

普通小麦、斯卑尔脱小麦、密穗小麦和轮回选择后代材料ISSR分子标记遗传差异研究

杜金昆, 姚颖垠, 倪中福, 彭惠茹, 孙其信

中国农业大学植物遗传育种系;北京100094

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 首次采用ISSR(Inter-Simple Sequence Repeat)分子标记,对我国北方冬麦区普通小麦(14份)、斯卑尔脱小麦(10份)、密穗小麦(11份)和一批以外源小麦为主要血缘的优良轮回选择后代(12份)共47份材料进行了遗传差异研究,以探讨拓宽杂交小麦育种亲本遗传基础的途径,并分析利用ISSR分子标记构建小麦杂种优势群的可行性。所用11个ISSR引物在47份材料中共扩增出238条带,其中208条具有多态性,占总数的87.4%。每个引物可以扩增出11-38条多态性带,平均为18.8条。比较分析发现,不同类型材料群体内的ISSR多态性都很高,其中以普通小麦最高(80.3%),轮回选择后代次之(78.7%),斯卑尔脱小麦(75.0%)和密穗小麦(74.9%)相对较小。遗传距离(GD)计算结果表明,不同类型材料群体间的平均遗传距离在0.3115-0.3442之间,明显高于不同类型材料群体内的GD平均值(0.2351-0.2743),特别是轮回选择后代材料与普通小麦、斯卑尔脱小麦和密穗小麦之间也具有较大的遗传差异,平均遗传距离分别为0.3217、0.3256和0.3198。聚类结果显示,普通小麦、斯卑尔脱小麦、密穗小麦和轮回选择后代材料明显划分为4大不同类群。斯卑尔脱小麦、密穗小麦及以外源小麦(含国内)为主要血缘的轮回选择后代材料群体与普通小麦之间存在较大的遗传差异。由于它们与普通小麦杂交一代育性正常,因此可望利用上述材料来拓宽杂交小麦亲本的遗传基础,提高杂种优势幅度。以外源小麦(含国内)为主要血缘的轮回选择后代单独聚在一起,是与其他材料明显不同的一个新的类群,表明利用轮回选择方法创建新的小麦杂种优势群是可行的。另外,仅利用11个ISSR引物就能将所有供试的47份材料明显区分开来,并准确地确定各个基因型之间的遗传差异和亲缘关系。据此,提出了可以利用ISSR分子标记对小麦杂种优势群进行划分的结论。

关键词 [普通小麦](#) [斯卑尔脱小麦](#) [密穗小麦](#) [轮回选择后代](#) [ISSR分子标记](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(210KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“普通小麦”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [杜金昆](#)
- [姚颖垠](#)
- [倪中福](#)
- [彭惠茹](#)
- [孙其信](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者