

林木分子标记研究进展*

甘四明 施季森 白嘉雨 徐建民

摘要 分子标记技术大大促进了林木有关研究的发展。林木分子标记研究主要包括林木遗传连锁图谱构建、比较基因组研究、数量性状位点定位、标记辅助选择、系统演化及群体遗传变异和多样性等内容。迄今,已有近 20 个树种构建了基因组遗传连锁图谱,少数树种还进行了比较基因组研究。定位了 10 余个与分子标记连锁的数量性状位点,分子标记辅助选择育种已在少数树种中开展。分子标记是研究林木群体遗传结构和多样性水平的有用工具,也可用以阐明物种的系统进化和亲缘关系。

关键词 林木 分子标记 遗传连锁图谱 QTL 系统进化 遗传多样性

分子标记技术是分子生物学发展的产物。80 年代初,发展了 RFLP 分析,是分子标记产生的标志,其后发展极为迅速,产生了多种分子标记技术。现在广泛利用的分子标记方法有:

- (1) RFLP (Restriction fragment length polymorphism), 限制性片断长度多态性;
- (2) RAPD (Random amplified polymorphism DNA), 随机扩增 DNA 多态性;
- (3) SSR (Simple sequence repeats), 简单重复序列, 又称微卫星 DNA (Microsatellite DNA);
- (4) AFLP (Amplified restriction fragment polymorphism), 限制性片断扩增多态性。

林木分子标记研究起步较晚,但其发展极为迅速,且大大改变了林木分子数量遗传及相关领域研究的面貌。目前,林木分子标记研究在遗传连锁图谱构建、数量性状位点定位、群体遗传结构分析、物种演化与亲缘关系探讨等方面取得了较大的进展。

1 林木遗传连锁图谱构建

遗传连锁图谱是系统研究基因组的基础。以前构建遗传连锁图谱的标记方法多为形态标记和同工酶标记,标记数量较少,因此图谱的密度极小,进一步的研究受到限制。分子标记方法则可得到大量的标记,因此它一产生便在林木遗传连锁图谱研究中得到了广泛的应用。

1.1 林木遗传连锁图谱构建

利用分子标记构建连锁图谱需要有性状和标记都分离的群体,最好是用谱系清楚的多代遗传群体。但林木长期异交,杂合度高,且世代周期长,高世代群体较难得到,因此,林木作图群体的构建不可能象农作物那样利用近交系和其它高世代材料。同时,林木的基因组较大,重复

1997—08—25 收稿。

甘四明博士研究生,白嘉雨,徐建民(中国林业科学研究院热带林业研究所 广州 510520);施季森(南京林业大学林木遗传与基因工程实验室)。

* 本文为林业部热带林业试验室开放基金资助课题(1998~1999年)“尾叶桉×细叶桉杂种扦插生根性状的基因位点定位研究”部分内容。

序列较多,这也限制了其连锁图谱研究的发展。

由于人工栽培的历史较短,林木大部分处于野生和自然状态,因而遗传背景是高度杂合的,很难得到象农作物那样的纯系,因此林木高度杂合性一度被认为是不利于构建遗传连锁图谱的缺点。但从另一角度考虑,杂合的群体相当于杂交一代,再做杂交则可产生类似杂交二代的分离群体,因此林木的高度杂合性也是其建立作图群体的一个优点,林木遗传连锁图谱构建的前景也变得光明了^[1,2]。目前,林木上常用的作图群体材料有杂交一代 F_1 群体^[3-5]、杂交二代 F_2 群体结合 F_1 群体^[6-11]和自由授粉的半同胞子代^[12],针叶树还利用大配子体^[13-15]和胚乳组织^[16]进行遗传连锁图谱构建。现在已有约 20 个树种发表了基因组遗传连锁图谱(表 1)。

表 1 已构建的重要树种的遗传连锁图谱

树 种	连锁的标记类型及数目				覆盖的基因组总长度(cm)
	RFLP	RAPD	同工酶	其 它	
白云杉(<i>Picea alba</i> Voss.) ^[15]		61			873.8
挪威云杉[<i>Picea abies</i> (L.) Karst.] ^[14]		152			3 584
湿地松(<i>Pinus elliottii</i> Engelm.) ^[5]		91			952.9
火炬松(<i>Pinus taeda</i> Linn.) ^[8]			2		632
辐射松(<i>Pinus radiata</i> D. Don.) ^[9]	165	41		微卫星 DNA 标记(2)	1 382
欧洲赤松(<i>Pinus sylvestris</i> L.) ^[22]		261			2 638.6
海岸松(<i>Pinus pinaster</i> Ait.) ^[16]		263			1 380
长叶松(<i>Pinus palustris</i> Mill.) ^[5]		122			1 367.5
马尾松(<i>Pinus massoniana</i> Lam b.) ^[13]		48			692.5
桃树(<i>Prunus</i> spp.) ^[10]		84	1		536
巨桉(<i>Eucalyptus grandis</i> W. Hill. ex Maid.) ^[3,12]		240			1 552
尾叶桉(<i>Eucalyptus urophylla</i> S. T. Blake.) ^[3]		251			1 101
亮果桉(<i>Eucalyptus nitens</i> Deane & Gmaid) ^[7]	207	119	4		1 462
毛果杨 × 美洲黑杨 ^[6] (<i>Populus trichocarpa</i> Torr. & Gray. × <i>P. deltoides</i> Marsh)				RFLP、RAPD 和 STS 标记共 343 个	1 261
日本柳杉[<i>Cryptomeria japonica</i> (L. f) D. Don] ^[11]	116	26	2	形态标记(1)	887.3
花旗松[<i>Pseudotsuga menziesii</i> (Mirbel) Franco]		201/238			2 300/2 500
柑桔(<i>Citrus</i> spp.) ^[4]	37		1		351

除了基因组遗传连锁图谱构建外,部分树种还进行了一些重要性状的局部基因组区域作图研究,如糖松(*Pinus lambertiana* Dougl.)抗松疱锈病(*Cronartium ribicola* Fisch.)基因的局部图谱^[17]、柑桔(*Citrus* spp.)抗衰老病(病原为 *Citrus tristerza* virus CTV.)基因局部图谱^[18]和苹果(*Malus pumila* Mill.)抗疮痂病[*Venturia inaequalis* (Cooke) Willt.]基因局部图谱^[19]等。

1.2 比较基因组作图

遗传连锁图谱的应用主要是比较基因组研究,在农作物上已取得了显著的成效^[20]等。比较有关物种或者个体遗传连锁图谱上分子标记的一般性和特殊性,研究其基因组结构、遗传背景及其历史进化,可以从分子水平上阐明一些物种的遗传规律。林木比较基因组作图将是林木遗传连锁图谱的一个重要的应用研究方向。

目前,林木比较基因组研究还处于探索阶段,只有一些初步的研究。如 Devey 等^[21]以一个辐射松家系和两个火炬松家系为材料,进行了火炬松与辐射松的比较基因组作图。研究发现,全部母本和父本的同源位点在后代分离的有 44 个 RFLP 标记,利用这些标记确定了同源的连

锁群,与以前的图谱比较,可能构建出火炬松与辐射松的综合图谱。美国林务局西太平洋试验站 Albany 实验室 Neale 博士领导的研究小组也正在对松属的比较基因组的系统研究,已涉及松属的 20 多个种(个人通讯)。

2 数量性状位点定位

数量性状位点(Quantitative trait loci, QTLs)是指连锁图谱上与数量性状有关的位点。数量性状的表现受环境的影响较大,因此传统的育种是利用数量遗传学方法将控制某一些性状的 QTLs 作为一个整体,来研究林木的遗传结构和遗传变异规律。它虽然对林木遗传育种研究作出了巨大的贡献,但却不能说明 QTLs 的数量、各 QTL 在基因组上的位置及其效应,也不能说明 QTL 间的关系。利用分子标记和数量性状的表型资料进行 QTL 定位,可以从分子水平上说明这些问题。进一步利用 QTL 定位的成果进行标记辅助选择,则可大大推动林木育种工作的开展。

2.1 数量性状位点定位

林木 QTL 定位工作集中于重要的经济性状,如生长、木材密度和抗病性等。研究发现^[12],巨桉木材密度主要由 5 个位点控制,这 5 个位点解释了木材密度变异的 37.2%。在杨树上,利用毛果杨和美洲黑杨杂交,对树高、胸径、材积、干形和分枝角等重要经济性状进行了 QTL 定位研究^[1],发现这些数量性状变异的 25%~96% 是受 1~5 个 QTLs 控制的。如 4 个 QTLs 控制了 2 年生苗木的材积生长的 85% 的遗传变异和 49% 的表型变异,其中 3 个 QTLs 为显性方式遗传,另一个 QTL 为超显性。研究也表明,控制高生长的等位点在毛果杨上是纯合的,控制粗生长的等位点在美洲黑杨上是纯合的。研究还发现, QTL 的效应可能在苗期和以后的生长期中有所变化,因此可根据 QTL 作用随时间的变化来预测林木的生长过程。另外,也对其它一些树种进行了 QTL 定位研究(表 2)。

表 2 一些与分子标记连锁的林木数量性状位点

树 种	数量性状位点	标记类型	标记名称	遗传距离(cm) 或连锁显著性(P)
糖松 ^[17]	抗松疱锈病位点	RAPD	(6 个标记)	小于 5
苹果 ^[19]	抗疮痂病基因 Vf 位点	RAPD	(7 个标记)	2~25
		同工酶	PGM-1	8±3 或 13±4
柑桔 ^[18]	抗衰退病基因 ctv 位点	RAPD	(8 个标记)	0~4.7
桃树 ^[10]	抗白粉病位点	RAPD	Q20-0.98	$P < 0.001$
火炬松 ^[23]	抗梭状锈病位点	RAPD	J7-485	2
火炬松 ^[2]	木材比重位点	RFLP	S6a	$P < 0.0002$
巨桉 ^[12]	胸径生长基因	RAPD	K10-835	$P = 0.002$
			X1-1 450	$P = 0.001$
			Y17-1 500	$P = 0$
			N15-1 079	$P = 0.007$
	木材比重位点	RAPD	(11 个标记)	$P = 0.007$
	树皮百分比位点	RAPD	(8 个标记)	$P = 0.01$
毛果杨 ^[24]	抗北美落叶松杨锈病(<i>Melampsora medusae</i> Thun.) M mdi 位点	RFLP	P222	5
美洲黑杨 ^[25]	抗锈病基因位点	RAPD	M03/04-480	1
美洲黑杨 ^[26]	落叶松杨锈病(<i>Melampsora larici-populina</i> Kleb.) 基因 Mer 位点	AFLP	E39.G01.270	0.81±0.81
			E40.G37.320	2.44±1.39
			E44.G09.100	0.81±0.81

QTL 定位也可以加深对基因概念的理解。首先, QTL 不等于基因。利用分子标记定位的 QTL 只是确定了与基因有关的区域在连锁图上的位置(而不是在染色体上的位置), 这里一般称基因位点。其次, QTL 在一定程度上代表了基因的效应, 因此通过 QTL 可以对有关基因的数量和作用方式进行研究。例如, 有人认为桃树对白粉病[*Podospheera tridactyla* (Wallr.) Willt.] 抗性是单基因控制的, 但研究表明^[10], 其受 1 个主效 QTL (Major QTL) 和 5 个次效 QTLs (Minor QTLs) 控制, 即其抗性是由至少一个主效基因和几个次效基因控制。Wilcox^[23] 发现, 火炬松的梭状锈病抗性为单个显性位点控制, 而不是象原来认为的由多基因控制。

2.2 标记辅助选择

标记辅助选择 (Marker-assisted selection, MAS) 或称标记辅助育种, 是 QTL 定位的最具潜力的应用方向。由于林木杂合程度较高, 传统的林木育种的表型选择受环境影响大, 进程缓慢, 育种周期长, 且所费的人力和物力较多。如果利用与目的基因位点连锁的标记进行标记辅助选择, 与传统的育种方法相比, 具有较大的优越性和可喜的前景。特别当与目的基因位点相连锁的标记较多时, 可以利用多个标记进行目的性状的选择。如柑桔抗衰退病基因 *Ctv* 位点与 8 个 RAPD 标记紧密或较紧密连锁^[18] (图 1), 这为标记辅助选择育种提供了很好的条件。从图 1 可见, a 和 b 两个连锁图中标记的位置和顺序几乎一致, 说明两图具有较高的可信度。a 中标记 T08 和 B11 几乎与 *Ctv* 在同一位置, b 中标记 B11 与 *Ctv* 连锁极为紧密, 标记辅助选择具有抗性基因的个体的潜力是比较大的。

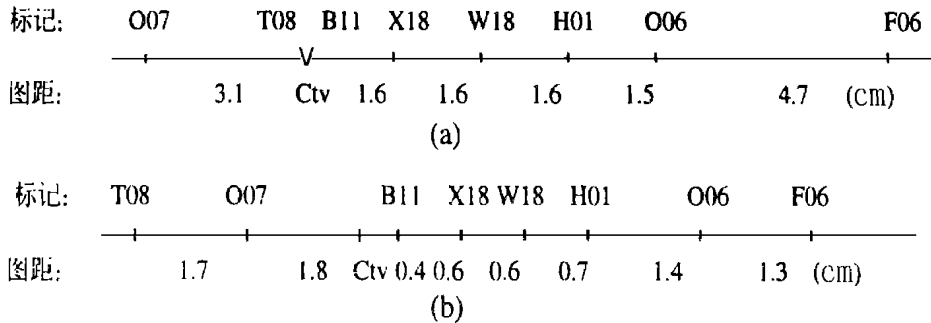


图 1 与柑桔抗衰退病基因 *Ctv* 连锁的 8 个 RAPD 标记及其距离

注: 引自 J. R. Gmitter 等 (1996)。其中, a 是用 1 个家系为材料, 作图软件为 Mapmaker 3.0, LOD= 3.0;

b 是用 4 个杂交家系为材料, 作图软件为 Joinmap 1.3, $P < 0.01$ 。

林木分子标记辅助选择还处于起步阶段, 目前取得一定成功的有火炬松抗干旱胁迫的 RFLP 标记辅助选择^[27] 和美洲栗 (*Castanea dentata* Borkh.) 抗栗疫病 [*Endothia parasitica* (Murr.) P. J. et H. W. Anders.] 标记辅助育种^[28]。这些初步的工作使林木常规育种与分子生物学技术相结合, 给林木遗传育种研究展示了巨大的利用前景。

必须指出, 分子标记辅助选择真正用于育种实践还需要一段较长的时间, 其中也还有很多问题需要解决。首先是目前定位的 QTLs 还很少, 且很多标记具有个体或谱系特异性, 不适于推广到整个育种群体, 因而利用 QTLs 标记进行个体定向选择较为有效, 而对群体混合选择则可利用的 QTLs 有限; 其次标记辅助选择的理论和方法还不完善, 如何利用个体或谱系特异性的 QTL 进行大规模的选择还有待深入研究; 再则分子生物学发展很快, 一些育林机构担

心在这方面的投资还没见效又有新的技术出现,所以对分子标记的应用持谨慎态度。

3 群体遗传结构及多样性研究

群体的遗传结构对其进化过程、引种驯化和基因保存的重要性已受到普遍的重视。天然群体的遗传多样性程度和分布受遗传漂变、迁移、突变和选择等因素的综合影响,其基因频率会在一定的水平上波动,即遗传多样性会反映在 DNA 水平上。以前,利用同工酶对群体遗传结构进行了大量研究,但同工酶仍为基因产物,不如分子水平的证据直接。所以,分子标记一出现,便在群体遗传学研究中广泛应用,是评价群体多样性水平的一种手段^[29,30]。下面举几个这方面研究的例子。

用 RAPD 标记研究退化的红松(*Pinus koraiensis* Sieb. et Zucc.)天然林发现^[30],群体遗传变异较低,即遗传多样性的水平低。这表明林木由于生活史和世代较长,群体多样性降低以后,需要一段较长的时间才能恢复,这从一个方面强调了天然林保护的重要性。

利用线粒体 DNA 的 RFLP 标记对辐射松、刺果松(*Pinus muricata* D. Don.)和瘤果松(*P. attenuata* Lemm.)进行检测表明,群体的分化水平较高,群体的结构进化较快,处于相对不稳定的状态^[31]。

4 物种演化和亲缘关系研究

一个生物类群在其进化过程中, DNA 发生自发突变,自然选择则是检验这种突变适合度的杠杆,是对基因功能位点突变的限制。因此现存的生物类群,有其自身的分子组成,而利用分子标记直接研究 DNA 水平的特点,可以探索其分子进化的规律^[32]。Liu 和 Furnier 利用 RFLP 和 RAPD 标记研究了美洲山杨(*P. tremuloides* Michx.)和大齿杨(*P. grandidentata* Michx.)的种间分化^[29],对两种杨树的系统演化作了初步的探讨。

亲缘关系较近的物种基因组 DNA 的同源性较强,基因保守性不一定很强,每一物种或品系的染色体既有相似性,又有其遗传的特征。分子标记可以确定这种遗传背景的相似性和特异性,这对确定树种间的遗传分化和建立一个类群的分类系统是极为有用的。如对桦木科桤木属(*Alnus*)7个树种和北美白桦(*Betula papyrifera* Marsh.)进行 RFLP 标记研究,分类结果与传统表型分类也是一致的^[33]。

总之,现代分子标记技术的发展非常迅速,在林业研究中的应用日益广泛,应密切注视分子标记方面的动向,特别是人类基因组研究的进展,及时利用先进的研究技术于林木的有关研究中,以推动林木分子标记研究的发展。

参 考 文 献

- 1 Bradshaw H D, Grattapaglia D. QTL mapping in interspecific hybrids of forest trees. *Forest Genetics*, 1994, 1: 191 ~ 196.
- 2 Groover A, Devey M, Fiddler T, et al. Identification of quantitative trait loci influencing wood specific gravity in an outbred pedigree of loblolly pine. *Genetics*, 1994, 138(4): 1293 ~ 1300.
- 3 Grattapaglia D, Sederoff R. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross mapping strategy and RAPD markers. *Genetics*, 1994, 137(4): 1121 ~ 1137.
- 4 Jarrell D C, Roose M L, Traugh S N, et al. A genetic map of citrus based on the segregation of isozymes and RFLPs

- in an intergeneric cross. *Theor. Appl. Genet.*, 1992, 84(1~2): 49~56.
- 5 Kubisiak T L, Nelson C D, Nance W L, et al. RAPD linkage mapping in a longleaf pine × slash pine F₁ family. *Theor. Appl. Genet.*, 1995, 90(7~8): 1119~1127.
- 6 Bradshaw H D, Villar M, Watson B D, et al. Molecular genetics of growth and development in *Populus* 3. A genetic linkage map of a hybrid poplar composed of RFLP, STS and RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.*, 1994, 89(2~3): 167~178.
- 7 Byrne M, Murrell G C, Allen B, et al. An integrated genetic linkage map for eucalypts using RFLP, RAPD and isozyme markers. *Theor. Appl. Genet.*, 1995, 91(6~7): 869~875.
- 8 Devey M E, Fiddler T A, Liu B H, et al. A RFLP linkage map for loblolly pine based on a three generation outbred pedigree. *Theor. Appl. Genet.*, 1994, 88(3~4): 273~278.
- 9 Devey M E, Bell J C, Smith D N, et al. A genetic linkage map for *Pinus radiata* based on RFLP, RAPD and microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.*, 1996, 92(6): 673~679.
- 10 Drilewanger E, Pascal T, Zuger C, et al. Analysis of molecular markers associated with powdery mildew resistance genes in peach (*Prunus persica* (L.) Bstsch) × *Prunus davidiana* hybrids. *Theor. Appl. Genet.*, 1996, 93(5~6): 909~919.
- 11 Mukai Y, Suyama Y, Tsumura Y, et al. A linkage map for sugi (*Cryptomeria japonica*) based on RFLP, RAPD and isozyme loci. *Theor. Appl. Genet.*, 1995, 90(6): 835~840.
- 12 Grattapaglia D, Fernando L G B, Penchel R, et al. Genetic mapping of quantitative trait loci controlling growth and wood quality traits in *Eucalyptus grandis* using a maternal half-sib family and RAPD markers. *Genetics*, 1996, 144(3): 1205~1214.
- 13 尹俊明, 朱立煌, 黄敏仁, 等. 利用 RAPD 标记和单株大树大配子体构建马尾松的分子标记连锁图谱. *植物学报*, 1997, 39(7): 1~6.
- 14 Binelli G, Bucci G. A genetic linkage map of *Picea abies* Karst. based on RAPD markers as a tool in population genetics. *Theor. Appl. Genet.*, 1994, 88(3~4): 283~288.
- 15 Tulsieram L K, Glaubitz J C, Kiss G, et al. Single tree genetic linkage mapping in conifers using haploid DNA from megagametophytes. *Bio/Technology*, 1992, 10: 689~692.
- 16 Plomion C, O Malley D M, Durci C D E. Genomic analysis in maritime pine (*Pinus pinaster*): Comparison of two RAPD maps using selfed and open-pollinated seeds of the same individual. *Theor. Appl. Genet.*, 1995, 90(7~8): 1028~1034.
- 17 Devey M E, Delfino-Mix A, Kinloch B B, et al. Random amplified polymorphic DNA markers tightly linked to a gene for resistance to white pine blister rust in sugar pine. *Proc. Natl. Acad. USA*, 1995, 92(6): 2066~2070.
- 18 Gmitter F G, Xiao S Y, Huang S, et al. A localized linkage map of the citrus tristeza virus resistance gene region. *Theor. Appl. Genet.*, 1996, 92(6): 688~695.
- 19 Gianfranceschi L, Koller B, Seglias N, et al. Molecular selection in apple for resistance to scab caused by *Venturia inaequalis*. *Theor. Appl. Genet.*, 1996, 93(1~2): 199~204.
- 20 Paterson A H. Comparative mapping of plant phenotypes. In: Janick J (ed.). *Plant Breeding Reviews*, 1997, 14: 13~37.
- 21 Devey M E, Sewell M M, Neale D B. A comparison of loblolly and radiata pine genomes using RFLP markers. In: Dieters M J, Matheson A C, Nikles A C, et al. (eds.). *Tree Improvement for sustainable Tropical Forestry*. Proc. QFRI-UFRQ Conf., Caloundra, Queensland, Australia. 27 October—1 November, 1996. 478~480.
- 22 Yazdani R, Yeh F, Rimsha J. Genomic mapping of *Pinus sylvestris* (L.) using random amplified polymorphic DNA markers. *Forest Genetics*, 1995, 2: 109~116.
- 23 Wilcox P L. Genetic dissection of fusiform rust resistance in loblolly pine. PhD Thesis. North Carolina State University, USA, 1996.
- 24 Newcombe G, Bradshaw H D, Chastagner G A, et al. A major gene for resistance to *Melampyrum medusae* f. sp. *del-*

- toidae* in a hybrid poplar pedigree. *Phytopathology*, 1996, 86(1): 87 ~ 94.
- 25 Villar M, Lefevre F, Bradshaw H D, et al. Molecular genetics of rust resistance in poplars (*Melampsora larici-populina* Kleb/*Populus* sp.) by bulked segregant analysis in a 2 × 2 factorial mating design. *Genetics*, 1996, 143(1): 531 ~ 536.
- 26 Cervera M T, Gusmao G, Steenackers M, et al. Identification of RFLP molecular markers for resistance against *Melampsora larici-populina* in *Populus*. *Theor. Appl. Genet.*, 1996, 93(5 ~ 6): 733 ~ 737.
- 27 Tauer C G, Hallgren S W, Martin B. Using marker-aided selection to improve tree growth response to abiotic stress. *Can. J. For. Res.*, 1992, 22(7): 1018 ~ 1030.
- 28 Bernatzky R, Mulcahy K L. Marker-aided selection in a backcross breeding program for resistance to chestnut blight in the American chestnut. *Can. J. For. Res.*, 1992, 22(7): 1031 ~ 1038.
- 29 Liu Z, Fournier G R. Comparison of allozyme, RFLP and RAPD markers for revealing genetic variation within and between trembling aspen and bigtooth aspen. *Theor. Appl. Genet.*, 1993, 87(1 ~ 2): 97 ~ 105.
- 30 Mosseler A, Egger K N, Hyghes G A. Low levels of genetic diversity in red pine confirmed by random amplified polymorphic DNA markers. *Can. J. For. Res.*, 1992, 22(7): 1332 ~ 1337.
- 31 Hudson R R. Levels of DNA polymorphism and divergence yield important insights into evolutionary processes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1993, 90(16): 7425 ~ 7426.
- 32 Strauss S H, Hong Y P, Hipkins V D. High levels of population differentiation for mitochondrial DNA haplotypes in *Pinus radiata*, *muricata*, and *attenuata*. *Theor. Appl. Genet.*, 1993, 86(5): 605 ~ 611.
- 33 Bousquet J, Girouard E, Strobeck C, et al. Restriction fragment polymorphisms in the rDNA region among seven species of *Alnus* and *Betula papyrifera*. *Plant and Soil*, 1989, 118(2): 231 ~ 240.

Advances in Tree Molecular Markers

Gan Siming Shi Jisen Bai Jiayu Xu Jianmin

Abstract The application of molecular markers to related studies of forest trees has great merits to those fields that include construction of genetic linkage map, comparative genome mapping, QTL detecting, marker-assisted selection (MAS), phylogeny as well as population variation and bio-diversity. Up to now, there were about 20 tree species which have been genetically mapped with molecular marker method, in which comparative studies of genomes have been carried out on several species. More than ten QTLs have been detected and MAS is ongoing on a few species. Molecular marker technology is also an important tool for estimating population genetic structure and diversity level, and identifying phylogenetic process and relatedness for a certain taxon of forest tree.

Key words forest tree molecular marker genetic linkage map QTL phylogeny genetic diversity