

## 西南地区麻疯树天然种群遗传多样性的等位酶变异

张炜<sup>1,2</sup>, 罗建勋<sup>2</sup>, 辜云杰<sup>2</sup>, 胡庭兴<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>四川农业大学林学院, 四川省林业生态工程省级重点实验室, 四川雅安 625014;

<sup>2</sup>四川省林业科学研究院, 成都 610081

ZHANG Wei<sup>1,2</sup>, LUO Jian-Xun<sup>2</sup>, GU Yun-Jie<sup>2</sup>, HU Ting-Xing<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Key Laboratory of Forestry Ecological Engineering of Sichuan Province, College of Forestry, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China;

<sup>2</sup>Sichuan Academy of Forestry, Chengdu 610081, China

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: PDF (203KB) HTML (1KB) Export: BibTeX or EndNote (RIS) Supporting Info

**摘要** 为了揭示麻疯树(*Jatropha curcas*)天然种群的遗传多样性和遗传结构, 采用聚丙烯酰胺凝胶垂直平板电泳技术, 对采自四川、云南、贵州3个省的10个麻疯树天然种群的叶片样本进行了同工酶分析。7个酶系统10个位点的检测结果表明: 麻疯树种群水平上的遗传多样性较高, 每位点平均等位基因数为2.428 6, 多态位点百分率为97.14%, 平均期望杂合度为0.396 4。种群间遗传分化系数为0.041 3, 种群间总的基因流较高, 为5.808 9, 种群间遗传一致度较高(Shannon信息指数为0.921 7 - 0.995 3)。非加权类平均法(UPGMA)聚类结果显示, 10个种群的遗传距离与地理距离相关性不显著。麻疯树天然种群具有较低程度的遗传分化、较高的基因流, 种内及种群内多样性丰富, 这为麻疯树优良品种的选育提供了良好的遗传基础。

**关键词:** 同工酶 遗传多样性 麻疯树

**Abstract:** *Aims* Our objectives was to investigate the genetic structure and diversity of ten natural populations of *Jatropha curcas*. *Methods* Seven loci encodings were detected by vertical polyacrylamide gel electrophoresis. *Important findings* The genetic diversity of *J. curcas* was high at the species level with a mean number of alleles per locus of 2.428 6, percentage of polymorphic loci of 97.14% and a mean expected heterozygosity of 0.396 4. A low level of genetic differentiation among populations (0.041 3) and a high estimate of gene flow (5.808 9) were detected together with a high level of genetic identity among populations (0.921 7 - 0.995 3). Unweighted pair-group mean arithmetic cluster analysis suggested that the genetic distances among populations were weakly correlated with their geographic distances. The results provided a good genetic base to select varieties.

**Keywords:** allozyme, genetic diversity, *Jatropha curcas*

**收稿日期:** 2010-06-04; **出版日期:** 2011-03-01

**基金资助:**

国家“十一五”科技支撑计划项目; 四川省育种攻关项目资助

**通讯作者** 胡庭兴 Email: hutx001@yahoo.com.cn

**引用本文:**

张炜, 罗建勋, 辜云杰, 胡庭兴. 西南地区麻疯树天然种群遗传多样性的等位酶变异. 植物生态学报, 2011,35(3): 330-336.

ZHANG Wei, LUO Jian-Xun, GU Yun-Jie, HU Ting-Xing. Allozyme variation of genetic diversity in natural populations of *Jatropha curcas* germplasm from different areas in southwest China. Chinese Journal of Plant Ecology, 2011,35(3): 330-336.

**链接本文:**

http://www.plant-ecology.com/CN/10.3724/SP.J.1258.2011.00330 或 http://www.plant-ecology.com/CN/Y2011/V35/I3/330

### Service

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ Email Alert
- ▶ RSS

### 作者相关文章

- ▶ 张炜
- ▶ 罗建勋
- ▶ 辜云杰
- ▶ 胡庭兴

- [1] 魏源, 王世杰, 刘秀明, 黄天志. 不同喀斯特小生境中土壤丛枝菌根真菌的遗传多样性[J]. 植物生态学报, 2011,35(10): 1083-1090
- [2] 张云红, 侯艳, 娄安如. 华北地区小丛红景天种群的 AFLP 遗传多样性[J]. 植物生态学报, 2010,34(9): 1084-1094
- [3] 刘伟, 王曦, 干友民, 黄林凯, 谢文刚, 苗佳敏. 高山嵩草种群在放牧干扰下遗传多样性的变化[J]. 植物生态学报, 2009,33(5): 966-973
- [4] 陈良华, 胡庭兴, 张帆, 李国和. 用 AFLP 技术分析四川核桃资源的遗传多样性[J]. 植物生态学报, 2008,32(6): 1362-1372
- [5] 周会平, 陈进, 张寿洲. 具混合繁殖策略的草本植物异果舞花姜的居群遗传结构[J]. 植物生态学报, 2008,32(4): 751-759
- [6] 严茂粉, 李向华, 王克晶. 北京地区野生大豆种群 SSR 标记的遗传多样性评价[J]. 植物生态学报, 2008,32(4): 938-950
- [7] 刘亚令, 李作洲, 姜正旺, 刘义飞, 黄宏文. 中华猕猴桃和美味猕猴桃自然居群遗传结构及其种间杂交渐渗[J]. 植物生态学报, 2008,32(3): 704-718
- [8] 魏宇昆, 高玉葆. 禾草内生真菌的遗传多样性及其共生关系[J]. 植物生态学报, 2008,32(2): 512-520
- [9] 穆立蕾, 刘赢男. 不同地理分布区紫椴种群的遗传多样性变化[J]. 植物生态学报, 2007,31(6): 1190-1198
- [10] 杨明博, 杨劫, 杨九艳, 梁娜, 清华. 鄂尔多斯高原不同生境条件下中间锦鸡儿植物叶片表皮特征及遗传多样性变化分析[J]. 植物生态学报, 2007,31(6): 1181-1189
- [11] 李钧敏, 董鸣, 钟章成. 入侵植物薇甘菊种群的遗传分化[J]. 植物生态学报, 2007,31(4): 680-688
- [12] 魏宇昆, 高玉葆, 李川, 许华, 任安芝. 内蒙古中东部草原羽茅内生真菌的遗传多样性[J]. 植物生态学报, 2006,30(4): 640-649
- [13] 王正加, 黄有军, 郭传友, 黄坚钦, 王华芳. 大别山山核桃种群遗传多样性研究[J]. 植物生态学报, 2006,30(3): 534-538
- [14] 罗建勋, 顾万春, 陈少瑜. 云杉天然群体遗传多样性的等位酶变异[J]. 植物生态学报, 2006,30(1): 165-173
- [15] 王英, 康明, 黄宏文. 用分子标记揭示植物随机大居群中亚居群的遗传结构——茅栗自然居群空间遗传结构的 SSR 分析[J]. 植物生态学报, 2006,30(1): 147-156