

白皮松的保育遗传学研究 I .基因保护分析

李斌¹, 顾万春¹, 周世良²

1 (中国林业科学院林业所种质资源室, 北京 100091)

2 (中国科学院植物研究所系统与进化植物学重点实验室, 100093)

收稿日期 2002-5-16 修回日期 2002-9-15 网络版发布日期 接受日期

摘要 在白皮松主要分布区抽取了10个天然群体进行酶电泳分析, 共测定了16种酶系统, 得到31个清晰酶位点和53个等位基因。按照基因频率进行分类, 53个基因中有32个全局基因、14个广域基因、6个局域基因和1个特异基因。通过计算机模拟建立基因捕获曲线的结果表明, 随机抽取5个群体可平均捕获99.9%的基因。群体的等位基因频率与地理生态因子的相关分析表明, *Idh*与*Pgi*⁻²两个位点的基因频率呈现明显的梯度变异。该项研究为有效保护白皮松天然群体的基因资源提供了依据。

关键词 [白皮松](#) [等位酶](#) [梯度变异](#) [基因保护](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

李斌 libin@rif.forestry.ac.cn

作者个人主页: [李斌¹](#); [顾万春¹](#); [周世良²](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (823KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)

▶ [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“白皮松”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [李斌](#)

· [顾万春](#)

· [周世良](#)