

## 研究报告

### 东南亚与南亚稻属AA基因组种间的遗传多样性差异

吕建珍<sup>1</sup>, 张晓丽<sup>2</sup>, 王海岗<sup>2</sup>, 袁筱萍<sup>1</sup>, 徐群<sup>1</sup>, 王一平<sup>1</sup>, 余汉勇<sup>1</sup>, 魏兴华<sup>1</sup>, \*

<sup>1</sup>中国水稻研究所 水稻生物学国家重点实验室, 浙江 杭州 310006; <sup>2</sup>山西农业大学, 山西 太谷 030801;

\*通讯联系人, E-mail: xwei@mail.hz.zj.cn

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 选用36对水稻微卫星(SSR)引物,对稻属428份东南亚及南亚AA组种进行遗传多样性分析。试验结果显示选取的SSR标记均具有多态性,多态性位点百分率(P)达100%。36个多态位点共扩增出311个等位基因,每个位点3~17个,平均8.6。Nei基因多样性指数(He)平均为0.650,变幅为0.337(RM455)~0.865(RM169)。东南亚稻属AA组的SSR多样性大于南亚,两地区又以普通野生稻的多样性指数(He)最大。种(类型)间遗传分化东南亚小于南亚,其中以尼瓦拉野生稻与亚洲栽培稻的遗传分化程度最大。特异等位基因的数量、涉及的位点数及频率均表明东南亚及南亚稻属AA组间具有较大的遗传差异,而某些特异位点(如RM161)等位基因所显示的较高频率,则表明该位点较高的鉴别效率。

**关键词** [稻属AA基因组](#) [微卫星标记](#) [遗传多样性](#) [东南亚](#) [南亚](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

[xwei@mail.hz.zj.cn](mailto:xwei@mail.hz.zj.cn)

作者个人主页: 吕建珍<sup>1</sup>; 张晓丽<sup>2</sup>; 王海岗<sup>2</sup>; 袁筱萍<sup>1</sup>; 徐群<sup>1</sup>; 王一平<sup>1</sup>; 余汉勇<sup>1</sup>; 魏兴华<sup>1</sup>; \*

## 扩展功能

### 本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(647KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“稻属AA基因组”的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [吕建珍<sup>1</sup>](#)

· [张晓丽<sup>2</sup>](#)

· [王海岗<sup>2</sup>](#)

· [袁筱萍](#)

· [1徐群<sup>1</sup>](#)

· [王一平<sup>1</sup>](#)

· [余汉勇<sup>1</sup>](#)

· [魏兴华<sup>1</sup>, \\*](#)