

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2015.09.011

# 濒危植物珙桐种群遗传多样性分析<sup>①</sup>

关 萍, 张玉晶, 石建明, 陈 业

贵州大学 生命科学学院, 贵阳 550025

**摘要:** 采用 ISSR 分子标记技术, 对珙桐 6 个种群和光叶珙桐 1 个种群共 117 份样品进行遗传多样性分析. 结果表明: 用 12 条引物对 117 份样品进行扩增, 共检测扩增位点 199 个, 其中多态性位点 177 个. 在物种水平上, 多态性位点百分率(PPL)为 88.94%, Nei's 基因多样性( $H$ )为 0.278 4, shannon 信息指数( $I$ )为 0.418 7. 种群水平的多态性相对较低, 多态百分率在 35.18%~48.74%之间, Nei's 基因多样性( $H$ )为 0.126 0~0.179 5, shannon 信息指数( $I$ )为 0.188 1~0.265 1. 基于 Nei's 遗传多样性分析得出的种群间遗传分化系数( $G_{st}$ )为 0.474 5, 表明有 47.45% 的遗传变异存在于种群间, 而种群内的遗传变异占总变异的 52.55%, 种群间基因流( $N_m$ )为 0.553 7. Mantel 检测显示, 种群间的遗传距离和地理距离之间不存在显著的相关性.

**关键词:** 珙桐; ISSR; 遗传多样性

**中图分类号:** Q943

**文献标志码:** A

**文章编号:** 1673-9868(2015)09-0071-06

珙桐 *Davidia involucrate* Baill. 系珙桐科珙桐属落叶乔木, 中国特有的单型属植物, 天然分布在我国 7 个省, 即贵州、湖北、湖南、陕西、四川、云南及甘肃<sup>[1]</sup>. 珙桐科仅一种一变种, 即珙桐和光叶珙桐 *Davidia involucrate* Baill. var. *vilmoriniana*. 它们起源古老, 是第三纪古热带植物的孑遗树种, 属国家一级保护植物<sup>[2-5]</sup>. 珙桐具有极高的观赏价值, 是世界上公认的著名观赏树种, 开花时因其棕红色头状花序和洁白的苞片酷似展翅的白鸽, 故有“中国鸽子树”的美称<sup>[6]</sup>. 自珙桐被人们发现之后, 被国内外大量引种, 目前的分布已远远跨越其天然保存的范围, 而且引种的趋势是逐渐北移和海拔越来越低<sup>[7]</sup>. 但由于人为破坏和环境因素的影响, 天然珙桐的种群数量和分布范围都在缩小, 张清华等<sup>[8]</sup>认为到 2030 年, 适宜珙桐分布的面积比当前气候条件下适宜珙桐分布的面积约减少 20%. 珙桐濒危的原因是多方面的, 包括生境范围狭窄、自然更新困难、种子败育严重、人为砍伐破坏及挖掘野生苗等<sup>[9]</sup>. 因此, 加强珙桐的保护和研究, 合理地开发和利用具有重要的意义.

我国从 20 世纪 70 年代开始对珙桐进行研究, 主要集中在珙桐群落学、地植物学、人工繁殖技术及引种栽培、种群生态学、生物学特性、组织培养技术、形态解剖学等方面<sup>[3-6]</sup>. 进入 21 世纪以来, 对珙桐的研究有了一定的进展, 主要集中在生理<sup>[10-12]</sup>、生化<sup>[13-15]</sup>、繁育<sup>[16-17]</sup>及分子生物学<sup>[18-21]</sup>等方面, 但利用分子标记对不同种群珙桐的遗传多样性研究还是相对缺乏.

本文利用 ISSR 技术对分布于贵州省内的 3 个珙桐自然种群、2 个珙桐人工种群、1 个光叶珙桐人工种群及分布在湖北省内的 1 个珙桐人工种群的遗传多样性、种群内和种群间的遗传变异进行分析, 旨在揭示珙桐种群的遗传多样性和遗传背景, 为濒危植物珙桐的保护和合理开发利用奠定基础.

① 收稿日期: 2013-12-06

基金项目: 贵州省自然科学基金资助项目(黔科合 J 字[2013]2124).

作者简介: 关萍(1962-), 女, 安徽涡阳人, 博士, 教授, 主要从事植物分子生物学研究.

通信作者: 石建明, 副教授.

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试材料选取珙桐的 6 个种群和光叶珙桐的 1 个种群, 取其新鲜幼嫩的叶片放在自封袋中, 用冰盒带回实验室置于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  冰箱中保存. 样品的来源及编号见表 1.

表 1 样品的产地及生境

产地	样品编号	海拔/m	纬度	经度	样本数	种群状况
贵州佛顶山	FDS	1600	$27^{\circ}19'N$	$108^{\circ}04'E$	19	自然种群
贵州梵净山	FJS	1500	$27^{\circ}41'N$	$108^{\circ}50'E$	21	自然种群
湖北五峰县	HB	700	$30^{\circ}11'N$	$110^{\circ}40'E$	15	人工种群
贵州宽阔水	KK	1300	$27^{\circ}57'N$	$107^{\circ}11'E$	15	自然种群
贵州林科院	LKY	1100	$26^{\circ}29'N$	$106^{\circ}44'E$	12	人工种群
贵州纳雍县	NY	1400	$26^{\circ}46'N$	$105^{\circ}22'E$	20	自然种群
贵州省植物园	ZWY	1100	$26^{\circ}37'N$	$106^{\circ}43'E$	15	人工种群

### 1.2 方法

#### 1.2.1 珙桐 DNA 的提取

选用幼嫩叶片, 参照改良的 CTAB 法<sup>[22]</sup> 提取珙桐基因组 DNA, DNA 浓度和纯度用紫外分光光度计检测, 波长  $260\sim 280\text{ nm}$ ,  $OD$  值在  $1.8\sim 1.9$  之间, 所提取的 DNA 纯度较高, 可用于 ISSR 扩增反应.

#### 1.2.2 ISSR 扩增反应

ISSR 扩增反应的引物参照哥伦比亚大学公布的引物序列, 由北京赛百盛公司合成, 在 Bio-Rad 梯度 PCR 扩增仪中扩增. ISSR 扩增反应  $20\text{ }\mu\text{L}$  体系中进行, 反应体系如下: 模板  $40\text{ ng}$ 、 $1.0\text{ U Taq 酶}$ 、 $10\times\text{ buffer}$   $2.0\text{ }\mu\text{L}$ 、ISSR 引物( $10\text{ }\mu\text{mol/L}$ ) $1.2\text{ }\mu\text{L}$ 、 $\text{dNTP}(2.5\text{ mmol/L})$  $2.1\text{ }\mu\text{L}$ 、 $\text{MgCl}_2(25\text{ mmol/L})$  $1.8\text{ }\mu\text{L}$ 、双蒸水补足至  $20\text{ }\mu\text{L}$ . PCR 反应程序为:  $94\text{ }^{\circ}\text{C}$  预变性  $5\text{ min}$ ;  $94\text{ }^{\circ}\text{C}$  变性  $30\text{ s}$ ,  $43.8\sim 57\text{ }^{\circ}\text{C}$  (不同引物退火温度不同) 退火  $45\text{ s}$ ,  $72\text{ }^{\circ}\text{C}$  延伸  $1\text{ min}$ ,  $40$  个循环;  $72\text{ }^{\circ}\text{C}$  延伸  $7\text{ min}$ . PCR 产物在  $2\%$  琼脂糖凝胶上进行电泳检测, 凝胶中含有  $0.05\%$  的溴化乙锭, 以  $100\text{ bp}$  Marker DNA 作为标准相对分子质量对照, 在凝胶成像系统上观察并拍照记录.

#### 1.2.3 数据统计

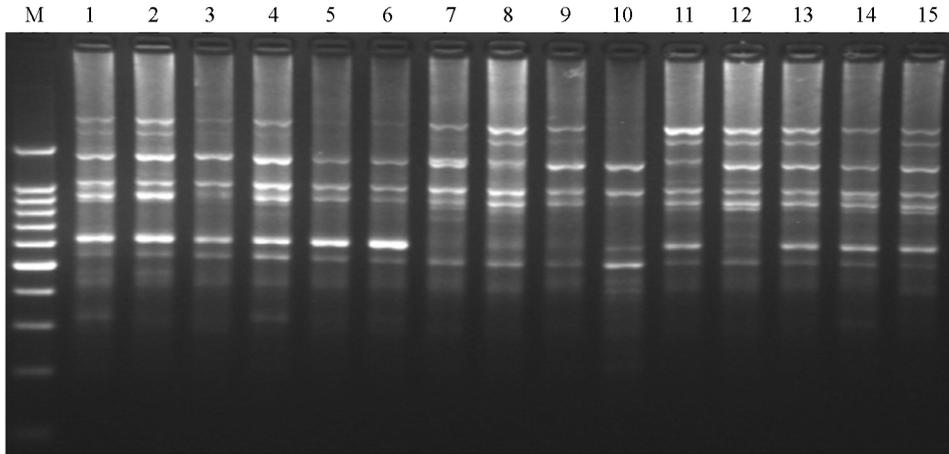
ISSR 为显性标记, 同一引物扩增产物中电泳迁移率一致的条带被认为具有同源性. 电泳图谱中的每一条带均视为一个分子标记, 代表一个引物的结合位点. 对凝胶上的带进行统计, 按清晰易变、重复稳定的原则读带, 有带或弱带记为 1, 无带的记为 0, 获得二元数据矩阵. 用 POPGENE 软件进行数据处理, 计算各群体间和群体内的遗传参数<sup>[23]</sup>. 根据 Nei's 遗传距离, 按不加权重对算术平均法(UPGMA)建立系统聚类分支树状图<sup>[24]</sup>. 为了检测群体间遗传距离和地理距离的相关性, 运用 TFPGA 程序<sup>[25]</sup> 进行了 Mantel 测试.

## 2 结果与分析

### 2.1 ISSR 遗传多样性分析

从  $100$  条引物中筛选出  $12$  条能产生条带清晰、重复性好的 ISSR 引物, 对  $7$  个群体的  $117$  个个体进行扩增, 共产生  $199$  条条带(表 2). 图 1 显示引物 UBC881 对贵州佛顶山(FDS)的扩增结果. 在  $199$  条条带中, 有  $177$  条具有多态性, 多态百分率为( $PPL$ ) $88.94\%$ . 每条引物平均产生  $16.58$  条条带, 多态性百分率为  $85.0\%\sim 100\%$ (表 2), 说明珙桐具有相对高的多态性. 表 3 显示了不同群体的遗传多样性结果, 在  $7$  个种群中, 佛顶山(FDS)、梵净山(FJS)、湖北(HB)、宽阔水(KK)、林科院(LKY)、纳雍(NY)、植物园(ZWY)的多态百分率分别是  $39.20\%$ ,  $47.74\%$ ,  $40.70\%$ ,  $36.18\%$ ,  $48.74\%$ ,  $35.18\%$ ,  $35.68\%$ , 其中林科院(LKY)的多态百分率最高, 而纳雍(NY)的多态百分率最低. Nei's 遗传多样性( $H_e$ ) 在  $0.1260\sim 0.1795$  之间, 平均为  $0.1467$ . 从表 3 还可以看出, 各群体的 Shannon's 信息指数( $H_o$ )与多态百分率( $PPL$ )和 Nei's 遗传多

样性( $H_e$ )的大小变化趋势基本一致, 即  $PPL$  高的群体其  $H_e$  和  $H_o$  也高. 此外, 还分析了物种水平的遗传多样性, 在物种水平上  $PPL$  为 88.94%,  $A_o$ ,  $A_e$ ,  $H_e$  和  $H_o$  分别为 1.889 4, 1.481 3, 0.278 4 和 0.418 7.



M: 100 bp DNA Ladder; 1—15: 贵州省植物园的 15 个样本.

图 1 引物 UBC856 扩增贵州省植物园(ZWY)群体的 ISSR 电泳图

表 2 引物及序列和扩展结果

引物	引物序列	扩增条带数	多态带数
UBC810	(GA)8T	17	16
UBC818	(CA)8G	16	14
UBC824	(TC)8G	17	15
UBC834	(AG)8YT	20	18
UBC835	(AG)8YC	20	17
UBC836	(AG)8YA	16	13
UBC840	(GA)8YT	15	15
UBC842	(GA)8YG	18	15
UBC856	(AC)8YA	17	16
UBC868	(GAA)6	16	14
UBC873	GAC AGA CAG ACA GAC A	13	12
UBC881	GGG TGG GGT GGG GTG	14	12
平均数		16.58	14.75
总数		199	177

表 3 群体内的遗传多样性分析

群体	$PPL$ / %	观测等位基因数/ $A_o$	有效等位基因数/ $A_e$	Nei's 遗传多样性/ $H_e$	Shannon's 信息指数/ $H_o$
FDS	39.20	1.392 0±0.489 4	1.247 2±0.359 4	0.142 2±0.196 7	0.210 4±0.283 1
FJS	47.74	1.477 4±0.500 7	1.266 6±0.353 2	0.157 5±0.193 0	0.237 6±0.278 2
HB	40.70	1.407 0±0.492 5	1.273 6±0.378 1	0.155 0±0.204 2	0.227 6±0.292 2
KK	36.18	1.361 8±0.481 7	1.247 3±0.372 1	0.139 6±0.199 4	0.204 9±0.285 5
LKY	48.74	1.487 4±0.501 1	1.317 7±0.396 4	0.179 5±0.208 1	0.265 1±0.295 5
NY	35.18	1.351 8±0.478 7	1.222 0±0.348 9	0.127 7±0.191 3	0.189 1±0.275 6
ZWY	35.68	1.356 8±0.480 3	1.216 5±0.342 6	0.126 0±0.187 2	0.188 1±0.270 7
平均	40.49	1.404 9	1.255 8	0.146 7	0.217 5
物种水平	88.94	1.889 4±0.314 4	1.481 3±0.374 8	0.278 4±0.187 1	0.418 7±0.251 4

## 2.2 群体间的遗传变异分析

POPGENE 软件的分析结果显示, 珙桐群体间存在一定的遗传分化. 7 个群体间总的遗传多样性( $H_t$ )

为 0.279 3, 而群体内的遗传多样性( $H_s$ )为 0.146 8. 根据总的遗传多样性( $H_t$ )和群体内遗传多样性( $H_s$ )计算不同群体间的分化水平( $G_{st}$ ), 所分析的 7 个珙桐群体间  $G_{st}$  为 0.474 5, 表明总的遗传变异中有 47.45% 的变异存在于群体间, 群体内的遗传变异为 52.55%. 群体间每代个体的基因流( $N_m$ )为 0.553 7.

### 2.3 群体间的聚类分析

计算 Nei's 遗传一致度( $I$ )和遗传距离( $D$ )(表 4), 从表 4 中可见  $I$  值的变化范围为 0.769 0~0.868 1, 平均为 0.819 1;  $D$  值变化范围为 0.141 5~0.262 6, 平均为 0.200 3. 其中 LKY 与 FJS 的遗传一致度( $I$ )最高, ZWY 与 FDS 的遗传一致度最低. 利用 UPGMA 法构建群体遗传关系聚类图(图 2), 以 0.26 为阈值, 7 个群体分为 2 支. FDS 的单独一支, 其余 6 个聚为一支, 表明佛顶山的群体与其余群体的亲缘关系较远. 从图 2 中还可看出, FJS, ZWY 和 LKY 聚在一起, 表明这几个群体的亲缘关系相对较近.

Mantel 测试表明, 群体间的遗传距离与地理距离之间没有显著的正相关性( $r=0.109 0$ ,  $p=0.593 0$ ), 说明珙桐的遗传变异没有明显的地域趋势.

表 4 7 个珙桐种群的 Nei's 遗传一致度( $I$ )(右上角)和遗传距离( $D$ )(左下角)

种群	FDS	FJS	HB	KK	LKY	NY	ZWY
FDS		0.823 9	0.788 4	0.791 5	0.829 3	0.781 9	0.769 0
FJS	0.193 8		0.866 3	0.827 5	0.868 1	0.835 0	0.856 0
HB	0.237 8	0.143 6		0.814 2	0.820 2	0.790 6	0.819 4
KK	0.233 8	0.189 3	0.205 6		0.842 1	0.803 3	0.840 6
LKY	0.187 1	0.141 5	0.198 2	0.171 8		0.806 5	0.848 7
NY	0.246 0	0.180 3	0.234 9	0.219 1	0.215 1		0.778 4
ZWY	0.262 6	0.155 5	0.199 2	0.173 7	0.164 1	0.250 5	

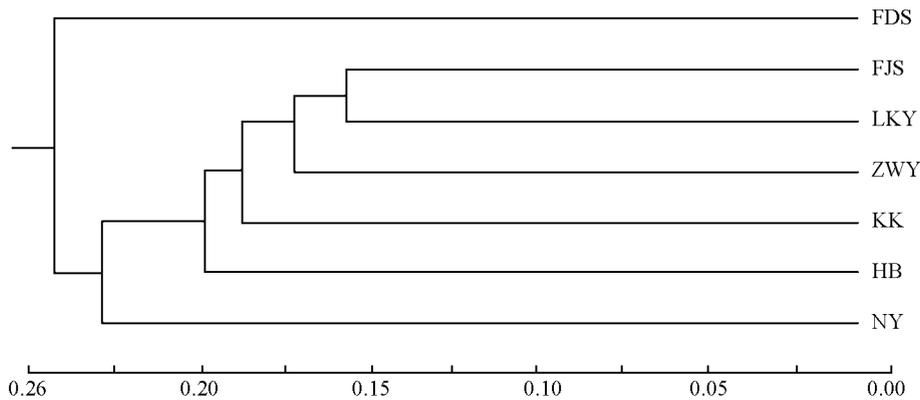


图 2 珙桐群体间 Nei's 遗传距离的 UPGMA 聚类图

## 3 讨论

### 3.1 珙桐的遗传多样性

采用 ISSR 分子标记技术, 对濒危植物珙桐的 6 个种群和 1 个光叶珙桐种群进行分析, 结果表明珙桐具有丰富的遗传多样性. Hamrick 等<sup>[26]</sup>研究了 220 个属 662 个种林木中的物种遗传多样性平均水平( $P=64.7\%$ ,  $H=0.257$ ). 王静等<sup>[27]</sup>研究了濒危植物连香树的遗传多样性水平( $P=69.59\%$ ,  $H=0.231 3$ ,  $I=0.351 4$ ). 葛永奇等<sup>[28]</sup>研究了孑遗植物银杏的遗传多样性水平( $P=70.45\%$ ,  $H=0.359 9$ ). 与珙桐 7 个种群的遗传多样性水平( $P=88.94\%$ ,  $H=0.278 4$ ,  $I=0.418 7$ )相比, 珙桐具有很高的遗传多样性水平. 濒危植物珙桐在数百万年以前, 曾在地球上广泛分布, 经过第四纪冰川的影响, 只在我国西南地区幸存下来. 珙桐遗传多样性丰富的原因可能与幸存个体保留了其祖先丰富的遗传基础有关, 使其现存物种具有较高水平的遗传多样性.

### 3.2 珙桐群体的遗传结构

群体的遗传结构是通过物种群体间和群体内的遗传分化来体现<sup>[29]</sup>. 本研究得出珙桐种群间遗传分化参

数即 Nei's 种群间遗传分化系数( $G_{st}$ )为 0.474 5,表明有 47.45%的遗传变异存在于种群间,而种群内的遗传变异占总变异的 52.55%,表明其种群间发生了较大程度的遗传分化.影响自然群体遗传分化的原因有多种,包括植物的繁育体系、基因突变、种子传播机制、自然环境的选择作用和基因流等.珙桐 7 个种群的基因流( $N_m$ )仅为 0.5537. Slatkin 认为<sup>[30]</sup>,当  $N_m < 1$  时基因流就不足以抵制种群内因遗传漂变而引起的种群分化.由传粉和种子传播产生的基因流是导致种群内遗传分化的主要因素之一<sup>[31]</sup>.珙桐的基因流主要是通过虫媒传粉和果实迁移来实现的,珙桐基因流不足的原因可能与种子的生物学特性有关.珙桐的果实为核果,呈长椭圆形,具有肉质的果皮,内果皮骨质,表面有深沟,十分坚硬,不易萌发,种子的散布局限在树体 1~10 m 环带附近<sup>[32]</sup>;种子休眠期长,败育现象严重且具有生理后熟期<sup>[16]</sup>等,这些原因阻碍了珙桐的自然更新,使种群难以扩张,同时也造成了珙桐群体间较低的基因流动.

### 3.3 珙桐的保护策略

珙桐是中国特有的珍稀濒危树种,具有极高的观赏价值、生态价值和科研价值.由于生境范围狭小、自然更新困难、种子败育现象严重和人们的肆意破坏等原因,珙桐的自然种群数量急剧减少.本研究表明珙桐具有丰富的遗传多样性,且种群内的遗传变异大于种群间的遗传变异.为了有效保护珙桐的遗传多样性,建议加强珙桐原产地的就地保护,同时人为推广种子繁殖的方式,达到尽可能保护珙桐丰富的遗传多样性的目的.

### 参考文献:

- [1] 贺金生,林洁,陈伟烈.我国珍稀特有植物珙桐的现状及其保护[J].生物多样性,1995,3(4):213-221.
- [2] 胡进耀,苏智先,黎云祥.珙桐生物学研究进展[J].中国野生植物资源,2003,22(4):15-19.
- [3] 郝云庆,李旭光,丁易,等.巫山县白果林场珙桐群落生态特征研究[J].西南师范大学学报:自然科学版,2003,28(6):958-962.
- [4] 黎云祥.珙桐生物学研究现状及展望[J].西华师范大学学报,2003,24(3):269-275.
- [5] 禹玉婷,徐刚标,汪晓萍.珙桐研究进展[J].经济林研究,2006,24(4):92-94.
- [6] 司继跃,雷妮娅,司培燕,等.珙桐研究综述[J].科学技术与工程,2009,9(13):3713-3719.
- [7] 张家勋,李俊清,周宝顺,等.珙桐的天然分布和人工引种分析[J].北京林业大学学报,1995,17(1):25-30.
- [8] 张清华,郭泉水,徐德应,等.气候变化对我国珍稀濒危树种——珙桐地理分布的影响研究[J].林业科学,2000,36(2):47-52.
- [9] 张征云,苏智先,申爱英.中国特有植物珙桐的生物学特性、濒危原因及保护[J].淮阴师范学院学报:自然科学版,2003,2(1):66-69.
- [10] 李月琴,雷泞菲,徐莺,等.高温胁迫对珙桐叶片生理生化指标的影响[J].四川大学学报:自然科学版,2009,46(3):809-813.
- [11] 朱利君,苏智先,胡进耀,等.珍稀濒危植物珙桐超氧化物歧化酶活性[J].生态学杂志,2007,26(11):1766-1770.
- [12] 钟小翠,吴庆贵,贺静,等.海拔对珙桐叶片比叶面积和气孔密度的影响[J].绵阳师范学院学报,2010,29(2):76-78.
- [13] 刘荣,欧阳明安.珙桐叶中喹啉类生物碱甙——pumiloside 结构鉴定[J].亚热带植物科学,2006,35(1):35-38.
- [14] 欧阳明安,周剑宁.珙桐叶中的黄酮甙成分[J].广西植物,2003,23(6):568-570.
- [15] 刘荣,王从周,欧阳明安.珙桐枝皮中的生物碱甙成分研究[J].广西植物,2007,27(2):277-280.
- [16] 马宇飞.珍稀濒危植物珙桐的种群生态学和胚胎学的初步研究[D].北京:北京林业大学,2004.
- [17] 操国兴,严娟,罗畅.珍稀濒危植物珙桐繁育系统的初步研究[J].西南大学学报:自然科学版,2007,29(4):124-126.
- [18] 李雪萍,何正权,陈发菊,等.神农架 4 个珙桐种群遗传多样性的 RAPD 分析[J].北京林业大学学报,2006,28(3):66-70.
- [19] 宋丛文,包满珠.天然珙桐群体的 RAPD 标记遗传多样性研究[J].林业科学,2004,40(4):75-79.
- [20] 季红春,苏智先,杨军,等.珙桐中一个与低温相关基因的克隆及其表达研究[J].云南植物研究,2010,32(2):151-157.
- [21] 黎云祥.珍稀濒危植物珙桐(*Davidia involucreta*)苞片差异表达基因的克隆与分析[D].成都:四川大学,2002.

- [22] 张玉晶, 李牡丹, 石 旭, 等. 珙桐基因组 DNA 的提取及 ISSR-PCR 体系的优化 [J]. 山地农业生物学报, 2011, 30(3): 211–214.
- [23] YEH F C, YANG R C, BOYLE T et al. POPGENE, the User Friendly Shareware for Population Genetic Analysis [D]. Edmonton: University of Alberta Edmonton, 1997.
- [24] NEI M. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals [J]. Genetics, 1978, 89(3): 583–590.
- [25] MILLER M P. Tools for Population Genetic Analysis (TEPGA): Version 1.3 [D]. Arizona: Northern Arizona University, 1997.
- [26] HAMRICK J L, GODT M J W, SHERMAN-BROYLES S L. Factors Influencing Levels of Genetic Diversity in Wood Plant Species [J]. New Forest, 1992, 6(1): 95–124.
- [27] 王 静, 张小平, 李文良, 等. 濒危植物连香树种群的遗传多样性和遗传分化研究 [J]. 植物研究, 2010, 30(2): 208–214.
- [28] 葛永奇, 邱英雄, 丁炳扬, 等. 孑遗植物银杏群体遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 生物多样性, 2003, 11(4): 276–287.
- [29] HAMRICK J L, GODT M J W. Allozyme Diversity in Plant Species [M]//BROWN A D H, CLESS M T, KAHLER A L, et al. Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Resources. Massachusetts: Sinauer, 1989: 43–63.
- [30] SLATKIN M. Gene Flow in Natural Populations [J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 1985, 16(1): 393–430.
- [31] LOVELESS M D, HAMRICK J L. Ecological Determinants of Genetic Structure in Plant Populations [J]. Ann Rev Ecol, 1984, 15(1): 65–95.
- [32] 苏瑞军, 苏智先. 珙桐种子散布、萌发及其种群龄级分配的关系研究 [J]. 林业科学, 2005, 41(3): 192–195.

## ISSR Analysis of the Genetic Diversity of the Endangered Plant *Davidia involucrate* Baill.

GUAN Ping, ZHANG Yu-jing, SHI Jian-ming, CHEN Ye

College of Life Science, Guizhou University, Guiyang 550025, China

**Abstract:** ISSR (inter-simple sequence repeat) markers were used to analyze the genetic diversity of 6 populations of *Davidia involucrate* Baill and 1 population of *D. involucrata* Baill. var. *vilmoriniana* (Dode) Wanger, the samples totaling 117. A total of 199 discernible DNA loci were generated by 12 ISSR primers, of which 177 were polymorphic. At the species level, percentage of polymorphic loci (PPL), genetic diversity ( $H_e$ ) and Shannon information index ( $I$ ) was 88.94%, 0.278 4 and 0.418 7, respectively. Polymorphism at the population level was rather low, PPL ranging from 35.18% to 48.74%,  $H_e$  from 0.126 0 to 0.179 5, and  $I$  from 0.188 1 to 0.265 1. The genetic differentiation ( $G_{st}$ ) based on the Nei's genetic diversity was 0.474 5, indicating that there was 47.45 % of the variance among them and 52.55 % of the variance within them, and the gene flow was 0.553 7 among them. Cluster analysis showed that there was no significant correlation between genetic distance and geographic distance.

**Key words:** *Davidia involucrate* Baill.; ISSR; genetic diversity

