

文章编号:1001-1498(2004)01-0019-07

白皮松交配系统及其种内遗传多样性 分量比的研究*

李 斌, 顾万春

(中国林业科学研究院林业研究所,北京 100091)

摘要:应用同工酶淀粉凝胶技术分析了白皮松天然群体的交配系统,结果表明白皮松天然群体的多位点异交率为 0.451 ~ 0.522,在松属中处于较低水平,这与白皮松天然群体较低的杂合度和很弱的基因流结果吻合,进一步讨论了导致白皮松异交率低的原因。白皮松群体内家系间存在明显的遗传分化,其半同胞家系分化系数为 0.322,高于群体间的遗传分化水平。群体/家系/子代个体三者间的遗传多样性分量比为 DAP:DAF:DIF = 1:2:4。

关键词:白皮松;异交率;遗传分化系数;遗传多样性分量比

中图分类号:S791.243 **文献标识码:**A

交配系统是影响物种遗传多样性的重要因子,是保护遗传学研究的重要内容。关于针叶树种的交配系统研究报道较多^[1~3],松属(*Pinus*)树种具有典型的高异交率($t > 0.80$)^[4,5],但是不同种间交配系统参数存在较大变异^[6],这些变异既受遗传影响也受生态影响,如林分组成、本地花粉的有效性和外部花粉的迁入等^[7~12]。异交率的变异与群体的大小变化关系密切,通常群体越小异交率越低,因为小的群体容易受随机因素影响如遗传漂变等^[13]。异交率测定有利于制定合理的育种计划和基因保护计划。遗传分化系数是剖分和衡量不同变异来源的遗传多样性及其重要程度的指标,是了解种内遗传结构的重要参数。目前大多数研究集中在群体间遗传分化^[14,15],对家系遗传分化很少报道,然而家系是种内遗传变异的重要组成部分^[16],表述了群体内家系与家系内子代个体间的遗传变异所占的分量。应用同一试材得出的群体分化系数和家系分化系数,通过相应变换可以计算出种内遗传多样性分量比,种内遗传多样性分量比可有效表述物种内群体/家系两个水平遗传多样性的组成,对树木育种和基因保护都具有重要意义。

白皮松(*Pinus bungeana* Zucc. Ex Endl.)是中国乡土针叶树种之一,具有广泛用途,如种子可食用,花粉营养成分丰富,同时具有较高的松脂含量,也是我国北方和西部优良的园林绿化和生态造林树种之一,但其天然资源却不断减少,分布区呈现明显的片段化^[16~21]。白皮松天然群体保护遗传学研究表明,群体遗传多样性程度偏低,群体分化剧烈,群体间基因流动很弱^[22,23]。为了进一步阐述白皮松群体遗传多样性及其结构的形成原因和开展白皮松基因资源

收稿日期:2002-04-25

基金项目:国家十五攻关项目“林木种质保存技术创新与利用研究”(2001BA511B10)和国家基础性工作项目“林木种质资源收集保存”(2001,2002,2003)

作者简介:李斌(1969—),男,湖南张家界人,博士,Email地址:libin@forestry.ac.cn

* 在实验中得到了中国科学院植物研究所周世良先生的指导,表示真诚的感谢!

保护与遗传育种,进行了该树种交配系统和群体内家系遗传分化的研究。

1 材料与方 法

1.1 材 料

在遗传多样性分析的 10 个群体中抽取 P_4 (陕西蓝田)、 P_5 (甘肃两当)、 P_6 (山西临汾) 共 3 个群体^[20,22],每群体测定 30 个家系,每家系测定 20 株子代幼胚。共测定子代样本数 1 800 个 ($n = 3 \times 30 \times 20 = 1\ 800$ 个)。

1.2 方 法

1.2.1 测定与分析方法 采用同工酶水平切片凝胶电泳对 1 800 个子代进行分析,共分析了 4 种酶系统: Mdh , Idh , Skd , Mnr 。凝胶和电泳缓冲液为 w_2 ,染色采用常规液染配方^[24]。

1.2.2 异交率的估算 单位点异交率 (t_s)、多位点异交率 (t_m) 和花粉基因频率的估算采用 Ritland^[25,26] 统计分析软件。子代序列推测母本基因型根据 Brown 等^[27] 的方法。异交率的估计共迭代循环 300 次。

1.2.3 种内遗传多样性分量比的剖分与家系遗传分化系数 在此,采用期望杂合度作为遗传多样性的度量参数。

已知:物种内(群体间群体内)遗传多样性总和(Genetic diversity within a species,简单表示为 $DIS = H_T$ (种水平的期望杂合度);群体内遗传多样性(Genetic diversity within a population,简单表示为 $DIP = H_S$ (群体内平均杂合度)、群体间遗传多样性(Genetic diversity among populations,简单表示为 $DAP = H_T - H_S$, $H_T = DAP + DIP$;群体间遗传多样性占种内总遗传多样性的比例用群体分化系数 G_{ST} ^[28,29] 表示, $G_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$,群体内遗传多样性占种内遗传多样性的比例为 $1 - G_{ST}$,则: $DAP / DIP = G_{ST} (1 - G_{ST})$ 。

同理:定义某群体内(家系间家系内)总遗传多样性 $DIP(i) = H_{T(F)}$,家系内遗传多样性 $DIF = H_{S(F)}$,家系间遗传多样性 $DAF = H_{T(F)} - H_{S(F)}$, $H_{T(F)} = DAF + DIF$;用 $G_{ST(F)}$ 表示家系间遗传多样性占该群体内总遗传多样性的比例(家系遗传分化系数), $G_{ST(F)} = \frac{H_{T(F)} - H_{S(F)}}{H_{T(F)}}$,则: $DAF / DIF = G_{ST(F)} (1 - G_{ST(F)})$ 。

由于群体是取亲代样本进行测定,而家系是取子代样本进行测定,所以要使两者数据联合分析必须满足以下三个假设条件:

- (1) 群体内上、下代遗传多样性保持一致(假设不发生突变、迁移、遗传漂变等情形)。
- (2) 样本足够大,不会导致随机抽样漂变。
- (3) 上、下代测定的同工酶相同,且酶活性不变。

当满足上述假设条件的情况下,则:亲代群体内遗传多样性 $H_S =$ 所有子代群体总遗传多样性的均值 $= \frac{p}{i=1} H_{T(F)} i / p$,因此:

$$DIP = \frac{p}{i=1} DIP(i) / p = \frac{p}{i=1} H_{T(F)} i / p = \overline{DAF} + \overline{DIF}$$

$DIP = \overline{DAF} + \overline{DIF}$,即群体内遗传多样性相当于家系间与家系内平均遗传多样性的总和,家系间与家系内遗传多样性之和占种内总遗传多样性的比例为 $(1 - G_{ST})$,其中家系间单独占

种内总遗传多样性的比例为: $(1 - G_{ST}) G_{ST(F)}$, 而家系内则占 $(1 - G_{ST}) (1 - G_{ST(F)})$; 因此, 种内总的遗传多样性 (DIS) 分解成群体间 (DAP)、家系间 (DAF) 和家系内 (DIF) 三部分, 其各占分量比为:

$$DAP \quad DAF \quad DIF = G_{ST} \quad (1 - G_{ST}) G_{ST(F)} \quad (1 - G_{ST}) (1 - G_{ST(F)})$$

2 结果与分析

2.1 交配系统

2.1.1 雌雄配子的比例 5 个位点 3 个群体的雌雄配子比例分基因统计如表 1, 从配子的比例可以看出 $Mdh2-a$, $Mdh2-c$, $Mdh3-b$, $Idlr-b$, $Idlr-c$, $Skd-a$, $Skd-c$ 等基因的配子比例在其位点所占比例很低, 属于少量基因或弱势基因, 上述 4 个位点都有一个优势基因, $Mnr2$ 位点的两个基因的配子比例基本相等, 没有明显的优势基因。说明在白皮松这类长寿命木本植物中多数位点基因的配子比例不平衡。虽然雌雄配子在不同群体的比例不尽相同, 但对雌雄配子进行的 t 检验结果显示, 3 个群体的雌雄配子比例差异均不显著(表 1)。

2.1.2 白皮松天然群体单位点 (ts) 和多位点 (tm) 的异交率 分别对 3 个群体进行了单位点 and 多位点的异交率分析, 结果表明, P_4 群体的多位点异交率为 0.520 ± 0.133 , 单位点异交率为 0.469 ± 0.127 ; P_5 群体的多位点异交率为 0.642 ± 0.121 , 单位点异交率为 0.522 ± 0.094 ; P_6 群体的多位点异交率为 0.494 ± 0.000 , 单位点异交率为 0.451 ± 0.000 。3 个群体多位点的平均异交率为 0.552, 单位点的为 0.481。多位点异交率略高于单位点估计的结果, 所有群体的异交率均显著地低于 1.0(表 2)。群体内家系的异交率估算结果表明, 绝大部分家系的异交率均明显低于 1.0, 只有个别家系(如 P_4 群体的家系 3, P_5 群体的家系 5 和家系 23, P_6 群体的家系 19) 的异交率接近 1.0。

表 1 白皮松天然群体雌雄配子的分配

位点	群体					
	P_4		P_5		P_6	
	雄配子	雌配子	雄配子	雌配子	雄配子	雌配子
$Mdh2-a$	0.007	0.100	0.022	0.083	0.088	0.317
$Mdh2-b$	0.956	0.800	0.931	0.917	0.811	0.683
$Mdh2-c$	0.038	0.100	0.047	0.000	0.101	0.000
$Mdh3-a$	0.913	0.883	0.509	0.467	0.986	0.967
$Mdh3-b$	0.087	0.117	0.491	0.533	0.014	0.033
$Idlr-a$	0.999	1.000	0.909	0.783	0.959	0.983
$Idlr-b$	0.001	0.000	0.091	0.217	0.041	0.017
$Skd-a$	0.191	0.183	0.078	0.167	0.047	0.000
$Skd-b$	0.065	0.017	0.027	0.017	0.048	0.017
$Skd-c$	0.743	0.800	0.895	0.817	0.905	0.983
$Mnr2-a$	0.517	0.550	0.627	0.550	0.624	0.500
$Mnr2-b$	0.483	0.450	0.373	0.450	0.376	0.500
t 检验	$t = -0.126(NS)$		$t = 0.227(NS)$		$t = 0.865(NS)$	

注: NS: 差异不显著

表 2 白皮松天然群体的异交率

项目	群体			平均
	P_4	P_5	P_6	
测定家系数	30	30	30	30
测定子代数	600	600	600	600
tm	0.520(0.133)	0.642(0.121)	0.494(0.000)	0.552
ts	0.469(0.127)	0.522(0.094)	0.451(0.000)	0.481
$tm-ts$	0.051(0.023)	0.120(0.056)	0.043(0.000)	0.071

注: 括号内为估计误差(300 次循环)

2.2 家系遗传多样性与家系间遗传分化

2.2.1 家系遗传多样性 家系遗传多样性估计结果显示, P_5 群体的家系平均遗传多样性最高, P_6 群体的家系平均遗传多样性最低, P_4 群体的家系平均遗传多样性居中(表 3), 这一结果与群体总的遗传多样性估计一致^[22,23]。从观测杂合度和期望杂合度比较看, 白皮松观测杂合度低于期望杂合度, 其固定指数为 $F = 0.155$ 。

2.2.2 群体内家系间的遗传分化 家系间的遗传分化系数在 3 个群体间存在差异, 其中家系间分化最大的群体为 P_5 群体 $G_{ST(F)} = 0.38$, 家系分化最小的群体为 P_6 群体 $G_{ST(F)} = 0.28$, P_4 群体的家系分化程度在 3 群体中居中为 $G_{ST(F)} = 0.304$ (表 4)。3 个群体的平均家系遗传分化系数为 0.322。说明家系间平均占群体内总遗传多样性的 32.2%, 家系内平均占 67.8%。

2.2.3 遗传多样性在群体间、家系间及家系内的遗传多样性分量比 已知白皮松 10 个群体间的遗传分化系数为 $G_{ST} = 0.133$ ^[23], 群体内家系间的平均分化系数为 $G_{ST(F)} = 0.322$, 则根据公式: $DA P \ DA F \ DIF = G_{ST} (1 - G_{ST}) G_{ST(F)} (1 - G_{ST}) (1 - G_{ST(F)})$, 得到白皮松群体间、家系间及家系内的遗传多样性分量比为: $DA P \ DA F \ DIF = 0.133 \ 0.279 \ 0.588 \ 1 \ 2 \ 4$ 。

表 3 白皮松天然群体的家系平均遗传多样性与家系间遗传分化

群体	家系平均遗传多样性				30 个家系总的遗传多样性			
	A	P/ %	H_o	H_e	A	P/ %	H_o	H_e
P_4	1.65	61.2	0.161	0.183	1.68	65.2	0.176	0.198
P_5	1.67	64.0	0.177	0.203	1.71	67.2	0.182	0.218
P_6	1.53	59.5	0.137	0.176	1.62	58.7	0.139	0.180
平均	1.62	61.6	0.158	0.187	1.67	63.7	0.166	0.199

注: A 平均等位基因数, P 多态位点百分率, H_o 观测杂合度, H_e 期望杂合度。

表 4 白皮松天然群体内家系间遗传分化系数

位点	P_4			P_5			P_6		
	F_{IS}	F_{IT}	$G_{ST(F)}$	F_{IS}	F_{IT}	$G_{ST(F)}$	F_{IS}	F_{IT}	$G_{ST(F)}$
<i>Mdr-2</i>	0.531	0.584	0.114	0.244	0.806	0.743	0.832	0.923	0.538
<i>Mdr-3</i>	0.169	0.950	0.940	0.683	0.840	0.495	0.832	0.946	0.677
<i>Idh</i>	0.034	0.166	0.137	0.067	0.173	0.113	- 0.106	- 0.100	0.087
<i>Skd</i>	0.099	0.366	0.297	0.497	0.733	0.469	- 0.12	- 0.013	0.096
<i>Mnr-2</i>	- 0.894	- 0.828	0.035	- 0.635	- 0.507	0.078	- 0.95	- 0.890	0.008
平均值	- 0.083	0.246	0.304	- 0.047	0.351	0.38	0.049	0.316	0.281

注: F_{IS} 为家系内平均固定指数, F_{IT} 为群体固定指数, $G_{ST(F)}$ 为家系间分化系数。

3 讨论与结论

3.1 白皮松交配系统

过去曾用形态标记估计了 12 种松杉类植物的异交率(0.80 ~ 0.98), 20 世纪 70 年代以后普遍采用同工酶标记进行估计。根据近年来同工酶统计结果, 松属树种异交率一般很高, 平均在 90% 左右^[30], 但是树种间的异交率存在较大差异, 如, 北美乔松 (*P. strobus* L.) 和扭叶松 (*P. contorta* ssp. *Latifolia*), 异交率分别为 1.02 和 1.00^[13], 欧洲赤松 (*P. sylvestris* L.) 的异交率也很高, 据 Burczyk 等研究^[11,31], 欧洲赤松 3 个群体的多位点异交率为 0.890 ~ 0.968, 马尾松 (*P. massoniana* Lamb.) 的为 0.792 ~ 0.821^[30], 在松属中为中等异交树种, 又如班克松 (*P. banksiana* Lamb.) 和黑材松 (*P. jeffreyi* A. Murr.), 异交率分别为 0.88^[32] 和 0.89^[33]。异交率低于 0.7 的树种在松树中为低等程度的异交, 如欧洲白皮松 (*P. leucodermis* Ant), 异交率低于

0.70^[34]。白皮松的异交率为 $t_m = 0.552$ 和 $t_s = 0.481$,在松属中属于低异交树种。

导致白皮松群体异交率低的原因,除了本身的交配机制外,主要与群体的大小、群体内个体间的亲缘关系等有关。白皮松的交配机制与其它松属树种一样,都是雌雄同株风媒传粉,目前尚没有关于白皮松交配机制的研究报道,白皮松是否有近交倾向,尚待进一步研究。白皮松天然群体面积较小,呈片断状,群体间基因流动很弱,因此白皮松的交配主要在群体内的个体间进行,群体内个体数量的多少将对异交率产生直接的影响。将 3 个群体异交率大小与其群体的规模相比较,可以看出, P_5 的群体规模最大,是目前白皮松保存最大的一片天然林分^[20,21],其群体内的多位点异交率也最高(0.642); P_4 的群体规模较大,处于白皮松分布的中心区,其多位点异交率为 0.520,在 3 个群体中居中; P_6 的群体规模相对较小,其多位点异交率在 3 个群体中最低为 0.494。导致白皮松群体内较低的异交率的另一个重要因素是其群体的起源。目前 3 个白皮松天然群体均为天然次生林分,林分面积小。据当地勘测资料,这些白皮松曾在“大炼钢铁时期”被大量砍伐过,现在的白皮松是在原砍伐迹地上天然更新的林分,很可能是部分母树的后代,因此现有林分个体间很可能存在一定程度的亲缘,或者说现有群体是经历过“瓶颈”制约的。这与白皮松天然群体遗传多样性低而群体间存在较大分化的分析结果相吻合^[23]。

异交率低的直接后果将导致群体内纯合体增多,杂合体减少^[34,35]。3 个白皮松群体内的固定指数 $F = 0.15 > 0$,说明群体已出现纯合体过剩的现象,因此,对白皮松实施集合多群体的核心种质保存,具有紧迫性。在建立育种群体时为防止来自同一群体的材料发生近交现象应避免相同群体的样本临近配置,同时从天然分布区抽取较多群体,而每群体内抽取较少个体有利于提高育种群体的异交率,提高杂种优势。

3.2 白皮松种内遗传多样性分量比

种内遗传多样性分量比反应了不同类型遗传材料间遗传变异的分量,了解不同类型遗传材料间遗传变异所占的分量有利于对该树种进行遗传改良和基因保护^[14,16]。种内不同类型遗传材料间的遗传分量主要包括群体、家系、子代个体 3 个部分。为了探索群体/家系/子代个体间遗传多样性的分配关系,本文分析了白皮松群体内半同胞家系的遗传多样性及家系间的遗传分化。群体内家系间的平均遗传分化系数为 0.322,说明家系间的遗传变异占群体内总遗传变异的分量为 32.2%,约 1/3;而家系内子代个体间的遗传变异占群体内总变异的 67.8%,所以子代个体的遗传多样性不容忽视。Wu 等^[36]利用连锁不平衡理论推出,在遗传资源保护中,子代个体的数量可在在一定范围内补充亲代样本量不足。本文研究结果也说明白皮松多数位点雌雄配子频率不平衡。Dvorak 等^[37]也曾指出在中美洲松树异地保存林中,当保存较多子代时,保存家系数目适当减少可达到同样的保存目标。本文用实验数据证明了保存一定量的子代个数在松类树种种质资源保存中具有遗传学依据。

在已知群体分化和家系分化的基础上,用种内遗传多样性分量比的计算方法计算出的白皮松群体、家系、子代个体的遗传多样性分量比为 $DAP \ DAF \ DIF = 0.133 \ 0.279 \ 0.588 \ 1 \ 2 \ 4$ 。群体与家系的遗传变异总和在白皮松种内遗传变异中约占 43%,从而进一步说明了白皮松核心种质保存应加重群体的取样和子代保存的样本容量,群体内家系样本可适当减少。

上述研究为进一步确定白皮松核心种质保存样本策略提供了依据,同时,也为该树种的遗传育种提供了基础,加强地理种源选择在白皮松育种中具有较高的遗传证据,同时子代选择改良效率很高,而群体内单株的遗传改良效率相对低些。

参考文献:

- [1] El-Kassaby Y A ,Ritland K. The relation of outcrossing and contamination to reproductive phenology and supplemental mass pollination in a Douglas fir seed orchard[J]. *Silvae Genetica* , 1986 ,35:240 ~ 244
- [2] Morgante M , Vendramin G G , Rossi P. Effects of stand density on outcrossing rate in two Norway spruce (*Picea abies*) populations[J]. *Canadian journal of botany* , 1991 , 69(10) :2704 ~ 2708
- [3] Krutovskii K V ,Pblitov D V ,Altukhov Y P ,et al. Isozyme study of population genetic structure , mating system and phylogenetic relationship of the five stone species[A]. In :Population genetics and genetic conservation of forest trees. Papers presented at an international symposium organized by IUFRO , held 24 ~ 28 August 1992 at Carcans-Maubuisson , France ,1995.279 ~ 304
- [4] Adams W T ,Birkes D S. Estimating mating patterns in forest tree populations[A]. In : Biochemical markers in the population genetics of forest trees[C]. Fineschi S , Malvolti M E , Cannata F , et al. Hague , Netherlands :SPB Academic publishing ,1991.157 ~ 172
- [5] Muona O. Population genetics in forest tree improvement[A]. In :Brown A H D , Clegg , M T , Kahler A L ,et al. Plant population genetics , breeding ,and genetic resources[C]. Sunderland ,Massachusetts ,Sinauer Associates Inc ,1990.282 ~ 298
- [6] Mitton J B. The dynamic mating system of conifers[J]. *New forests* , 1992 , 6:197 ~ 216
- [7] Farris M A ,Mitton J B. Population density , outcrossing rate and heterozygote superiority in ponderosa pine [J]. *Evolution* , 1984 ,38 : 1151 ~ 1154
- [8] House A P N ,Bell J C. Genetic diversity , mating system and systematic relations in two red mahoganies , *Eucalyptus pellita* and *E. scias* [J]. *Australian Journal of Botany* , 1996 ,44(2) :157 ~ 174
- [9] Hall P , Walker S , Bawa K. Effect of forest fragmentation on genetic diversity and mating system in a tropical tree , *Pithecellobium elegans*[J]. *Conservation biology* , 1996 ,10(3) :757 ~ 768
- [10] Bacilieri R , Ducousso A , Petit R J ,et al. Mating system and asymmetric hybridization in a mixed stand of European oaks[J]. *Forest Genetics* , 1996 , 3(4) :212 ~ 219
- [11] Burczyk J , Adams W T ,Shimizu J Y. Mating system and genetic diversity in natural populations of knobcone pine (*Pinus attenuata*) [J]. *Forest genetics* , 1997 , 4(4) :223 ~ 226
- [12] Mary J W ,Hamrick J L. Estimation of mating system parameters of *Albizia julibrissin* (FABACEAE) [J]. *Forest Genetics* ,1997 ,4(4) : 217 ~ 221
- [13] 王崇云. 植物交配系统与遗传资源的保护和持续利用[J]. *云南大学学报* ,1997 ,19(增刊) :94 ~ 97
- [14] Hamrick J L , Gbd M. Allozyme diversity in plant species[A]. In :Brown A D H ,Clegg M T , Kahler A L ,et al. Plant population genetics , Breeding and Genetic Resources[C]. USA : Sinauer Associate Inc , 1990
- [15] Ge S , Hong D Y , Wang H Q ,et al. Population genetic structure and conservation of an endangered conifer , *Cathaya argyrophylla* (Pinaceae) [J]. *Int J Plant Sci* , 1998 , 159(2) :351 ~ 357
- [16] 顾万春 ,王棋 ,游应天 ,等. 森林遗传资源学概论[M]. 北京 : 中国科学技术出版社 ,1998.1 ~ 296
- [17] 赵焱 ,张学忠 ,王孝安. 白皮松天然林地理分布规律[J]. *西北植物学报* ,1995 ,15(2) :161 ~ 166
- [18] 王小平 ,王九龄 ,刘晶兰 ,等. 白皮松分布区的气候区划[J]. *林业科学* ,1999 ,35(4) :101 ~ 106
- [19] 王小平 ,王九龄. 白皮松种子内含物的提取、分离及生物测定[J]. *种子* ,1998(5) :19 ~ 22
- [20] 李斌 ,顾万春 ,卢宝铭. 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
- [21] 李斌 ,顾万春. 白皮松分布特点与研究进展[J]. *林业科学研究* ,2003 ,16(2) :225 ~ 232
- [22] 李斌 ,顾万春 ,周世良. 白皮松保育遗传学研究 - 基因保护分析[J]. *生物多样性* ,2003 , 11(1) :28 ~ 36
- [23] 李斌 ,顾万春. 白皮松保育遗传学研究 - 群体遗传结构与保护策略[J]. *生物多样性* ,2004.待发
- [24] Soltis D E , Haufler C H ,Darrow D C ,et al. Starch gel electrophoresis of ferns : a complication of grinding buffers , gel and electrode buffers , and staining schedules[J]. *American Fern Journal* , 1983 ,73 :9 ~ 27
- [25] Ritland K ,Jain S A. A model for the estimate of outcrossing rate and gene flow using an independent loci [J]. *Heredity* , 1981 , 47(1) : 35 ~ 52
- [26] Ritland K. A series Fortran computer programs for estimating plant mating systems[J]. *Journal of heredity* , 1990 ,81 :235 ~ 237
- [27] Brown A H D , Allard R W. Estimation of the mating system in open-pollinated maize populations using isozyme polymorphisms[J].

- Genetics, 1970, 66:133 ~ 145
- [28] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations[J]. Proc Nat Acad Sci, 1973, 12:3321 ~ 3323
- [29] Gregorius H R. Measurement of genetic differentiation in plant populations[A]. In: Gregorius H R: Population genetics in forestry [M]. Berlin, Springer Verlag, 1991. 276 ~ 285
- [30] 赖焕林, 王明麻. 马尾松人工群体交配系统研究[J]. 林业科学, 1997, 33(3): 119 ~ 224
- [31] Burczyk J. Mating system variation in a Scots pine clonal seed orchard[J]. Silvae genetica, 1998, 47(2/3): 155 ~ 158
- [32] Cheliak W M, Dancik B P, Morgan K, et al. Temporal variation of the mating system in a natural population of Jack pine[J]. Genetics, 1985, 109:569 ~ 584
- [33] Furnier G R, Adams W T. Mating system in natural population of jeffery pine[J]. Amer J Bot, 1986, 73:1002 ~ 1008
- [34] Moran G F, Bell J C, Griffin A R. Reduction in levels of inbreeding in a seed orchard of *Eucalyptus regnens* F. Muell. Compared with natural populations[J]. Silvae Genetica, 1989, 38(1): 32 ~ 36
- [35] Stauffer A, Adams W T. Allozyme variation and mating system of three Douglas fir stands in Switzerland[J]. Silvae Genetics, 1993, 42(4 ~ 5): 254 ~ 258
- [36] Wu Rongling, Zeng Zhaobang. Joint linkage and linkage disequilibrium mapping in natural populations[J]. Genetics, 2001, 157: 899 ~ 909
- [37] Dvorak W S, Hamrick J L, Hodge G R. Assessing the sampling efficiency of ex situ gene conservation efforts in natural pine populations in central America[J]. Forest Genetics, 1999, 6(1): 21 ~ 28

Mating System and Genetic Diversity Proportion in *Pinus bungeana*

LI Bin, GU Wan-chun

(Research Institute of Forestry, CAF, Beijing 100091, China)

Abstract: The mating system of natural population in *Pinus bungeana* was analyzed by applying isozyme starch gel technology, and the outcrossing rates of multilocus was 0.451 ~ 0.522, which stood at lower level compared with other pines and which was accordant to its lower gene flow and heterozygosity. The reasons leading to lower outcrossing rate were discussed. The genetic differentiation coefficient of family reached to 0.322, which was higher than that of population. The genetic variation among natural populations, half-sib families, and progeny individuals within half-sib families counted up 0.133, 0.279 and 0.588, respectively. The genetic diversity proportion of the three levels equaled approximately 1:2:4. The results provided an important basis for tree breeding and gene conservation in *Pinus bungeana*.

Key word: *Pinus bungeana*; outcrossing rate; genetic differentiation coefficient; genetic diversity proportion