

稻属AA染色体组8个种间SSR多样性与亲缘关系 [PDF]

杨致荣^{1,2} 李润植² 魏兴华^{1,*}

(1中国水稻研究所 水稻生物学国家重点实验室, 浙江 杭州310006; 2山西农业大学 生物工程中心, 山西 太谷030801; *通讯联系人)

摘要: 选用平均分布于水稻基因组的30对SSR引物, 对AA染色体组8个野生稻种共42份材料的遗传多样性及遗传关系进行了研究。结果显示, 本试验选取的30个SSR标记均具有多态性, 多态性位点百分率为100%。30个多态性位点共扩增出的等位基因数为224, 每个位点可扩增出3~10个等位基因, 平均7.47个; 等位基因有效数(Ae)变幅为1.25~8.91, 平均5.45。多样性指数中, Shannon多样性指数(I)为0.454~2.386, 平均1.826; 而Nei基因多样性指数变幅为0.199~0.888, 平均0.774。系统聚类和带型分析结果表明, 亚洲栽培稻(*Oryza sativa*)与普通野生稻(*O. rufipogon*)的亲缘关系最近, 非洲栽培稻(*O. glaberrima*)则与巴蒂野生稻(*O. barthii*)关系最为密切, 杂草稻(*O. spontanea*)与普通野生稻(*O. rufipogon*)、亚洲栽培稻(*O. sativa*)之间有较近的亲缘关系, 而展颖野生稻(*O. glumaepatula*)、长雄蕊野生稻(*O. longistaminata*)与AA组其他稻种之间的亲缘关系较远。

关键词: 稻属; AA染色体组; 简单重复序列标记; 多样性; 亲缘关系

中国水稻科学. 2006, 20(6): 589-595

.....
.....