



武汉植物园野生莲居群遗传研究取得新进展

文章来源：武汉植物园

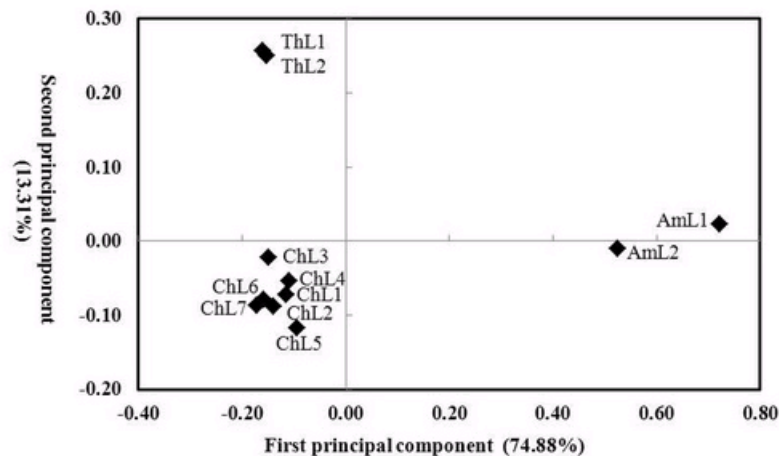
发布时间：2013-04-07

【字号：小 中 大】

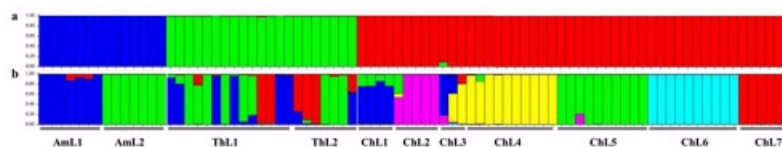
莲作为集观赏、食用、药用于一身的重要水生植物，受到人们广泛的重视。但由于全球环境变化和人类活动，使得野生莲的生境地遭到严重破坏，野生莲资源濒临灭绝。因此研究野生莲居群遗传多样性和遗传结构对野生莲资源的保育具有重要意义。

中科院武汉植物园收集了来源于中国东北、泰国和美国的11个野生莲居群共83株个体。水生植物资源学科组利用SSR分子标记分析了野生莲居群遗传多样性和遗传结构，并提出了合理的保育策略。研究发现，居群间变异是遗传多样性的主要来源，占总变异的88%，而居群内遗传多样性相对较低的，这主要是由莲特殊的繁育方式-主要通过无性繁殖-所决定的。居群间的遗传变异与其地理分布呈显著相关性 ($r=0.89$, $P < 0.001$)，说明地理隔离是这种遗传结构的主要成因。聚类分析、PCA和STRUCTURE分析均证实了中国莲与泰国莲属于亚洲莲 (*N. nucifera*)，但为亚洲莲不同生态型，中国莲为温带型，而泰国莲为热带型。同时揭示了中国莲和泰国莲居群与美洲莲居群 (美洲黄莲, *N. lutea*) 间具有较远的亲缘关系，这是两者地理分布被太平洋隔离所造成。由于所调查的11个莲居群间的遗传分化较大，故需对每个莲居群进行保育。在条件允许情况下应优先选择对野生莲居群进行就地保护 (*in situ* preservation)，同时也应采取必要的迁地保育 (*ex situ* conservation) 策略，以保存野生莲种质原有的遗传多样性。

该研究成果以 *Genetic diversity and structure in populations of Nelumbo from America, Thailand and China: Implications for conservation and breeding* 为题在 *Aquatic Botany* 上在线发表。

[论文连接](#)


野生莲居群PCA分析结果



野生莲居群STRUCTURE分析结果

打印本页

关闭本页