

海南普通野生稻自然居群间遗传多样性的微卫星分析 [PDF]

王一平 魏兴华* 袁筱萍 余汉勇 徐群 汤圣祥

(中国水稻研究所 水稻生物学国家重点实验室, 浙江 杭州310006)

摘要: 采用48个SSR标记分析了海南11个普通野生稻自然居群的遗传多样性。结果显示海南普通野生稻自然居群具有较丰富的遗传变异 (Na=8.3, He=0.716)。居群内多数等位基因 (77.6%) 频率较低, 其中, 70个等位基因仅出现在1个居群中。62.9%的等位基因显著偏离哈迪-温伯格平衡, 多数居群及等位基因实际杂合度大于期望杂合度, 表明居群内自交率低、杂合体过剩。居群间遗传变异差异明显, 在11个自然居群中, 崖城居群遗传多样性最低 (Na=1.7, He=0.348), 和庆、椰林B两居群遗传变异最为丰富 (和庆: Na=4.0, He=0.577; 椰林B: Na=4.0, He=0.531)。Mantel测验表明, 居群间Nei遗传距离与地理距离呈极显著相关 (r=0.386, P=0.004)。东、西海岸居群间遗传分化显著但较小 (Fst=0.048, P=0.024), 而居群间遗传分化则较大 (Fst=0.335, P < 0.001)。11个自然居群间基因流非常有限 (Nm=0.404), 表明居群间隔离程度较大。基于居群等位基因数目、基因多样性指数以及基因频率特点, 认为海南11个自然居群中和庆和椰林B居群应是优先保护对象。

关键词: 普通野生稻; 微卫星标记; 遗传多样性; 分子方差分析

中国水稻科学. 2007, 21(6): 573-578

.....
.....