

# 种子漂移对舟山群岛临海植物滨柃遗传分化的影响

张帆, 王中生, 安树青, 冷欣, 冯珏, 魏娜, 陈姝凝

(南京大学 生命科学学院, 森林生态与全球变化实验室, 江苏 南京 210093)

**摘要:** 利用简单重复序列间扩增(ISSR)分子标记, 分析了舟山群岛 3 个岛屿 4 个滨柃种群的遗传结构, 比较了分布区域不同的 3 个物种滨柃、全缘冬青与红楠遗传变异的差异。滨柃种群平均多态性百分比 ( $L_{pp}$ ) 为 37.95%, 有效等位基因数 ( $N_e$ ) 为 1.223, Nei's 基因多样性 ( $H$ ) 为 0.132, Shannon 多态性信息指数 ( $I$ ) 为 0.200, 均低于全缘冬青与红楠的遗传多样性水平。滨柃种群间遗传分化指数 ( $G_{st}$ ) 为 0.202, 远低于全缘冬青 (0.316) 及红楠 (0.311)。个体间 UPGMA 聚类表明, 岛屿隔离没有完全阻隔滨柃在不同岛屿间的交流, 植物种子随海水漂移降低了其种群间遗传分化水平, 而全缘冬青与红楠其种群间交流则受到岛屿的严重隔离。

**关键词:** 舟山群岛; 滨柃; 遗传分化; 漂移

**中图分类号:** Q16; X176 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3096 (2007) 05-0025-07

基因流可以减轻种群间的空间隔离效应, 从而增加总种群的有效种群数量, 减缓小种群的近交衰退以及遗传变异能力的丧失<sup>[1]</sup>。种子作为基因流的重要载体, 其有效传播对种群自我更新与扩展、种群遗传多样性维持具有重要作用<sup>[2,3]</sup>。岛屿间地理隔离限制了岛屿间种群花粉的有效散布, 繁殖体洋流漂浮成为岛屿间交流的主要方式<sup>[4]</sup>。一些耐盐的临海植物由于种子或其他繁殖体, 随洋流漂移缓解了地理隔离效应, 例如红树植物因具有特殊的生物学特征, 如胎生、半胎生、耐盐, 且形成可漂浮于水面的幼苗(胚体), 使得各地区难以形成地理上的隔离<sup>[5]</sup>。在高等植物特有种高达 75% 的澳洲, 其 27 种真红树中, 红树特有种仅有 4 个<sup>[6]</sup>。随流传播是热带亚洲和热带大洋洲红树植物区系密切相关的主要原因<sup>[7]</sup>。

舟山群岛是中国的第一大群岛, 由 1 339 个大小岛屿组成。受海岛特殊的地理环境影响, 拥有较丰富的海岛或滨海植物资源。种子植物区系特点表现为: (1) 地理成分复杂多样; (2) 滨海植物区系发达; (3) 缺乏古老性, 特有现象不明显, 与日本及中国台湾均有密切的联系<sup>[8]</sup>; (4) 舟山群岛受海洋环流影响显著, 群岛与外界植物交流频繁, 岛屿特有植物相对贫乏, 但自然分布的濒危植物达 21 种<sup>[9]</sup>, 如普陀

鹅耳枥 (*Carpinus putoensis*)、舟山新木姜子 (*Neolitsea sericea*)、普陀樟 (*Cinnamomum japonica*) 等。因此, 舟山群岛是进行岛屿生物地理学研究的良好场所。

作者采用 ISSR 标记检测来自舟山群岛 3 个岛屿普陀山岛、朱家尖岛和桃花岛 4 个种群滨柃种群的遗传结构与遗传变异, 比较分布区域不同但种群数量相同的滨柃、全缘冬青与红楠的种群遗传多样性及其种群间遗传分化的差异; 旨在探讨繁殖体漂移对于临海生长的滨柃的遗传分化的作用, 为滨柃与其它临海生长的濒危植物的遗传多样性保护提供参考依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 舟山群岛自然概况

舟山群岛位于浙江东北部, 地理位置坐标为 121°30' ~ 123°25' E, 29°32' ~ 31°04' N, 陆地面

收稿日期: 2006-05-10; 修回日期: 2007-03-01

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(39830310, 30570298和30400054)

作者简介: 张帆 (1982-), 男, 江苏兴化人, 硕士, 主要从事濒危植物的保护遗传学研究; 安树青, 通讯作者, E-mail: anshq@nju.edu.cn

积有 1 241 km<sup>2</sup>。舟山群岛系天台山脉向东北方向的延伸部分,地史较为年轻至今约 7 000~9 000 a。气候属北亚热带南缘季风海洋性气候,冬无严寒,夏无酷暑,光照充足,雨量充沛;春季多海雾,秋季多台风。天然植被类型主要有暖性针叶林、针阔混交林、常绿阔叶林、落叶阔叶林、常绿落叶阔叶混交林、竹林、灌丛、灌草丛及沙生和盐生植物群落。天然林现存极少,多分布于舟山岛、桃花岛、普陀山与珞伽山等处,少量次生常绿阔叶林残存于普陀山、桃花岛、朱家尖、大猫岛和珞伽山等人为影响较小的沟谷地带。珍稀优良乡土树种主要分布于以红楠、青冈、普陀桂为主的常绿阔叶林中和以红楠、青冈、黄檀、合欢为主的常绿落叶阔叶混交林中。植物区系与日本最为相似,共有种达 475 种,相似性为 65.8%<sup>[8]</sup>。

滨柃 (*Eurya emarginata* Makine) 属山茶科柃属,盐生灌木植物,雌雄异株,虫媒传粉。分布于浙江舟山群岛(普陀山岛、朱家尖岛、桃花岛)、福建沿海(川石、连江、福清)及台湾(台东、台北、屏东),属滨海区系植物,多生于滨海岩石缝隙或灌丛中<sup>[10]</sup>。全缘冬青(*Ilex integra*)隶属冬青科冬青属,为雌雄异株、风媒传粉的多年生常绿乔木,主要分布于我国浙江舟山群岛(朱家尖岛、普陀山岛、桃花岛等)及日本海滨<sup>[11]</sup>,为舟山群岛 4 种岛屿特有种之一<sup>[9]</sup>,被列为浙江濒危植物<sup>[8,11]</sup>;在舟山群岛主要分布于海拔 40~250 m 的常绿阔叶林中<sup>[12]</sup>。红楠 (*Machilus thunbergii*) 隶属樟科润楠属,雌雄同株,为虫媒传粉的常绿乔木树种,渐危种。舟山群岛红楠为该群岛地带性植被——常绿阔叶林及常绿落叶阔叶混交林中的重要指示种或伴生种,主要分布于海拔 200~500 m 的山地环境<sup>[13]</sup>。

## 1.2 滨柃的采集

依据前期调查,滨柃分布零散且个体数少,故选择 3 个主要分布岛屿,桃花岛 (TH)、普陀岛 (PT) 和朱家尖岛 (ZJ) 进行采样。朱家尖岛株数较多,且分布范围不同,分为两个种群进行采样,分别标记为 ZJ<sub>j</sub> 和 ZJ<sub>z</sub>; 加上桃花岛 (TH)、普陀岛 (PT), 共计 4 个种群 (图 1)。滨柃作为濒危海岛植物,可供分析成年样本数少,故采用全部采样方式采集分析样本。TH、PT、ZJ<sub>j</sub>、ZJ<sub>z</sub> 4 个种群采集样本数目分别为 6、10、9、10 (全缘冬青与红楠种群平均采样数目为 9.3、11.4)。对采样植株分别进行挂牌编号。新鲜无虫瘿叶片采集后经蒸馏水清洗、擦干,并用硅胶干燥保存。

## 1.3 总 DNA 提取方法

采用改良的 CTAB 方法<sup>[14]</sup>提取总 DNA。因滨柃叶片多粘性物质,需经氯仿/异戊醇反复抽提,通过含 EB 的 1% 琼脂糖 (Promega 公司产品) 凝胶电泳及 EPSON 紫外自动成像仪观察比较,以选取带型清晰、无明显拖尾的 DNA 样品,并经紫外分光光度计 (Eppendorf Biophotometer, Germany) 检测模板浓度。

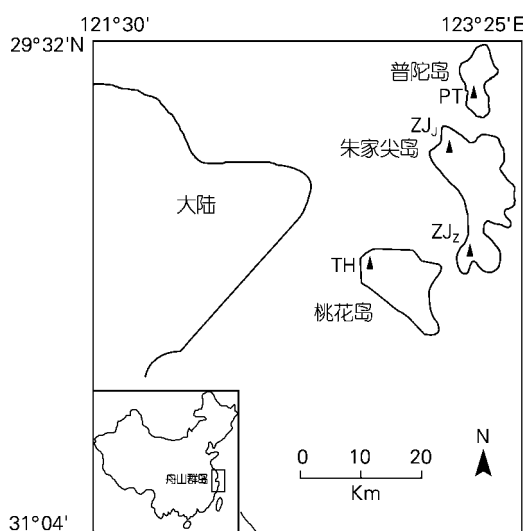


图 1 舟山群岛主要岛屿及滨柃采样点

Fig.1 Main islands and sampling stands of the Zhoushan Archipelago

## 1.4 PCR 扩增与引物筛选

ISSR 扩增反应条件优化后确定为: 25 uL PCR 扩增反应液包括 2.5 uL 10 × Buffer (Mg<sup>2+</sup> free)、2 uL MgCl<sub>2</sub> (25 mmol/L)、dNTP (各 10 mmol/L) 0.5 uL、Taq 酶 (5 U/uL) 0.3 uL、BSA (1 mg/mL) 0.25 uL、1 uL Primer (5 mmol/L)、模板 1 uL (50 ng)、其余为灭菌双蒸水,上述成分除 Primer 外,均为 Promega 公司产品;优化后扩增程序为: 94 预变性 5 min, 然后进行 45 个循环: 94 变性 1 min, 52~55 复性 45 s, 72 延伸 2 min, 循环结束后 72 5 min。PCR 产物在含有 EB 的 2.0% 琼脂糖凝胶中电泳,以 100 bp Marker (GeneRuler 100 ladder, IBM 公司) 作为对照, EPSON 紫外自动成像仪照相。

从 Operon 公司 80 条 10 碱基的 ISSR 引物中选出 9 条扩增条带清晰、多态性高、重复性可靠的引物用于 4 个种群所有样品的 PCR 扩增,引物编号为:

802,803,804,805,825,826,846,847,874。

### 1.5 数据处理

电泳图谱中每一扩增条带代表引物的一个结合位点，均视为有效的分子标记。按凝胶同一位置上 DNA 带的有无进行统计，有带(包括弱带)的记为“1”，无带的记为“0”。对群体遗传参数的统计基于以下两个假设：(1) 滨柃群体处于 Hardy - weinberg 平衡；(2) 统计条带时认为电泳迁移率相同的条带是扩增基因组上的相同 DNA 片段的产物。采用 POPGEN Version 1.31 软件<sup>[15]</sup>对全部种群和个体分别进行遗传参数分析，包括有效等位基因数 ( $N_e$ ) Nei's 基因多样性 ( $H$ ) Shannon's 多态性信息指数 ( $I$ ) 种群总基因多样性 ( $H_t$ ) 种群内基因多样性 ( $H_s$ ) 种群间遗传分化指数 ( $G_{st} = 1 - H_s/H_t$ ) 和 Nei's 遗传距离 ( $D$ )。根据 Nei's 遗传距离，利用 NTSYSpc Version 2.10<sup>[16]</sup> 软件对舟山群岛滨柃 35 个单株进行 UPGMA 聚类。全缘冬青和红楠的数据来自本实验室发表的文献<sup>[12,13]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 舟山群岛不同生境下 3 个物种遗传多样性的差异

利用筛选的 9 条 ISSR 引物，对舟山滨柃 4 个种

群的 35 个个体的 DNA 样品进行 PCR 扩增，每条引物扩增出的位点数目为 7 至 12 条不等，条带片断范围在 250 ~ 2 000 bp 之间。

滨柃 4 个种群的多态位点百分比 ( $L_{pp}$ ) 介于 33.73% ~ 40.96%；普陀山岛种群多态位点百分比最高，桃花岛种群最低。 $N_e$  介于 1.198 ~ 1.242。 $H$  朱家尖岛  $ZJ_1$  种群最高为 0.142，同岛屿的  $ZJ_2$  种群最低，为 0.122； $I$  在 0.187 ~ 0.212 之间。

就相同标记的三岛屿 4 个种群的遗传多样性而言，单因素方差分析结果表明，多态位点百分比， $N_e$ ， $H$  和  $I$  在滨柃和红楠之间存在极显著差异 ( $P < 0.01$ )，在全缘冬青和红楠之间存在显著差异 ( $P < 0.05$ )，而滨柃与全缘冬青的差异不显著。滨柃遗传多样性最低，红楠最高 (图 2)。

### 2.2 舟山群岛 3 个物种种群间遗传分化的差异

舟山群岛滨柃  $H_t$  为 0.166， $H_s$  为 0.133， $G_{st} = 0.202$ ，即 20.2% 的变异存在于种群之间。全缘冬青和红楠种群间遗传分化指数分别为 0.316<sup>[12]</sup> 与 0.311<sup>[13]</sup>；滨柃种群间分化程度最低 (表 1)。同时，滨柃岛屿种群间遗传距离最低，红楠最高。普陀岛与朱家尖岛

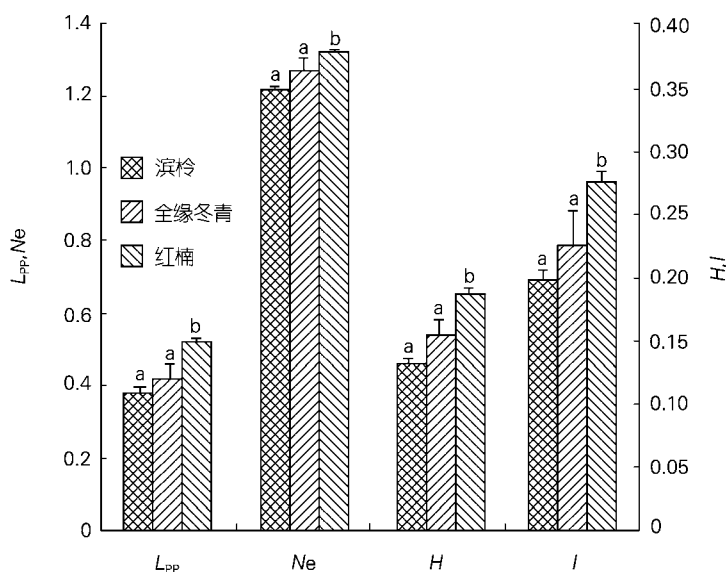


图 2 舟山群岛滨柃、全缘冬青和红楠  $L_{pp}$ ,  $N_e$ ,  $H$  和  $I$  的比较

Fig. 2 Mean percentage of polymorphic loci ( $L_{pp}$ ) effective number of alleles ( $N_e$ ) Nei's gene diversity ( $H$ ) and Shannon's information index ( $I$ ) for populations of *Eurya emarginata*, *Ilex integra* and *Machilus thunbergii* in the Zhoushan Archipelago

相同的符号代表差异不显著，不同的符号代表差异显著或极显著

The same character indicated the difference unexisted, the different characters indicated the significant differences existed ( $P < 0.05$  or  $P < 0.01$ )

地理距离最近 (<4 km), 其 3 物种种群间遗传距离也 最小。

表 1 舟山群岛滨柃、全缘冬青和红楠种群间遗传分化与遗传距离的比较

Tab.1 Genetic differentiation and genetic distance for populations of *Eurya emarginated*, *Ilex integra* and *Machilus thunbergii* in the Zhoushan Archipelago

物种	$H_t$	$H_s$	$G_{st}$	$D_{PT-ZJ}$	$D_{PT-TH}$	$D_{TH-ZJ}$
滨柃	0.166	0.133	0.202	0.530	0.069	0.669
全缘冬青	0.223	0.153	0.316	0.865	0.161	0.126
红楠	0.269	0.186	0.311	0.029	0.155	0.156

### 2.3 不同物种个体间的遗传交流

根据 Nei's 遗传距离, 利用 UPGMA 法构建了滨柃单株遗传关系聚类图 (图 3)。结果显示, 朱家尖

岛的 ZJ<sub>j</sub> 种群和 ZJ<sub>z</sub> 种群中大多数个体处于一支, 说明这两个种群间有着很近的亲缘关系。4 个种群间个体都有混杂存在, 说明种群间存在一定的基因交流。

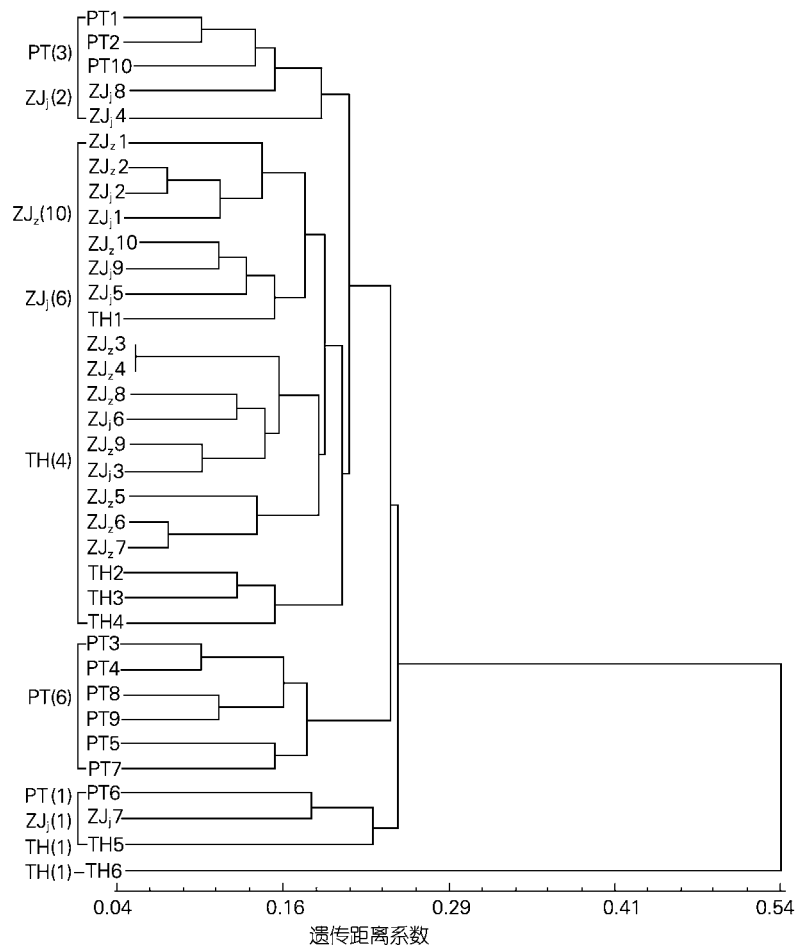


图 3 滨柃单株间的 Nei's 遗传距离 UPGMA 聚类图

Fig.3 UPGMA dendrogram based on Nei's genetic distance of the thirty-five individuals of *Eurya emarginated*

而文献所报道的全缘冬青和红楠的单株遗传关系聚类结果表明,所研究岛屿中均未发现来自于其他岛屿植株的存在<sup>[12,13]</sup>。

### 3 讨论与结论

#### 3.1 舟山群岛 3 物种遗传多样性比较

滨枏遗传多样性水平低于舟山群岛特有濒危种全缘冬青与渐危种红楠<sup>[17]</sup>。岛屿物种的遗传多样性水平受进化起源、繁育系统、有效种群大小和人为活动等因素影响<sup>[18,19]</sup>。岛屿隔离意味着生境片段化,在片段化的生境中维持的小种群,由于遗传漂变和近交概率的增加,使种群遗传多样性损失进一步加重<sup>[20]</sup>。舟山群岛全缘冬青分布海拔在 40~250 m 之间,红楠广布于海拔 200~500 m 的山地间,而舟山群岛滨枏种群主要分布于 10~50 m 的岩质海滩。更加狭窄的分布范围,致使滨枏种群长期维持较小规模,遗传多样性水平降低<sup>[1]</sup>。且植物小种群容易被传粉者所忽略,导致种群传、授粉范围更小,种群内个体间近交的可能性增加<sup>[21]</sup>。舟山群岛滨枏种群分布于临海的海岸岩缝中,为典型虫媒传粉植物,由于临海环境海风频繁,昆虫活动受限,不利于花粉传播,影响了基因交流与等位基因的随机固定,种群有效扩张减缓<sup>[3,22]</sup>。种子做为基因流的另一载体,其有效传播对种群自我更新与扩展以及种群遗传多样性水平具有重要影响<sup>[2,3]</sup>。特殊的岩缝生境特点限制了滨枏种群种子的有效散布;滨枏为矮小灌木植物,种子通过重力散布能力减弱,进一步限制了植物种群内的种子流。种群内的近交频率增加,种群水平的遗传变异降低<sup>[23]</sup>。滨枏低的结实率和萌芽率也严重制约了滨枏的天然更新,导致其种群扩张极为缓慢,是其遗传变异水平低于全缘冬青和红楠的原因之一。

#### 3.2 舟山群岛 3 个物种遗传结构比较

滨枏  $G_{st} = 0.202$ , 低于舟山群岛全缘冬青及红楠的遗传分化程度,源于滨枏种群间有比较大的基因流存在。岛屿间地理隔离限制了花粉及种子传播者的有效散布范围,而人类活动干扰,尤其是近年来这三个岛屿旅游业的快速发展导致岛屿内各种鸟类数量剧减,种子经鸟类传播的机会减少<sup>[12]</sup>,并且鸟类对种子最大传播范围仅为 480~680 m<sup>[24]</sup>,而普陀山岛、桃花岛与朱家尖岛之间的最短海域距离为 4 km,洋流漂浮成为岛屿间种子交流的主要方式<sup>[4]</sup>。例如红树植物白骨壤由重力下落的种子部分落在海水中或者海滩

上,随洋流漂移而生根、发芽与生长,这种种子漂移的方式使不同纬度白骨壤种群间存在较大的基因流<sup>[25]</sup>。

舟山群岛盐生植物滨枏着生于海边岩滩,果实和种子随海水漂移到其他岛屿后,搁浅在海潮能及的潮间带,发芽生根;尽管受海水溅泼,依旧能生长。种子漂移形成的基因流降低了滨枏种群间的遗传分化。全缘冬青与红楠为分布于高海拔的山地环境,种子不易通过海水漂移,种群间遗传分化程度大。滨枏单株间聚类结果显示,不同岛屿间滨枏种群发生了个体交流,普陀山岛(PT)与朱家尖岛种群(ZJj)最为混杂。原因是这两个岛地理距离最近,种子随洋流漂移的机会更大。而距离较远,且间隔有朱家尖岛的桃花岛与普陀山岛之间,具有最高的遗传距离。多数高等植物果实或者种子在海水中长时间浸泡后,其萌发率会显著降低甚至不能萌发<sup>[26]</sup>。对红楠的研究结果表明三个岛屿的种群是独立发展的,均未发现来自于其他岛屿植株的混杂<sup>[13]</sup>,地理隔离限制了红楠在岛屿间的交流。而全缘冬青也未发现各岛屿之间个体的混杂,原因是经海水浸泡后全缘冬青种子的萌发率几乎为零<sup>[12]</sup>。

舟山群岛 3 个物种滨枏、全缘冬青和红楠遗传结构比较研究表明:滨海区系植物滨枏遗传多样性水平低于特有濒危种全缘冬青和渐危种红楠,海滩岩缝的特殊生境和狭窄的分布区域降低了滨枏遗传多样性水平。而滨枏种群间遗传分化程度低于全缘冬青与红楠的水平,源于滨枏种群间存在较大的基因流;种子漂移是增大基因流、降低滨枏种群间遗传分化的主要原因。

#### 参考文献:

- [1] 陈小勇.生境片段化对植物种群遗传结构的影响及植物遗传多样性保护[J].生态学报,2000,9(20):96-99.
- [2] Ouborg N J. Population genetics, molecular markers and the study of dispersal in plants[J]. *Journal of Ecology*, 1999, 87:551-568.
- [3] Hamilton M B, Miller J R. Comparing relative rates of pollen and seed gene flow in the island model using nuclear and organelle measures of population structure[J]. *Genetics*, 2002, 162(4):1 897-1 909.
- [4] Kwon J A, Morden C W. Population genetic structure of two rare tree species (*Colubrina oppositifolia* and *Alphitonia ponderosa*, Rhamnaceae) from Hawaiian dry and mesic forests using random amplified polymorphic DNA

- markers[J]. *Molecular Ecology*, 2002, 11:991-1 001.
- [5] Noel C, Beadle W. The Vegetation of Australia[M]. New York: Cambridge University Press, 1981.614-619.
- [6] 吴鲁夫 E B 著, 仲崇信译. 历史植物地理学[M]. 北京: 科学出版社, 1964.1-632.
- [7] 单家林, 郑学勤. 海南岛红树林植物区系组成与特征[J]. 广东林业科技, 2005, 21(2):41-45.
- [8] 金佩聿, 陈翔虎, 张晓华, 等. 舟山群岛植物区系的研究[J]. 浙江林业科技, 1991, 11(3):1-30.
- [9] 王国明, 徐树华, 叶志军, 等. 舟山群岛珍稀濒危植物的分布与保护[J]. 浙江林学院学报, 1998, 15(2):181-186.
- [10] 浙江植物志编辑委员会. 浙江植物志: 总论卷, 第 1-7 卷[M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1989-1993.
- [11] 张若蕙. 浙江珍稀濒危植物[M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1994.1-405.
- [12] 冷欣, 王中生, 安树青, 等. 岛屿特有种全缘冬青(*Ilex integra*)遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 生物多样性, 2005, 13(6): 546-554.
- [13] 冷欣, 王中生, 安树青, 等. 岛屿地理隔离对红楠(*Machilus thunbergii*) 种群遗传结构的影响[J]. 南京林业大学学报, 2006, 30(2): 20-249.
- [14] Doyle J J. DNA protocols for plants—CTAB total DNA isolation[A]. Hewitt G M, Johnston A. *Molecular techniques in taxonomy*[C]. Berlin, Germany: Springer-Verlag, 1991. 283-293.
- [15] Yeh F C, Yang R C, Boyle T, *et.al.* POPGENE, the user friendly shareware for population genetic analysis[R]. Edmonton, Canada: Molecular Biology and Biotechnology Center, University of Alberta, 1997.
- [16] Rohlf F J. NTSYS-PC. Version 2.10[R]. New York: Applied Biostatistics Inc, 1994.
- [17] 江香梅, 俞湘. 红楠及其研究进展[J]. 江西农业大学学报, 2001, 23(2): 231-235.
- [18] Frankham R. Do island populations have less genetic variation than mainland populations? [J]. *Heredity*, 1997, 78:311-327.
- [19] Weller S G, A K Sakai, C Straub. Allozyme diversity and genetic identity in *Schiedea* and *Alsindendron* (Caryophyllaceae: Alsinoideae) in the Hawaiian Islands[J]. *Evolution*, 1996, 50:23-34.
- [20] Francisco-Ortega J, Santos-Guerra A, Kim S C, *et.al.* Plant genetic diversity in the Canary Islands: a conservation perspective[J]. *American Journal of Botany*, 2000, 87(7):909-919.
- [21] 王铮锋, 彭少麟, 任海. 小种群的遗传变异和近交衰退[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(1):101-107.
- [22] Hamrick J L, Nason J D. Consequences of dispersal in plants[A]. Rhodes O E, Chesser R, Smith M. Spatial and temporal aspects of population processes[C]. Chicago: University of Chicago Press, 1996. 203-236.
- [23] Emerson B C. Evolution on oceanic islands: molecular phylogenetic approaches to understanding pattern and process[J]. *Molecular Ecology*, 2002, 11:951-966.
- [24] Chung G C, Chung M Y, Oh G S, *et.al.* Spatial genetic structure in a *Neolitsea sericea* population (Lauraceae) [J]. *Heredity*, 2002, 85:490-497.
- [25] 黎中宝, 林鹏. 我国不同纬度白骨壤种群遗传多样性和遗传分化的研究[J]. 海洋学报, 2002, 24(1):142-147.
- [26] Angélique Q, Debussche M. Seed dispersal and germination patterns in a rare Mediterranean island endemic (*Anchusa crispera* Viv., Boraginaceae)[J]. *Acta Oecologica*, 2000, 21(6):303-313.

## Effect of excursion of plant seeds floating on genetic differentiation of seaside species *Eurya emarginata* Makine around the Zhoushan Archipelago

ZHANG Fan, WANG Zhong-sheng, AN Shu-qing , LENG Xin, FENG Jue, WEI Na,

CHEN Shu-ning

(Laboratory of Forestry Ecology and Global Changes, School of Life Science, Nanjing University, Nanjing 210093, China)

Received: May, 10, 2006

**Key words:** the Zhoushan Archipelago; *Eurya emarginata* Makine; genetic differentiation; excursion

**Abstract:** We used inter-simple sequence repeat (ISSR) markers to investigate the genetic structure of *Eurya emarginata* Makine for four populations collected from three islands in the Zhoushan Archipelago, and the result was then used for genetic diversity comparison between *Eurya emarginata* Makine, *Ilex integra* and *Machilus thunbergii*. The average values of percentage of polymorphic loci is 37.95%, effective number of alleles ( $N_e=1.223$ ), Nei's genetic diversity ( $H=0.132$ ) and Shannon's information index ( $I=0.200$ ) indicated that the *Eurya* population had lower genetic variations than both the *Ilex integra* and *Machilus thunbergii* species. The genetic differentiation for populations of *Eurya emarginata* Makine ( $G_{st}=0.202$ ) is lower than those of *Ilex integra* and *Machilus thunbergii*. UPGMA cluster for individuals revealed that the isolation between the islands could not completely obstruct the genetic exchanges between different populations of *Eurya emarginata* Makine, and the excursion of plant seeds floating depressed the value of genetic differentiation, while the exchanges of *Ilex integra* and *Machilus thunbergii* populations were greatly isolated by the islands.

(本文编辑：刘珊珊)