

通直型巨龙竹不同地理种源遗传分化的 ISSR 分析

杨汉奇¹, 阮桢媛², 田波³, 杨宇明², 孙茂盛²

(1. 中国林业科学研究院 资源昆虫研究所, 云南 昆明 650224; 2. 西南林学院 资源学院, 云南 昆明 650224;
3. 中国科学院 西双版纳热带植物园 昆明分部, 云南 昆明 650223)

摘要: 通直型巨龙竹 *Dendrocalamus sinicus* 是云南重要的经济竹种资源之一。为了保护和开发通直型巨龙竹种质资源, 应用简单序列重复区间扩增 (ISSR) 标记对通直型巨龙竹核心分布区不同地理种源的遗传变异进行了研究。从 80 个引物中筛选出 7 个用于正式扩增, 在所研究的 4 个居群共 54 个个体中检测到 54 个多态位点。在居群水平上, 多态位点百分率为 9.59%, Nei's 基因多样性指数 (H) 和 Shannon 信息指数 (I) 分别为 0.036 3 和 0.053 6; 在物种水平上, 多态位点百分率为 73.97%, H 和 I 分别为 0.260 0 和 0.392 1。居群间的遗传分化系数 (G_{st}) 达 0.863 4, 显示不同居群间遗传分化很大。造成通直型巨龙竹不同地理种源遗传分化的主要原因可能是生境片段化和自然条件下花而不实造成的种子传播困难。图 4 表 4 参 21

关键词: 林木育种学; 巨龙竹; 遗传分化; 简单序列重复区间扩增

中图分类号: S722.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1000-5692(2010)01-0081-06

Genetic differentiation of four straight-culmed provenances of *Dendrocalamus sinicus* based on ISSRs

YANG Han-qi¹, RUAN Zhen-yuan², TIAN Bo³, YANG Yu-ming², SUN Mao-sheng²

(1. Research Institute of Resource Insects, The Chinese Academy of Forestry, Kunming 650224, Yunnan, China;
2. School of Resources, Southwest Forestry College, Kunming 650224, Yunnan, China; 3. Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223, Yunnan, China)

Abstract: The straight-culmed type of *Dendrocalamus sinicus* is one of the most important economic bamboo resources in Yunnan Province, China. To protect and develop native germplasm resources of the straight-culmed *D. sinicus* in Yunnan, the genetic diversity of four straight-culmed provenances of *D. sinicus* was analyzed based on inter-simple sequence repeat (ISSR) markers for percentage of polymorphic bands (PPB), Nei's gene diversity (H), Shannon's information index (I) and Nei's coefficient of genetic differentiation (G_{st}). Results showed seven informative and reliable primers with 54 polymorphic loci that were chosen from 80 pre-screened primers. At the population level, PPB was 9.59%, H was 0.036 3, and I was 0.053 6; whereas at the species level, PPB was 73.97%, H was 0.260 0 and I was 0.3921. Also, G_{st} was 0.863 4. G_{st} indicated a high degree of genetic differentiation among straight-culmed *D. sinicus* provenances most likely due to habitat fragmentation and flowering without seed. [Ch, 4 fig. 4 tab. 21 ref.]

Key words: forest tree breeding; *Dendrocalamus sinicus*; genetic differentiation; inter-simple sequence repeat (ISSR)

收稿日期: 2009-02-13; 修回日期: 2009-04-10

基金项目: “十一五”国家科技支撑计划项目 (2006BAD19B0301); 国际竹藤网络中心基本科研业务费专项资金项目 (06/07-D37); 云南省科学技术厅联合支持国家科技项目 (2007GA014)

作者简介: 杨汉奇, 副研究员, 博士, 从事植物学、竹类种质资源保护和利用等研究。E-mail: yanghanqikm@yahoo.com.cn。通信作者: 田波, 博士, 从事保护生物学研究。E-mail: tianbo@xtbg.ac.cn

巨龙竹 *Dendrocalamus sinicus* 是目前世界上已知最高大的竹种, 竹秆高为 25 ~ 35 m, 胸径为 20 ~ 30 cm, 平均质量为 100 ~ 150 kg·株⁻¹, 多用于竹建筑、竹纸浆等原材料, 是中国南部热区发展竹产业和生态环境建设中具极大发展潜力的优良经济竹种之一^[1]。巨龙竹自然分布仅限于云南西南部和南部局部海拔 1 800 m 以下的山谷和坝区。最近的调查发现, 巨龙竹核心分布区为云南西南部阿佤山地区, 而且秆形通直粗大, 并且充分体现了当地以佤族为主的民族竹文化, 具有显著的民族文化保护价值; 而云南南部分布区种群少, 秆形多弯曲, 不适合于生产竹材^[2]。由于巨龙竹分布狭域, 种源稀少, 自然结实率极低, 目前无性繁殖苗木困难, 亟需开展相关的保护生物学研究工作^[2]; 另一方面, 近年来通直型巨龙竹已经在云南其他热区被较大规模的引种栽培, 但忽视了种源的选优和遗传品质的鉴定, 使得巨龙竹的推广栽培面临着潜在的风险。简单序列重复区间扩增 (ISSR, inter-simple sequence repeat) 分子标记是 Zietkiewicz 等在简单序列重复标记 (SSR, simple sequence repeat) 技术基础上发展的一种新的微卫星分子标记技术^[3], 同 SSR 等其他分子标记相比, ISSR 技术具有灵敏性高, 费用低, 实验难度低等优点, 已经成为目前遗传多样性分析中最常用的技术手段之一, 在遗传图谱构建^[4]、遗传多样性分析^[5]和种质资源鉴定^[6]等方面得到广泛应用。最近, ISSR 技术也开始应用于竹子遗传多样性方面的研究, Lin 等^[7]利用 ISSR 技术发现毛竹 *Phyllostachys pubescens* 10 个栽培变型间具有很高的遗传相似性。本研究旨在利用 ISSR 分子标记研究巨龙竹核心分布区内不同地理种源间的遗传分化水平, 为保护这一珍贵的竹子种质资源以及扩大栽培和利用提供基础研究资料。

1 材料与方 法

1.1 材 料

选择云南西南部巨龙竹核心分布区内不同海拔、地理距离较远且有代表性的 4 个通直型近天然种群 (表 1), 采集幼嫩枝叶作为试验材料, 每个采样点根据巨龙竹的分布情况随机采样, 每丛至少相距 50 m。

表 1 用于 ISSR 分析的 4 个巨龙竹居群

Table 1 Populations of *Dendrocalamus sinicus* for ISSR analysis

| 采集地 | 居群编号 | 海拔/m | 纬度/(N) | 经度/(E) | 样本数/个 |
|------------|------|-------|-----------|------------|-------|
| 勐海县勐混镇老寨村 | MH | 1 503 | 21°51'28" | 100°20'40" | 15 |
| 孟连县芒掌乡灯盏寨村 | ML | 1 010 | 22°18'59" | 99°32'19" | 11 |
| 西盟县勐梭镇上寨村 | XM | 1 080 | 22°37'58" | 99°37'20" | 15 |
| 沧源县班老乡上班老村 | CY | 1 080 | 23°15'04" | 98°56'03" | 13 |

1.2 总 DNA 提取

采集生长良好无病虫害感染的幼嫩枝叶并用硅胶保存, 参照十六烷基三甲基溴化铵 (CTAB) 法^[8]提取总 DNA; DNA 浓度和纯度用分光光度计检测。

1.3 引物筛选与聚合酶链式反应 (PCR) 扩增反应

所用引物系列为加拿大哥伦比亚大学 UBC 公司公布的第 9 套 ISSR 引物序列 (http://www.biotech.ubc.ca/services/NAPS/Primer_Sets/Primers.pdf), 由上海生工合成。引物筛选时每个居群随机挑选 2 个模板在 25 μL 的反应体系中进行扩增筛选, 从其中 80 个引物中选取 7 个扩增条带清晰、重复性好的引物 (表 2) 用于全部 4 个居群样本分析。

表 2 ISSR 引物序号与序列

Table 2 The ISSR primers

| 引物 | 序列 (5' ~ 3') |
|-----|----------------------|
| 807 | (AG) ₈ T |
| 810 | (GA) ₈ T |
| 836 | (AT) ₈ YA |
| 840 | (GA) ₈ YT |
| 850 | (GT) ₈ YC |
| 855 | (AC) ₈ YT |
| 857 | (AC) ₈ YG |

PCR (polymerase chain reaction) 反应在 ABI Verity 梯度 PCR 仪上进行。25.0 μL 反应体系包括：10 \times buffer (100 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 三羧甲基氨基甲烷盐酸盐(Tris-HCl)(pH 8.8)；500 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 氯化钾(KCl)2.5 μL ，5 $\text{mkat}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 *Taq* DNA 聚合酶(fermentas)0.5 μL ，25 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的氯化镁(MgCl_2)1.8 μL ，10 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的三磷酸碱基脱氧核苷酸(dNTPs)(Takara, 宝生物工程大连有限公司) 2.5 μL ，10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的引物(上海生工生物工程有限公司)1.5 μL ，二甲基亚砜 (DMSO)0.5 μL ，50 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的模板 DNA 0.7 μL ，以及重蒸水(ddH₂O)15.0 μL 。

扩增程序：94 $^{\circ}\text{C}$ ，5 min，1 个循环；94 $^{\circ}\text{C}$ ，45 s，53 ~ 55 $^{\circ}\text{C}$ (温度依引物不同而改变)，1 min，72 $^{\circ}\text{C}$ ，2 min，40 个循环；72 $^{\circ}\text{C}$ ，7 min，1 个循环。

1.4 PCR 产物的凝胶电泳

PCR 扩增产物在 16.0 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的琼脂糖凝胶上电泳[0.5 \times TBE(Tris-硼酸)，5 $\text{V}\cdot\text{cm}^{-1}$]分离，以 100 bp DNA Ladder Marker (100 ~ 3 000 bp)(fermentas)作标记估算扩增片断大小，溴化乙锭(EB)染色后在凝胶成像系统(UPV)上显像，观察并记录。

1.5 数据分析

电泳图谱中每一扩增条带代表引物的一对结合位点且视为有效的分子标记。同一引物的扩增产物中电泳迁移率一致的条带被认为具有同源性，依据 ISSR 标记判读电泳图谱中扩增产物的有无及其分子量大小，将电泳图谱中清晰的条带记作“1”，否则记作“0”，建立 0/1 数据矩阵^[9-10]。应用 POPGENE 1.32^[11]软件计算多态性位点百分比，Nei's 基因多样性指数(H)，Shannon 多态性信息指数(I)，基因分化系数(G_{st})，基因流(N_m)，Nei's 遗传距离和遗传一致度，并据此用算术平均非加权配组法(UPGMA)进行聚类，分析各群体之间的遗传关系。

2 结果与分析

2.1 DNA 提取结果

提取的 4 个种群的巨龙竹总 DNA 的吸光度 D_{260}/D_{280} 比值为 1.6 ~ 2.0，显示 DNA 样品纯度高。利用 8.0 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 脂糖检测提取的 DNA 浓度及纯度，结果显示 DNA 条带清晰，没有核糖核酸(RNA)污染，浓度合适(图 1)，适合用于 ISSR 标记技术分析。

2.2 引物扩增结果

优选的 7 个条带清晰、稳定性高且相对较多条带的引物用于全部样品的 PCR 扩增，各引物扩增的条带数如表 2，部分引物的扩增结果如图 2 和图 3。

2.3 遗传多样性和遗传分化分析

在检测到的所有清晰且重复性好的 73 个有效位点中有 54 个多态位点；在物种水平

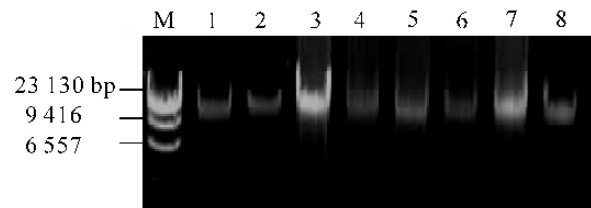


图 1 巨龙竹孟连居群部分样品总 DNA 电泳检测图
Figure 1 The agarose electrophoretogram of *Dendrocalamus sinicus* total DNA extracted from samples of Menglian population

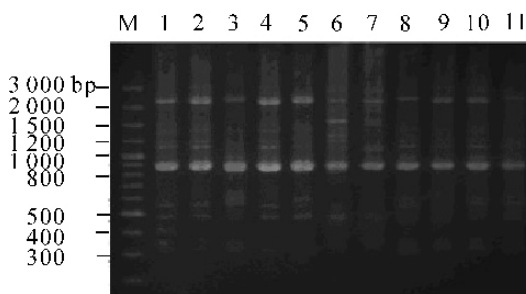


图 2 引物 857 对 ML 居群样品的扩增样式
Figure 2 ISSR bands of Menglian population samples amplified with primer 857

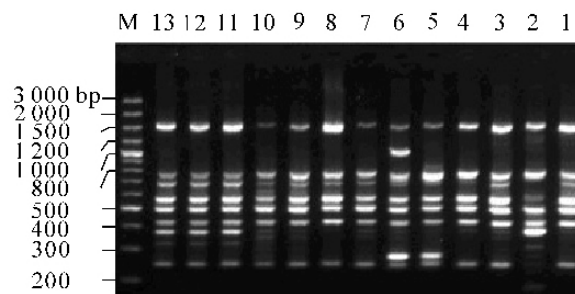


图 3 引物 810 对 CY 居群样品的扩增样式
Figure 3 ISSR bands of Cangyuan population samples amplified with primer 810

上, 多态位点百分率为 73.97%, Nei's 基因多样性指数(H)和 Shannon 信息指数(I)分别为 0.260 0 和 0.392 1。从各个居群来看, 西盟居群多态位点百分率(2.74%)最低, 而孟连居群多态位点百分率(21.92%)最高, 勐海居群和沧源居群的处于中等水平(表 3)。居群间的遗传分化系数(G_{st})达 0.863 4, 表明在物种水平上, 有 13.66%的遗传变异存在于居群内, 而 86.34%的遗传变异存在于居群间, 居群之间表现出较高水平的遗传分化。居群间的基因流(N_m)仅为 0.079 1。

表 3 巨龙竹居群内的遗传多样性

Table 3 Genetic variation in natural populations of *Dendrocalamus sinicus*

| 居群 | 观察等位基因数 | 有效等位基因数 | Nei's 基因多样性 | Shannon 信息指数 | 多态位点百分率/% |
|---------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-----------|
| 勐海居群 MH | 1.095 9 ± 0.296 5 | 1.064 2 ± 0.207 4 | 0.037 7 ± 0.118 6 | 0.055 5 ± 0.173 5 | 9.59 |
| 西盟居群 XM | 1.027 4 ± 0.164 4 | 1.004 1 ± 0.028 3 | 0.003 5 ± 0.023 3 | 0.006 6 ± 0.042 9 | 2.74 |
| 孟连居群 ML | 1.219 2 ± 0.416 6 | 1.152 3 ± 0.304 9 | 0.087 4 ± 0.172 0 | 0.127 8 ± 0.248 9 | 21.92 |
| 沧源居群 CY | 1.041 1 ± 0.199 9 | 1.027 5 ± 0.133 7 | 0.016 5 ± 0.080 1 | 0.024 3 ± 0.118 0 | 4.11 |
| 居群水平 | 1.095 9 ± 0.269 4 | 1.062 0 ± 0.168 6 | 0.036 3 ± 0.098 5 | 0.053 6 ± 0.145 8 | 9.59 |
| 物种水平 | 1.739 7 ± 0.441 8 | 1.428 3 ± 0.328 0 | 0.260 0 ± 0.179 1 | 0.392 1 ± 0.256 9 | 73.97 |

2.4 遗传距离与聚类分析

根据 Nei's 遗传距离和遗传一致度, 用 NTSYS-PC V2.11C 软件对 4 个居群进行非加权配对算术平均法 (UPGMA, unweighted pair group method with arithmetic mean) 聚类分析的结果见图 4: 4 个巨龙竹居群聚为一支; Nei's 遗传距离(表 4)显示西盟居群和孟连居群的遗传距离最远, 为 0.572 6, 勐海居群和沧源居群的遗传距离最近, 为 0.247 0。

3 结论与讨论

本研究中巨龙竹 4 个居群间的 Nei's 基因分化系数(G_{st})达到了 0.863 4, 表现出较高水平的遗传分化。Nybom 总结了 158 份快速扩增多态 DNA (RAPD), 27 份扩增片段长度多态性(AFLP)和 13 份 ISSR 植物材料的研究结果, 其 G_{st} 平均值分别为 0.27, 0.21 和 0.34^[12]。与 Nybom 的结果比较, 巨龙竹 4 个居群间表现出了遗传分化大的特点, 这表明在推广栽培通直型巨龙竹的过程中, 弄清种源的遗传品质是十分必要的。同时, 由于通直型巨龙竹的遗传多样性丰富, 不同居群间的遗传分化水平较高, 因此, 在其种质资源收集和保存时应该广泛地对其居群和竹丛加以充分的采样, 以保持其丰富的遗传多样性。

植物居群间的遗传分化是其长期进化历史(如分布范围的改变、生境的片断化和居群的隔离等)、遗传漂变、繁育系统和基因流以及自然选择等因素综合作用的结果^[13]。迄今为止, 巨龙竹的进化历史还不清楚, 但其生境片断化趋势较明显: 巨龙竹自然分布区基本与云南热带季雨林区相吻合, 而且仅限于滇西南和滇南局部地区, 种群隔离明显; 极端最低温度是影响巨龙竹分布的关键制约因素之一,

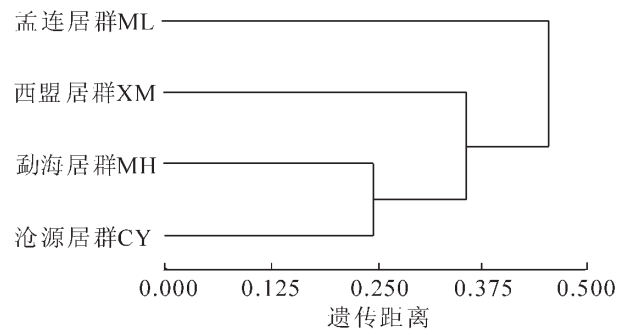


图 4 巨龙竹居群间 Nei's 遗传距离的 UPGMA 聚类图

Figure 4 UPGMA dendrogram for 4 *Dendrocalamus sinicus* populations based on Nei's genetic distance

表 4 巨龙竹的 Nei's 遗传一致度(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)

Table 4 Nei's original measures of genetic identity and genetic distance

| 居群 | MH | XM | ML | CY |
|----|---------|---------|---------|---------|
| MH | | 0.647 2 | 0.649 8 | 0.781 1 |
| XM | 0.435 1 | | 0.564 1 | 0.755 3 |
| ML | 0.431 0 | 0.572 6 | | 0.696 7 |
| CY | 0.247 0 | 0.280 7 | 0.361 4 | |

说明: MH 勐海居群; ML 孟连居群; XM 西盟居群; CY 沧源居群。

它直接影响到巨龙竹能否越冬存活, 在调查的 4 个地区中, 西盟(-2.3 °C)、孟连(-0.6 °C)、勐海(-5.4 °C)和沧源(-4.3 °C)之间差异较大^[2]。由于生境片断化和种群隔离效应的结果, 使得种群内的变异程度降低, 而种群间的遗传分化程度加大^[14-15]。

繁育系统一般被认为是居群水平上影响遗传分化关键因素之一, 对基因流动和选择等居群遗传参数影响较大^[16-17]。木本竹子的繁育系统有着鲜明的特点: ①竹类植物具有独特的开花习性, 即一个生命周期只开 1 次花, 开花周期长达几十年甚至上百年; 1 株开花后同一个种同一来源的所有克隆植株均陆续开花, 开花后绝大多数植株将死亡; ②在传粉生物学方面, 竹子虽然是风媒传粉, 但在野外多为零星开花, 其花粉的传播也是有限的; 而且大部分竹子花粉存在大量败育现象^[18]。巨龙竹近年来在其分布区内经常观察到单丛零星开花^[19], 由于雌雄异熟, 加之其开花授粉时期多在雨季使得其授粉困难, 导致结实率极低^[20]。由于巨龙竹自然条件下有性繁殖能力极弱, 不能实现种子的传播, 影响其基因流的形成, 导致其种群间个体迁移率小, 基因流偏小(N_m 为 0.079 1), 从而造成种群间遗传分化明显。

Wright 认为群体间的基因流值若小于 1, 则遗传漂变可以导致居群间明显的遗传分化^[21]。本研究调查的巨龙竹居群间基因流非常有限, 显示遗传漂变对居群间遗传分化的影响较小。这可能是由于丛生竹类一般具有较强的无性繁殖能力, 能在一定程度上降低小种群的遗传漂变, 减轻了生境片断化的影响。

致谢: 感谢审稿人提出的宝贵建议。

参考文献:

- [1] 辉朝茂, 杨宇明. 材用竹资源工业化利用[M]. 昆明: 云南科技出版社, 1998.
- [2] 辉朝茂, 杨宇明, 杜凡. 珍稀种竹巨龙竹生态生物学特性及开发利用基础性研究[M]. 昆明: 云南科技出版社, 2006.
- [3] ZIETKIEWICZ E, RAFALSKI A, LABUDA D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification [J]. *Genomics*, 1994, **20**: 176 - 183.
- [4] BORNET B, BRANCHARD D. Nonanchored inter simple sequence repeat (ISSR) markers: reproducible and specific tools for genome fingerprinting [J]. *Plant Mol Biol Rep*, 2001, **19** (3): 209 - 215.
- [5] LUAN S, CHIANG T Y, GONG X. High genetic diversity vs. low genetic differentiation in *Nouelia insignis* (Asteraceae), a narrowly distributed and endemic species in China, revealed by ISSR fingerprinting [J]. *Ann Bot*, 2006, **98** (3): 583 - 589.
- [6] 齐明. 运用 ISSR 分子标记鉴定杉木 × 侧柏远交杂种[J]. 浙江林学院学报, 2008, **25** (5): 666 - 669.
QI Ming. Hybrid identification of *Cunninghamia lanceolata* × *Platycladus orientalis* based on ISSR markers [J]. *J Zhejiang For Coll*, 2008, **25** (5): 666 - 669.
- [7] LIN Xinchun, RUAN Xiaosai, LOU Yongfeng, et al. Genetic similarity among cultivars of *Phyllostachys pubescens* [J]. *Plant Syst Evol*, 2009, **277**: 67 - 73.
- [8] DOYLE J J, DOYLE J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf material [J]. *Phytochem Bull*, 1987, **19**: 11 - 15.
- [9] WILLIAMS J G, KUBELIK A R, LIVAK K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers [J]. *Nucl Acids Res*, 1990, **18** (22): 6531 - 6535.
- [10] 钱韦, 葛颂. 群体遗传结构研究中显性标记数据分析方法初探[J]. 遗传学报, 2001, **28** (3): 244 - 255.
QIAN Wei, GE Song. Analyses of population genetic structure by using dominant markers [J]. *Acta Gen Sin*, 2001, **28** (3): 244 - 255.
- [11] YEH F C, YANG R C, BOYLE T. Popgen Verson 1.31: Microsoft Windows-Based Freeware for Population Genetic Analysis [R]. Edmonton, AB Canada: University of Alberta. Molecular Biology and Biotechnology Center, 1999.
- [12] NYBOM H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plant [J]. *Mol Ecol*, 2004, **13** (5): 1143 - 1155.

- [13] SCHAAL B A, HAYWORTH D A, OLSEN K M, *et al.* Phylogeographic studies in plants: problems and prospects [J]. *Mol Ecol*, 1998, **7**: 465 - 474.
- [14] 李进, 陈可咏, 李渤生. 不同海拔高度川滇高山栎群体遗传多样性的变化[J]. 植物学报, 1998, **40** (8): 761 - 767.
LI Jin, CHEN Keyong, LI Bosheng. The variation of genetic diversity of *Quercus aquifolioides* in different elevations [J]. *Acta Bot Sin*, 1998, **40** (8): 761 - 767.
- [15] 郝朝运, 郭卫东, 刘鹏. 濒危植物七子花种群间遗传分化的初步研究[J]. 北京林业大学学报, 2005, **27** (2): 59 - 64.
HAO Chaoyun, GUO Weidong, LIU Peng. Primary study on genetic divergence within populations of *Heptacodium miconioides* [J]. *J Beijing For Univ*, 2005, **27** (2): 59 - 64.
- [16] 陈家宽, 杨继. 植物进化生物学[M]. 武汉: 武汉大学出版社, 1994: 153 - 208.
- [17] LOVELESS M D, HAMRICK J L. Ecological determinants of genetic structure in plant population [J]. *Ann Rev Ecol Syst*, 1984, **15**: 65 - 95.
- [18] 张文燕, 马乃训, 陈红星. 竹类花粉形态及萌发试验[J]. 林业科学研究, 1989, **2** (1): 67 - 69.
ZHANG Wenyan, MA Naixun, CHEN Hongxing. The shape of bamboo pollens and their germination test [J]. *For Res*, 1989, **2** (1): 67 - 69.
- [19] 杜凡, 薛嘉榕, 杨宇明, 等. 15年来云南竹子的开花现象及其类型的研究[J]. 林业科学, 2000, **36** (6): 57 - 68.
DU Fan, XUE Jiarong, YANG Yuming, *et al.* Study on flowering phenomenon and its type of bamboo in Yunnan in past fifteen years [J]. *Sci Silv Sin*, 2000, **36** (6): 57 - 68.
- [20] 王曙光, 普晓兰, 丁雨龙. 巨龙竹生殖器官形态结构及雌雄配子体的发育[J]. 植物研究, 2006, **26** (3): 270 - 274.
WANG Shuguang, PU Xiaolan, DING Yulong. The structures of reproductive organs and development of the female and male gametophyte of *Dendrocalamus sinicus* [J]. *Bull Bot Res*, 2006, **26** (3): 270 - 274.
- [21] WRIGHT S. Evolution in *Mendelian* population [J]. *Genetics*, 1931, **16**: 97 - 159.

浙江林学院与云和县签署全面科技合作协议

2009年11月19日上午, 浙江林学院与云和县签订全面科技合作协议。校长周国模与云和县县长丁绍雄分别代表双方在协议书上签字, 标志着浙江林学院与云和县的全面科技合作迈入新的历程。

周国模致辞对协议的签署表示热烈祝贺, 并介绍了学校有关情况。他表示, 云和县资源丰富, 产业有特色, 发展潜力大, 为校县科技合作提供了广阔的空间。学校将充分利用自身的教育资源、学科资源和人才资源优势, 借助云和县良好的创业平台, 为地方、山区的新农村建设及带动山区农民致富作出贡献。

丁绍雄表达了与浙江林学院加强合作的意愿, 对双方的广阔合作前景充满信心。他还介绍了云和县基本情况、特色产业、合作领域以及今后的发展思路等。

仪式上, 双方还进行了合作洽谈, 从多方位、多角度进行了对口交流。仪式结束后, 丁绍雄一行还参观了东湖校区校园。

俞月华