

与苹果Co基因紧密连锁的RAPD标记的筛选及其SCAR标记转换

田义轲^{1, 2}, 王彩虹², 戴洪义², 张继澍^{1, ①}

1. 西北农林科技大学生命科学学院;杨陵 712100;2. 莱阳农学院园艺系;莱阳 265200

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 以短枝富士 (Spur Fuji) × 舞姿 (Telamon) 的105株F1群体为试材, 利用RAPD技术, 结合集群分类分析法 (BSA) 进行了苹果柱型基因 (Co) 分子标记的研究。通过对300条随机引物的筛选, 获得一个与Co基因紧密连锁的RAPD标记S1142682, 连锁距离为2.86 cM。对该标记片段进行序列测定, 然后根据序列特点设计了4条特异引物 (其中正向引物与反向引物各两条)。PCR结果显示, 这4条引物的4种组合都可以扩增出柱型性状的特征带。选其中之一进行群体上的分析, 结果表明该SCAR标记特征带与柱型性状的共分离行为与原RAPD标记表现一致。可见, 此组合的引物可以作为该SCAR标记的特异引物。通过对S1142682标记片段序列分析发现, 在+45~+251区域含有一个可编码68个氨基酸残基的ORF。

关键词 [苹果](#) [Co基因](#) [RAPD标记](#) [SCAR标记](#) [BSA法](#)

分类号

1.The College of Life Science; Northwestern Sci-Tech University of Agriculture and Forestry; Yangling 712100; China; 2. Horticultural Department; Laiyang Agricultural College; Laiyang 265200; China

Abstract

Key words [apple](#) [Co gene](#) [RAPD marker](#) [SCAR marker](#) [bulk segregant analysis\(BSA\)](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(304KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“苹果”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [田义轲](#)
-
- [王彩虹](#)
- [戴洪义](#)
- [张继澍](#)
-