

无栏目

应用RAPD分析川西北高原青稞的遗传背景

洪棋斌 西南农业大学生物技术研究

洪棋斌 西南农业大学生物技术研究中心,重庆400716

侯磊 西南农业大学生物技术研究中心,重庆400716

罗小英 西南农业大学生物技术研究中心,重庆400716

李德谋 西南农业大学生物技术研究中心,重庆400716

肖月华 西南农业大学生物技术研究中心,重庆400716

裴炎 西南农业大学生物技术研究中心,重庆400716

杨开俊 四川省甘孜州农业科学研究所,康定626000

甲错 四川省甘孜州农业科学研究所<sup>1</sup>

大麦<sup>2</sup>

RAPD<sup>3</sup>

分子标记<sup>4</sup>

遗传背景<sup>5</sup>

利用RAPD分子标记,探讨了四川西北部青稞42个农家品种及2个育成品种的遗传背景。筛选出了17个10碱基随机引物,共扩增出79条稳定的多态性谱带,据之建立1,0型数据,计算各品种间的NL相似系数,再转化为相应的遗传距离矩阵。采用离差平方和法进行聚类分析,获得聚类图<sup>6</sup>

取距离值 $T=0.6$ ,可将44个品种分为4个大类。分析了各大类内品种地理来源、主要品种特性等,发现大部分品种在各类内表现出一定规律性分布。通过不同多态性位点数的遗传距离的标准差和变异系数变化趋势的分析,表明所得到的位点数已能可靠地对研究群体的遗传2001<sup>7</sup>

34<sup>8</sup>

2<sup>9</sup>

23<sup>10</sup>

7<sup>11</sup>

29<sup>12</sup>

2001-34-2-23-29<sup>13</sup>

中国大豆品种生态区域划分的研究<sup>14</sup>

盖钧镒 南京农业大学大豆研究所 农业部国家大豆改良中心.南京210095

汪越胜 南京农业大学大豆研究所 农业部国家大豆改良中心.南京210095<sup>15</sup>

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 在前人关于中国大豆栽培区域划分的基础上,根据我国各地256份大豆地方品种在南京分季播种、延长或缩短光照长度各处理条件下的生育期表现,结合供试材料的来源地地理与气候条件、播种季节类型、熟期组归属以及光温反应特性等因素,将我国大豆品种生态区划分为北方一熟制春作大豆品种生态区、黄淮海二熟制春夏作大豆品种生态区、长江中下游二熟制春夏作大豆品种生态区、中南多熟制春夏秋作大豆品种生态区、西南高原二熟制春夏作大豆品种生态区和华南热带多熟制四季大豆品种生态区等6大区,并在其中3个区内进一步划分亚区。

关键词 [大豆,品种生态区,栽培区域](#)

分类号 [22](#)

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

洪棋斌 西南农业大学生物技术研究

### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(425KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“大豆,品种生态区,栽培区域”的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

[洪棋斌 西南农业大学生物技术研究](#)