

我国水稻主栽品种SSR多样性的比较分析 [PDF]

华蕾 袁筱萍 余汉勇 王一平 徐群 汤圣祥 魏兴华*

(中国水稻研究所 水稻生物学国家重点实验室, 浙江 杭州 310006; *通讯联系人, E-mail:xwei@mail.hz.zj.cn)

摘要: 采用40个SSR标记, 比较分析了151份20世纪50年代(78份)和近10年(73份)我国常规稻主栽品种的遗传差异, 发现有39个标记具有多态性, 多态性位点共检测到213个等位基因, 每个位点2~11个, 平均5.5个; 平均Nei基因多样性指数(He)为0.649, 范围在0.309 (RM174)~0.869 (RM418)。籼粳亚种间SSR多样性差异明显, 籼稻平均等位基因数(Na)和Nei基因多样性指数(Na = 4.4, He = 0.458)均高于粳稻品种(Na = 4.0, He = 0.395)。比较了78份20世纪50年代与73份近10年水稻主栽品种的遗传多样性, 籼、粳亚种表现出相近的变化趋势, 即Nei多样性指数和等位基因数20世纪50年代主栽品种高于近10年的。虽然Nei基因多样性指数的变化并不显著(籼稻: $z = 1.471, P = 0.141$; 粳稻: $z = 1.932, P = 0.053$), 但等位基因数目的变化达到显著水平(籼稻: $z = 2.677, P = 0.007$; 粳稻: $z = 3.441, P = 0.001$)。分子方差分析(AMOVA)表明, 遗传变异绝大部分存在于两时期内, 尽管时期间平均贡献的遗传变异仅占1.9%, 但仍然达到5%的显著水平; 籼、粳亚种两时期平均贡献的遗传变异高于整个分析样本, 分别为5.0%和8.2%; 籼、粳亚种不同位点的遗传分化程度也各不相同, 籼稻和粳稻品种分别有13个(占33.3%)和11个(占28.2%)SSR位点的等位基因在两时期差异显著, 而其余位点的遗传变异则是因时期内品种间的差异引起的。研究表明近10年我国常规稻主栽品种丢失了一部分等位基因, 水稻育种仍应加强更广泛的种质亲本的选择。

关键词: 水稻; 主栽品种; 微卫星标记; 遗传多样性; 分子方差分析

中国水稻科学. 2007, 21(2): 150-154

.....
.....