

中华水韭遗传多样性的RAPD分析

陈进明,王晶苑,刘星,张彦文,王青锋*

(武汉大学生命科学学院植物系统学与生物进化学研究室, 武汉 430072)

收稿日期 2003-12-24 修回日期 2004-2-18 网络版发布日期 接受日期

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。

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(265KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“遗传结构”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [陈进明](#)

· [王晶苑](#)

· [刘星](#)