

利用杉木的F1代群体构建遗传连锁图谱

童春发, 施季森^①

南京林业大学林木遗传和基因工程实验室; 南京 210037

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 对于杉木1:1分离的分子标记位点, 提出了一种新的构建遗传连锁图谱的策略。通过二点连锁分析, 任意两个位点的连锁相和重组率可以得到推断和估计。对于一个连锁群中的最优排序, 采用隐马尔可夫链模型的方法进行多位点的连锁分析。该作图方法比通常林木上所用的“拟测交”作图方法更有效。采用该作图策略, 利用句容0号无性系(♀)×柔叶杉(♂)的F1代群体的AFLP分子标记数据重建了句容0号无性系和柔叶杉的遗传连锁图谱。在句容0号无性系的连锁图谱中, 有101个标记分布在11个连锁群上, 图谱的总长度为2282.6 cM, 平均图距为22.6 cM, 单个连锁群上最多含有17个标记, 最少含有5个标记; 在柔叶杉的连锁图谱中, 有94个标记分布在11个连锁群上, 图谱的总长度为2565.8 cM, 平均图距为27.3 cM, 单个连锁群上最多含有16个标记, 最少含有4个标记。构建的句容0号无性系和柔叶杉的遗传连锁图谱比原有的图谱分别增加了26个标记和28个标记, 双亲的图谱共增加了54个AFLP标记, 使图谱上的分子标记总数达到195个, 双亲遗传图谱的跨度均超过了2000 cM, 基本上达到了杉木基因组的长度, 图谱的覆盖率接近于100%。利用新的作图方法可以较大提高分子标记在图谱上的分辨率, 得到可认为是覆盖了整个基因组的遗传连锁框架图。

关键词 [杉木](#) [遗传连锁图谱](#) [F1代群体](#) [连锁相](#) [隐马尔可夫链模型](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(281KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“杉木”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [童春发](#)
 - [施季森](#)

Key Laboratory of Forest Genetics and Gene Engineering; Nanjing Forestry University; Nanjing 210037; China

Abstract

Key words [Chinese fir](#) [genetic linkage maps](#) [F1 progeny](#) [linkage phase](#) [hidden Markov chain model](#)

DOI:

通讯作者