

居群遗传结构研究中显性标记数据分析方法初探

钱韦, 葛颂

中国科学院植物研究所系统与进化植物学开放研究实验室; 北京 100093

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为对比显性标记应用于居群遗传结构研究时不同统计参数的适用性, 利用RAPD技术对中国5个居群的100个疣粒野生稻个体进行了遗传结构分析。在衡量居群遗传多样性水平时, 多态位点比率 (PPB) 会低估遗传变异的量, 其价值不如Shannon多样性指数和Nei基因多样性指数, 而采用Nei指数时不必进行Lynch-Milligan矫正。对个体间遗传关系进行分析时, 17种遗传相似性指数矩阵两两之间的Mantel检测都表现出极显著的相关性 ($r > 0.95, t > t_{0.01}$), 且UPGMA聚类图的模式基本相似。基于统计量 (F_{st}) 的分子方差分析 (AMOVA) 和基于Hardy-Weinberg平衡假设的Nei遗传距离分析结果具有显著相关性, 它们都适合用于遗传结构分析, 且应用后者时应通过Lynch-Milligan矫正减少显性遗传对变异估计偏低的影响, 增加检测居群间遗传分化的能力。此外, AMOVA分析、Gst分析和Shannon多样性指数巢式分析都得出一致的结果, 表明疣粒野生稻的遗传变异绝大部分存在于地区之间, 而地区内和居群内的多样性程度较低。

关键词 [显性标记](#) [居群遗传结构](#) [疣粒野生稻](#) [RAPD](#) [Hardy-Weinberg平衡](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(479KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ 本刊中 [包含“显性标记”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [钱韦](#)
- [葛颂](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者