

[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: 樟科濒危植物思茅木姜子遗传多样性的ISSR分析

作者: 陈俊秋^{1,2} 慈秀芹^{1,2} 李巧明¹ 李捷^{1*}

1 中国科学院西双版纳热带植物园昆明分部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: 本文采用ISSR标记对中国特有且仅在云南南部狭域分布的樟科濒危植物思茅木姜子 (*Litsea szemaonis*) 现存8个居群的遗传多样性进行了研究。从96条引物中筛选出了10条, 对103个个体进行了扩增, 共扩增出77条条带, 其中多态性条带为67条。分析结果表明: (1) 思茅木姜子的遗传多样性水平很高。在物种水平上, 多态位点百分率 $PPB = 87.01\%$, 平均每个位点的有效等位基因数 $N_e = 1.4006$, Nei's 基因多样性指数 $H = 0.2466$, Shannon 多样性信息指数 $H_{sp} = 0.3826$; 在居群水平上, $PPB = 37.99\%$, $N_e = 1.2500$, $H = 0.1418$, Shannon 多样性信息指数 $H_{pop} = 0.2088$ 。(2) 居群间的遗传分化较低。基于Nei's 遗传多样性分析得出的居群间遗传分化系数 $G_{st} = 0.3700$; Shannon's 居群分化系数 $((H_{sp} - H_{pop})/H_{sp})$ 为 0.45。AMOVA分析显示: 思茅木姜子的遗传变异主要存在于居群内, 占总变异的72.99%, 居群间的遗传变异占27.01%, 表明思茅木姜子属于异交种。(3) 两两居群间的Nei's 遗传一致性 (I) 的范围为0.8233-0.9761。经Mantel检测, 居群间的遗传距离和地理距离之间不存在显著的正相关关系 ($r = 0.0925$, $P = 0.6931$)。我们推断人类活动的干扰和生境的片段化是导致思茅木姜子濒危现状的主要因素。考虑到目前其遗传多样性水平虽然很高, 但各居群个体数量很少, 因此应该对思茅木姜子各居群的所有个体实施及时的就地保护; 而遗传变异大部分存在于居群内的个体间, 所以在迁地保护时应在各居群内大量采样。

关键词: *Litsea szemaonis*, 特有濒危植物, ISSR, 遗传多样性, 遗传结构

通讯作者: 李捷 (E-mail: jjeli@xtbg.ac.cn) .

这篇文章摘要已经被浏览 403 次, 全文被下载 208 次。

[下载PDF文件 \(949562 字节\)](#)

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>