

学校编码: 10384

分类号_____密级_____

学号: 21720061152168

UDC _____

厦 门 大 学

硕 士 学 位 论 文

中国原生香棕 (*Arenga engleri* Becc.) 种群的遗传多样性研究

Study on Genetic Diversity of Native *Arenga engleri* Becc.

Populations in China

指导教师姓名: 杨盛昌 副教授

专 业 名 称: 发育生物学

论文提交日期: 2009 年 04 月

论文答辩时间: 2009 年 05 月

学位授予日期: 2009 年 月

答辩委员会主席: 郑文教 教授

评 阅 人: _____

2009 年 05 月

厦门大学学位论文原创性声明

本人呈交的学位论文是本人在导师指导下,独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考其他个人或集体已经发表的研究成果,均在文中以适当方式明确标明,并符合法律规范和《厦门大学研究生学术活动规范(试行)》。

另外,该学位论文为()课题(组)的研究成果,获得()课题(组)经费或实验室的资助,在()实验室完成。(请在以上括号内填写课题或课题组负责人或实验室名称,未有此项声明内容的,可以不作特别声明。)

声明人(签名):

年 月 日

厦门大学学位论文著作权使用声明

本人同意厦门大学根据《中华人民共和国学位条例暂行实施办法》等规定保留和使用此学位论文，并向主管部门或其指定机构送交学位论文（包括纸质版和电子版），允许学位论文进入厦门大学图书馆及其数据库被查阅、借阅。本人同意厦门大学将学位论文加入全国博士、硕士学位论文共建单位数据库进行检索，将学位论文的标题和摘要汇编出版，采用影印、缩印或者其它方式合理复制学位论文。

本学位论文属于：

1. 经厦门大学保密委员会审查核定的保密学位论文，
于 年 月 日解密，解密后适用上述授权。

2. 不保密，适用上述授权。

（请在以上相应括号内打“√”或填上相应内容。保密学位论文应是已经厦门大学保密委员会审定过的学位论文，未经厦门大学保密委员会审定的学位论文均为公开学位论文。此声明栏不填写的，默认为公开学位论文，均适用上述授权。）

声明人（签名）：

年 月 日

目录

摘要.....	1
第一章 引言.....	5
一、 桃榔属植物简述.....	5
1.1 香棕简述.....	5
1.2 其他桃榔属植物的形态与分布.....	6
1.3 棕榈植物的利用.....	8
二、 种群遗传结构的研究进展.....	9
2.1 种群遗传结构的概述.....	9
2.2 影响种群遗传结构的因素.....	10
2.3 常见的群体遗传结构模式.....	13
2.4 群体遗传结构的度量方法.....	15
2.5 研究植物群体遗传结构的意义和展望.....	18
三、 研究遗传多样性的采样策略.....	20
四、 用于群体遗传结构研究的分子标记.....	21
4.1 RFLP 标记.....	22
4.2 RAPD 标记.....	22
4.3 AFLP 标记.....	22
4.4 SSR 标记.....	23
五、 分子标记技术在棕榈植物中的应用.....	23
六、 ISSR 分子标记技术概况及其应用.....	24
6.1 ISSR 技术的原理.....	24
6.2 ISSR 技术的特点.....	24
6.3 ISSR 分子标记在植物遗传多样性研究中的应用.....	25
6.4 ISSR 分子标记在植物物种和种群间亲缘关系研究中的应用.....	26
七、 ITS 序列分析部分桃榔属植物在分子水平上的亲缘关系.....	26
八、 本实验的立题依据和意义.....	27
第二章 材料和方法.....	28
一、 实验样品的采集和保存.....	28

二、 主要实验仪器	30
三、 主要实验试剂和溶液	30
四、 溶液配制	31
五、 实验方法	32
5.1 基因组 DNA 提取方法	32
5.2 基因组 DNA 的电泳	33
5.3 ISSR 引物筛选及 ISSR-PCR 反应体系建立	33
5.4 ITS 引物设计	35
5.5 ITS 序列扩增及质量分析	35
5.6 测序	36
第三章 结果、分析和讨论	36
一、 基因组 DNA 提取结果.....	36
1.1 基因组 DNA 纯度分析	37
1.2 基因组 DNA 完整度分析	37
1.3 讨论	38
二、 中国香棕资源的地理分布	39
三、 中国香棕资源遗传多样性的 ISSR 分析结果	40
3.1 ISSR 引物筛选的结果	40
3.2 香棕 ISSR-PCR 反应体系的可行性分析及讨论	41
3.3 数据的处理和分析	43
3.4 讨论	48
四、 部分桃榔属植物 ITS 序列分析	51
4.1 ITS 序列统计分析	51
4.2 进化树(phylogenetic tree)分析	56
4.3 讨论	57
参考文献.....	58
致谢.....	66

Table of Content

Abstract	1
1st Introduction	5
1. Brief outline of <i>Arenga Labill.</i>	5
1.1 Brief outline of <i>Arenga Engleri</i>	5
1.2 Morphology and Distribution of other <i>Arenga Labill</i> plants	6
1.3 The utilization of <i>Palmae</i> plants.....	8
2. The research progress of population genetic structure	9
2.1 Summary of population genetic structure.....	9
2.2 Influential factors of population genetic structure.....	10
2.3 Common population genetic structure model.....	13
2.4 Measure method of population genetic structure.....	15
2.5 Research significance of the plants' population genetic structure	18
3. Sampling strategy of genetic diversity	20
4. Molecular markers of population genetic structure	21
4.1 RFLP markers	22
4.2 RAPD markers	22
4.3 AFLP markers	22
4.4 SSR markers	23
5. The application of molecular marker technology in <i>Palmae</i>	23
6. The survey and application of ISSR technology	24
6.1 Principle of ISSR markers	24
6.2 Character of ISSR markers	24
6.3 The application of ISSR markers in plant genetic diversity	25
6.4 The application of ISSR markers in plant genetic relationship between species and population	26
7. The analysis of ITS sequencing on the molecular level of the <i>Arenga</i> genetic relationship	26
8. The basis and significance of experiment	27
2nd Experimental materials and methods	28

1. The collection and preservation of experimental sample.....	28
2. Main experimental apparatus	30
3. Main reagents and solution.....	30
4. Solution configuration	31
5. Experimental methods.....	32
5.1 Extraction methods of genomic DNA	32
5.2 Electrophoresis of genomic DNA	33
5.3 ISSR primer screening and ISSR-PCR reaction system.....	33
5.4 ITS primer design.....	35
5.5 ITS sequence amplification and quality analysis.....	35
5.6 Sequencing	36
3rd Results and Analysis	36
1. The extraction results of genomic DNA	36
1.1 The purity analysis of genomic DNA	37
1.2 The integrity analysis of genomic DNA	37
1.3 Discussions	38
2. Geographical distribution of China <i>Arenga Engleri</i> resources ...	39
3. ISSR analysis results of genetic diversity in China <i>Arenga Engleri</i>	
resources	40
3.1 The results of ISSR primer screening.....	40
3.2 The feasibility analysis and discussion of <i>Arenga Engleri</i> ISSR-PCR	
reaction system	41
3.3 Data processing and analysis	43
3.4 Discussions	48
4. The Analysis of ITS Sequence on partial <i>Arenga</i> plants	51
4.1 Statistical analysis of ITS sequence.....	51
4.2 Phylogenetic tree analysis	56
4.3 Discussions	57
References	58
Acknowledge.....	66

摘要

香棕 (*Arenga engleri* Becc.), 又名矮桃榔、山棕, 是我国原生的桃榔属植物, 近年来, 由于生境的人为破坏和片断化, 我国原生的香棕资源正急剧减少。本文对香棕的自然分布情况及其生境进行了野外调查, 并采用 ISSR 分子标记技术对我国福建省和台湾境内的原生种群, 以及福建省厦门、广东省广州和深圳引种的香棕种群, 进行了遗传多样性水平及种群遗传结构的研究, 并在此基础上, 探讨香棕资源的保护策略。另外, 采用 ITS 区域测序的方法, 研究了香棕与同属其它 8 种桃榔属植物分子系统关系。主要结果如下:

采用改良的 CTAB 法成功地提取了棕榈科桃榔属植物基因组 DNA, 制备的 DNA 纯度和质量均较高, 适用于 ISSR-PCR 反应要求。

从 100 条 ISSR 引物中筛选出 17 条引物, 对 10 个天然群体共 250 个个体进行了扩增分析, 17 个引物共检测到 186 个位点, 分子量从 200bp 到 2000bp 不等, 其中 184 个为多态位点, 得出物种水平的多态条带百分率 (PPB) 为 98.92%, Nei 的基因多样性 (h) 为 0.3140, Shannon 多样性指数 (I) 为 0.4778, 表明香棕物种内存在较高的遗传多样性, 推测香棕适应性强、生境多样和环境选择压力小是其保留丰富遗传多样性的主要原因。丰富的遗传多样性为香棕提供了变异的源泉。

POPGENE 分析结果表明: 与其他棕榈科植物相比, 香棕具有丰富的遗传变异 (在物种水平上, PPB=98.92%, H_e =0.3140; 在种群水平上, PPB=70.38%, H_e =0.2327)。Nei's 遗传多样性分析表明, 各种群间产生了一定程度的遗传分化 (G_{st} =0.2970)。种群间一定程度的遗传分化可能是由生境破坏和基因流障碍 (N_m =0.5918) 引起。分子方差分析 (AMOVA) 在总遗传变异中, 种群间遗传变异占 29.70%, 群体内占 70.30%, 表明种群的遗传变异主要存在于种群内, 种群间基因交流相对较少。雌雄异株、繁殖能力强以及福建省内部分种群间频繁的基因交流等特点可能是导致香棕群体间遗传分化较小的原因。UPGMA 聚类分析可知, 10 个香棕种群聚成两大支, 一支由福建省 7 个种群以及广东省的植物园的 1 个种群构成, 另一支由台湾省 2 个种群构成, 推测原因主要是台湾海峡在香棕的花粉和种子的扩散和传播过程中, 起到了生殖隔离的作用。

鉴于香棕资源的遗传多样性现状和其相应的种群遗传结构, 建议在遗传多样性较高的福建省福州市永泰县坑仔里(YK)、福建省福州市永泰县葛岭镇方广岩(YF)、福建省宁德市霞浦县罗汉溪畔(XL)、福建省福清市灵石林场(FL)种群设立保护点进行特殊生境下的就地保护; 而福建省莆田市仙游县九鲤湖(XJ)、福建省泉州市德化县龙门滩镇白石村(DL)以及台湾省的种群受人为因素影响较小、生境完整, 可作为香棕资源合理利用和教育场所。

8 种棕榈属植物 ITS 序列测序的结果表明, 利用 ITS 序列构建的系统树与传统分类方法结论基本相同, 大部分分支的支持度较高, 表明系统比较稳定。

关键词: 香棕; 种群; 遗传多样性; ISSR 标记

Study on Genetic Diversity of Native *Arenga engleri* Becc.

Populations in China

In recent years, due to habitat destruction and fragmentation, our native resources *Arenga engleri* is facing extinction. In this paper, based on the field investigation, note of specimen and literatures, the living environment of populations *Arenga engleri* were probed. The genetic diversity and population genetic structure of 10 natural populations of *Arenga engleri*, distributed in Fujian, Guangdong and Taiwan provinces, were studied by means of inter-simple sequence repeats (ISSR) markers. Based on the research of population genetic structure strategies, the conservation of these germplasm resources of *Arenga engleri* were also discussed. On the other hand, the result of ITS region sequencing proved the phylogenetic relationships among 8 species of *Arenga*. The main results are highlighted in the following:

The optimized CTAB method was successfully used to extract the polysaccharide, phenols and pigment riched genomic DNA of *Arenga*. This method is widely used at present in our lab with satisfactory purity and quantity of the extract. The extracted DNA is suitable for ISSR-PCR.

A total of 250 individuals representing 10 natural populations of *Arenga engleri*, were surveyed by use of 17 ISSR primers from 100, which generated 186 reproducible and clear amplification products. A relatively high level genetic diversity was detected in *Arenga engleri* species. Out of 186, 184 loci with molecular weight from 200 to 2000 were polymorphic and accounted for 98.92%, Nei's gene diversity (h) and Shannon diversity index (I) were 0.3140 and 0.4778 in the species lever, respectively. Strong adoption, low environment select pressure and relatively few human activitied might be the causes of high genetic diversity of *Arenga engleri*.

A relatively high level of genetic diversity was revealed: PPB=98.92%, $H_e=0.3140$ (at species level); PPB=70.38%, $H_e=0.2327$ (at population level). A relatively level of genetic differentiation was detected among populations with Nei's G_{st} analysis. Some differentiation may result from habitat fragmentation and barriers to gene flow. AMOVA showed that 29.70% of the genetic diversity resulted from

differentiation among populations with remaining 70.3% residing within populations. That showed the majority of genetic variation occurred within populations and the high level of gene flow was among populations. dioecism, strong reproduction and high flow gene among some populations might be the main causes of low genetic differentiation of *Arenga engleri* populations. UPGMA cluster analysis indicated that the eight populations from Fujian and Guangdong province grouped together, whereas two populations from Taiwan clustered in another clade.

These results, combined with other information about *Arenga engleri*, may provide a valuable basis for proposing conservation strategies. In situ conservation will be suitable for YK, YF, XL and FL populations with sufficient genetic diversity, while an ex situ strategy should be taken into consideration for XL, DL, TB and TN populations, where only a few individuals are left.

According to the ITS sequence comparison among eight species of *Arenga*, the phylogenetic tree constructed by ITS sequence analysis was basically the same as traditional method, and most of the branch had high support degree.

Key Words: *Arenga engleri*; Population; Genetic diversity; Inter-simple sequence repeats (ISSR) marker

第一章 引言

一、 桃椰属植物简述

1.1 香棕简述

1.1.1 香棕的形态与分布

香棕 (*Arenga engleri* Becc.)，又名矮桃椰、山棕，丛生灌木，高 2—3 米，须根系树种，主根不发达，由多数不定根形成根系。叶全部基生，羽状全裂，互生，顶端长而渐尖，中部以上边缘有不规则的啮蚀状齿，基部仅一侧有耳垂，上面深绿色，下面灰绿色；叶轴三棱形，叶柄近半圆柱形，基部上面具凹槽，背面凸圆，连同叶轴均被黑色鳞秕；叶鞘纤维质，黑褐色，包茎。肉穗花序腋生，多分枝，常直立，花雌雄异株；雄花稍大，通常 2 朵聚生，长约 1.5cm，桔黄色，香气浓冽，气味如桂花，萼片 3 片，覆瓦状排列成杯状，花瓣长圆形，3 片，雄蕊约 40 枚，花药线形，基部着生；雌花橙色，花萼近圆形，浅杯状，花瓣阔三角形，长约 7mm，宽 8mm，子房三棱形。核果近球形，顶端具 3 钝棱。成熟时枣红色，直径约 1.8cm，果肉味甜、多汁，对皮肤有刺激；种子 3 个，浅黄白色，纯三棱形，长 1cm，宽 0.8cm，厚 0.6cm，胚乳均匀，胚背生。花期 5-6 月，果期 11-12 月。产于福建、台湾等省。广东、云南有栽培。日本（琉球）亦产^[1]。

喜阳光，耐荫。是本属中最耐寒的种类之一，生长缓慢。因其耐寒性，故有较广的应用地区。可植于庭院、公园等，宜丛植，也可植篱^[2]。

1.1.2 香棕的综合应用

香棕形态优美、生命力顽强及种植容易，具有很高的观赏价值和园林价值，非常适用于绿化造景与室内装饰。

- (1) 树形美观。香棕属于丛生灌木类植物，叶形奇特，株群密集，在园林绿化中作为下层木的搭配，具有很高的观赏价值。
- (2) 花色艳丽、香气四溢。香棕花序硕大，花期 1-2 个月，花色橘黄色，散发出丹桂般的香气，成熟的果实颗粒饱满，色彩鲜艳，是很好的观花种类。另外，还可以作为提取香料的材料。
- (3) 耐受性强、成活率高。在 35 种棕榈科植物中，香棕的冻害指数为 2.0 名列第 10（陈振东等），低于皇后葵、棕竹、华盛顿棕榈、加拿大海枣、袖珍椰子（遮光网下）、布迪椰子、龙鳞榈、银海枣、棕榈等 9 种，高于夏威夷椰子、

蒲葵等 25 种。在园林绿化中, 香棕具有较高的抗寒性。另外香棕为喜阴树种, 对土壤要求不高, 给引种提供的方便。据调查, 厦门植物园于 70 年代引种的香棕, 成活率、保存率都较高^[3]。

1.2 其他棕榈属植物的形态与分布

棕榈属 (*Arenga* Labill) 是棕榈科中的一个属, 乔木或灌木状。茎上密被黑色的纤维状叶鞘; 叶通常为奇数羽状全裂, 罕为扇状不分裂, 羽叶内向折叠, 近线形至不整齐的波状椭圆形或近菱形, 基部楔形, 在一侧或两侧常呈耳垂状, 先端通常不整齐的啮蚀状。花雌雄同株或极罕见为雌雄异株, 多次开花结实或一次开花结实; 花序生于叶腋或脱落的叶腋处, 直立或下垂, 花序梗为多个佛焰苞所包被, 多分枝或罕为不分枝; 花单生或 3 多聚生即 2 朵雌花之间有 1 朵雄花; 雄花花萼 3 片, 圆形, 覆瓦状排列, 花冠在极基部合生, 具 3 片卵形至长圆状三角形顶尖的裂片, 镊合状排列, 雄蕊罕为 6—9 枚, 通常多至 15 枚以上, 花丝短, 花药伸长, 药隔有时延伸成一隔顶尖; 无退化雌蕊; 雌花通常球形, 花萼与花冠在花后膨大, 萼片 3 片, 圆形, 覆瓦状排列; 花瓣 3 片, 合生至中部, 顶端三角形, 镊合状排列; 退化雄蕊 3—0; 子房 3 室, 能育室 2—3, 柱头 2—3。果实球形至椭圆形, 常具三棱, 顶端具柱头残留物。种子 1—3 颗, 平凸或扁形, 胚乳均匀。

约 18 种, 分布于亚洲南部、东南亚至大洋洲热带地区。我国产 4 种, 分布于福建、台湾、广东、海南、广西、云南及西藏等省区。

1.2.1 棕榈

棕榈 (*Arenga pinnata* (Wurmb.) Merr.), 乔木状, 茎较粗壮, 高 5 米至 10 余米, 直径 15—20 厘米, 有疏离的环状叶痕。叶簇生于茎顶, 长 5—6 米或更长, 羽状全裂, 羽片呈 2 列排列, 线形或线状披针形, 长 80—150 厘米, 基部两侧常有不均等的叶垂, 上面绿色, 背面苍白色; 叶鞘具黑色强壮的网状纤维和针刺状纤维。花序腋生, 当最下部的花序的果实成熟时, 植株即死亡; 花序梗粗壮, 下弯, 分枝多。种子 3 颗, 黑色, 卵状三棱形, 胚乳均匀, 胚背生。

产于海南、广西及云南西部至东南部。中南半岛及东南亚一带亦产^[1]。

1.2.2 小花棕榈

小花棕榈 (*Arenga micrantha* C. F. Wei), 小乔木, 高 3—8 米。叶羽状全裂,

长达 3 米；羽片 2 裂，顶生的较大，楔形，侧生的狭长圆形，上面深绿色，背面灰色；中脉粗壮，上面微凸，背面高隆起；叶轴三角形，叶柄近圆形，长约 1 米。雄花序狭圆锥形，分枝多而纤细，下部的较长，顶部渐变短；花小，长圆形，萼片 3，分离，宽圆形，覆瓦状排列；花瓣 3，黄色，革质；花药长圆形，药室纵裂。雌花和果实未见。花期 8 月。

产于我国西藏墨脱（模式标本产地）。生于海拔 1000—1600m 的森林中^[1]。

1.2.3 双籽棕

双籽棕 (*Arenga caudata* (Lour.) H. E. Moore)，矮小灌木，高 0.5—2 米。叶一回羽状全裂，羽片少数，进菱形或不等边四边形，基部楔形，不具耳垂，羽片中部以上边缘具不规则的啮蚀状小齿；叶鞘边缘具网状纤维。花序单生于叶腋间，直立，不分枝或具稀少分枝；花单性，雄花花萼 3 片，圆形，覆瓦状排列；花瓣 3 片，长圆状倒卵形，具条纹脉；子房球形，钝三棱。果实卵球形或近球形，直径 9-12 毫米，熟时红棕色。种子 3 颗，钝三棱，胚乳均匀。花果期 4-5 月。

产于海南。印度、越南、老挝亦有分布^[1]。

1.2.4 砂糖椰子

砂糖椰子 (*Arenga saccharifera*)，单干型，高达 25m，宿存具黑色针刺的叶基。叶一回羽状分裂，长达 12m，常垂直生长，羽片于叶轴上排列成不同平面，略悬垂，具双侧耳垂，叶面深绿色，叶背银白色。为一次性开花结果，花序分枝，长约 1.5m。果近球形、直径约 5cm。原产印度至东南亚。幼株即能忍受直射光。在热带气候下约 10 年即可开花，可在南亚热带气候下生长，但成熟期延长。仅能通过播种繁殖。

该种是本属中栽培最多的种类，为当地最主要的产糖的（棕榈）植物，也能提供西谷、棕榈酒，甚至还提供绳索，未成熟的种子可食用，故是一种重要的经济植物。由于本种生长较快，尤其是植株高大、叶型巨大并垂直生长，相当壮观优美，已被国内植物园大量引种，目前已用于公园、机场等的绿化、美化。此外，密集的蓝色果序也相当美丽迷人。可作为主景植物，孤植时能突出其高大壮观的体型，列植能强化果序的色泽。其寿命不长，在规划设计时需考虑十几年后的树种更换。它的花果序是从上而下生长发育，最上方的花序已经开始结果，而中部的花序才开放，最下方的花序则刚刚形成，故是一种典型的一次性开花结果，可

作为科普观光的良好素材^[2]。

1.2.5 南椰

南椰 (*Arenga westerhoutii* Griffith), 高 10m, 茎干宿存黑色叶基。叶一回羽状分裂, 长可达 8m, 羽片规则地排列成一平面, 叶面深绿色, 叶背灰绿色。果椭圆形, 长 7cm。原产东南亚和中国。喜阳光, 耐荫。是本属中另一种最耐寒的植物。可通过播种或分株繁殖。

1.2.6 菲律宾桫欏

菲律宾桫欏 (*Arenga tremula* (Blanco) Becc.) 丛生型, 高 4m, 茎干纤细、绿色, 具叶环痕。叶一回羽状分裂, 长 3m, 羽片等宽、整齐排列, 叶面深绿色, 叶背灰绿色。花序大而显著。果球形、直径约 1.7cm, 红色。原产菲律宾。喜阳光, 耐荫。是本属中最耐寒的另一种植物。可通过播种或分株繁殖。

1.2.7 澳大利亚桫欏

澳大利亚桫欏 (*Arenga australasica* H.Wendl.et Drude), 丛生型, 高 10m。叶一回羽状分裂, 长约 3m, 羽片狭长、皱, 叶面深绿色, 叶背灰绿色。为一次性开花结果, 花序分枝, 长 1m。果球形、直径约 2cm, (紫) 红色。原产澳大利亚东北部。幼时需遮荫, 成株能忍受直射光。可在南亚热带地区种植, 生长较慢。可通过播种或分株繁殖。该种常由 1-3 根高大的茎干作为其主体, 四周有很多分蘖芽, 故体积庞大, 配置于草坪上颇为壮观, 宜丛植或孤植, 特别适合公园等宽阔场所的绿化、美化^[2]。

1.3 棕榈植物的利用

棕榈植物种类繁多, 栽培历史悠久, 是仅次于禾本科的最重要的经济植物, 有“植物界王子”之美称。棕榈植物可为人类提供食物、住所、衣服、木竹、燃料、建材、纤维、纸张、淀粉、油料、糖料、蜡、酒、单宁、染料、树脂以及其他许多产品。如砂糖椰子粗壮的花序梗富含淀粉, 可割取汁液制糖、酿酒、制蜡或充当饮料。另外, 棕榈植物的许多种类还是重要的药用植物, 如蒲葵根制成的注射剂可治各种疼痛, 其种子还被认为能治食道癌、绒毛膜上皮癌、恶性葡萄胎及白血病等。

除了食用与药用之外, 许多棕榈物种还是一些日常用品重要的原材料。例如, 我国乃藤制品出口大国, 华南是藤制品加工出口的主要地区, 每年约需进口几万

吨优质原藤。而在棕榈科植物中, 约有 13 属 600 多种可用于生产棕榈藤, 其中的 20 多种具有商品价值。

另外, 棕榈植物以其优美的形态、顽强的生命力及种植容易性, 很早就流行于欧美各国, 具有很高的观赏价值, 许多物种常被用于绿化造景与室内装饰。目前, 许多国际旅游城市都广泛地采用棕榈植物作为景观树、行道树以及室内绿饰, 如美国的加利福尼亚州和佛罗里达州, 亚洲的“四小龙”, 除南韩因气候不适之外, 都普遍在公共场所种植各种棕榈植物, 营造各种风格的热带景观。在我国, 虽然在清代以前棕榈植物就已流传民间, 但至今栽培的棕榈植物种类较少, 无法满足现在社会发展的需要。因此, 在我国南方地区开展棕榈植物的科研、生产与开发, 尤其是引进与推广外来优良棕榈植物具有广阔的前景^[4]。

二、 种群遗传结构的研究进展

2.1 种群遗传结构的概述

遗传多样性是指种内基因的变化, 包括种内显著不同的种群间和同一种群内的遗传变异, 也称基因多样性。广义的遗传多样性是指地球上所有生物携带的遗传信息的总和。狭义的遗传多样性是指种内个体之间或一个群体内不同个体的遗传变异总和^[5]。遗传多样性就是生物所携带的遗传信息的总和, 但是一般所指的遗传多样性是指种内的遗传多样性或遗传变异^[6]。遗传多样性最直接表达的形式就是遗传变异的高低, 还包括遗传变异的遗传结构。种或种群在空间上的遗传学组成及分布叫作“遗传结构”, 种群遗传结构上的差异是遗传多样性的一种重要表现, 一个物种的进化潜力和抵御不良环境的能力既取决于种内的遗传变异的大小, 也有赖于遗传变异的群体结构^[7]。

种群 (population) 是占据特定空间、具有潜在杂交能力的同种生物的个体群, 是物种存在的具体形式^[8], 物种是由若干种群组成的。种群概念代替模式种概念使系统学发生了革命性变化^[9], 避免了作为静态的模式概念的弊端。遗传多样性的研究一直是进化理论的基础, 是种群生物学和进化生物学的核心^[10]。从一个种群或物种的遗传数据可以估算出它的遗传多样性水平、遗传漂变的影响力、遗传分化程度和基因流。了解这些数据是这个种群或物种不至灭绝而必须做的第一步。与进化研究关系更为密切的特征是种群的遗传组成 (genetic composition)^[11]。

Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to etd@xmu.edu.cn for delivery details.

厦门大学博硕士学位论文摘要库