

[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: 应用ISSR-PCR分析蒙古栎种群的遗传多样性

作者: 张杰¹ 吴迪¹ 汪春蕾¹ 屈红军² 邹学忠³ 杨传平^{2*}

1 东北林业大学生命科学学院, 哈尔滨 150040

2 东北林业大学林学院, 哈尔滨 150040

3 辽宁省林业职业技术学院, 沈阳 110101

摘要: 本研究应用ISSR标记技术对东北地区的优势树种蒙古栎(*Quercus mongolica*)的25个种群遗传多样性进行了分析, 目的是为蒙古栎早期选择提供依据。从60条ISSR引物中筛选出10个特异性强、稳定性好的引物进行ISSR分析。共获得位点数71个, 其中多态位点数56个, 多态位点百分率为78.87%。PopGene分析结果表明: 种群的平均多态位点百分率为45.2%, Shannon表型多样性指数(H')平均值为0.25, 具有较高的遗传多样性, 种群间存在一定程度的基因流(N_m 为1.3818)和遗传分化(Nei's信息多样性指数平均值为0.1068, G_{st} 平均值为0.2657), 种群内的基因多样性占总种群的73.43%, 种群间占26.57%, 表明蒙古栎种群的变异主要来源于种群内。结合聚类分析和地理变异规律把种群划分为两个大的种群组: 小兴安岭种群组和长白山种群组。以上结果可为栎属种质资源的保护和利用以及物种分化研究提供基础资料。

关键词: *Quercus mongolica*, ISSR, 遗传多样性, 遗传结构

通讯作者: 杨传平 (E-mail: yangcp@nefu.edu.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 264 次, 全文被下载 243 次。

[下载PDF文件 \(287616 字节\)](#)

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>