

## 小毛茛居群的遗传分化及其与空间隔离的相关性

汪小凡, 廖万金, 宋志平

1 (武汉大学植物发育生物学教育部重点实验室, 武汉 430072)

2 (北京师范大学生物多样性与生态工程教育部重点实验室, 北京 100875)

3 (武汉大学生命科学学院, 武汉 430072)

收稿日期 2001-2-15 修回日期 2001-3-26 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 采用聚丙烯酰胺凝胶电泳技术, 对分布于华中地区的11个小毛茛 (*Ranunculus ternatus*) 居群的遗传分化进行了检测。对8个酶系统17个酶位点上的分析结果表明, 该种各居群的各项遗传多样性指标处于一个相对较低的水平: 多态位点比率 ( $P$ ) 为0~53.0%, 平均每位点等位基因数 ( $A$ ) 为1~1.647, 平均预期杂合度 ( $H_e$ ) 和观察杂合度 ( $H_o$ ) 分别为0~0.108和0~0.102。居群间遗传一致度甚高 ( $I=0.9754\sim0.9991$ )。根据Nei's遗传距离所作出的聚类分析表明, 豫南信阳地区3个居群与湖北省武汉地区8个居群之间关系较远。而在武汉地区, 长江以北的居群及长江以南的部分居群分别相聚在一起。用GPS定位方法得到居群间空间距离并据此聚类, 结果显示了该种的遗传分化与地理因素的相关性, 并推测出长江的隔离作用加强了两岸居群间的遗传分化。同时发现一个生于独特生境的居群在表型和遗传结构上都已与其他邻近居群有了很大分异, 由于该居群在所检测的酶位点

### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(293KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“小毛茛”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [汪小凡](#)

· [廖万金](#)

· [宋志平](#)