



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: 猕猴桃属植物的cpSSR遗传多样性及其同域分布物种的杂交渐渗与同塑

作者: 张田^{1,2**} 李作洲^{1**} 刘亚令^{1,3} 姜正旺¹ 黄宏文^{1*}

1 中国科学院武汉植物园, 武汉 430074

2 中国科学院研究生院, 北京 100049

3 华中农业大学园艺林学学院, 武汉 430074

摘要: 同域分布的近缘物种常常发生杂交而导致种间基因渐渗, 从而对相关物种的自然居群遗传结构产生重要影响, 近缘种间的杂交渐渗已成为进化生物学和保护生物学关注的热点。本研究采用8对cpSSR引物对我国西部高原台地向中东部丘陵平原过渡地带同域重叠分布的猕猴桃属(*Actinidia*)7个物种的自然居群遗传多样性、居群遗传结构和同域分布种间遗传分化进行了检测。结果表明: (1)在6个多态性位点检测到18个等位基因形成的42个单倍型, 尽管各单倍型间显示了复杂的网状进化关系, 但还是具有明显的物种特异性; (2)各物种有丰富的cpSSR遗传多样性, 但种间存在较大差异, 绵毛猕猴桃(*Actinidia fulvicoma* var. *lanata*)的遗传多样性水平最高($P = 62.50\%$, $h_T = 0.173$, $H_T = 0.897$), 美味猕猴桃(*A. deliciosa*)的最低($P = 37.5\%$, $h_T = 0.041$, $H_T = 0.516$); (3)尽管不同物种的居群分化程度存在较大差异, 但种内居群间存在明显分化(G_{ST} 为0.319–0.780, F_{ST} 为0.401–0.695), 居群间的基因流不足(N_m 为0.219–0.747<1); 其中以美味猕猴桃的居群遗传分化最高($G_{ST} = 0.780$, $F_{ST} = 0.695$); (4)遗传分化系数 G_{ST} (unordered alleles)与 N_{ST} (ordered alleles)无显著差异, 揭示本研究的大多数猕猴桃属物种不存在系统地理结构, 与用Mantel检验得出的居群遗传距离和地理距离不存在显著性相关的结果一致; (5)除了中华/美味猕猴桃复合体(*A. chinensis* / *A. deliciosa* complex)的湖北五峰(HW)和广西资源(GZ)两个同域复合居群外, 同域分布的物种间遗传分化强烈(F_{ST} 为0.476–0.990), 与UPGMA聚类时多数居群按各自物种聚类的结果一致。进一步分析表明, 中华/美味猕猴桃复合体近缘种间存在明显的共祖多态性和杂交渐渗现象, 近缘种植株分布的交错程度以及是否存在亚居群结构对杂交渐渗存在着重要影响。亲缘关系较远的物种间杂交渐渗事件稀少, 但存在个别同塑事件。本研究结果有助于进一步了解猕猴桃属植物自然居群cpDNA的遗传特性和渐渗杂交进化模式, 为我国猕猴桃野生种质资源保育及可持续开发利用提供基础数据和科学依据。

关键词: 猕猴桃, 叶绿体SSR, 基因渐渗, 遗传多样性, 遗传结构, 共祖多态性, 同塑效应

通讯作者: 黄宏文 (E-mail:hongwen@wbcas.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 388 次, 全文被下载 195 次。

[下载PDF文件 \(1227160 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

电 话: 010-82872092
传 真: 010-62569682
E-mail: kcxb@ioz.ac.cn
网 址: <http://www.insect.org.cn>

《昆虫学报》版权所有© 2005