

湛江高桥红海榄群落样方遗传相似性特征研究

Genetic Similarity Characteristics of *Rhizophora stylosa* Stand Community Quadrat in Gaoqiao, Zhanjiang

谢秀琴 黄剑坚*

XIE Xiu-qin, HUANG Jian-jian*

摘要: 遗传相似性特征及分布的研究对保护生物多样性、维护森林生态服务功能有积极意义。选择广东湛江高桥红海榄 *Rhizophora stylosa* 纯林的 400 m² 固定样地, 采用简单重复序列间区扩增 ISSR 和相关序列扩增多态性 SRAP 两种分子标记技术开展研究。用筛选出的 10 个 ISSR 引物和 14 个 SRAP 引物组合进行 PCR 扩增, 分别共扩增出 73 个和 111 个清晰可读的位点, 多态性位点数分别是 60 和 88, 多态性位点百分率分别是 82.2% 和 79.3%。样方红海榄遗传相似系数变异范围为 0.327~0.741, 平均值为 0.563, 差值为 0.414。在相似系数 0.55 的水平下, 分为 3 个类群, 遗传相似度为第一类群>第二类群>第三类群, 遗传相似变动度第三类群>第二类群>第一类群。在相似系数 0.60 的水平上, 可分为 8 个类群。相似系数 0.55 的水平下红海榄聚集度越强, 遗传相似度越高, 遗传相似变动度越低。高桥红海榄群落样方分属于不同的类群, 在遗传上有差异性, 存在一定的基因交流; 亲缘关系为远和较近的分布区间, 遗传相似度和变动度中等, 第三类群为优势种。初步证明红海榄聚集度与遗传相似度成正比, 与遗传相似变动度成反比。

关键词: 遗传相似性; 可持续经营; 红海榄

中图分类号: Q94

文献标志码: A

文章编号: 1671-2641 (2022) 06-0027-05

收稿日期: 2021-11-22

修回日期: 2022-05-06

Abstract: The study on genetic similarity characteristics and distribution has positive significance for biodiversity protection and maintain of forest ecological service function. A 400 m² fixed plot of *Rhizophora stylosa* was selected in Gaoqiao, Zhanjiang, Guangdong, and two molecular marker techniques of ISSR (Inter-simple sequence repeat) and SRAP (Sequence-related amplified polymorphism) were used to study. Ten ISSR primers and 14 SRAP primers were selected and used for PCR amplification, and 73 and 111 discernible fragments were amplified, respectively. The polymorphic loci were 60 and 88, and the percentage of polymorphic loci were 82.2% and 79.3%. Genetic similarity coefficient ranged from 0.321 to 0.741, and genetic similarity average was 0.563, D-value was 0.414 in fixed plot of pure *R. stylosa*. At the level of 0.55 similarity coefficient, they were divided into three groups. The genetic similarity was Group 1 > Group 2 > Group 3, and the variation of genetic similarity was Group 1 > Group 2 > Group 3. At the level of 0.6 similarity coefficient, they were mainly divided into eight groups. At the level of 0.55 similarity coefficient, the degree of aggregation of *R. stylosa* was stronger, the genetic similarity was higher, and the variation degree of genetic similarity was lower. *R. stylosa* community quadrat in Gaoqiao belonged to different groups with genetic differences, and had a certain amount of gene exchange. The genetic relationship was between distant and near distribution section, and the genetic similarity and variation were moderate. The Group 3 was calculated to be the most dominant. It was preliminarily proved that the aggregation of *R. stylosa* was directly proportional to the genetic similarity, and inversely proportional to the genetic similarity variation.

Key words: Genetic similarity; Sustainable forest management; *Rhizophora stylosa*

遗传多样性, 又称为基因多样性, 开展遗传多样性的研究对森林可持续管理、保护生物多样性、维护森林生态服务功能有积极意义^[1~2]。遗传多样性赋予树木必要的适应性, 使其能够在时间和空间上可变的环境中可持续存在^[3]。研究者指出, 杂

合子频率的增加有利于该物种的管理, 维持具有高杂合性水平的繁殖个体的种群有利于种群动态和结构的维持^[4]。有研究者建议采取措施促进维护遗传多样性, 将其作为生态系统的组成部分^[5~7]。而选择性伐木可能导致特定基因和整体遗传多样性的丧

失, 影响森林稳定性^[8], 主要原因为砍伐导致有效种群数量减少, 从而导致等位基因的丧失并限制了交配的可能性^[5]。可见, 遗传多样性的研究对于森林经营和生态恢复至关重要。

红树林泛指在热带与亚热带地区的海岸潮间带滩涂上生长的木本植物

群落,其消浪护岸、生物多样性保护等多种生态服务功能是陆地森林所不可取代的^[9]。目前,个体层次的红树林遗传多样性研究多从大尺度和中尺度层面开展^[10-11],小尺度的研究较为少见。红海榄 *Rhizophora stylosa* 属红树科的红树植物,为常绿灌木或小乔木,支柱根极为发达,通常形成纯林,主要分布于广西、广东和海南等地,是沿海红树林生态恢复的优选树种^[12]。本项目拟选择广东湛江红树林国家级自然保护区高桥红树林区中的红海榄作为研究对象,从遗传多样性的重要指标——遗传相似性角度出发,开展红海榄群落样方遗传相似性特征研究,旨在为完善生物多样性保护、维护森林生态服务功能、开展红树林生态恢复等提供新的参考。

1 研究区域

高桥红树林区是广东湛江红树林国家级自然保护区的核心区,其位于廉江市高桥镇红树林大道,面积超过 1 200 hm²,是我国最大的红树林自然保护区。其中有高等植物 19 种,浮游植物 97 种,底栖硅藻 159 种,鱼类 85 种,贝类 91 种,虾蟹 62 种,浮游动物 27 种,鸟类 170 多种^[13]。该红树林小区属于亚热带季风气候,年降水量 1 550 mm 左右^[13]。

2 材料与方法

2.1 样地调查与植物叶片样品采集

对高桥红树林区 20 m × 20 m 天然红海榄纯林样地进行植物群落调查。先用 GPS 测量样地西南角的地理坐标,再以该点为坐标原点,用钢尺测量每株树木在样地内的坐标 (x, y),在样木位置图上标记调查木的编号。然后,对样地内树木进行每木调查,记录树种、树高、胸径、距离等林分因子,起测胸径 3 cm。随机采集样方内的每一株红海榄的健康叶片 10 片,装进密封袋,做好标记,放

进装有冰袋的保温箱,带回放在温度 -80℃ 冰箱保存待测。

群落样方位于凤地村,样方仅有 26 株古老的红海榄,平均树高 5.12 m,平均地径 5.43 cm,平均冠幅 7.47 m,处于群落演替的后期。

2.2 测试方法

选取红海榄嫩叶为基因组 DNA 提取材料,采用经改进的 CTAB 法^[14]提取红海榄基因组 DNA,温度 -20℃ 保存备用。提取 DNA 后,用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测红海榄基因组 DNA 质量。

实验采用的均是上海生工公司合成的引物。ISSR (Inter-simple sequence repeat) 引物为加拿大哥伦比亚大学所公布的第 9 套 ISSR 引物。从 70 个 ISSR 引物筛选出扩增效果好、条带清晰、具有多态性的引物。SRAP (Sequence-related amplified polymorphism) 引物参照 LI G^[15] 已开发的引物序列。引物按照完全随机组合的原则,共组合 120 对。随机选取 4 个材料的 DNA 进行引物筛选,利用 3% 琼脂糖凝胶电泳进行引物初选,较好的引物组合利用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳进行复选。

本实验采用的均是 10 μL 的 PCR 反应体系,其中包括 5 μL 2 × PCR StarMix、3 μL ddH₂O、1 μL 红海榄模板 DNA 和 1 μL 引物。ISSR-PCR 扩增条件为 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 35 s, 58℃ 复性 35 s, 72℃ 延伸 30 s, 35 个循环; 然后 72℃ 延伸 10 min; 20℃ 保存。SRAP-PCR 反应程序为 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 1 min, 35℃ 复性 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 共 5 个循环; 随后 94℃ 变性 30 s, 49℃ 复性 50 s, 72℃ 延伸 1 min, 共 35 个循环; 最后 72℃ 延伸 7 min; 20℃ 保存。将 PCR 扩增产物进行 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,然后利用银染法显影固定出清晰的条带。

2.3 数据统计分析

根据清晰可重复的原则,按照同一迁移位置的条带的有无,有带的记

为“1”,无带的记为“0”,建立二元数据矩阵,输入 Excel 表格中,利用 NTSYS 2.02 软件计算遗传相似系数 (genetic similarity, GS),遗传距离指数则为 D=1-GS。对样方内 26 株红海榄单株进行 UPGMA 聚类分析,然后建立系统发育树。根据 UPGMA 聚类分析来分析群落样方红海榄的基因流图。

2.4 遗传一致性评价方法

GS<0.20 代表同个树种不同单株间遗传相似度极低,亲缘关系极远; 0.20<GS<0.4 代表遗传相似度低,亲缘关系远; 0.4<GS<0.6 代表遗传相似度中等,亲缘关系中等; 0.6<GS<0.8 代表遗传相似度高,亲缘关系较近; 0.8<GS<1 代表遗传相似度极高,亲缘关系近。

GS 最大值和最小值的差值为遗传相似极差 (genetic similarity range, 简称 GSR), GSR 表示遗传相似变动的最大范围。GSR<0.20 代表分子林分整体遗传相似变动度极低; 0.20<GSR<0.4 代表分子林分整体遗传相似变动度较低; 0.4<GSR<0.6 代表分子林分整体遗传相似变动度中等; 0.6<GSR<0.8 代表分子林分整体遗传相似变动度高; 0.8<GSR<1 代表分子林分整体遗传相似变动度极高。

GS 的平均值 (genetic similarity average, 简称 GSA) 表示分子林分整体遗传相似度, GSA<0.20 代表分子林分遗传相似度极低; 0.20<GSA<0.4 代表分子林分遗传相似度低; 0.4<GSA<0.6 代表分子林分遗传相似度中等; 0.6<GSA<0.8 代表分子林分遗传相似度高; 0.8<GSA<1 代表分子林分遗传相似度极高。

2.5 种群分布格局测度方法

聚集度指标主要采用包括扩散系数 C、丛生指数 I、Cassie.R.M. 指标 CA、负二项参数 K、平均拥挤度 m*、聚块性指数指标 m*/, 详细计算方法见文献^[16]。

3 研究结果

3.1 红海榄多态性位点分析

将种内个体间有碱基差异的位点定义为多态性位点 (polymorphic site), 作为种内多态性的标志。从 70 个 ISSR 引物中筛选出 10 个多态性好、条带清晰的引物进行 PCR 扩增, 其中具有多态性的位点有 60 个 (表 1, 图 1), 多态性位点百分率为 82.2%, 平均每个引物产生 6 个多态性位点。从 120 对 SRAP 引物中筛选出 14 对多态性好、条带清晰的引物组合进行 PCR 扩增, 其中具有多态性的位点有 88 个 (表 2, 图 2), 多态位点百分率为 79.3%, 平均每对引物组合产生 6.3 个多态性位点。扩增出的片段大小均在 1000 bp 以下, 个别片段在 50 bp 以下。

3.2 红海榄遗传相似性特征分析

利用 NTSYS 2.02 软件将 ISSR 和 SRAP 标记合并的多态信息计算出遗传相似系数, 对样方内 26 株红海榄单株进行遗传相似性分析。由表 3 可得, 供试材料两两间的遗传相似系数范围为 0.327 ~ 0.741, 表明样方内 26 株红海榄单株之间的亲缘关系为远和较近

的分布区间; 平均值为 0.563, 说明分子林分遗传相似度中等; 差值为 0.414, 说明分子林分遗传相似变动度中等。红海榄 14 和红海榄 16 间的遗传相似系数最大, 为 0.741, 说明两者在样方中亲缘关系最近; 红海榄 15 和红海榄 10 间的遗传相似系数最小, 为 0.327, 说明两者间具有较大的遗传分化, 在样方中亲缘关系最远。

对样方内 26 株红海榄单株进行 UPGMA 聚类分析, 得到亲缘关系树状图 (图 3)。由此可得, 在相似系数 0.55 的水平下, 26 株红海榄单株主要分为 3 个类群: 1) 红海榄 2、11 和 12 聚为一个类群, 遗传相似极差为 0.17, 遗传相似变动度极低; 遗传相似平均值为 0.624, 遗传相似度高。2) 1、3、5、9、10、19、26 为一个类群, 遗传相似极差为 0.183, 种群遗传相似变动度极低; 遗传相似平均值为 0.589, 种群遗传相似度中等。3) 其余 4、13、14 等 16 株红海榄单株为第三类群, 遗传相似变动度极低和遗传相似度高。遗传相似变动度为第三类群 > 第二类群 > 第一类群; 遗传相似度为第一类群 > 第二类群 > 第

三类群。群落样方以第三类群为优势种, 占据环境资源更多, 第一类群最少, 为弱势类群。总体上 3 个类群之间存在一定的基因交流。

在相似系数 0.60 的水平上可分为 8 类: 红海榄单株 2 和单株 26 各单独为一类, 1 和 3 为一类, 5、9、10 与 19 为一类, 6、18、21 和 22 为一类; 20、24 和 25 为一类, 11 与 12 为一类, 其余 4、13、14 等 9 株为一类。同个样方内的红海榄不同单株分属于不同的类群。

3.3 红海榄不同种群遗传相似性分布特征

相似系数 0.55 的水平下红海榄类群分布格局有所不同 (表 4)。结合红海榄遗传相似性特征分析结果可知, 聚集程度越强, 种群遗传相似度越高, 种群遗传相似变动度越低。

4 讨论

生物遗传多样性是物种适应复杂的环境变化和长期生存下来的重要遗传基础。目前红树林遗传多样性的研究多从大尺度和中尺度的角度研究不同地理种源的遗传多样性^[10, 17]。本文

表1 ISSR引物序列及多态性位点

引物编号	引物序列 (5'-3')	多态性位点数	引物编号	引物序列 (5'-3')	多态性位点数
UBC827	ACACACACACACACG	5	UBC857	ACACACACACACACYG	6
UBC836	AGAGAGAGAGAGAGGYA	6	UBC864	ATGATGATGATGATGATG	6
UBC841	GAGAGAGAGAGAGAYC	8	UBC880	GGAGAGGAGAGGAGA	4
UBC846	CACACACACACACART	7	UBC881	GGGTGGGGTGGGGTG	6
UBC847	CACACACACACACARC	5	UBC887	DVDTCTCTCTCTCTC	7

表2 SRAP引物组合及多态性位点

引物组合名称	多态性位点数	引物组合名称	多态性位点数	引物组合名称	多态性位点数
M1E18	8	M8E6	4	M12E10	4
M4E1	6	M9E18	6	M12E18	5
M5E6	9	M11E1	7	M14E13	5
M5E12	7	M11E10	6	M15E3	11
M5E18	5	M12E8	5		

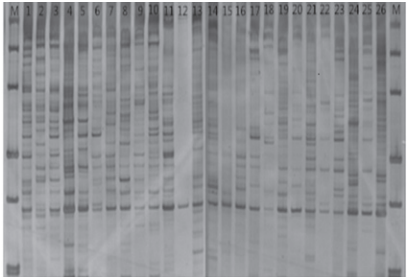


图1 ISSR引物880的PCR扩增
注: M: DL500 Marker; 数字为泳道编号

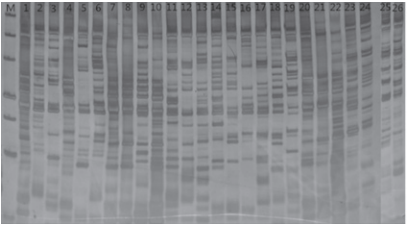


图2 SRAP引物组合M11E10的PCR扩增
注: M: DL500 Marker; 数字为泳道编号

表3 红海榄分子林分遗传相似系数

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1	1.000																									
2	0.435	1.000																								
3	0.653	0.469	1.000																							
4	0.517	0.551	0.497	1.000																						
5	0.605	0.449	0.503	0.517	1.000																					
6	0.497	0.544	0.476	0.517	0.646	1.000																				
7	0.497	0.476	0.476	0.639	0.456	0.510	1.000																			
8	0.483	0.449	0.544	0.653	0.497	0.524	0.714	1.000																		
9	0.619	0.395	0.544	0.667	0.605	0.551	0.605	0.633	1.000																	
10	0.626	0.361	0.592	0.456	0.680	0.544	0.544	0.490	0.653	1.000																
11	0.565	0.531	0.558	0.558	0.551	0.524	0.537	0.537	0.592	0.585	1.000															
12	0.497	0.639	0.531	0.612	0.483	0.537	0.578	0.565	0.497	0.490	0.701	1.000														
13	0.612	0.524	0.456	0.605	0.544	0.544	0.626	0.599	0.639	0.497	0.612	0.599	1.000													
14	0.599	0.524	0.551	0.646	0.490	0.476	0.626	0.694	0.626	0.537	0.599	0.667	0.673	1.000												
15	0.483	0.585	0.544	0.667	0.442	0.537	0.578	0.673	0.524	0.327	0.551	0.646	0.639	0.639	1.000											
16	0.531	0.524	0.551	0.687	0.449	0.531	0.626	0.667	0.626	0.429	0.544	0.585	0.687	0.741	0.735	1.000										
17	0.578	0.408	0.571	0.571	0.565	0.565	0.646	0.673	0.687	0.531	0.469	0.510	0.667	0.626	0.646	0.653	1.000									
18	0.510	0.599	0.531	0.571	0.551	0.673	0.633	0.537	0.537	0.517	0.469	0.497	0.558	0.531	0.551	0.544	0.592	1.000								
19	0.510	0.381	0.503	0.531	0.646	0.578	0.565	0.592	0.673	0.667	0.524	0.592	0.531	0.599	0.524	0.544	0.605	0.497	1.000							
20	0.619	0.544	0.558	0.476	0.510	0.619	0.551	0.537	0.524	0.531	0.524	0.565	0.558	0.503	0.469	0.571	0.524	0.565	0.524	1.000						
21	0.531	0.551	0.510	0.551	0.503	0.639	0.544	0.503	0.571	0.537	0.517	0.463	0.619	0.578	0.449	0.605	0.531	0.626	0.517	0.626	1.000					
22	0.531	0.592	0.633	0.605	0.408	0.571	0.612	0.599	0.558	0.537	0.571	0.626	0.578	0.619	0.585	0.633	0.571	0.680	0.517	0.612	0.687	1.000				
23	0.537	0.422	0.517	0.571	0.524	0.578	0.633	0.592	0.605	0.517	0.456	0.524	0.639	0.639	0.605	0.653	0.714	0.605	0.578	0.605	0.639	0.639	1.000			
24	0.565	0.476	0.449	0.503	0.578	0.646	0.537	0.592	0.605	0.503	0.497	0.565	0.653	0.517	0.551	0.544	0.619	0.483	0.605	0.619	0.544	0.503	0.592	1.000		
25	0.585	0.469	0.565	0.565	0.490	0.585	0.585	0.585	0.626	0.524	0.544	0.531	0.673	0.578	0.558	0.578	0.612	0.544	0.571	0.707	0.673	0.619	0.667	0.694	1.000	
26	0.497	0.435	0.531	0.585	0.592	0.551	0.497	0.551	0.619	0.544	0.578	0.456	0.490	0.517	0.497	0.558	0.578	0.497	0.510	0.510	0.626	0.490	0.524	0.592	0.639	1.000

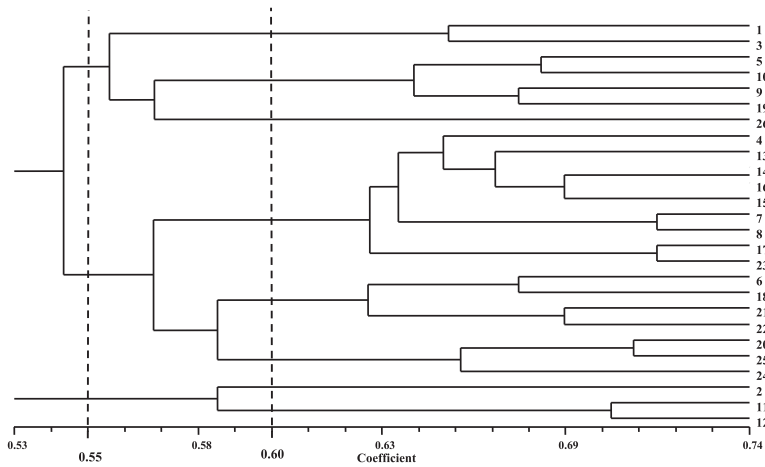


图3 基于ISSR和SRAP的红海榄UPGMA聚类图

表4 相似系数0.55水平不同红海榄类群的分布格局

类群	聚集度指标							格局类型	聚集强度排序	类群遗传相似度排序	类群遗传相似变动度排序
	\bar{x}	C	I	K	C _A	m*	m*/ \bar{x}				
类群1	C	C	C	C	C	C	C	R	①	①	③
类群2	R	R	C	R	R	R	R	R	②	②	②
类群3	R	R	R	R	R	R	R	C	③	③	①

注：C为聚集分布；R为随机分布

从小尺度通过ISSR和SRAP两种标记方法开展红海榄遗传相似性研究，并结合了分布格局开展了不同类群遗传相似性分布规律分析。初步研究结果表明，广东高桥红树林区样方内的红海榄具有较高的多态性位点百分率，遗传多样性较为丰富，红海榄单株之间处于亲缘关系为远和亲缘关系为较近的分布区间，遗传相似度中等，遗传相似变动度中等。高桥红海榄纯林为成熟林，树龄为70~80年，处于群落演替的中后期，林下更新幼苗较少，红海榄群落样方的平均遗传相似度为0.563，遗传相似度中等，是合理的。

在相似系数0.55的水平下红海榄群落样方类群分为3大类，说明可能有来自其他区域的红海榄种群，样方内的红海榄类群在遗传上有较大差异。在三大红海榄类群的交叉影响下，红海榄群落样方遗传相似度中等，遗传相似变动度中等，结果可信。肖兰^[18]和邹祯^[19]等开展了红树林小尺度

的空间遗传结构研究, 结果表明红树林树种秋茄树 *Kandelia obovata*、白骨壤 *Avicennia marina* 和红树 *Rhizophora apiculata* 等纯林和混交林具有高水平的遗传多样性, 纯林并未因为物种单一而出现遗传上的负面效应。本文研究结果与肖兰^[18]和邹祯^[19]对比, 直接验证了即使是红树林纯林也具有较大遗传分化的研究结果, 这可能得益于其他区域的红海榄种群的胎生繁殖体漂流到广东高桥红海榄区域, 建立了目前3个红海榄类群的纯林群落样方。有研究^[20]指出, 生境破坏和破碎化提高了亲缘关系相近物种之间的交配, 长期发展可能会导致近交衰退, 进而降低种群的适合度。由于红树林为陆海潮间带的森林, 不同地区种源的胎生繁殖体能通过漂流进行交流和定植^[11], 即使是纯林或者小群落, 也不一定因生境破坏和破碎化而提高亲缘关系相近物种之间的交配。

与前人的研究对比, 本文提出了遗传相似性结合了种群分布格局的研究方法, 更深入分析了群落样方内红海榄不同种群遗传相似性与树种分布格局之间的关系。本文研究结果表明, 三大种群呈现出聚集程度越强, 种群遗传相似度越高, 种群遗传相似变动度越低的规律。这是目前大部分红树林遗传多样性研究并未报道的研究结果, 该结果可为红树林的经营管理以及生态恢复提供重要的参考。本文只研究了一个20 m×20 m的高桥红海榄纯林典型样方, 可能还存在样本不足的问题。以后的研究将在不同区域、不同红树林树种的不同样带设置3个以上样方, 开展不同潮带小尺度红树林遗传多样性的分布规律和影响机制等相关研究。同时, 本研究采用ISSR和SRAP两种标记方法开展研究, 相对于基因测序技术, ISSR和SRAP扩增得到的数据非常有限。但是, ISSR和SRAP两种标记方法较为简单, 方法更为成熟, 不需借助昂贵的仪器设备, 普通实验室可以快速以更低的成本初步开展红海榄遗传相似性的研究, 验证最初的猜测, 得到较为理想的结果, 以便开展往后的深入

研究。往后的研究需要借助测序技术, 完成红海榄全基因组的测序, 以及开展重测序, 更深入了解中国红海榄的遗传多样性特征。

5 结论

高桥红海榄分子林分具有较为丰富的遗传多样性, 分属于不同的类群, 在遗传上有差异性, 存在一定的基因交流; 亲缘关系为远和较近之间, 遗传相似度和变动度中等, 以第三种群为优势种, 第一种群为弱势种群, 而一个区域或者同个采样地的同个树种可能存在多个种群。初步证明红海榄种群聚集度与遗传相似度成正比, 与种群遗传相似变动度成反比。因此, 在当前高桥红海榄林的ISSR/SRAP分子标记方法研究基础上, 将采用重测序的方法, 在天然林和人工林开展下一步的遗传多样性分析工作, 为营造近自然的人工生态林, 调整单一种群的红海榄人工林提供有效的理论指导。

注: 图片均为作者自摄自绘

参考文献:

- [1] GRAIGNIC N, TREMBLAY F, BERGERON Y. Influence of northern limit range on genetic diversity and structure in a widespread North American tree, sugar maple (*Acer saccharum* Marshall)[J]. *Ecology & Evolution*, 2018, 8 (5): 2766–2780.
- [2] ALCALÁ R E, SALAZAR H, GUITÉRREZ-GRANADOS G, et al. Genetic structure and genetic diversity of *swietenia macrophylla* (meliaceae): implications for sustainable forest management in Mexico[J]. *Journal of Tropical Forest Science*, 2014, 26 (1): 142–152.
- [3] 马庆国, 王治军, 徐慧敏, 等. 金丝楸优良无性系遗传多样性和亲缘关系的 AFLP 分析[J]. *林业科学研究*, 2020, 33 (5): 145–153.
- [4] CONTE R, NODARI R O, VENCOSKY R, et al. Genetic diversity and recruitment of the tropical palm, *Euterpe edulis* Mart. in a natural population from the Brazilian Atlantic Forest[J]. *Heredity*, 2003, 91 (4): 401–406.
- [5] THIAGO A, LEMES M R, GROGAN J, et al. Post-logging loss of genetic diversity in a mahogany (*Swietenia macrophylla* King, Meliaceae) population in Brazilian Amazonia[J]. *Forest Ecology and Management*, 2008, 255 (2): 340–345.
- [6] WESTERGREN M, BOZIC G, FERREIRA A, et al. Insignificant effect of management using irregular

shelterwood system on the genetic diversity of European beech (*Fagus sylvatica* L.): A case study of managed stand and old growth forest in Slovenia[J]. *Forest Ecology and Management*, 2015, 335: 51–59.

- [7] SJÖLUND M, JUMP A. Coppice management of forests impacts spatial genetic structure but not genetic diversity in European beech (*Fagus sylvatica* L.)[J]. *Forest Ecology and Management*, 2015, 336: 65–71.
- [8] GERMAINAUBREY C C. The impact of of sustainable logging practices on gene flow dynamics of Mahogany (*Swietenia macrophylla*) in a continuous forest[D]. Edinburgh: University of Edinburgh, 2004.
- [9] 林鹏, 林益明, 杨志伟, 等. 中国海洋红树林药物的研究现状、民间利用及展望[J]. *海洋科学*, 2005, 29 (9): 78–81.
- [10] 袁柳娇, 余如凤, 钟军弟, 等. 红树植物木榄 SCoT-PCR 体系优化及遗传多样性分析[J]. *基因组学与应用生物学*, 2017, 36 (1): 352–361.
- [11] GUO Z, HUANG Y, CHEN Y, et al. Genetic discontinuities in a dominant mangrove *Rhizophora apiculata* (Rhizophoraceae) in the Indo- Malaysian region[J]. *Journal of Biogeography*, 2016, 43 (9): 1856–1868.
- [12] 黄剑坚, 刘素青, 张彬彬. 红海榄胎生繁殖体产量预测细分聚合模型[J]. *中南林业科技大学学报*, 2017, 37 (12): 21–25.
- [13] 黄剑坚, 刘素青, 韩维栋. 雷州半岛高桥红树林内带林窗特征分析——以湛江市廉江高桥红树林保护小区为例[J]. *林业资源管理*, 2012 (5): 46–50.
- [14] 张志红, 谈凤笑, 何航航, 等. 红树植物海漆 ISSR 条件的优化[J]. *中山大学学报: 自然科学版*, 2004, 43 (2): 63–66.
- [15] LI G. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica[J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 103: 455–461.
- [16] 张兴旺, 张小平, 郝朝运, 等. 安徽琅琊山青檀种群结构与空间分布格局研究[J]. *广西植物*, 2011, 31 (6): 782–788.
- [17] 赵鹏, 韩维栋. 中国东南沿海15个秋茄种群遗传多样性的 SRAP 分析[J]. *基因组学与应用生物学*, 2009, 28 (6): 1151–1156.
- [18] 肖兰. 福建漳州秋茄红树植物种群遗传结构及繁育系统研究[D]. 厦门: 厦门大学, 2017.
- [19] 邹祯. 海南三亚铁炉港白骨壤和正红树种群的遗传结构和交配系统研究[D]. 厦门: 厦门大学, 2018.
- [20] COLLEVATTI R G, TELLES M P C, LIMA J S, et al. Contrasting spatial genetic structure in *Annona crassiflora* populations from fragmented and pristine savannas[J]. *Plant Systematics and Evolution*, 2014, 300 (7): 1719–1727.

作者简介:

谢秀琴/1986年生/女/广东河源人/硕士/广州市花都区园林绿化管理所(花都 510800)/林业工程师/主要从事园林绿化工程建设管理

(*通信作者) 黄剑坚/1981年生/男/广东清远人/博士/韩山师范学院(潮州 521041)/副教授/主要从事植物资源开发与保护研究/E-mail: 3668602@qq.com