

[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: 中华水韭遗传多样性的RAPD分析

作者: 陈进明 王晶苑 刘 星 张彦文 王青锋*

武汉大学生命科学院植物系统学与进化生物学研究室, 武汉 430072

摘要: 采用RAPD方法对珍稀濒危植物中华水韭(*Isoetes sinensis*)4个自然居群的48个样品进行了DNA多态性分析。从60个随机引物中筛选出14个有效引物, 共产生124条DNA片段, 其中72条为多态性条带, 总的多态位点百分率(PPB)为58.06%。各居群间多态位点百分率差异显著(0.81%—12.90%)。AMOVA分析结果表明, 4个居群间基因分化系数 $\Phi_{st}=0.5894$, 即遗传变异中有相当一部分来源于群体间(58.94%)。日益缩小的种群规模而导致的居群内近交和遗传漂变的发生以及居群间有限的基因交流可能是中华水韭目前遗传结构的主要成因。鉴于目前中华水韭居群内个体数偏少、遗传多样性较低的现状, 建议对其进行就地保护并保护尽可能多的生境, 对不同自然居群内的个体进行植株相互移栽和育苗移栽, 以提高不同居群间的基因交流, 尽可能地保护中华水韭的遗传多样性。

关键词: 遗传结构, *Isoetes*, 分子变异, 珍稀濒危植物, 保护

通讯作者: 王青锋 (E-mail: wangqf97@hotmail.com).

这篇文章摘要已经被浏览 1309 次, 全文被下载 1053 次。

[下载PDF文件 \(272346 字节\)](#)

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>