

研究报告

SSR标记遗传距离与粳稻杂种优势的相关性分析

赵庆勇<sup>1, 2</sup>, 朱 镇<sup>1</sup>, 张亚东<sup>1</sup>, 赵 凌<sup>1</sup>, 陈 涛<sup>1</sup>, 张巧凤<sup>1</sup>, 王才林<sup>1, \*</sup>

<sup>1</sup>江苏省农业科学院 粮食作物研究所/江苏省优质水稻工程技术研究中心, 江苏 南京210014; <sup>2</sup>南京农业大学 农学院, 江苏 南京210095; \*通讯联系人, E-mail: clwang@jaas.ac.cn

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 利用SSR分子标记对30个粳稻品种进行遗传多样性分析, 继而研究分子标记遗传距离与按照NC II 设计获得的200个杂交组合主要产量性状杂种优势的相关性, 探讨分子标记遗传距离预测杂种优势的可行性。结果表明, 64对SSR引物共检测到185条多态性片段, 平均每对引物2.9条, 每个SSR位点的多态性信息含量指数(PIC值)变化范围为0.064~0.844, 平均为0.380。以SSR标记遗传相似系数为原始数据, 按UPGMA聚类方法将30个亲本材料划分为7大类群, 分类结果与系谱关系基本相符。分子标记遗传距离与杂种性状平均值的相关除每穗总粒数外均达到显著或极显著水平, 与杂种优势的相关均达到极显著水平, 相关系数介于-0.361~0.359, 说明分子标记可用于水稻杂种优势群的划分和遗传多样性分析, 但相关程度还不足以预测产量杂种优势。

**关键词** [粳稻](#); [微卫星标记](#); [分子标记](#); [聚类分析](#); [遗传距离](#); [杂种优势](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: 赵庆勇<sup>1, 2</sup>; 朱 镇<sup>1</sup>; 张亚东<sup>1</sup>; 赵 凌<sup>1</sup>; 陈 涛<sup>1</sup>; 张巧凤<sup>1</sup>; 王才林<sup>1, \*</sup>

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (886KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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“粳稻; 微卫星标记; 分子标记; 聚类分析; 遗传距离; 杂种优势”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [赵庆勇<sup>1, 2</sup>, 朱 镇<sup>1</sup>, 张亚东<sup>1</sup>, 赵 凌<sup>1</sup>, 陈 涛<sup>1</sup>, 张巧凤<sup>1</sup>, 王才林<sup>1, \\*</sup>](#)