

海桑属红树植物遗传多样性和引种关系研究

周涵韬¹, 林 鹏¹

(1. 厦门大学 生命科学学院, 福建 厦门 361005)

摘要: 以海南东寨港红树林自然保护区内无瓣海桑 (*Sonneratia apetala*)、海南海桑 (*S. hainanensis*)、拟海桑 (*S. paracaseolaris*)、杯萼海桑 (*S. abla*)、大叶海桑 (*S. ovata*)、海桑 (*S. caseolaris*) 等 6 种海桑属红树植物为材料, 对 15 个有效引物进行 RAPD 分析, 共扩增出 512 条带, 其中多态性条带为 297, 占总扩增条带的 58.01%。Nei 指数法分析和 UPGMA 统计分析表明, 6 种海桑属红树植物分为 A, B, C 3 个组, 平均遗传距离为 0.38。A 组包括无瓣海桑、海南海桑、大叶海桑、杯萼海桑, 其中无瓣海桑、海南海桑、大叶海桑处于同一个亚组。B 组包括拟海桑。C 组包括海桑。对海南和福建无瓣海桑种群进行 RAPD 分析。对 Shannon 表型多样性指数统计结果表明, 福建种群为 0.669, 海南种群为 0.671, 各种群遗传变异较大, 这与无瓣海桑种群广泛的适应性相一致。对种群间的 Shannon 表型多样性指数分析表明, 种群内的遗传变异占整个遗传变异的 93.3%, 而种群间的遗传变异仅占 6.7%。这表明无瓣海桑种群的大部分遗传变异存在于种群内, 而种群间的遗传变异较小。由此可见, 无瓣海桑基因组丰富的多样性, 是使其由海南成功引种到福建的重要因素。同时探讨了与无瓣海桑遗传距离较近的海南海桑 (0.32) 和大叶海桑 (0.26), 作为海桑属红树植物进一步由海南向福建引种的可能性。

关键词: 海桑属; RAPD; 遗传多样性; 引种; 红树林

中图分类号: Q753; Q945 文献标识码: A 文章编号: 0253 - 4193(2002)05 - 0098 - 09

1 引言

红树林是自然分布于热带、亚热带陆海交汇的海岸潮间带的盐生木本植物群落, 通常生长于港湾河口的淤泥滩涂上。它在自然生态平衡中起了特殊作用, 能维护海岸生物种类的多样性, 尤其可以防风减灾、护堤保岸、净化环境、为人们的生存发展带来明显的生态与经济效益。

收稿日期: 2001 - 04 - 02; 修订日期: 2001 - 05 - 24.

基金项目: 国家教育部高等学校博士点基金资助项目 (1999038410)。

作者简介: 周涵韬 (1970—), 男, 湖北省武汉市人, 副教授, 从事植物分子生物学研究。

海桑属红树植物在红树植物中占有重要地位。在我国,海桑属(*Sonneratia*)植物多分布于海南,无瓣海桑已经成功引种到福建。海桑属红树植物属于嗜热窄布种,可忍受的最低月均温度为 $18\sim 20$,向北引种有一定困难,但由于海桑属植物具有发达的根系和良好的消滞潮汐的功能,对海浪冲击、水淹缺氧、生理性缺水胁迫的适应能力强,因此可以很好地保护堤坝免遭冲击,防风减浪,促进海岸生态平衡^[1]。作为高大乔木,海桑属植物还具有重要的美学价值,其植株呈淡绿色,大范围笋状呼吸根整齐地冒出海面,景观奇异,是热带沿海地区绿化造林的良好树种。另外,海桑的果实可食用,在开发软饮料等方面前景远大。海桑和杯萼海桑具有药用价值^[2]。因此,研究海桑属红树植物的遗传性和适应性成为引种推广的首要问题。目前国内外对海桑属红树植物开展了大量的生物学研究工作,成果多集中在生态学、生理学、生物化学等领域,而分子生物学的研究工作还是空白。对红树植物的分类主要通过形态比较、细胞学观察等进行研究,目前对红树植物某些种属的分类关系仍不确定^[3]。自1990年建立^[4,5]随机扩增多态性DNA(RAPD)技术以来,已广泛用于种质资源分析^[6,7]、品种鉴定^[6~8]、遗传连锁图谱的构建^[9,10]、基因定位^[11,12]等领域。本文通过对海南东寨港红树林自然保护区6种海桑属红树植物的RAPD分析,在DNA分子水平上探讨海桑属不同种之间的遗传关系;同时对海南和福建无瓣海桑种群进行RAPD分析,进一步探讨引种过程中种群遗传多样性的变化规律,从而为进一步开发和充分利用我国红树林资源,尤其为引种及推广海桑属植物北移打下基础。

2 材料和方法

2.1 材料

2.1.1 红树植物样品

实验用6种海桑科红树植物嫩叶样品为无瓣海桑、海南海桑、拟海桑、杯萼海桑、大叶海桑、海桑,均采自海南东寨港红树林自然保护区内。无瓣海桑种群分别采自海南东寨港和福建龙海浮宫。在上述的采样地内,对于每种红树植物选择胸径为4 cm以上的母树。用于种间关系的研究:每隔5~10 m随机选取1株,每个种取10个个体,采集幼嫩叶片混合标记为1个种;用于种内种群关系的研究:每隔5~10 m随机选取1株,每个种取5个个体,采集幼嫩叶片单独做好标记。叶片采集后置于 -20 冰箱或液氮中贮存备用。

2.1.2 试剂

Taq DNA聚合酶、单核苷酸(dNTPs)、分子Marker、CTAB等均为Promega公司产品;所用引物为Operon公司及Sangon公司产品;其他试剂均为国产分析纯试剂。

2.1.3 仪器

PCR仪:PE公司,480型;紫外分光光度计:752型;电泳仪: BIO - RAD公司,Power300型;凝胶成像系统: UVP公司, GDS8000。

2.2 实验方法

2.2.1 红树植物DNA的提取及检测

红树植物总基因组的提取,采用CTAB法^[13]。

2.2.2 RAPD反应

聚合酶链式反应(PCR)体系 Taq DNA聚合酶 1.5 U ,引物($5\ \mu\text{mol}/\text{dm}^3$) $2\ \text{mm}^3$,dNTPs($1\ \text{mmol}/\text{dm}^3$) $2.5\ \text{mm}^3$, MgCl_2 ($2\ \text{mmol}/\text{dm}^3$) $2.5\ \text{mm}^3$,模板DNA $50\ \text{ng}$,加超纯水至 $25\ \text{mm}^3$,反

应体系用 20 mm³ 石蜡油覆盖. PCR 循环设置为 94 变性 1 min, 36 复性 1 min, 72 延伸 2 min, 共 40 个循环, 然后 72 延伸 7 min, 最后将结果置于 4 冰箱保存.

2.2.3 电泳及观察

将 PCR 扩增产物在用 1 × TBE 配制的 1.5% 的琼脂糖凝胶中电泳分离. EB 直接加入胶中, 终浓度约为 0.5 mg/dm³. 在 3 V/cm 的恒压下电泳 2.5 h. 电泳结束后在紫外检测仪上观察记录扩增产物的泳带, 并在凝胶成像系统中保存图像.

2.2.4 数据的统计和分析

(1) 遗传距离 (D)、遗传一致度 (遗传相似性系数 S) 及聚类分析: 按琼脂糖凝胶同一位置上 DNA 带的有无进行统计, 有带的记为 '1' (包括弱带), 无带的记为 '0'. 根据 RAPD 扩增结果所统计的数据, 遗传距离和遗传一致度的计算运用 Nei^[14] 指数法为 $S = 2N_{xy} / (N_x + N_y)$, N_{xy} 为种间共有的扩增带, N_x 为 x 种具有的扩增带, N_y 为 y 种具有的扩增带, $D = 1 - S$, 聚类分析运用无权重配对算术平均数法 (unweighted pair group mean average, UPGMA) 进行.

(2) Shannon 信息多样性指数^[15,16] $H = - \sum P_i \ln P_i$, 其中 P_i 是种群 (亚种群) 内一条扩增产物存在的频率, 或称 RAPD 表型频率; H 为表型多样性指数. H 可以计算两种水平的多样性: H_{pop} 和 H_{sp} . H_{pop} 是种群内平均多样性的测度, $H_{pop} = 1/n \sum H$, 其中 n 为种群数. H_{sp} 是总的多样性, 为 $H_{sp} = - \sum P \ln P$, P 为种群间一条扩增产物存在的频率. H_{pop}/H_{sp} 是种群内多样性所占比例; $(H_{sp} - H_{pop})/H_{sp}$ 为种群间多样性所占的比例.

3 结果和分析

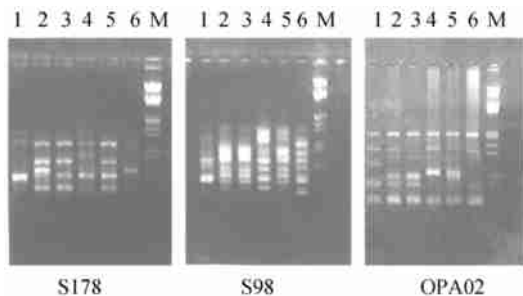


图 1 海桑属 6 种红树植物 DNA 指纹图谱

1. 无瓣海桑, 2. 海南海桑, 3. 拟海桑, 4. 杯萼海桑,
5. 大叶海桑, 6. 海桑, M. DNA EcoR I / Hind III

3.1 海桑属红树植物 RAPD 扩增结果分析

利用 15 个有效引物进行 RAPD 分析, 获得海桑属 6 种红树植物的遗传分类关系. PCR 扩增的电泳图谱见图 1. 由图 1 可知各引物在上述每种红树植物中扩增的条带数为 5~8 条, 扩增片段的大小在 0.35~3.5 kb 之间. 15 个有效引物扩增的条带重复性好 (重复两次以上), 带型清晰, 便于统计分析. 同时对 DNA 带型进行统计 (见表 1). 由表 1 统计结果可知, 15 个有效引物共扩增出 512 条带, 平均每个引物扩增出 34.1 条带. 多态性条带为 297, 平均每

个引物为 19.8. 多态性条带占总扩增条带的 58.01%.

3.2 海桑属红树植物遗传一致度及遗传距离聚类分析

利用 Nei 指数法得出 6 种红树植物间的遗传一致度和遗传距离, 结果见表 2. 并运用 UPGMA 统计分析法对海桑属 6 种红树植物的种间亲缘关系进行聚类分析, DNA 分子分类系统图 (见图 2). 6 种海桑属红树植物分为 A, B, C 3 个组, 最大遗传距离在杯萼海桑与拟海桑之间, 为 0.55, 平均遗传距离为 0.38, 在 0.1~0.4 之间, 符合属内种间关系. A 组包括无瓣海桑、海

表1 15个有效引物在海桑属6种红树植物中PCR扩增情况

引物号	序列	扩增条带	多态性条带	多态性条带占百分率(%)
OPG05	CTGAGACGGA	37	25	67.56
OPG15	ACTGGGACTC	43	25	58.14
OPH01	GGTCGGAGAA	31	19	61.29
OPH19	CTGACCAGCC	33	21	63.64
OPA02	TGCCGAGCTG	31	14	45.16
OPA19	CAAACGTCGG	28	16	57.14
S08	GTCCACACGG	38	20	52.63
S58	GAGA GCCAAC	29	17	58.62
S68	TGGACCGGTG	34	22	64.70
S78	TGAGTGGGTG	36	24	66.67
S88	TCACGTCCAC	29	17	58.62
S168	TTTGCCCGGT	38	20	52.63
S178	TGCCGAGCCT	42	24	57.14
S188	TTCAGGGTGG	29	17	58.62
S198	CTGGCGAACT	34	16	47.05
总和		512	297	
平均		34.1	19.8	58.01

南海桑、大叶海桑、杯萼海桑,其中无瓣海桑、海南海桑、大叶海桑处于同1个亚组。无瓣海桑与海南海桑、大叶海桑的遗传距离最近,分别为0.32和0.26。B组包括1个种拟海桑,C组包括1个种海桑。分子分类结果与宏观分类结果(表3)基本一致^[17],尤其是无瓣海桑与海南海桑、大叶海桑在形态学分类中同处于花瓣缺的一组。拟海桑、海桑、杯萼海桑虽然在形态学分类中共处于有花瓣的一组,但从分子水平看,它们之间的遗传距离较远,聚于不同的组中。

表2 海桑属6种红树植物的遗传距离(下三角)及遗传一致度(上三角)

	无瓣海桑	海南海桑	杯萼海桑	海桑	大叶海桑	拟海桑
无瓣海桑	0	0.68	0.59	0.52	0.74	0.53
海南海桑	0.32	0	0.67	0.46	0.87	0.72
杯萼海桑	0.41	0.33	0	0.46	0.66	0.45
海桑	0.48	0.54	0.54	0	0.70	0.52
大叶海桑	0.26	0.13	0.34	0.30	0	0.66
拟海桑	0.47	0.28	0.55	0.48	0.34	0

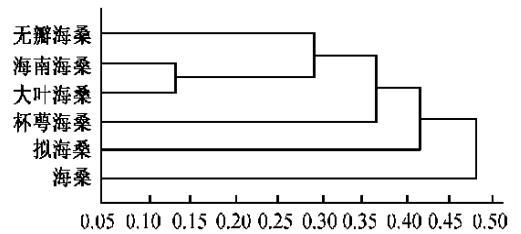


图2 6种海桑属红树植物的分子分类系统

表3 6种海桑属红树植物分类检索表

1. 花瓣存在
 2. 萼檐裂片里面红色;花丝线形,叶倒卵形 1. 杯萼海桑
 2. 萼檐裂片里面浅绿或黄白色;花丝上部白色,下部红色
 3. 花瓣线状披针形,暗红色;叶柄红色;种子极多而细小 2. 海桑
 3. 花瓣剑形或带形,鲜红色;叶柄绿色;种子少数,略粗具棱 3. 拟海桑
1. 花瓣缺

续表 3

- 4. 萼檐裂片 4 枚;叶长 5.5 ~ 13 cm,宽 1.5 ~ 3.5 cm 4. 无瓣海桑
- 4. 萼檐裂片 5(6~8)枚,叶倒卵形
- 5. 叶阔椭圆形或近圆形,罕有阔卵形,长 6.5 ~ 8 cm,宽 6 ~ 8 cm;萼管具明显 6 棱 5. 海南海桑
- 5. 叶阔卵形或近圆形,长 4 ~ 10 cm,宽 3 ~ 9 cm;萼管具明显的小瘤状体 6. 大叶海桑

3.3 海南—福建无瓣海桑种群间遗传多样性分析

利用 15 个有效引物对海南东寨港和福建龙海浮宫红树林自然保护区无瓣海桑种群进行 RAPD 比较分析. 电泳图谱见图 3,随机引物 PCR 扩增情况见表 4. 由图 3 可知各引物在上

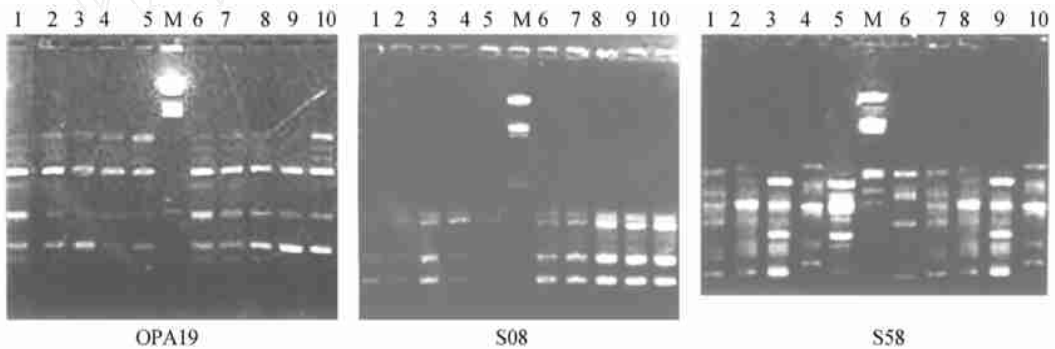


图 3 无瓣海桑海南东寨港种群和福建龙海浮宫种群 PCR 扩增图谱

1 ~ 5. 海南东寨港无瓣海桑种群, 6 ~ 10. 福建龙海浮宫无瓣海桑种群, M. DNA EcoR I/ Hind III

表 4 15 个有效引物在无瓣海桑海南种群和福建种群中 PCR 扩增情况

引物号	无瓣海桑海南种群			无瓣海桑福建种群		
	扩增条带	多态性条带	多态性条带占百分率(%)	扩增条带	多态性条带	多态性条带占百分率(%)
OPG05	35	9	25.71	38	11	28.95
OPG15	45	20	44.44	43	18	41.86
OPH01	42	16	38.10	43	17	44.74
OPH19	24	5	20.83	21	3	14.29
OPA02	21	3	14.29	23	5	21.74
OPA19	28	6	21.43	30	8	26.67
S08	30	8	26.67	29	7	24.14
S58	42	18	42.87	40	17	42.50
S68	41	19	46.34	38	15	39.47
S78	36	13	36.11	34	12	35.29
S88	28	7	25.00	27	5	18.52
S168	37	11	29.73	36	10	27.78
S178	25	3	12.00	26	5	19.23
S188	28	8	28.57	27	10	37.03
S198	25	5	20.00	25	5	20.00
总和	487	151		480	148	
平均	32.47	10.07	31.01	32	9.87	30.83

述无瓣海桑每个个体中扩增的条带数为5~8条,扩增片段的大小在0.35~3.5 kb之间。15个有效引物扩增的条带重复性好(重复两次以上),带型清晰,便于统计分析。同时对DNA带型进行统计,由表5统计结果可知,15个有效引物在海南种群中共扩增出487条带,平均每个引物扩增出32.47条带。多态性条带为151,平均每个引物为10.07。多态性条带占总扩增条带的31.01%;在福建种群中共扩增出480条带,平均每个引物扩增出32条带。多态性条带为148,平均每个引物为9.87。多态性条带占总扩增条带的30.83%。

以上结果表明,在无瓣海桑海南种群和福建种群内遗传多样性丰富,而在海南种群和福建种群之间多态位点率非常接近。进一步运用Shannon表型多样性指数对PCR扩增结果统计分析(表5),结果表明福建种群为0.669,海南种群为0.671。种群间的Shannon表型多样性指数分析结果(表6)表明,种群内的遗传变异占整个遗传变异的93.3%,种群间的遗传变异仅占6.7%,可见无瓣海桑种群的大部分遗传变异存在于种群内,而种群间的遗传变异较少。

表5 15个引物估测的无瓣海桑海南种群和福建种群内的遗传多样性(H)

引物号	序列	无瓣海桑海南种群	无瓣海桑福建种群
OPG05	CTGAGACGGA	0.361	0.375
OPG15	ACTGGGACTC	1.326	1.225
OPH01	GGTCGGAGAA	1.940	1.871
OPH19	CTGACCA GCC	0.095	0.094
OPA02	TGCCGAGCTG	0.264	0.281
OPA19	CAAACGTCGG	0.734	0.729
S08	GTCCACACGG	1.107	1.210
S58	GAGAGCCAAC	0.179	0.158
S68	TGGACCGGTG	0.613	0.601
S78	TGAGTGGGTG	0.678	0.682
S88	TCACGTCCAC	0.789	0.790
S168	TTTGCCCGGT	0.367	0.359
S178	TGCCCA GCCT	0.616	0.620
S188	TTCA GGGTGG	0.264	0.311
S198	CTGGCGAACT	0.734	0.729
平均		0.671	0.669

表6 无瓣海桑海南种群和福建种群间的遗传多样性

引物	亚种群内的遗传多样性	总的遗传多样性	种群内遗传多样性所占比率	种群间多样性所占比率
OPG05	0.560	0.600	0.933	0.067
OPG15	0.019	0.020	0.950	0.050
OPH01	0.238	0.241	0.988	0.012
OPH19	0.610	0.647	0.943	0.057
OPA02	0.541	0.586	0.923	0.077
OPA19	0.798	0.917	0.870	0.130
S08	0.383	0.387	0.990	0.010

续表 6

引物	亚种群内的遗传多样性	总的遗传多样性	种群内遗传多样性所占比率	种群间多样性所占比率
S58	0.405	0.407	0.995	0.005
S68	0.055	0.058	0.945	0.055
S78	0.662	0.697	0.949	0.051
S88	0.161	0.179	0.901	0.099
S168	1.697	1.867	0.909	0.091
S178	0.396	0.401	0.987	0.013
S188	0.402	0.429	0.937	0.063
S198	0.293	0.301	0.973	0.027
平均	0.481	0.516	0.933	0.067

4 讨论

由 6 种海桑属红树植物遗传多样性分析结果看,其多态位点率为 58.01%,这说明海桑属红树植物拥有丰富的遗传多样性,而遗传多样性丰富又是其适应各种生境的基础。

由无瓣海桑海南种群和福建种群的遗传多样性分析结果看,海南种群多态位点率为 31.01%,Shannon 表型多样性指数为 0.671;福建种群多态位点率为 30.83%,Shannon 表型多样性指数为 0.669。对种群间的 Shannon 表型多样性指数分析结果表明,种群内的遗传变异占整个遗传变异的 93.3%,种群间的遗传变异仅占 6.7%。可见,无瓣海桑种群的大部分遗传变异存在于种群内,而种群间的遗传变异较小。这表明:(1) 无瓣海桑种群的遗传多样性丰富,而丰富的遗传多样性是其广泛适应性的基础。无瓣海桑对潮间带的适应能力较强,向陆方向可生长于海莲林、角果木林外缘,向海方向可生长于中低潮滩的秋茄林内或林缘,在粉壤到黏土上均能正常生长。由孟加拉国引入我国后,现已分布到海南、广东、福建等地;(2) 海南种群和福建种群虽然所处生境条件差异较大,但引种后种群间的遗传差异较小,进一步表明无瓣海桑基因组的多样性是其广泛适应性的决定因素。

海桑属红树植物在引种过程中,主要的环境制约因子是温度,尤其是最低月均温度。海桑属红树植物最适温度为 16~18℃。海南东寨港红树林自然保护区温度为 15.1℃,福建龙海浮宫红树林自然保护区温度为 12.2℃。目前,无瓣海桑已经由海南引种到福建,表明了其对温度适应性的提高。为充分发挥海桑属红树植物资源的优越性,我们将进一步将海南海桑属其他种的红树植物引种到福建。通过以上对海桑属 6 种红树植物遗传多样性分析,以及对无瓣海桑海南种群和福建种群遗传多样性的比较研究,我们提出以下观点:既然无瓣海桑基因组的多样性是其广泛适应性的决定因素,并且已经成功引种,那么与其遗传关系越近的海桑属红树植物种,在各种生理生化特性上与无瓣海桑也会越接近。6 种海桑属红树植物中,无瓣海桑与海南海桑、大叶海桑的遗传距离最近,分别为 0.32 和 0.26,在分子聚类关系上也处于同一组,因而海南海桑、大叶海桑可在下一步引种工作中可作为首选,当然以上观点还需在具体的引种实践中加以检验。

参考文献:

- [1] 林 鹏. 红树林[M]. 北京: 海洋出版社, 1984.
- [2] 郑德璋. 海南岛清澜港红树林发展动态研究[M]. 广东: 广东科技出版社, 1995.
- [3] 林 鹏. 中国红树林生态系[M]. 北京: 科学出版社, 1997.
- [4] WELSH J, McLELLAND M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers[J]. *Nucleic Acids Res*, 1990, 18(24): 7 213—7 218.
- [5] WILLIAMS J G K, KUBELIC A R, LIVAK K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers[J]. *Nucleic Acids Res*, 1990, 18(22): 6 531—6 535.
- [6] YANG X, QUIROS C. Identification and classification of celery cultivars with RAPD markers[J]. *Theor Appl Genet*, 1993, 86: 205—212.
- [7] STILES J I, LEMME C, SONDUR S, et al. Using amplified polymorphic DNA for evaluating genetic relationship among papaya cultivars[J]. *Theor Appl Genet*, 1993, 85: 697—701.
- [8] HU J, QUIROS C F. Identification of broccoli and cauliflower cultivars with RAPD markers [J]. *Plant Cell Rep*, 1991, 10: 505—511.
- [9] ROWLAND L J, LEVI A. RAPD-based genetic linkage map of blueberry derived from a cross between diploid species[J]. *Theor Appl Genet*, 1994, 87: 863—868.
- [10] 陈 洪, 朱立煌, 徐吉臣, 等. 水稻 RAPD 分子连锁图谱的构建[J]. *植物学报*, 1995, 37: 677—684.
- [11] MARTIN GB, WILLIAMS J G K. Rapid identification of markers linked to a *Pseudomonas* resistance gene in tomato by using random primers and near-isogenic lines[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1991, 88: 2 336—2 340.
- [12] PENNER GA, CHONG J, LEMAY M, et al. Identification of a RAPD marker linked to the oat stem rust gene Pg3 [J]. *Theor Appl Genet*, 1993, 85: 702—705.
- [13] 周涵韬, 林 鹏, 郑文竹, 等. 福建九龙江口红树植物分子分类的初步研究[J]. *台湾海峡*, 2001, 20(1): 66—71.
- [14] NEI M, LI W. A mathematical model for studying genetic variation in the terms of restriction endonucleases[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1979, 17: 5 269—5 273.
- [15] CHALMERS K J, WAUGH R, SPRENT J I, et al. Detection of genetic variation between and within population of *Gliricidia sepium* and *G. maculata* using RAPD markers[J]. *Heredity*, 1992, 69: 465—472.
- [16] LEWONTIN R C. The apportionment of human diversity[J]. *Evol Biol*, 1972, 6: 381—398.
- [17] 高蕴璋. 中国海桑属小志[J]. *热带亚热带植物学报*, 1993, 1(1): 11—13.

Analysis on genetic diversity of mangrove species of *Sonneratia* and relationship to plant introduction

ZHOU Han-tao¹, LIN Peng¹

(1. School of Life Sciences, Xiamen University, Xiamen 361005, China)

Abstract: RAPD markers were used to assess the relationships among 6 species of *Sonneratia* in the National Mangrove Nature Reserve of Dongzhai Harbor in Hainan by using the 15 effective 10-oligonucleotide arbitrary primers, a total of 512 DNA bands were amplified, among which 297 (58. 01%) were polymorphic. Based on UPGMA cluster analysis of 512 DNA bands amplified by the thirty primers, a DNA molecular dendrogram was established, which divided 6 species of *Sonneratia* into three main groups. Group A included 4 species: *Sonneratia apetala*, *S. hainanensis*, *S. abla*, *S. ovata*, and Group B: *S. paracaserdaris* and Group C: *S. caseolaris* only

contained one species respectively. Group A could be divided into two subgroups, A1: *Sonneratia apetala*, *S. hainanensis*, *S. ovata* and A2: *S. abla*; two populations of *Sonneratia apetala*, which were from Hainan and Fujian (introduced from Hainan) respectively, were compared by RAPDs. The phenotypic frequencies detected with the 15 primers were calculated and used to estimate diversity (H) within sub-populations. Fujian sub-population exhibited 0.669 and Hainan exhibited 0.671 variability. Shannon's index of phenotypic diversity was then used to partition the diversity were within and between sub-populations components. An assessment of the proportion of diversity present within sub-populations, $H_{pop}/H_{sp} = 0.933$, compared with that between sub-populations, $(H_{sp} - H_{pop})/H_{sp} = 0.067$, indicates that, on average, most of the diversity (93.3%) is detected within sub-populations; while only 6.7% between populations. The plant introduction of *S. hainanensis* and *S. ovata*, which have the nearer genetic distance with *Sonneratia apetala*, is also discussed.

Key words: *Sonneratia*; RAPD; genetic diversity; plant introduction; mangroves