



在线办公系统 [LOGIN](#)

[作者投稿](#)

[作者查稿](#)

[专家审稿](#)

[稿件终审](#)

[编辑办公](#)

张 娜, 杨希文, 任长忠, 胡银岗·白燕2号EMS突变体的形态鉴定与遗传变异分析[J].麦类作物学报,2011,31(3):421~426

白燕2号EMS突变体的形态鉴定与遗传变异分析

Morphological Identification and Genetic Variation Analysis of EMS Mutants from Hexaploid Oat (*Avena sativa*) Cultivar Baiyan 2

DOI:

中文关键词: 燕麦 甲基磺酸乙酯 (EMS) 诱变 遗传变异

英文关键词: *Oat (Avena sativa)* EMS mutation Genetic variation

基金项目: 农业部燕麦产业技术体系(nycytx 14); 农业部公益性行业专项 (nyhyzx07 009); 西北农林科技大学推广专项(2006ZR013)。

作者 单位

张 娜, 杨希文, 任长忠, 胡银岗 (1.西北农林科技大学农学院·陕西杨凌 712100; 2.陕西省农业分子生物学重点实验室·陕西杨凌 712100; 3.吉林省白城市农业科学院·吉林白城 137000)

摘要点击次数: 71

全文下载次数: 38

中文摘要:

为促进燕麦的遗传改良,采用化学诱变剂甲基磺酸乙酯(Ethyl methane sulfonate, EMS)处理裸燕麦品种“白燕2号”种子,构建燕麦EMS突变体库,对获得的M²代突变体的形态特征进行调查鉴定,估计突变效果并采用内含子切结点引物和长随机引物的PCR技术分析M²代突变体间的遗传多态性。结果显示,所创制的燕麦突变体库的M²代个体间表现出了丰富的遗传变异,变异的总频率为 7.17%。采用15个内含子切接点引物和长随机引物对其中39个突变体株系进行PCR检测,共扩增出99条谱带,其中多态性条带65条,多态性条带比率为65.7%。突变体株系间的遗传相似系数为0.667~0.973,表现出丰富的遗传变异。表明构建的燕麦EMS突变体库具有丰富的突变类型,可用于燕麦重要性状突变体的筛选和候选基因的功能分析。

英文摘要:

To promote the genetic improvement of oat, an EMS mutation library of oat was constructed using naked oat cultivar Baiyan 2 as the material. The morphological characteristics of the M² population were investigated to identify the mutants and the mutation effects in field condition, as the genetic variation among some individuals of the M² population by PCR with intron spliced junction primers and long random primers as well. The results showed that there were rich genetic variations among the M² mutants with total variation frequency of 7.17%. A total of 99 fragments were amplified from the genomic DNA of 39 strains of the M² mutation population with 15 intron spliced junction primers and long random primers. Of which, 65 fragments were polymorphic with a frequency of 65.7%. The genetic similarity coefficients among those M² mutation individuals ranged from 0.667 to 0.973, which indicated extensive genetic variations among the individuals. These results suggested that rich genetic variations were presented in the oat EMS mutation population, further screening the mutants in the key agronomic traits may greatly facilitate the functional analysis of candidate genes of key agronomic traits.

[查看全文](#) [查看/发表评论](#) [下载PDF阅读器](#)

关闭

学报相关信息 ■■■

[【投、审稿特别注意事项】](#)

[论文被引情况查询方法](#)

[引用本刊文章的简便方法](#)

[论文中插图的有关要求](#)

[电子版PDF校对稿修改方法](#)

[论文写作要求](#)

[参考文献著录](#)

[最新《核心期刊》](#)

友情连接 ■■■

[北京勤云科技发展有限公司](#)

[期刊界](#)

[CSCD数据库来源期刊表](#)

[中国期刊全文数据库](#)

[国外数据库收录中国期刊动态](#)

[个人空间](#)

您是第476232位访问者

版权所有《麦类作物学报》编辑部

技术支持: 本系统由北京勤云科技发展有限公司设计