

第一章 前言

1.1. 遗传多样性概念

生物多样性(biodiversity)被定义为生命有机体及其与环境组成的生态复合体的变异和多样性[1]，也就是说生物多样性是指所有生物种内的遗传变异及其生存环境的总称[2]。所有来源的生物体变异性包括四个层次：遗传的多样性、物种的多样性、生态系统的多样性以及景观的多样性。它涵盖了生物多样性的现状、形成、评价和保护，以及生物多样性消失的原因及其对未来的影响。

1.2. 环境因子对遗传多样性的影响

在地球表面现存生物的分布格局表明，生物的分布并不是随机的。这种非随机的分布格局是过去发生事件(如物种发生、扩散、隔离进化等)产生的结果。生物多样性的分布格局与地史上的气候波动以及生境改变有很大关系。然而，不同生物所处的分布区域的地理特征、物种的扩散能力和繁殖能力等因素的差异，使得生物遗传多样性分布格局和演化规律的研究结果会因研究对象和研究区域而异[1]。

环境因子在物种的进化中起了很重要的作用[3]，物种的分布、生理、行为及遗传结构都会受到环境的影响。自然选择直接作用于基因或基因型上，表型通常受基因型影响，因此自然选择直接反映在个体表型上[4]。为适应自然选择，个体基因型的比例会产生差异。工业化后白桦尺蛾翅膀颜色的变化证实了环境因素可以通过对基因频率的影响从而影响表现型[5]。同一种生物处在不同的地理环境中，种群的遗传多样性也会发生明显地理变异[6]。而这种地理变异往往与地理差异中海拔、温度、经纬度相关[7]-[9]。例如山茶(*Camellia japonica*)的遗传多样性与经度正相关[10]，冬虫夏草(*Cordyceps sinensis*)的遗传多样性与纬度正相关[11]，中缅树鼩(*Tupaia belangeri*)头骨形态差异与降水量及温度相关[12]。

1.3. 分子生态学主要研究内容

在对生物进化的研究中，利用实验及数学模型对种群内的基因突变、自然选择和随机遗传漂变等进行分析，即种群遗传学[13] [14]。在分析自然种群是否经历扩张或瓶颈效应，主要分析基因流、遗传多样性、遗传结构等。在自然种群中，通常大的种群比小的种群有更高的遗传多样性[15]。若一个大的种群遗传多样性较低，可能是经历了瓶颈效应。

溯祖理论(coalescent theory)认为在特定的群体内，种群内所有等位基因都来自于同一个祖先。溯祖理论是探讨种内或近缘种基因谱系的数学统计和方法[16]-[18]，是基因漂变的反向理论。奠基者效应(founder effect)指当只由少数个体发展为群体时，这类群体中带有亲代部分遗传信息的个体是

不能够反映群体的所有遗传信息，从而导致群体虽然数量增加，但由于没有与种内群体交配繁殖，使得新群体遗传多样性较低。基因流的大小、类型和频率直接影响物种遗传多样性的特征，在小进化中起重要作用[19]。小群体的遗传特征容易受到遗传漂变、近交和本地选择的影响[20] [21]。若群体中存在广泛的基因流，会减少遗传漂变的影响，则群体的遗传结构较稳定[22]；反之，群体内基因交流较少会导致近交或本地选择，即使一个连续分布的群体也会出现遗传分化[23]。

生物多样性保护作为保护生物学的核心内容，其最重要的部分是遗传多样性，生物多样性中的遗传多样性对物种的存活能力及繁殖能力有直接的影响[24] [25]。在保护生物学的研究中，重点要掌握保护对象的遗传多样性及可进化能力[26]。

1.4. 微卫星的研究进展

微卫星 DNA 被称为短串联重复(STR)或者称为简单序列重复(SSR)[27]，是由 1 - 6 个重复单位组成的简单多次串联重复序列，大部分微卫星长度小于 200 bp，微卫星的重复程度和重复次数不同会影响微卫星位点的多态性。微卫星位点具有高度可变性、共显性、易于检测和数据易于分析等优点，其逐渐成为了分子生态学和进化生物学研究中常用的遗传标记之一[28]。

微卫星 DNA 序列为中性进化，有很高的突变，多态的数量与总突变成正比，且造成的序列长度的变化可在不同种群中体现，使得微卫星 DNA 作