

研究论文

## 普通野生稻和亚洲栽培稻核心种质遗传多样性的检测研究

孙传清, 李自超, 王象坤

中国农业大学植物遗传育种系, 北京 100094

收稿日期 1999-4-20 修回日期 1999-12-15 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 以122份野生稻和75份栽培稻在44个RFLP位点的多态性为资料, 采用逐步聚类法和分组随机法, 按原始样本的50%、20%和10%, 分别构建初级核心样本、次级核心样本和核心样本, 用多态位点数(Np)、等位基因数(Na)、基因型数(Ng)及平均基因多样性(Hs)等参数, 检测其遗传多样性。结果表明, 初级核心样本的Np、Na和Ng分别达到原始样本的90%、90%和80%以上。次级核心样本的Np、Na、Ng仍分别可达原始样本的90%、80%和75%。核心样本的Np可达原始样本的90%, 而Na和Ng下降幅度大, 分别相当于原始样本的65%和55%。无论哪一级核心样本, 栽培稻遗传多样性的减少幅度比野生稻小。比较逐步聚类法和分组随机法表明, 逐步聚类法构建的核心样本比分组随机法更能保持较大的遗传多样性。作者认为检验核心种质遗传多样性的首选参数是等位基因数。

**关键词** [水稻](#) [RFLP](#) [核心种质](#) [遗传多样性](#)

**分类号** [S511](#)

## Studies on Evaluation of the Genetic Diversity of Core Collection of Common Wild Rice (*Oryza rufipogon* Griff.) and Asian Cultivated Rice (*Oryza sativa* L.)

Sun Chuanqing, Li Zichao, Wang Xiangkun

### Abstract

### Key words

DOI:

通讯作者 孙传清

### 扩展功能

#### 本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(237KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“水稻”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [孙传清](#)

· [李自超](#)

· [王象坤](#)