

文章编号: 1001-1498(2003)04-0488-07

林木群体基因流及父本分析的研究进展

张冬梅¹, 沈熙环², 张华新³, 申洁梅⁴

(1. 中国林业科学研究院木材工业研究所, 北京 100091; 2. 北京林业大学, 北京 100083;)

3 中国林业科学研究院林业研究所, 北京 100091; 4. 河南省野生动物救护中心, 河南 郑州 450044)

摘要: 基因流是影响植物种群的遗传组成和遗传结构的重要因子。父本分析通过直接估算基因流, 对了解群体间或世代间的基因流动及性选择适合度有重要的理论意义, 生产上可以指导林木种子园的设计和遗传管理。本文介绍了林木群体基因流及父本分析的研究进展, 以油松种子园为例讨论了用同工酶标记进行父本分析的优缺点并论述了利用分子标记进行父本分析的优势。

关键词: 林木; 群体; 基因流; 父本分析

中图分类号: S722.3 文献标识码: A

1 基因流的研究状况和估算方法

基因流(gene flow)主要是指基因在居群内与居群间的运动。在植物界中, 基因流是借助花粉、种子、孢子、营养体等遗传物质携带者的迁移或运动来实现的, 其中花粉传播和种子扩散是两种最主要的形式。种子和花粉引起的基因流动在很大程度上影响着林木群体的遗传结构。通常, 对种子扩散基因流形式的研究较少。由于种子分布的局限性, 种子引起的基因流动往往形成一定的家系结构, 使林分出现亚分化, 从而影响供选优树选择的有效性^[1]。尽管对花粉运动基因流形式研究较普遍, 但关于自然居群中花粉基因流强弱的直接证据并不多^[2]。首先, 花粉的运动和植物的传粉模式有很大关系, 包括风媒、虫媒等传粉形式、花粉数量、花粉粒大小和形态等。其次, 花粉基因流还和植物的交配系统有关, 譬如, 异交率越高的植物基因流越大。这样, 花粉的飞散距离或范围在很大程度上决定了用于子代测定的自由授粉家系的遗传组成, 基因流强弱不仅影响着群体遗传多样性水平和有效群体大小, 选择或漂移还会造成群体遗传结构的重新分配^[2~4]。

基因流估算方式多样, 早期多采用跟踪花粉或种子的运动来估计, 主要采用荧光染色^[2, 5, 6]和放射性同位素标记技术^[7, 8], 通过对花粉的捕获或标记以及对帮助种子扩散的动物的观察来定性研究基因流。然而, 由于限制传粉运动的因素很多, 加上对标记物检测比较困难, 使得这些方法不能有效地反映以花粉为媒介的基因流动水平, 常会低估花粉的散布。一些学者通过对湿地松(*Pinus elliotii* Engelm.)^[9]、花旗松(*Pseudotsuga menziesii* (Mirbel) Franco)^[10]的研究表明: 来自不同个体的花粉浓度随着与亲本距离的增大而迅速降低, 最高浓度在 50~100 m 范围。

收稿日期: 2002-04-25

基金项目: 教育部博士点科研基金(97002208)

作者简介: 张冬梅(1970—), 女, 河南鹿邑人, 博士后。

20 世纪 80 年代以后,同工酶基因位点成为遗传标记估计基因流的有效手段^[11~15]。近期在林木群体中相继开展了对欧洲云杉(*Picea abies* (L.) Karst)^[16]天然混交林、榕属(*Ficus*)植物^[17]、多种热带树种^[18]、天然青冈(*Cyclobalanopsis glauca* (Thunb.) Oerst.) 幼苗^[19]的基因流的研究。进入 20 世纪 90 年代以后, DNA 分子标记如 PAPD, AFLP, SSR 等的发展为更加有效地研究植物居群及基因流动模式提供了广泛应用前景,其中,母本遗传和父本遗传的胞质基因标记技术分别为子代追踪和花粉分布的研究提供了有效方式^[20,21]。

目前,父本分析(Paternity analysis)是直接估算基因流的最常用方法之一^[22,23]。它通过对已知母本的种子进行遗传标记而确定每一个子代(种子)的亲本,确切地为大多数种子鉴定出父本来源。这对了解群体间或世代间的基因流动及性选择适合度有重要的理论意义,在生产上可以指导林木群体内优良基因型最大限度的互相交配,同时对林木种子园的设计和遗传管理有重要的意义^[24,25]。

何国华^[26]曾总结了父本分析的 3 种方式,即:排除分析法、最大似然性分析法和父性拆分法。亲本排除法是利用多位点遗传数据,根据一定的公式计算一个群体内不可能父本的大小(the Exclusion Probability, EP),排除后代的不兼容的亲本^[27]。在有关植物的文献中,Meagher^[22]和 Meagher and Thompson^[13]最先开始使用亲本的统计似然性模型估算每一个可能父本的似然性值,似然性最高的为“真实”父亲,排除了其他参与分析的样本为父本的可能性。但这种方法对所确定的父本不能做出统计上的显著性估计。Marshall^[28]等人发展了似然性方法,加入了统计显著性估计,通过父本推断模拟来估计似然性比例的显著性。目前,已开发出一套计算机程序,利用各种类型的共显性标记,可以精确、方便地估算基因流,进行父本分析。Devlin 等^[29]进一步发展了根据与后代基因型相似性进行父性拆分的亲本分析法。目前,在植物群体中利用亲本排除法进行父本分析成功的例子较多^[17,30~33]。

2 同工酶在林木群体基因流和父本分析上的研究进展及优缺点

父本分析作为直接估算基因流的方式,可以对群体内花粉流动距离的变化以及来自群体外的花粉量作出估算。由于从每棵树上采集的种子中父本和母本的基因各占 50%,这样就有足够的遗传变异对雄性亲本进行明确的鉴定^[34]。利用同工酶多态位点估计母树上种子的父本,这种方法的估算能力一般随着组群体内个体数量的减少和可利用的同工酶位点数的增加而增强^[35]。

在林木群体中关于基因分布模式的一般性结论很少,从已报道的有效花粉分布结果来看,父本交配成功率呈现出随与母株距离的增加而减小的趋势^[2,36]。Müller^[11]对一个 120 a 林龄的欧洲赤松(*Pinus sylvestris* Linn.) 林分花粉的有效分布研究结果显示,具有标记父本授精产生的子代比例随着与母本距离的增加按指数减少。Shen 等^[37]用同工酶研究欧洲赤松种子园的花粉传播时发现,在标记植株下风方向 10 m 范围内的树木要比 10~20 m 范围内的树木接受到标记花粉而授精成功率大。Yazdani^[38]用同样的方法在 100 年生的欧洲赤松母树林内发现,随着距离的增加,有标记的子代比例迅速降低。Prat^[39]在花旗松种子园中选择 3 个无性系单株研究了有效花粉传播距离发现,当有效花粉传播范围被看作椭圆形且传播距离为 20~30 m 时,有效花粉的估测效果最佳。张冬梅等^[40]利用同工酶对油松无性系种子园种子的父本定量分析结果表明,种子园内花粉的有效传播范围一般在半径 30 m 范围内。但 Lindgren 等^[41]对欧

洲赤松的研究表明花粉可以传播数百公里。显然,同工酶以其操作简单和分析费用较经济的优势,在估算群体基因流和父本分析上有很大潜力。然而,仍有它的缺点。

张冬梅等^[40]对辽宁兴城油松(*Pinus tabulaeformis* Carr.)种子园进行父本分析时,统计了建园49个无性系的7种酶(GOT、LAP、ACP、SKD、PGM、IDH、PGD)在9个位点上的基因型,通过比较各无性系与其它48个无性系的基因型,得出无性系间在每个位点上具有相同基因型的情况(见表1),表1结果表明,2352个对比组合中,在9、8和7个酶位点上基因型完全相同的分别占0.5%、2.6%和9.7%;依次在4、3和2个酶位点基因型相同的无性系分别占21%、7.7%和1.1%。而在5个酶位点上基因型相同的组合最多,占31.8%,6个酶位点上基因型相同的组合次之,共601个,占25.6%,从这个结果来看,超过50%的无性系在5~6个酶位点上产生的配子相同。也就是说,根据同工酶估算出的近交和自交率一定程度上反映的是酶谱上一样的无性系间的交配,从而高估了自交率和近交率。因此,利用同工酶进行基因流和父本分析仍有一定局限性。

表1 49个无性系在9个酶位点上具有相同基因型的组合

无性系	位点数	无性系	位点数	无性系	位点数	无性系	位点数
1#	0 1 3 17 14 10 2 1	14#	0 2 9 17 12 7 0 1	27#	2 1 2 15 19 7 2 0	40#	0 1 5 15 19 6 1 1
2#	0 2 4 14 15 11 2 0	15#	0 0 0 9 18 17 4 1	28#	0 0 1 7 15 21 4 0	41#	0 2 3 8 19 11 5 0
3#	0 2 3 12 17 12 2 0	16#	0 0 2 5 14 14 12 0	29#	0 1 7 12 20 5 3 0	42#	0 5 8 11 14 9 1 0
4#	0 0 1 3 16 14 14 0	17#	0 0 7 18 14 6 3 0	30#	2 1 2 15 19 7 2 0	43#	0 3 4 17 15 5 4 0
5#	0 0 6 14 15 12 1 0	18#	0 0 4 14 10 12 8 0	31#	0 1 6 20 12 8 0 1	44#	0 1 7 15 17 7 1 0
6#	0 5 13 12 15 2 1 0	19#	0 0 2 8 18 17 3 0	32#	0 0 1 8 14 19 7 0	45#	0 0 6 12 21 7 1 1
7#	0 0 0 6 15 18 9 0	20#	0 3 5 16 14 9 1 0	33#	0 3 9 12 13 8 3 0	46#	2 3 8 17 10 7 1 0
8#	0 1 3 21 17 5 0 1	21#	2 3 8 17 10 6 2 0	34#	0 0 0 5 12 14 14 3	47#	0 0 0 1 9 15 4 9
9#	0 3 1 10 17 14 3 0	22#	0 2 8 15 14 6 3 0	35#	0 1 7 14 14 11 1 0	48#	0 3 7 8 15 11 2 1
10#	0 1 4 14 15 13 1 0	23#	0 0 7 12 15 10 4 0	36#	0 0 4 8 15 13 5 1	50#	0 0 4 8 17 14 5 0
11#	2 1 2 15 18 7 2 0	24#	0 1 10 14 15 7 1 0	37#	0 2 6 7 17 12 4 0		
12#	0 0 5 14 16 9 3 1	25#	0 0 4 10 19 12 3 0	38#	2 3 8 17 10 6 1 0		
13#	0 1 0 22 12 6 0 0	26#	0 0 0 2 8 18 15 5	39#	0 2 6 18 18 3 1 0		

同工酶是最早用于定量父本分析的分子标记,然而,在大多数居群中,同工酶所揭示的变异只能部分地确定父本^[22]。因为父本分析的可靠性还取决于对群体中子代不可能父本的排除能力(EP的大小)^[27]。EP一般随标记的多态性位点和等位基因数的增加而提高。Adams^[4]通过对一个自由交配群体的父本分析发现,EP的平均值与多态位点数目之间呈“S”形的递增关系。假定所有位点都是独立的,且2个双显性等位基因的频率都为0.5,那么,从二倍体子代推断出父本,需要12个多态位点才能获得超过90%的平均EP值。若从单倍体花粉推断针叶树种种子的父本,那么相同水平的排除率要求的多态位点数目会减少,9个酶位点即达到90%的平均EP,17个位点达到99%的平均EP值。然而,在林木群体研究中,同工酶的高多态性位点较少,经常是一个等位基因占优势,而另一个或几个等位基因以低频出现。在这种情况下,通过二倍体子代决定亲本就需要13个位点才能获得90%以上的平均EP值,而从单倍体花粉推断父本需要12个位点。在父本分析的研究中,准确推断父本的可能性既取决于EP的大小,又与群体内可能父本的多少有关。根据张冬梅等^[40]对油松种子园的父本分析研究结果,有36%~52%种子的父本不明确。这种情况一方面可以解释为同工酶方法的局限性,可

供利用的多态位点尚少。因此,有必要考虑使用 RFLPs, RAPD 和 SSR 等分子标记手段,增加多态位点的数目及 EP 值,以改善分析结果。近年利用核共显性“微卫星”对栎树(*Quercus* spp.)^[31, 32, 42]父本分析和用叶绿体“微卫星”对欧洲冷杉(*Abies alba* Mill.)^[43]的父本分析研究表明,高多态性分子标记在父本分析上有很大潜力。另一方面,父本分析只适用于隔离的群体,且适合于群体内所有可能的亲本的基因型都能鉴别的情况,当植物居群在空间上被隔离成小群体,候选父本的数目很小时,同工酶所揭示的变异就能充分地多数种子较明确地确定父本^[44]。目前,利用同工酶为大多数种子明确无误地确定父本在林木群体中还未见报道。因为要把林木群体与外界隔离很难,在父本分析过程中就要从数据中尽可能排除可以鉴定的种子园外花粉的污染,使保留下来的数据适合于父本分析的要求,并假定在减少的样本中所有子代都来源于研究领域内的亲本^[35, 45]。

3 分子标记在林木群体父本分析上的展望

随着分子标记技术的应用, DNA 分子标记如 RAPD, AFLP, SSR 等的发展,为研究植物居群基因流动模式及父本分析提供了有利的工具,在植物群体中相继开展了对榕属植物(*Ficus*)^[17]、大果栎(*Quercus macrocarpa* Michx.)^[31, 32]、*Persoonia mollis* 天然群体^[46, 47]、八甲田山冷杉(*Abies mariesii* Mast.)^[48]、欧洲冷杉^[43]及辐射松(*Pinus radiata* D. Don)^[49]父本分析的研究。Dow and Ashley 利用“微卫星”(Microsatellites)标记,在一个大果栎林分中,对随机取样的 100 粒种子的父本分析发现,62 棵成年树中至少有 58 棵可以通过排除法鉴定出父本的可能性。第二年他们继续利用“微卫星”在该林分中选择 3 棵成年树并采集了 282 颗橡实进行了父本分析,发现至少有 57% 的橡实是由林分以外的花粉授精形成的,并认为在林分内平均授粉距离为 75 m。同时还发现林分中 3 棵采种母树中有 2 棵其周围的花粉是随机分布的,而且这 2 棵母树接受 50 m 范围的花粉要比邻株的花粉多得多。这些研究多集中在群体基因流动水平的估算及父本分析方法的探讨上。

近来,应用父本分析来解决热带树种群体基因流动与繁殖式样等问题的研究也在不断增加^[30, 50, 51]。定量父本分析不仅可以估算花粉的扩散距离,对判断性选择适合度有重要的理论意义。新西兰的辐射松育种计划,利用 DNA 标记进行了父本分析,据对父母本双亲的了解成功地控制授粉,获得了最大的遗传增益^[52]。目前,定量父本分析用于研究亲本交配亲和性和选择性受精,是比较理想的一种方法,逐渐受到育种界的重视。

在我国,利用遗传标记对林木直接进行父本分析的研究很少,仅见陈小勇和宋永昌^[19]利用同工酶对青冈(*Cyclobalanopsis glauca* (Thunb.) Oerst.)天然种群幼苗的亲本分析。而在针叶树种中,利用父本分析进行交配亲和性及选择性受精的研究,仅见张冬梅等^[40]对油松种子园的初步研究,利用分子标记直接检测花粉在子代的分布,通过多次重复实验较准确地判断选择性受精的程度,并明确亲本间有无特定交配组合,目前研究还在进行中。在理论上,可以回答一些尚未解决的问题,如:母本对哪些花粉有选择性?群体内不同的无性系和无性系中不同植株个体交配成功率的差异有多大?等等。同时,在父本分析的基础上,有目标地研究花粉在胚珠中的发育行为,在球果发育的不同时期测定并寻找识别蛋白,明确选择性发生的主要时期和表现,阐明产生性选择的因素,有可能使裸子植物受精前花粉的识别和选择机理研究获得重要进展,为控制选择性发生的基因定位研究奠定理论基础。在生产上,研究成果可以对无性系再

选择及高世代种子园的营建提供科学依据。

参考文献:

- [1] Ledig F T. An analysis of methods for the selection of trees from wild stands[J]. Forest Sci, 1974, 20(1): 2~ 16
- [2] Levin D A, Kerster H W. Gene flow in seed plants[J]. Evol. Biol, 1974, 7(1): 139~ 220
- [3] Hamrick J L, Schnabel A. Understanding the genetic structure of plant populations; some old problems and a new approach[A]. In: Gregorius H R. Lecture Notes in Biomathematics 60: Population Genetics in Forestry[R]. Springer Verlag, Berlin. 1985. 50~ 70.
- [4] Adams W T, Birkes D S, Erickson V J. Using genetic markers to measure gene flow and pollen dispersal in forest tree seed orchards [A]. In: Wyatt R. Ecology and Evolution of Plant Reproduction: New Approaches[R]. Chapman and Hall, New York, 1992a
- [5] Ties S A. Agents concerned with natural crossing com[J]. Agron J, 1953, 45(3): 481~ 484
- [6] Sindu A S, Singh S. Studies on the agents of cross pollination of cotton[J]. Indian Cotton Grow Rev, 1961, 15(3): 341~ 353
- [7] Schlising R A, Turpin R A. Hummingbird dispersal of *Delphinium cardinale* pollen treated with radioactive iodine[J]. Am J Bot, 1971, 58(3): 401~ 406
- [8] Reincke D C, Bloom W L. Pollen dispersal in natural populations: a method for tracking individual pollen grains[J]. Syst Bot, 1979, 4(2): 223~ 229
- [9] Wang C W, Perry T O, Johnson A G. Pollen dispersion of Slash Pine (*Pinus elliotii* Engelm.) with special reference to seed orchard management[J]. Sil Genet, 1960, 4(1): 78~ 86
- [10] Silen R R. Pollen dispersal considerations for Douglas fir[J]. J Forestry, 1962, 60(6): 790~ 795
- [11] Müller Starck G. Cross-fertilization in a conifer stand inferred from enzyme gene markers in seeds[J]. Sil Genet, 1977, 26(2): 223 ~ 226
- [12] Takahata N, Slatki M. Mitochondrial gene flow[A]. Proceedings of the National Academy of Sciences of USA[C]. 1984, 81(12): 1764~ 1767
- [13] Meagher T R, Thompson E. The relationship between single parent and parent pair genetic likelihoods in genealogy reconstruction [J]. Theor Pop Biol, 1986, 29(1): 87~ 106
- [14] Ellstrand N C. Gene flow among seed plant populations[J]. New Forests, 1992, 6(2), 241~ 256
- [15] Milligan B G, McMurray K C. Dominant vs codominant genetic markers in the estimation of male mating success[J]. Mol Ecol, 1993, 2(2): 275~ 283
- [16] Finkeldey R. Homogeneity of pollen allele frequencies of single seed trees in *Picea abies* (L.) Karst. Plantations[J]. Hered, 1995, 74(3): 451~ 463
- [17] Nason J D, Herre E A, Hamrick J L. Paternity analysis of the breeding structure of stranger fig populations; evidence for substantial long distance wasp dispersal[J]. J Biogeogra, 1996, 23(4): 501~ 512
- [18] Stacy E A, Stacy E A, Hamrick J L, et al. Pollen dispersal in low-density populations of three neotropical tree species[J]. Am Nat, 1996, 148(2): 275~ 298
- [19] 陈小勇, 宋永昌. 自然定居青冈幼苗的亲本分析[J]. 武汉植物学研究, 2000, 18(3): 174~ 180
- [20] McMauley D E. The use of chloroplast DNA polymorphism in studies of gene flow in plants[J]. Trend Ecol Evol, 1995, 10(2): 198 ~ 202
- [21] Latta R G, Linhart Y B, Fleck D, et al. Direct and indirect estimates of seed versus pollen movement within a population of ponderosa pine[J]. Evol, 1998, 37(1): 79~ 85
- [22] Meagher T R. Analysis of paternity within a natural population of *Chamaedirium Leuteum*. I. Identification of most likely male parents [J]. Am. Nat, 1986, 128(2): 199~ 215
- [23] Snow A A, Lewis P O. Reproductive traits and male fertility in plants—Empirical approaches[J]. Ann Rev Ecol Sys, 1993, 24(2): 331~ 351
- [24] Adams W T, Birkes D S. Mating patterns in seed orchards[A]. In: Proc 20th South For Tree Improv Conf[C], Charleston, South Carolina, 1989, 75~ 86

- [25] Wheeler N C, Jech K S. The use of electrophoretic markers in seed orchard research[J]. *New Forests*, 1992, 6(2): 311~ 328
- [26] 何田华, 葛颂. 植物居群交配系统、亲本分析与基因流动研究[J]. *植物生态学报*, 2001, 25(1): 166~ 174
- [27] Chakraborty R, Meagher T R, Smous P E. Parentage analysis with genetic markers in natural populations. 1. The expected proportion of offspring with unambiguous paternity[J]. *Genetics*, 1988, 118(3): 527~ 536
- [28] Marshall T C, Skate J, Kruuk L E, et al. Statistical confidence for likelihood based paternity inference in natural population[J]. *Mol Ecol*, 1998, 7(5): 639~ 655
- [29] Devlin B K, Roeder K, Ellstrand N C. Fractional paternity assignment, theoretical development and comparison to other methods[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1988, 76(3): 369~ 380
- [30] Chase M, Kesseli R, Bawa K. A microsatellite markers for population and conservation genetics of tropical trees[J]. *American Journal of Botany*, 1996, 83(1): 51~ 57
- [31] Dow B D, Ashley M V. Microsatellite analysis of seed dispersal and parentage of saplings in Bur oak, *Quercus macrocarpa* [J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 91(1): 137~ 141
- [32] Dow B D, Ashley M V. High levels of gene flow in Bur oak revealed by paternity analysis using microsatellites[J]. *J Hered*, 1998, 89(1): 62~ 70
- [33] Krauss S L. Complete exclusion of nonsires in an analysis of paternity in a natural plant population using amplified fragment length polymorphism(AFLP)[J]. *Mol Ecol*, 1999, 8(2): 217~ 226
- [34] Smith D B, Adams W T. Measuring pollen contamination in clonal seed orchards with the aid of genetic markers[A]. In: Proc 17th Southern Forest Tree Improvement Conf[C]. Georgia, 1983, 69~ 77
- [35] Neale D B. Population genetic structure of the Douglas fir shelterwood regeneration system in southwest Oregon[D]. Oregon State Univ, Corvallis, Oregon, USA 1984
- [36] Whitehead D R. Wind pollination: some ecological and evolutionary perspectives[A]. In: Real L. Pollination Biology[M]. New Jersey: Princeton University Press, 1983, 97~ 108
- [37] Shen H H, Rudin D, Lindgren D. Study of the pollinated pattern in a Scots Pine seed orchard by means of isozyme analysis[J]. *Sil Genet*, 1981, 30(1): 7~ 15
- [38] Yazdani R, Lindgren D, Stewart S. Gene dispersion within a population of *Pinus sylvestris* [J]. *Scand J For*, 1989, 4(2): 295~ 306
- [39] Prat D. Mating system in *Pseudotsuga menziesii* seed orchard: Effective pollen distribution[J]. *Am Sci For*, 1995, 52(2): 213~ 222
- [40] 张冬梅, 沈熙环, 何田华, 等. 利用同工酶对油松无性系种子进行父本分析[J]. *植物生态学报*, 2001, 25(2): 165~ 173
- [41] Lindgren D, Ladislav P, Shen X H, et al. Can viable pollen carry Scots pine genes over long distances? [J]. *Grana*, 1995, 34(1): 1~ 6
- [42] Lexer C, Streiff R, Steinkellner H, et al. Vaterschaftstests für Bäume mit Mikrosatelliten[J]. *Oesterr Forstztg*, 1997, 108(1): 43~ 44
- [43] Ziegenhagen B, Scholz F, Madaghiale A, et al. Chloroplast microsatellites as markers for paternity analysis in *Abies alba* [J]. *Can J For Res*, 1998, 28(2): 317~ 321
- [44] Broyles S B, Wyatt R. Effective pollen dispersal in a natural population of *Asclepias exaltata*: the influence of pollinator behavior, genetic similarity, and mating success[J]. *Amer Nat*, 1990, 138(9): 1239~ 1249
- [45] Hamrick J L, Murawski D A. The breeding structure of tropical tree populations[J]. *Plant Species Biol*, 1990, 5(1): 157~ 165
- [46] Krauss S. L. Peakall R. An evaluation of AFLP fingerprinting technique for the analysis of paternity in natural populations of *Persoonia mollis* (Proteaceae) [J]. *Aust J Bot*, 1998, 46(3): 533~ 546
- [47] Krauss S L. Patterns of mating in *Persoonia mollis* (Proteaceae) revealed by an analysis of paternity using AFLP: implication for conservation[J]. *Aust J Bot*, 2000, 48(3): 349~ 356
- [48] Tsumura Y, Taguchi H, Suyama Y, et al. Geographical cline of chloroplast DNA variation in *Abies mariesii* [J]. *Theor Appl Genet*, 1994, 89(6): 922~ 926
- [49] Kent J, Richardson T E. Fluorescently labeled, multiplexed chloroplast microsatellites for high throughput paternity analysis in *Pinus radiata* [J]. *New Zealand Journal of Forestry Science*, 1997, 27(3): 305~ 312

- [50] Nason J D, Hamrick J L. Reproductive and genetic consequences of forest fragmentation: two studies of neotropical canopy trees[J]. Journal of Heredity, 1997, 88(2): 264~ 276
- [51] Aldrich P, Hamrick J L. Reproductive dominance of pasture trees in a fragmented tropical forest mosaic[J]. Science, 1998, 281(1): 103~ 105
- [52] Vincent T G. Radiata pine tree breeding[J]. New Zealand Tree Grower, 1997, 18(1): 21~ 24

Advances in Gene Flow and Paternity Analysis of Forest Population

*ZHANG Dong-mei*¹, *SHEN Xi-huan*², *ZHANG huaxin*³, *SHEN Jie-mei*⁴

(1. Research Institute of Wood Industry, CAF, Beijing 100091, China; 2. Beijing Forestry University, Beijing 100083, China;

3 Research Institute of Forestry, CAF, Beijing 100091, China;

4. The Wild Animal Saving Center of Henan Province, Zhengzhou 450044, Henan, China)

Abstract: Gene flow is an important factor influencing the genetic structure of plant populations. Paternity analysis can be used to measure gene flow directly, it could provided the foundation for understanding the degree of gene flow among populations or generations and the sexual selection fitness, for guidance to the designation and management for seed orchard. The advances of gene flow and paternity analysis in forest population recent years were reviewed, and the limitation of paternity analysis making use of enzyme marker in a seed orchard was discussed.

Key words: forest tree; poplation; gene flow; paternity analysis