

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,
undefined - undefined 页

题目: 云南干热河谷地区余甘子居群的遗传多样性研究

作者: 李巧明^{1*} 赵建立^{1,2}

1 中国科学院西双版纳热带植物园植物系统与保护生物学实验室, 昆明 650223

2 中国科学院研究生院, 北京 100049

摘要: 余甘子(*Phyllanthus emblica*)是我国西南干热河谷地带的优势植物, 也是一种重要的药用经济植物, 对其遗传多样性进行研究对生态环境的建设和恢复有着重要意义。作者采用 ISSR 分子标记技术对分布于云南干热河谷地区的 4 个余甘子居群的遗传多样性水平进行了检测。12 条引物共扩增出 135 条清晰、重复性好的 DNA 条带, 其中多态性条带为 115 条, 多态位点百分率(PPB)为 85.19%。居群间的遗传分化系数(G_{ST})为 0.1222, 基因流(N_m)为 1.7958。结果表明余甘子居群具有较高的遗传多样性水平, 而居群间存在较低的遗传分化, 这可能主要是由其繁育特性造成的。Mantel 检测表明地理距离和 Nei's 遗传距离间无相关性($r = 0.19798, P = 0.6513 > 0.05$)。当我们进行干热河谷地区生态恢复时, 以上结果对于确定余甘子的取样策略具有指导意义。

关键词: 药用经济植物, 遗传结构, 遗传分化, ISSR

通讯作者: 李巧明 (E-mail: lqm@xtbg.ac.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 304 次, 全文被下载 163 次。

[下载PDF文件 \(347571 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>