

研究论文

多叶重楼遗传多样性的ISSR分析

何俊^{1,2}, 杨柏云¹, 陈少风¹, 高连明², 王红²

1 南昌大学生命科学学院, 江西南昌 330047; 2 中国科学院昆明植物研究所
生物多样性与生物地理学重点实验室, 云南昆明 650204

收稿日期 2006-10-9 修回日期 网络版发布日期 接受日期 2007-3-13

摘要 采用ISSR分子标记对多叶重楼种下3个变种的8个居群共208份样品的遗传多样性进行了分析。14条引物共检测到251个清晰的扩增位点, 其中多态位点235个。在物种水平上, 多态位点百分率(PPB)达93.63%, Nei's基因多样性指数(HE)为0.2204、Shannon's信息指数(HO)为0.3532。在居群水平上, 多态位点百分率(PPB)为50.45%, Nei's基因多样性指数(HE)为0.1405, Shannon's信息指数(HO)为0.2194, 这些均表明多叶重楼的遗传多样性水平较高。此外, 还用NTSYS软件对样品进行了UPGMA聚类分析, 结果显示滇重楼的6个居群聚为一支, 滇重楼与狭叶重楼有较近的亲缘关系, 而与长药隔重楼之间的遗传分化较大。本研究提出了合理保护重楼植物资源的若干措施, 为进一步开展滇重楼优质种质引种驯化, 实现种质资源多样性的合理保护和可持续利用提供参考。

关键词 [多叶重楼](#) [ISSR](#) [遗传多样性](#)**FONT**

分类号 [Q 943](#), [Q 949](#)

DOI:

通讯作者:

王红

作者个人主页: [何俊^{1,2}](#); [杨柏云¹](#); [陈少风¹](#); [高连明²](#); [王红²](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(1259KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [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“多叶重楼”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [何俊](#)
 - [杨柏云](#)
 - [陈少风](#)
 - [高连明](#)
 - [王红](#)