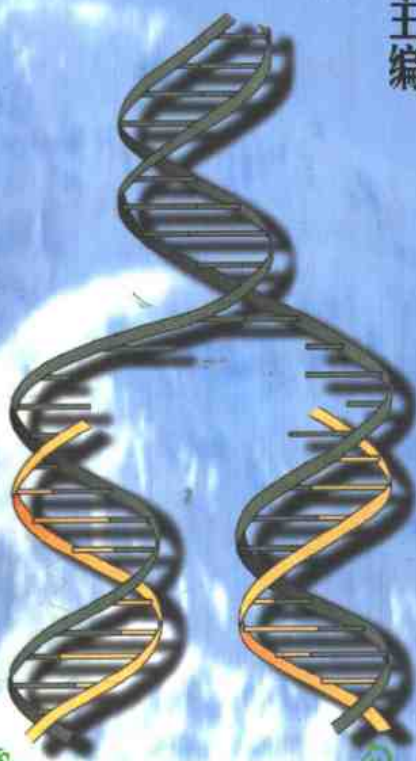


分子生态学理论、 方法和应用

祖元刚 孙梅 康乐 主编



CHEP

高等教育出版社



Springer

施普林格出版社

分子生态学

理论、方法和应用

祖元刚 孙 梅 康 乐 主编



CHEP

高等教育出版社



Springer

施普林格出版社

(京) 112 号

图书在版编目(CIP)数据

分子生态学理论、方法和应用 / 祖元刚主编. - 北京: 高等教育出版社;
海德堡: 施普林格出版社, 1999.8

ISBN 7-04-007758-2

I. 分… II. 祖… III. 分子-生态学 IV. Q14

中国版本图书馆 CIP 数据核字(1999)第 31489 号

书 名 分子生态学理论、方法和应用

作 者 祖元刚 孙 梅 康 乐

出版发行 高等教育出版社 施普林格出版社

社 址 北京市东城区沙滩后街 55 号 邮政编码 100009

电 话 010-64054588 传 真 010-64014048

网 址 <http://www.hep.edu.cn>

经 销 新华书店北京发行所

印 刷 北京民族印刷厂

开 本 880 × 1230 1/32

印 张 7.5

字 数 220 000

插 页 1

版 次 1999 年 8 月第 1 版

印 次 1999 年 8 月第 1 次印刷

定 价 20.00 元

©China Higher Education Press Beijing and Springer-Verlag Heidelberg 1999

版权所有 侵权必究

主编简介

祖元刚 博士,45岁,东北林业大学森林植物生态学(教育部)开放研究实验室主任,教授,博士生导师
电话:0451-2190871 传真:0451-2102082
E-mail: zygorl@public.hr.hl.cn

孙 梅 博士,43岁,香港大学动物学系,教授,博士生导师
电话:00852-2857-1944 传真:00852-2559-9114
E-mail: meisun@hkucc.hku.hk

康 乐 博士,40岁,中国科学院生命科学与生物技术局副局长,研究员,博士生导师
电话:010-68597550 传真:010-68597552
E-mail: Lkang@panda.in.ac.cn

撰稿人名单

(第一作者,以所撰文稿出现先后排序)

- 祖元刚 东北林业大学,教授,博士生导师(哈尔滨,150040)
张树义 中国科学院动物所,博士,研究员(北京,100080)
E-mail:zhangshy@iucn.cn.net
- 崔继哲 哈尔滨师范大学,博士,副教授(哈尔滨,150080)
魏 伟 中国农业大学生物技术室,博士后(北京,100094)
E-mail:weiw@btd.com.bta.net.cn
- 张民照 中国科学院动物所,博士(北京,100080)
E-mail:mzzhang@pubms.pku.edu.cn
- 刘洪灿 中国科学院微生物研究所,硕士(北京,10080)
Mei Sun University of Hong Kong,教授,博士生导师(香港)
于景华 东北林业大学,硕士(哈尔滨,150040)
E-mail:jinghua@mail.hr.hl.cn
- Xuhua Xia** University of Hong Kong,副教授(香港)
E-mail:xxia@hkusua.hku.hk
- 陈晓峰 中国科学院动物所,副研究员(北京,100080)
E-mail:chenxf@panda.ioz.ac.cn
- 李海英 黑龙江大学,博士后,副教授(哈尔滨,150080)
颜廷芬 东北林业大学,博士(哈尔滨,150040)
E-mail:yantf@mail.hr.hl.cn
- 何田华 北京大学,博士(北京,100871)
E-mail:thhe@tiger.bio.pku.edu.cn
- 高亦珂 东北林业大学,博士后(哈尔滨,150040)
E-mail:gaoyk@263.net
- 陈小勇 华东师范大学,博士,副教授(上海,200062)
E-mail:xychens@public4.sta.net.cn
- 毛子军 东北林业大学,博士,教授(哈尔滨,150040)

目 录

分子生态学的形成与发展	祖元刚, 颜廷芬, 于景华(1)
分子行为生态学——一个正在兴起的交叉学科	张树义, 李明, 张艳等(17)
分子水平遗传多样性的进化——中性突变还是自然选择	崔继哲, 祖元刚(30)
由分子生态学的研究结果引发的对分子进化理论再思考	魏伟, 赵君(41)
动物杂交带研究进展	张民照, 康乐(52)
极端环境分子微生物生态学	刘洪灿, 徐毅, 周培瑾(67)
Molecular Ecology: Approaches and Applications	Mei Sun(80)
分子生态学软件研究体系的构建	于景华, 祖元刚(119)
Computer Program for Estimating the Frequency of Litters with Multiple Paternity by Using Molecular Data	Xuhua Xia(136)
种群基因交流的分析方法	陈晓峰, 栗士朋(152)
应用高效毛细管电泳技术检测豚草聚合酶链式反应(PCR)产物	李海英, 石福臣, 周福军等(159)
高山红景天 RAPD 扩增片段多态位点的分布与分化的研究	颜廷芬, 阎秀峰, 周福军等(167)
濒危植物木根麦冬遗传结构与交配系统的研究	何田华, 饶广远, 尤瑞麟(177)
东北地区天然白桦种群遗传结构的 RAPD 分析	高亦珂, 聂绍荃, 祖元刚(196)
红树植物种群遗传与进化	陈小勇(206)
西伯利亚落叶松和苏氏落叶松等位酶的比较研究	毛子军, 颜廷芬, 周福军等(217)

分子生态学的形成与发展

Formation and Development of Molecular Ecology

祖元刚 颜廷芬 于景华

(东北林业大学森林植物生态学(教育部)开放研究实验室,哈尔滨 150040)

摘 要:介绍分子生态学形成的科学背景、基本概念、技术方法及其在植物种群研究中的应用;分析分子生态学研究现状及发展趋势。分子生态学是群体遗传学、分子生物学和遗传生态学迅速发展、相互结合的必然产物。分子生态学应用现代分子生物学的原理、技术和方法,研究生命系统与环境系统相互作用的分子机制,发展前景十分广阔。

关键词:分子生态学,基本概念,技术方法,应用,发展

前 言

现代生命科学在 20 世纪末期迅速向微观和宏观两个方向发展,并相应出现了两个带头学科:分子生物学和生态学。分子生物学是物理学、化学与生物学交叉而形成的一门新兴学科,作为研究核酸和蛋白质等生物大分子的形态、结构特性、重要性和相互关系规律的科学,成为人类从分子水平上揭开生命一致性奥秘的基础学科。生态学作为研究生命系统与环境系统相互关系和相互作用规律的科学,成为人类从不同层次探索生物多样性及生态适应与进化奥秘的基础学科。

虽然生态学在近 30 年来有了长足发展,已经从一个传统的、经验性和定性描述的学科发展成为一个用现代化理论与高技术武装起来的多学科渗透与交叉的现代化庞大学科。经典的生态学研究生物及其与环境之间的关系,把生态学研究对象的层次划分为个体、种群、群落和

生态系统等层次,这已经与现代生物学的发展不相适应。随着科学技术的发展和研究的深入,生态学所涉及的层次向微观与宏观方向两极发展,进行不同层次与尺度的综合与系列化研究,因此,更多的学者认为,生态学是研究生命系统及其与环境之间相互关系的一门科学,生态学研究对象的层次系统应该涵盖基因、细胞器、细胞、组织、器官、个体、种群、群落、生态系统、景观、生物圈、地球乃至宇宙,环境系统相应地包括核内环境、胞内环境、体内环境、体外环境、小生境、生境和环境。

20 世纪 50 年代以来,生化分析,特别是蛋白质和核酸分析技术的提高,使得在分子水平上阐述生命活动的规律成为可能。随着分子生物学实验技术日趋成熟,人们能够更容易地在微观的、更真实直接的水平上了解生物体之间的联系和差异。另外,由于实验设备和实验手段的不断提高、改进,分子生物学实验已被普通实验室接受,这使得近年来国内外许多实验室相继把本领域的研究工作深入到了分子水平。

做为—门具有普适性的微观带头学科,分子生物学强烈地向生命科学的几乎全部分支强烈渗透,生态学也渴望获得精确的、分子水平的生态机理,在这种趋势下,现代生态学与分子生物学研究形成了强有力的交叉和渗透,从而酝酿了—门崭新的学科——分子生态学。分子生态学大量使用分子生物学先进的技术和方法,在分子水平上研究生态现象,阐明生态现象的分子机制,在其刚刚诞生就得到了应有的关注。

1. 分子生态学产生的科学背景

1.1 群体遗传学的发展为分子生态学的产生奠定了坚实的遗传学理论基础

群体遗传学是以孟德尔所发现的遗传规律与数理统计学方法相结合而产生的。1908 年 Hardy - Weinberg 定律的发表为群体遗传学的诞生奠定了坚实的理论基础,而其后的二十几年中,R. A. Fisher, J. B. S. Haldant 和 Sewall Wright 等人研究出了孟德尔遗传规律的群体结果,阐明了群体遗传变化中的基本数学理论,建立起了群体遗传学理论体系的基本框架。进入 60 年代以后,随着人们逐步认识到 DNA 是生命的遗传物质,蛋白质是基因的初级产物,以及同工酶(isozyme)凝胶电泳

技术和各种 DNA 分析技术的相继产生,群体遗传学研究已不仅局限于生物的表面性状而是真正深入到生物内部,通过检测分析生物本身的遗传组成及遗传结构的差异探讨遗传变异及其规律。随着各种检测手段的不断改进和完善,相应地形成了各自的分析方法及分析软件,计算机技术在群体遗传学中的应用逐渐代替了复杂的手工运算,使群体遗传学进一步得到了发展,群体遗传学的发展为分子生态学的产生准备了充实的理论基础。

1.2 生态学和分子生物学的发展与结合为分子生态学的产生找到了合适的生长点

生态学作为一门研究生物与环境、生物与生物之间关系的科学,在其 100 多年的发展历程中,已经发展为一门世人瞩目的、多学科交叉的综合性学科,相继产生了个体生态学、种群生态学、群落生态学以及遗传生态学、生理生态学、生殖生态学、数学生态学等不同层次、不同方向的分支学科。从现代生态学的发展过程分析,我们不难看出现代生态学有以下特点:①从野外调查转向室内实验,传统的生态学研究是以自然生态系统为研究对象的,研究多因子作用结果,而现代生态学已发展成为应用现代科学技术建立的受控生态系统、微宇宙、人工模拟生态实验室等方法,在不破坏生物体及环境的情况下研究单因子及各因子相互作用对生物体产生的影响,分析生物在各种理想条件下发育的规律和适应对策,生态学研究进入了实验室阶段。②从定性描述发展为定量分析,生态学在其产生后相当长的一段时期内一直是一门描述性的科学,只有个体生态学研究可以定量分析,而群体生态学研究由于技术手段的限制难以进行定量分析,近年来由于电子、遥感等新技术的引入以及数学、物理学、系统学、工程学等学科向生态学的渗透,使群体生态学定量研究成为可能,生态学向更深入更精细的方向迈出了坚实的一步。③从个体研究转入群体研究,生态学研究重点已由传统的以生物个体为研究对象的个体生态学研究扩展到以生物群体为主要研究对象,在种群、群落、生态系统和景观的层次上研究生物与环境的相互作用关系,从而使生态学研究领域向更宏观的方向发展。④从宏观研究转入宏观与微观研究相结合,进入 90 年代以来,随着分子生物学技术

的发展,尤其是对遗传物质 DNA 的认识和分析手段的不断提高,使得生态学家们逐渐认识到,对于复杂的生态学问题的认识已不能仅局限于其宏观现象的描述,而是要深入到其内部,从生物本身的遗传特性去探索生物界的奥秘。

近几十年来分子生物学得到了迅猛的发展,20 世纪 50 年代, Watson 和 Crick 提出了 DNA 双螺旋模板学说,60 年代 J. Monod 和 F. Jacob 提出了基因调控的操纵子学说,70 年代发现的 DNA 限制性内切酶和 DNA 体外重组技术及近年来发展起来的 PCR 技术等使分子生物学研究方法日趋成熟,特别是蛋白质和核酸这些生命活动密切相关的生物大分子的检测技术水平的提高,研究人员可以更容易地在微观的直接分子水平上比较物种间及种内的差异,生物大分子结构和功能上的差异反映生物体的本质属性,对其进行研究可能从根本上阐明生命活动的基本规律,并且能很好地说明诸如遗传、进化、生殖、生理、系统发生等方面的问题,由于分子生物学实验技术的改进和提高,许多实验室相继把本研究领域的研究工作深入到了分子水平,从而产生了分子生物学与其他学科的交叉渗透,建立起了一些新兴的学科,如分子细胞生物学、分子进化生物学、分子免疫学、分子胚胎学等学科。分子生物学的发展带动了其他学科的进步,也为生态学研究开拓了更新的研究领域,利用分子生物学的原理与研究方法,通过对植物个体和种群的遗传组成及遗传结构的分析,结合影响植物生长发育的环境因子及生物本身的生物学特性,揭示影响种群动态的内外在因素,已成为生态学研究的热点问题。

1.3 遗传生态学的产生和发展进一步推动了分子生态学的产生和发展

遗传生态学研究的是自然种群对其生存环境的适应,以及这种适应对环境变化的遗传学反应机制。遗传生态学研究起步较早,在 19 世纪 20 年代初学科间的交叉渗透已成为现代生态学向前发展的巨大推动力。不断吸收其他学科成熟的理论、观点和方法,不断扩充新技术、新手段,必将促进遗传生态学的不断发展和完善,从而更好地解释适应的机制、种群多态性的作用、物种起源和种群分化的机制、生物抗药性进化以及对环境污染的反应、协同进化的本质、经济物种引种过程中的

生态学问题、生物多样性的保护和持续利用等重要问题。等位酶技术的应用极大地推动了遗传生态学的发展,PCR技术、DNA指纹技术、RAPD技术和RFLP技术的应用,使遗传生态学的研究进入了DNA水平,并促成分子生态学的产生。遗传生态学经过几十年的发展,已具有了一定的理论基础和比较成熟的研究方法。由于它的大部分原理和研究手段和分子生态学相似,也有人认为遗传生态学可能是分子生态学的最直接来源。

1.4 Molecular Ecology 杂志的创刊标志着分子生态学这门新兴学科的诞生

1992年,Molecular Ecology 杂志正式出版,使分子生态学成为一门世界瞩目的新兴学科,而这之前几十年来的许多学者在类似方面的研究工作对分子生态学的诞生起到了极大的推动作用。

2. 分子生态学的概念

目前,国内外学者对分子生态学概念的讨论很多,但由于具有不同研究背景、不同学科的学者对这一学科的理解和解释各有不同,至今尚未有一个明确的概念。1992年出版的Molecular Ecology 杂志的介绍上也仅仅谈到了分子生态学是研究分子生物学、生态学和种群生物学的界面问题,使用分子生物学的手段来研究自然和引进的种群与其环境的关系及重组生物释放的生态学意义。因此,正确理解分子生态学的概念,必须从研究对象入手进行分析。

2.1 分子生态学的研究对象

近年来,一些研究者根据自己的工作提出对分子生态学概念的不同认识。其中分歧最大的就是对分子生态学研究对象中“分子”一词的理解。分子本身是一个广泛的概念,包括无机分子、有机分子,有机分子包括生物活性分子和无生物活性分子,生物活性分子又可分为生物大分子和生物小分子(图1)。

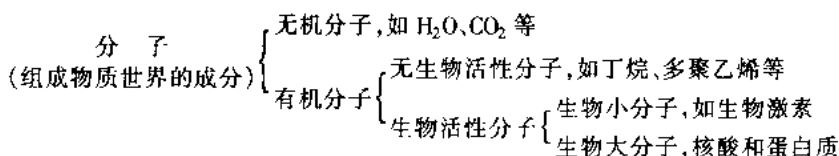


图1 分子的划分

应该明确的是,分子生态学是分子生物学与生态学的交叉融合产物,同时也是生态学在微观水平研究的方向,同种群生态学或群落生态学中“种群”和“群落”的概念一样,分子生态学中的“分子”是生命系统的一个层次,因而只能是生物大分子了。

另一个分歧是分子生态学研究对象中的“环境”。生物大分子所处的直接环境是核内或胞内环境,但它们与生物体内环境以及生物所处的宏观环境之间关系十分密切,这一点可以形成共识,所以分子生态学中的环境包括影响生物大分子的所有不同层次环境。另外,生物大分子直接接触的环境与传统意义上的环境有很大区别,因为其中包括了生物大分子之间的相互作用、生物小分子如激素等在信号传导过程中对生物大分子的作用等等。

2.2 分子生态学的研究内容

由于对分子生态学研究对象的不同认识,分子生态学的研究内容被泛化,如研究无机分子在地球物理化学循环中的变化,或者把应用生态学理论及分子生物学技术研究病毒等工作也划入分子生态学研究领域。根据分子生态学研究对象及研究手段,分子生态学的研究内容主要包括:种群在分子水平的遗传多样性及遗传结构,生物器官变异的分子机制、生物体内生物有机大分子响应环境变化的信息传导途径、生物大分子结构、功能变化与当前环境之间的关系(序列测定及序列分析)、生物大分子结构、功能演变与环境长期变化的关系以及其他生命层次生态现象的分子生态学机理等。

2.3 分子生态学的定义

面对分子生态学这一新兴学科,目前对其概念的讨论很多,由于具

有不同研究背景在不同学科关心着这个问题的人们对这个术语的解释不同,至今尚未有一个明确的概念。1992 年 *Molecular Ecology* 杂志的封面上也仅仅谈到了分子生态学是研究分子生物学、生态学和种群生物学的界面问题,使用分子生物学的手段来研究自然和引进的种群与其环境的关系及重组生物的生态学意义。

在国内,王业蓬(1984)首次提出分子生态学的概念,认为分子生态学就是研究生物与环境中的物理因素和化学因素的关系和影响及其机理与机制。这个概念以无机分子为研究对象,在范畴上还属于宏观生态学。向近敏等(1988)根据微生态学的发展提出了另一个分子生态学的概念,但在研究对象上以单细胞生物为主而不是以生物大分子为主,因此是广义的。

根据以上分析,笔者认为,分子生态学是应用现代分子生物学的原理、技术和方法,研究生命系统与环境系统相互作用的生态机理及其分子机制的一门科学,是生态学与分子生物学相互渗透而形成的一门新兴交叉学科,也是生态学的一门分支学科。

分子生态学的产生是 20 世纪生命科学发展的必然结果,它不仅是 20 世纪 90 年代生命科学的生长点之一,而且将成为 21 世纪生命科学的前沿领域。我们应该清醒地认识到,分子生态学并非是分子生物学技术在生态学领域的简单应用,它是分子生物学与生态学有机融合的产物,包含了生物形态、遗传、生理、生殖等各个水平上的协调适应机理和研究中的取样策略。

3. 分子生态学的研究手段和研究目的

分子生态学代表了一门新的学科,是生物学研究过程中宏观与微观的结合,其优势在于对生命现象的研究不仅了解了外界的作用条件,而且分析了内部的作用机制。所以,分子生态学的研究手段是以分子生物学技术为基础,应用现代生态学理论,并将最终形成自己的研究体系,其目的是提示生物大分子与环境变化之间的关系以及其他层次生态现象生物大分子水平的基础,最终目的则是揭示生命有机体对环境变化产生的分子水平的协调机理,其特点是强调生态学研究中的宏观与

微观的紧密结合。

目前分子生态学的研究手段主要有:等位酶技术、PCR 技术、DNA 序列测定与分析技术、VNTR 技术等。

3.1 等位酶技术(Allozyme)

等位酶是由单位点上等位基因编码的同工酶,由于酶谱与等位基因之间的明确的对应关系,使之成为一种十分有效的遗传标记。由于等位酶所检测到的是等位基因直接编码的蛋白,而且符合孟德尔遗传定律,大多呈共显性,所以比较容易分析。等位酶技术已成为近二十年来检测群体遗传结构及遗传多样性的最普遍研究方法之一,积累了十分丰富的资料,并形成了一整套采样及数据处理分析原则。其缺点是只能检测到编码蛋白的基因位点,所检测的位点数目也受酶电泳和染色方法所限,不可能很多,所以,一批酶位点的变异并不一定代表整个基因组的变异,而且一些非编码区的变异无法通过酶电泳技术检测出来。当更加有效的分子遗传标记被广泛应用后,大部分研究工作不再以等位酶标记为主,但仍然采用它作为辅助手段。

3.2 RFLP 技术

RFLP 技术是用特定的方法将核(n)DNA、叶绿体(cp)DNA、线粒体(mt)DNA 或者总 DNA 提取出来,用已知的限制性内切酶消化、电泳印迹,再用 DNA 探针杂交并放射自显影,从而得到与探针同源的 DNA 序列酶切后在长度上的差异。RFLP 是一种很有效的遗传标记,以叶绿体 DNA 的 RFLP 作为遗传标记来揭示种间关系或推断种上系统发育的研究方面应用较多。由于 RFLP 工作大、成本高,以及放射性标记所存在的安全问题,使其应用受到了一定的限制。

3.3 RAPD 技术

RAPD 技术是近年来发展起来的一种非常有效的分子生物学研究手段,利用聚合酶链式反应(PCR)机理,用一随机序列的单引物扩增植物的总 DNA,产生的扩增产物利用琼脂糖或聚丙烯酰胺凝胶电泳方法检测,从而得到植物基因的多样性。RAPD 的主要特点是不必了解生物本身的遗传背景,不需放射性标记,对 DNA 模板的浓度及纯度要求

不是很高,而且检测的是整个基因组的变异。RAPD 标记符合孟德尔遗传规律,大多数是显性遗传。由于 RAPD 技术操作简便,成本较低,而且相当有效,所以一经产生便受到了众多研究者的重视,并得到了广泛的应用。

3.4 VNTR(Variable Number of Tandem Repeat,可变数目串联重复序列)及 DNA 指纹图技术

VNTR 是指由一段核苷酸序列多次串联重复所形成的高度可变区域,如果核心序列由 1~4 个核苷酸组成则称为微卫星(Microsatellites) DNA,如果核心序列由几个到几十个核苷酸组成则称为小卫星 DNA,微卫星 DNA 一般重复 10~60 次而形成一个 VNTR,小卫星 DNA 一般重复约几次到几百次而形成一个 VNTR。微卫星 DNA 形成的 VNTR 分布广泛,整个基因组约有 5~10 万个,并以平均每 50 kb 一个的频率均匀穿插于基因组;而小卫星 DNA 形成的 VNTR 分布比较有限,在某些染色体上还未发现,多数位于染色体端粒位置。狭义的 DNA 指纹图仅指用小卫星 DNA 为探针,与被一定限制性内切酶酶切的基因组在凝胶电泳后进行滤膜杂交,从而显示出的多态性带纹。广义的 DNA 指纹图则包含对微卫星 DNA 的分析。VNTR 的酶切片段呈孟德尔共显性遗传,突变少、种类多、变异广。把 VNTR 区克隆入质粒,连接同位素、生物素等即可成为极有用的放射性或非放射性探针。现已证明这样的探针在同胞间的特异率高达 90% 以上,可显示出每个个体均有特异的指纹图,这就奠定了 VNTR 技术及 DNA 指纹图技术能被广泛应用于植物系统进化关系研究的理论基础。

3.5 DNA 和蛋白质序列测定与分析技术

通过分析特定基因或 DNA 片断上的核苷酸序列,度量这些片断上的 DNA 变异性,可以把碱基序列变化与环境变化直接联系起来,而且生态进化是发生在 DNA 水平的,通过直接测定和分析 DNA 片断碱基序列变化,能够更深入地探讨生物进化问题。蛋白质是生态适应的基础,通过其各级结构改变其功能,从而影响物种对环境的适应,因此蛋白质的序列测定和蛋白质二级以上结构的计算机预测和实际测定均具有重要意义。

4. 分子生态学研究现状及发展趋势

分子生态学现在还处在迅速发展期,还没有完全成熟,主要表现在作为一门新兴学科,学科概念不统一;由于发展时间较短,学科界限不十分明朗。但是,作为一个国际性的前沿研究领域,其研究内容受到强烈而且广泛的关注,由于其理论和应用价值重大,发展前景十分广阔。

国际上在分子生态学领域已经出版一本专著: B. Schierwater 等所著《Molecular Ecology and Evolution: Approaches and Applications》, 第七届国际生态学大会(1998年)共发表7篇该领域论文。国内目前也已出版学术专著1部(向近敏等, 1996), 并召开全国性学术会议3次, 即: 全国首届植物分子生态学学术研讨会(哈尔滨, 1996年)、第二届全国植物分子生态学学术会议(哈尔滨, 1997年)、青年科学家论坛第三十六次活动(北京, 1998)。

对1997年到1999年3月《Molecular Ecology》发表论文(433篇)的题目分析统计(表1)表明, 目前的研究多以 VNTR 技术为基础, 其次是 PCR 技术, DNA 测序和序列分析技术正在迅速发展, 而等位酶技术已经较少使用; 在研究对象上, 已经涉及到动物、植物及微生物, 但以动物为主; 在研究内容上种群遗传结构和遗传多样性占主要地位。

5. 分子生态学在植物种群研究中的应用

分子生态学在植物种群生活史生态学、系统地理学、物种鉴定、父子分析、保护生物学、资源生物学、生殖行为学、人类遗传学、生态进化与生态适应等方面已经得到了广泛的应用。

5.1 分子生态学在植物种群生活史生态学研究中的应用

种群数量变动是种群生活史生态学研究的核心内容之一, 而种群数量变动取决于种群生活史中各种环境(自然和人为)因素对其产生的影响以及植物对这种影响的适应能力。这种植物与环境间的相互作用机理表现在植物种群生活史的各个阶段, 如生殖细胞发生、交配系统、胚胎发育、结实、种子传播、幼苗生长等诸多过程。生物大分子在上述生物不同生理阶段中表现出对环境的协调能力, 决定了植物种群能否

表 1 Molecular Ecology 期刊发表论文题目(433 篇)统计

	类 别	论文数量篇	比例/%
研究对象	动物	257	59.35
	植物	107	24.71
	微生物	6	1.39
技术手段	VNTR	214	49.42
	PCR	70	16.17
	序列分析	20	4.62
	等位酶	7	1.62
研究内容	遗传多态和遗传多样性	85	19.63
	遗传结构、种群分布和地理、社会结构	61	14.09
	种群分化、种群隔离、遗传差异、同源性比较、遗传一致性	39	9.01
	系统地理学、比较地理学、地史、历史生物地理和岛屿地理学	37	8.55
	交配系统、基因流	34	7.85
	物种检测和亲源鉴定、父子分析	19	4.39
	遗传保护	15	3.46
	系统发生及多样性起源	12	2.77

有效地完成繁殖过程,并在宏观上表现出种群的爆发型、濒危型和稳定型三种种群动态模式。已往的研究仅粗略地从宏观上调查种群个体的年龄结构及数量动态,而这仅仅是生态因子与生物体本身分子适应相互作用的表现形式,因其缺乏分子方面的资料而不能详细阐述其机理。分子生态学为植物种群生活史生态学研究找到了新的突破口——深入分析植物种群生活史各个环节,在分子水平上探讨其变化机制,全面系统的探讨植物种群数量变动的内外在因素。

植物种群生活史的分子生态学研究途径:

(1) 植物种群生理生态学基础及其分子机制