点为克拉玛依市,止于昌吉市榆树沟镇,全长 254 km,拟设计车速为 100 km/h,路基宽度为 25.5 m 的标准一级公路。该项工程的建设时间是 2003 年 8 月至 2006 年 11 月,2006 年 12 月通车。对沙湾 (简称 SW) 种群起阻隔作用的 S201 公路段位于四道河子镇,省道 204 线是从莫索湾至石河子的公路。该公路的起点为莫索湾,经 149 团、148 团、六户地,止于石河子市。该公路建于 1966 年,路面问题严重,拥包、坑槽多,平整度差。在 2010 年和 2013 年分别对该公路进行施工养护。对 148 团种群起阻隔作用的 S204 公路段位于新疆生产建设兵团农八师 148 团,其中阜康种群为南北走向,各亚种群周围没有农田;沙湾种群的沙漠公路为东西走向,各个亚种群周围有农田;148 团种群的沙漠公路为南北走向,各亚种群周围有水库和农田。

1.2 野外取样

于 2014 年 5 月 16—18 日、2015 年 5 月 9—24 日,在阜康、沙湾和 148 团 3 个羽毛针禾种群公路的两侧,选择左右对称、走势较好的沙丘,3 个种群每侧选取的亚种群数在阜康、沙湾、148 团分别为 6、4、3 个,同侧亚种群的间隔为 5~8 km,每个亚种群取 20 丛。前人的研究表明,种子散布和花粉扩散大概辐射在距其母株 4 m 的范围内,因此,为了避免采集到近亲繁殖的植株,株丛间距设为 5 m 以上。采集新鲜、幼嫩的叶片,就地用硅胶干燥后保存于自封袋中,带回实验室后于 $-20^{\circ}C$ 保存。用全球定位系统 (GPS) 定位仪记录采样点的经纬度及海拔。样地分布示意图见图 1。

1.3 基因组 DNA 的提取

参照天根生化科技 (北京) 有限公司的新型植物基因组 DNA 提取试剂盒的说明书,并稍加改动 (在漩涡仪上振荡的时间、离心时间和在室温下放置的时间延长到原来的 2 倍) 提取羽毛针禾基因组 DNA。

1.4 SSR 扩增及产物的检测

参考已发表的羽毛针禾^[21-22]、野生水稻^[23-25]的 SSR 引物,共筛选出 17 对扩增效果好、多态性高的引物 (表 1),由上海捷锐生物工程公司合成。PCR 扩增反应体系 (10 μ L):

6 μ L $2 \times Taq$ PCR Master Mix, 0.5 μ L 正向引物, 0.5 μ L 反向引物, 2 μ L ddH₂O, 1 μ L 模板 DNA。反应程序: $94^{\circ}C$ 预变性 5 min; $94^{\circ}C$ 变性 45 s, $50^{\circ}C$ 退火 45 s, $72^{\circ}C$ 延伸 1 min, 共 36 个循环; $72^{\circ}C$ 延伸 10 min。扩增产物用 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,银染。

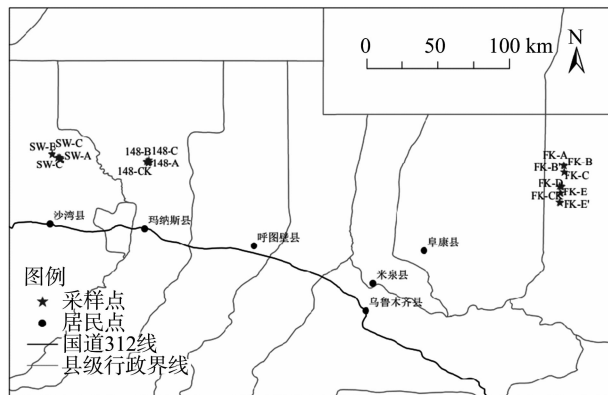


图1 3个羽毛针禾种群的分布示意

1.5 数据统计及分析

对于每个 SSR 位点,记录重复性好、清晰的条带,根据 marker 的分子量从大到小的顺序,以字母 A、B、C、D 等记录等位基因,有的记为 1,没有的就记为 0,根据每个样品产生的条带位置确定基因型。如果只有 1 个等位基因,记录为 AA 型,如果 1 个等位基因也没有,就记录为“..”,获得 AB 型矩阵。通过 Popgene version 1.32 软件计算等位基因数 (A_e)、有效等位基因数 (A_e)、观测杂合度 (H_o)、期望杂合度 (H_e)、Nei's 多样性指数 (H)、Shannon 多样性指数 (I)、遗传分化系数 (F_{st})、基因流 (N_m)、遗传一致度、遗传距离等参数。用 NTSYSpc 软件对羽毛针禾亚种群进行聚类分析。用 SPSS 19.0 软件对遗传距离和地理距离做相关性分析。用 SPSS 19.0 软件进行单因素方差分析。用 Graphpad Prism 5 软件作图。

2 结果与分析

2.1 17 对 SSR 引物在羽毛针禾中的多态性

17 对 SSR 引物在 492 份羽毛针禾样品中共扩增出 121 个等位基因,单个基因位点的等位基因数为 4~12 个,平均每个位点扩增 7.117 6 个等位基因 (表 2)。6 个多样性指标最大值对应的引物都是 RM17 (部分扩增结果见图 2),最小值对应的引物都是 RM11。17 个基因位点的预期杂合度均大于观测杂合度,可能由于部分个体出现近交,使杂合子缺失。

2.2 道路阻隔对 3 个羽毛针禾种群遗传多样性的影响

由图 3 可知,3 个种群的 6 个遗传多样性指标变化趋势一致,都是阜康种群 > 沙湾种群 > 148 团种群。用 SPSS 19.0 软件进行单因素方差分析, LSD 多重比较结果显示,在 0.05 显著水平上,有效等位基因数、观测杂合度、预期杂合度 H_e 和 Nei's 多样性指数只在阜康种群和 148 团种群间存在显著差异,在阜康和沙湾种群间不存在显著差异,在沙湾种群和 148 团种群间只有观测杂合度存在显著差异。

2.3 道路阻隔对 3 个羽毛针禾种群间的遗传分化和基因流的影响

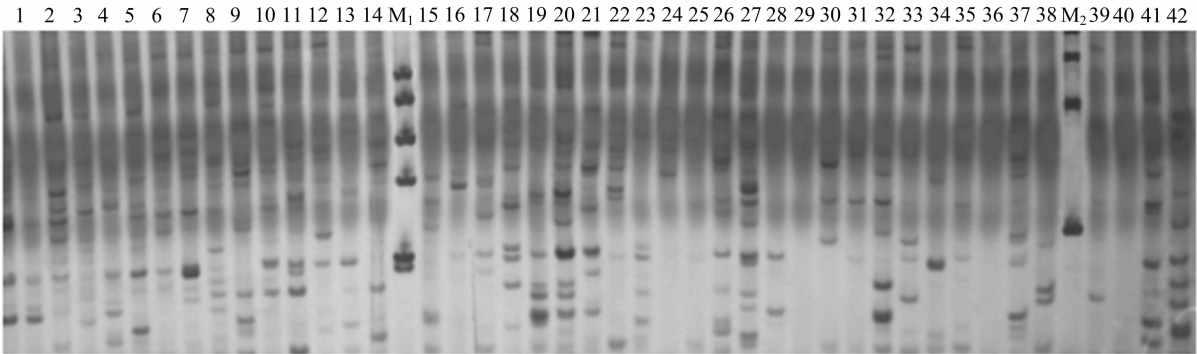
在不同道路阻碍作用的影响下形成的 3 个羽毛针禾种群

表 1 SSR 引物的序列

引物名称	正向引物序列 (5'→3')	反向引物序列 (5'→3')
RM267	TGCAGACATAGAGAAGGAAGTG	AGCAACAGCACAACTTGATG
RM20A	ATCTTGTCCCTGCAGGTCAT	GAAACAGAGGCACATTTTCATTG
RM341	CAAGAAACCTCAATCCGAGC	CTCCTCCCGATCCCAATC
RM324	CTGATTCCACACACTTGTGC	GATTCCACGTCAGGATCTTC
RM289	TTCCATGGCACACAAGCC	CTGTGCACGAACTTCCAAAG
RM282	CTGATTCCACACACTTGTGC	GATTCCACGTCAGGATCTTC
RM167	GATCCAGCGTGAGGAACACGT	AGTCCGACCACAAGGTGCGTTGTC
RM14	CCGAGGAGAGGAGTTCGAC	GTGCCAATTTCTCGAAAAA
RM239	TACAAAATGCTGGGTACCCC	ACATATGGGACCCACCTGTC
RM230	GCCAGACCGTGGATGTTT	CACCGCAGTCACTTTTCAAG
RM17	TGCCCTGTTATTTTCTTVTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTTCA
RM215	CAAAATGGAGCAGCAAGAGC	TGAGCACCTCCTTCTCTGTAG
RM216	GCATGGCCGATGTTAAAG	TGTATAAAACCACACGCCCA
RM11	TCTCCTCTTCCCCCGATC	ATAGCGGGCGAGGCTTAG
RM21	ACAGTATTCGTAGGCACGG	GCTCCATGAGGGTGGTACAG
RM253	TCCTTCAAGAGTGCAAAACC	GCATTGTCATGTCGAAGCC
RM331	GAACCAGAGGACAAAAATGC	CATCATACATTTGCAGCCAG

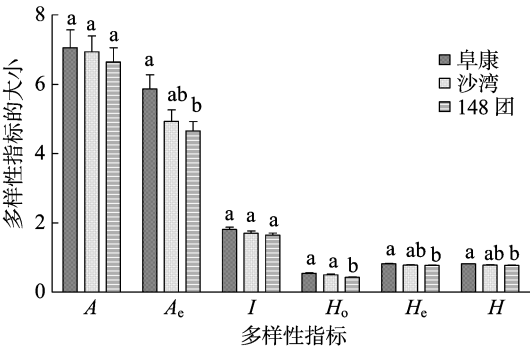
表 2 17 对 SSR 引物的扩增结果

引物	平均等位基因数 A	有效等位基因数 A_e	Shannon 多样性指数	观测杂合度 H_o	预期杂合度 H_e	Nei's 多样性指数
RM267	6.000 0	4.817 6	1.665 3	0.366 9	0.793 4	0.792 4
RM20A	5.000 0	4.436 3	1.547 3	0.367 9	0.775 6	0.774 6
RM341	6.000 0	4.276 1	1.602 4	0.430 6	0.767 0	0.766 1
RM324	6.000 0	5.003 3	1.685 3	0.494 1	0.801 1	0.800 1
RM289	7.000 0	5.938 7	1.844 5	0.488 8	0.832 5	0.831 6
RM282	8.000 0	6.656 1	1.991 3	0.521 2	0.850 7	0.849 8
RM167	8.000 0	7.292 8	2.032 0	0.527 8	0.863 8	0.862 9
RM14	7.000 0	6.751 9	1.927 0	0.575 9	0.852 8	0.851 9
RM239	7.000 0	5.444 3	1.750 5	0.579 4	0.817 2	0.816 3
RM230	11.000 0	9.041 7	2.285 3	0.514 2	0.890 4	0.889 4
RM17	12.000 0	9.426 4	2.350 2	0.494 6	0.894 9	0.893 9
RM215	6.000 0	5.150 2	1.710 0	0.575 0	0.806 7	0.805 8
RM216	5.000 0	4.441 2	1.543 5	0.533 8	0.775 7	0.774 8
RM11	4.000 0	3.813 6	1.362 7	0.547 9	0.738 5	0.727 8
RM21	8.000 0	6.349 9	1.956 6	0.521 6	0.843 4	0.842 5
RM253	6.000 0	5.382 4	1.734 1	0.511 6	0.815 1	0.814 2
RM331	9.000 0	8.256 5	2.150 3	0.538 0	0.879 8	0.878 9
平均	7.117 6	6.028 2	1.831 7	0.505 2	0.823 4	0.822 5



1~42—阜康种群的部分样品；M₁、M₂均为 marker，M₁从下到上依次为 100、200、300、400、500、600；M₂为 marker 2000，从下到上依次为 100、250、500、750、1 000、2 000 bp

图2 引物 RM17 的部分扩增结果



不同小写字母代表种群间差异显著 ($P<0.05$)。图 4 同
图3 羽毛针禾种群遗传多样性指标对比分析

的遗传分化系数也有所不同。由表 3 可以看出,阜康种群的遗传分化系数的变化范围是 0.079 1~0.192 7,平均值为 0.136 3,即有 13.63% 的遗传变异存在于种群间;沙湾种群的遗传分化系数的变化范围是 0.121 7~0.252 8,平均值为 0.180 1,说明有 18.01% 的遗传变异存在于种群间,而种群内的变异度为 81.99%;148 团种群的遗传分化系数的变化范围是 0.153 4~0.440 1,平均值为 0.270 4,说明有 27.04% 的遗传变异发生在种群间。由这些数据可以看出,在不同道路阻碍作用影响下形成的 3 个羽毛针禾种群之间的遗传分化系数大小排序为 148 团种群 > 沙湾种群 > 阜康种群。

阜康种群的平均基因流最大,为 1.673 9;沙湾种群的平均基因流为 1.144 2;148 团种群的平均基因流为 0.757 3。

表 3 不同种群的 17 个位点的基因流与 F 统计量

位点	阜康种群		沙湾种群		148 团种群	
	F_{st}	N_m	F_{st}	N_m	F_{st}	N_m
RM267	0.169 2	1.227 4	0.179 5	1.143 1	0.440 1	0.318 1
RM20A	0.156 0	1.352 1	0.159 3	1.318 9	0.391 6	0.388 4
RM341	0.104 0	2.153 0	0.192 9	1.045 8	0.412 5	0.356 1
RM324	0.120 7	1.821 2	0.176 6	1.165 9	0.247 7	0.759 1
RM289	0.145 5	1.468 3	0.145 7	1.465 4	0.294 2	0.599 7
RM282	0.124 8	1.752 9	0.173 1	1.194 5	0.189 2	1.071 4
RM167	0.152 6	1.388 6	0.210 6	0.937 2	0.269 4	0.678 0
RM14	0.112 9	1.963 4	0.131 5	1.650 8	0.230 2	0.836 1
RM239	0.153 0	1.383 7	0.211 3	0.933 1	0.153 4	1.379 4
RM230	0.096 2	2.349 0	0.151 5	1.399 8	0.235 4	0.811 9
RM17	0.118 0	1.868 3	0.224 1	0.865 4	0.203 6	0.977 7
RM215	0.143 5	1.492 3	0.126 2	0.731 2	0.354 5	0.455 3
RM216	0.192 7	1.047 6	0.121 7	1.803 9	0.278 3	0.648 2
RM11	0.157 3	1.339 5	0.166 2	1.253 9	0.175 4	1.175 7
RM21	0.079 1	2.909 1	0.243 7	0.775 9	0.228 3	0.845 1
RM253	0.139 6	1.540 3	0.252 8	0.738 9	0.210 7	0.936 3
RM331	0.151 6	1.399 1	0.195 7	1.027 2	0.281 9	0.636 8
平均	0.136 3	1.673 9	0.180 1	1.144 2	0.270 4	0.757 3

注: $N_m=0.25(1-F_{st})/F_{st}$ 。

综上,在不同道路阻碍作用的影响下形成的 3 个羽毛针禾种群的基因流大小排序为阜康种群 > 沙湾种群 > 148 团种群,148 团种群的基因流小于 1,说明很缺乏基因交流,而且已经开始发生因遗传漂变产生的遗传分化。

用 SPSS 19.0 软件进行单因素方差分析, LSD 多重比较结果见图 4。可以看出,在 0.05 显著水平上,遗传分化系数和基因流在 3 个种群间均存在显著差异。

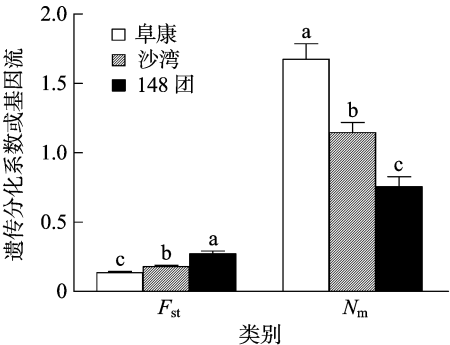


图4 羽毛针禾种群间遗传分化系数和基因流对比分析

2.4 聚类分析

在聚类分析中,亲缘关系相近的居群在聚类分析中会被分在同一类中,而亲缘关系较远的居群在聚类分析中会被分在不同类别中。26 个羽毛针禾亚种群间的遗传关系可以用非加权组平均法 (UPGMA) 的聚类分析来确定。

从图 5 可以看出,大部分地理距离较近、分布区域接近的亚种群聚类在一起,比如阜康、沙湾和 148 团种群的大部分亚种群分别聚在一起;FK-CK 与 FK-CK' 亚种群、148-CK 与 148-CK' 亚种群因受人为干扰因素影响最少,遗传距离较小,遗传相似度较高而首先聚在一起;也有少部分地理距离相隔较远,但因为遗传一致度较高以及遗传距离较小而聚集在一起的种群,如 SW-C 和 148-B 亚种群;然而,148-B 亚种群与 148 团的其他亚种群并没有因为地理距离较近而聚在一起。

用 SPSS 19.0 对遗传距离和地理距离作相关性分析,图 6 结果显示,Pearson 相关系数 r 为 -0.376 , $-0.5 < -0.376 < -0.3$,表明两者具有低度负相关关系。

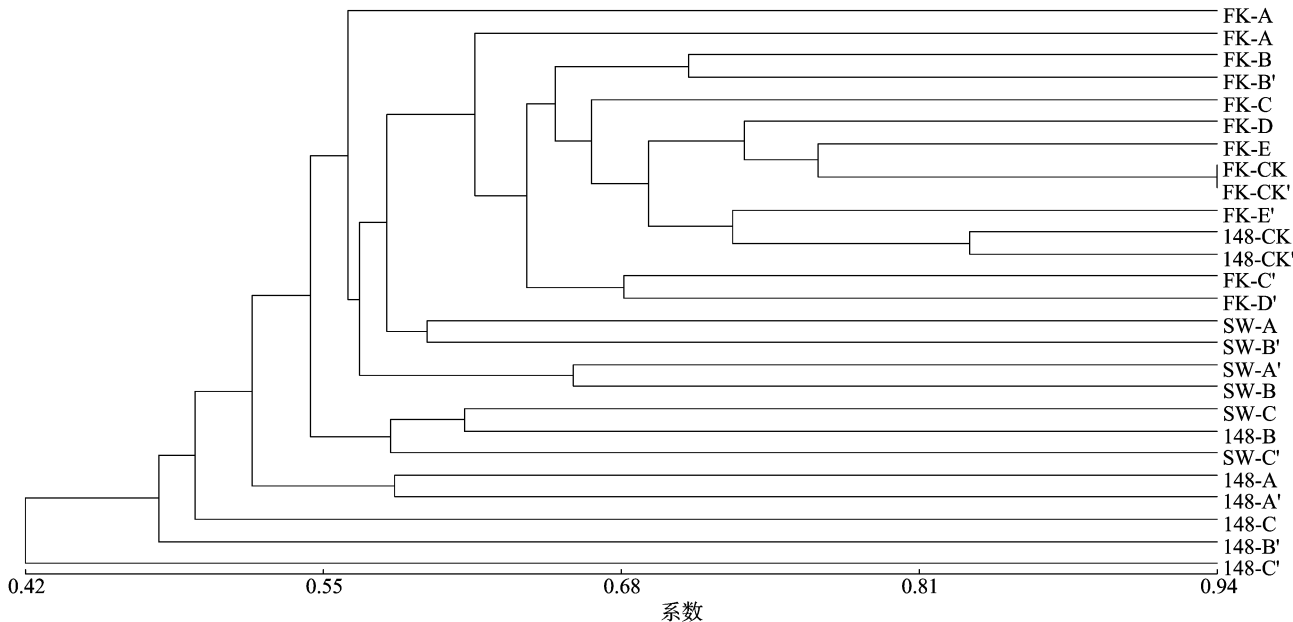


图5 26个羽毛针禾亚种群的UPGMA聚类结果

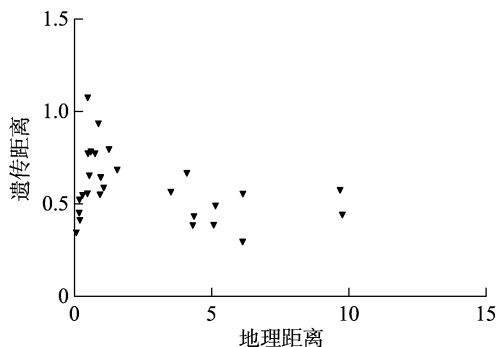


图6 遗传距离与地理距离的相关性

3 讨论

遗传多样性是指种内不同种群之间以及同一种群不同个体之间遗传变异的总和^[26-27],包括变异水平的高低和变异的分布格局。Shannon 多样性指数(I)、Nei's 多样性指数(H)是衡量遗传多样性的可信指标^[28]。遗传多样性是植物长期进化的结果,同时代表了植物的进化潜力。本研究结果显示,3个羽毛针禾种群的 Nei's 遗传多样性指数均高于单子叶植物(0.190 9),且阜康种群>沙湾种群>148团种群,表明羽毛针禾对环境具有较强的适应能力和进化潜力,且阜康种群最强,沙湾种群次之,最后是148团种群。

3个羽毛针禾种群的平均遗传分化系数分别为0.136 3、0.180 1、0.270 4,说明羽毛针禾的遗传分化大部分来自亚种群内,亚种群间的分化很小。阜康种群、沙湾种群的遗传分化系数低于多年生草本植物(0.233 0)和单子叶植物(0.231)的平均水平^[29],而148团种群的遗传分化系数高于多年生草本植物和单子叶植物的平均水平。基因流是影响种群遗传结构最重要的因素之一^[30],基因流动会增加种群内的遗传变异度,减少种群间的分化,与遗传漂变的作用相互拮抗^[31]。当 $N_m > 1$ 时,基因流就足以抵制种群由遗传漂变引起的遗传结

果,维持遗传变异的多样性;当 $N_m < 1$ 时,遗传漂变就成为影响种群遗传结果的主要因子^[32]。本研究结果显示,阜康种群和沙湾种群的基因流大于1,在一定程度上说明可以防止由遗传漂变引起的亚种群间的遗传分化;148团种群的基因流小于1,说明很缺乏基因交流,而且已经开始发生因遗传漂变产生的遗传分化。

单因素方差分析结果显示,遗传分化系数和基因流在3个种群的两两间存在显著差异,此结果出现的原因,首先是3个种群本来就存在微地理环境的差异,在沙漠公路建设期,公路填挖方工程改变了地表的微地形,使近地面的风速、风向发生改变,羽毛针禾是风媒传粉植物,风是其种子散布的主要影响因素,风速、风向的改变,会使种子的风力传播过程和着床情况受到影响。种子散布是基因流动的主要形式之一,因此,公路填挖方工程使羽毛针禾种群的基因流受到影响,增加了3个种群的差异,使3个羽毛针禾种群经历了不同的选择压力。其次,本研究与周臻林等研究得出的公路对天山马鹿种群内遗传分化影响的结果^[33]相似,即公路对栖息地的分割状态不同,会导致种群的遗传情况发生改变。在本研究中,148团种群的沙漠公路修建的最早,通车近50年,各亚种群周围有水库和农田;沙湾种群的沙漠公路修建的比148团种群的晚,通车近10年,各个亚种群周围有农田;阜康种群的沙漠公路修建的时间短,通车才几年,各亚种群周围没有农田。农田的耕作和水库的修建都增加了人为因素对羽毛针禾的影响,这就使得148团的种群遗传多样性最低,阜康种群的遗传多样性最高。再次,车流量和公路维护会影响种群的基因交流。148团种群沙漠公路修建的比较早,通车近50年,运行期的车流量相对较多,公路车流使得两侧亚种群间的基因交流受阻,更易受到遗传漂变的影响而导致遗传多样性降低,增加了近亲交配的风险,使得148团种群的杂合度最低。且148团种群由于长期使用,路面问题严重,平整度差,在2010、2013年分别对公路进行了施工维护,其间的人为活动对种群内亚种群间的基因交流起到了一定的阻碍作用。

4 结论

本研究通过对新疆古尔班通古特沙漠南缘的 3 条典型沙漠公路两侧羽毛针禾的研究发现:

(1)从长远来看,公路对羽毛针禾种群间的基因流起到一定的阻碍作用。(2)种群间基因流还受到农田开垦和水库修建的影响。(3)公路修建年限对种群基因流的影响不同,需要后续较长时间对其进行研究。(4)随着经济的发展,其他工程行为日渐增多,研究其对植被基因流的影响也具有重要意义。

参考文献:

- [1] Smith J M. Evolutionary genetics [M]. New York: Oxford University Press, 1999, 348 – 348.
- [2] Su H, Qu L J, He K, et al. The Great Wall of China: a physical barrier to gene flow? [J]. Heredity, 2003, 90(3): 212 – 219.
- [3] Hamilton J A, Eckert C G. Population genetic consequences of geographic disjunction: a prairie plant isolated on Great Lakes alvars [J]. Molecular Ecology, 2007, 16(8): 1649 – 1660.
- [4] Yamada T, Maki M. Impact of geographical isolation on genetic differentiation in insular and mainland populations of *Weigela coraeensis* (Caprifoliaceae) on Honshu and the Izu Islands [J]. Journal of Biogeography, 2012, 39(5): 901 – 917.
- [5] Slatkin M. Gene flow and the geographic structure of natural populations [J]. Science, 1987, 236(4803): 787 – 792.
- [6] Le Corre V, Lapègue S, Kremer A. Genetic variation at allozyme and RAPD loci in sessile oak *Quercus petraea* (Matt.) Liebl: the role of history and geography [J]. Molecular Ecology, 1997, 6(6): 519 – 529.
- [7] Zhang Z Y, Zheng X M, Ge S. Population genetic structure of *Vitex negundo* (Verbenaceae) in Three – Gorge Area of the Yangtze River: the riverine barrier to seed dispersal in plants [J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2007, 35(8): 506 – 516.
- [8] Landguth E L, Cushman S A, Schwartz M K, et al. Quantifying the lag time to detect barriers in landscape genetics [J]. Molecular Ecology, 2010, 19(19): 4179 – 4191.
- [9] Bauert M R, Kalin M, Baltisberger M, et al. No genetic variation detected within isolated relict populations of *Saxifraga cernua* in the Alps using RAPD markers [J]. Molecular Ecology, 1998, 7(11): 1519 – 1527.
- [10] Nesbo C L, Magnhagen C, Jakobsen K S. Genetic differentiation among stationary and andromous perch (*Perch fluviatilis*) in the Baltic Sea [J]. Hereditas, 1998, 129(3): 241 – 249.
- [11] Young A G, Merriam H G. Effects of forest fragmentation on the spatial genetic structure of *Acer saccharum* Marsh (sugar maple) populations [J]. Heredity, 1994, 72(1): 201 – 208.
- [12] 周乐, 殷宝法, 杨生妹, 等. 青藏公路对高原鼠兔种内遗传分化的影响 [J]. 生态学报, 2006, 26(11): 3572 – 3577.
- [13] Wolff K, Elakkad S, Abbott R J. Population substructure in *Alkanna orientalis* (Boraginaceae) in the Sinai desert, in relation to its pollinator behaviour [J]. Molecular Ecology, 1997, 6(4): 365 – 372.
- [14] Allard R W. The mating system and microevolution [J]. Genetics, 1975, 79: 115 – 126.
- [15] Ness R W, Wright S I, Barrett S C. Mating – system variation, demographic history and patterns of nucleotide diversity in the tristylous plant *Eichhornia paniculata* [J]. Genetics, 2010, 184(2): 381 – U105.
- [16] 李辛雷. 杜鹃红山茶遗传多样性及其濒危机制 [D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2012: 28 – 37.
- [17] Handel S N. Pollination ecology, plant population structure, and gene flow [M]. Orlando: Academic Press, 1983: 163 – 211.
- [18] Galán C, Alcázar P, Cariñanos P, et al. Meteorological factors affecting daily urticaceae pollen counts in southwest Spain [J]. International Journal of Biometeorology, 2000, 43(4): 191 – 195.
- [19] Yuan Q H, Shi L, Wang F, et al. Investigation of rice transgene flow in compass sectors by using male sterile line as a pollen detector [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 115(4): 549 – 560.
- [20] Dzialuk A, Muchewicz E, Boratynski A, et al. Genetic variation of *Pinus uncinata* (Pinaceae) in the Pyrenees determined with cpSSR markers [J]. Plant Systematics and Evolution, 2009, 277(3/4): 197 – 205.
- [21] 张玲. 准噶尔盆地羽毛三芒草种群遗传结构的研究 [D]. 石河子: 石河子大学, 2005: 37 – 39.
- [22] 邓必建. 羽毛针禾繁育系统的研究 [D]. 石河子: 石河子大学, 2007: 26 – 32.
- [23] 盖红梅. 广西濠江流域普通野生稻遗传多样性及保护的 SSR 研究 [D]. 济南: 山东大学, 2005: 29 – 30.
- [24] 杨静, 刘海英, 钱春荣, 等. 黑龙江省水稻品种 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. 东北农业大学学报, 2008, 39(6): 1 – 10.
- [25] 杨文. 中国普通野生稻梗稻和籼稻的遗传结构及相互关系 [D]. 南昌: 南昌大学, 2007: 13 – 18.
- [26] 管菊, 李琬婷, 黄晓霞, 等. 雌黄连木遗传多样性 [J]. 江苏农业科学, 2017, 45(18): 116 – 119.
- [27] 芮文婧, 张倩男, 王晓敏, 等. 47 份大果番茄种质资源表型性状的遗传多样性 [J]. 江苏农业科学, 2017, 45(12): 92 – 95.
- [28] 钱韦, 葛颂. 居群遗传结构研究中显性标记数据分析方法初探 [J]. 遗传学报, 2001, 28(3): 244 – 255.
- [29] Hamrick J L, Godt M J W. Allozyme diversity in plant species [M] // Brown A H D, Clegg M T, Kaher A L, et al. Plant population genetics, breeding and genetic resources. Sunderland: Sinauer, 1990: 43 – 63.
- [30] Hamrick J L, Loveless M D. The genetic structure of tropical tree populations: associations with reproductive biology [M]. Boulder: Westview Press, 1989: 129 – 146.
- [31] Whitlock M C, McCauley D E. Indirect measures of gene flow and migration: $F_{st} \neq 1/(4Nm + 1)$ [J]. Heredity, 1999, 82(2): 117 – 125.
- [32] 刘占林, 赵桂仿. 居群遗传学原理及其在珍稀濒危植物保护中的应用 [J]. 生物多样性, 1999, 7(4): 340 – 343, 345 – 346.
- [33] 周臻林, 艾萨·图合提, 阿米拉·阿布莱提, 等. 公路对天山马鹿种内遗传分化的影响 [J]. 遗传育种, 2014, 34(6): 5 – 9.