

# 高粱(*Sorghum bicolor*)分子图谱的构建及寄生草(*Striga asiatica*)萌发诱导物基因的定位

徐吉臣<sup>1, 2</sup>, Yohan M. Weerasuriya<sup>1</sup>, Jeffery L. Bennetzen<sup>1</sup>

1. Department of Sciences Purdue University; USA; 2. 中国科学院遗传研究所; 北京 100101

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 高粱是世界上第五大主要粮食作物,也是非洲国家的主要粮食来源之一, *Striga asiatica*是一种寄生于高粱等主要农作物的野生草之一。选用两个对寄生草抗性表现差异的高粱品系“山桂红”和“SRN39”作亲本,构建了一个重组近交系群体(Recombinant Inbred, RI),并随机筛选出94个系用于构建分子连锁图谱和基因定位。在应用的286个多态性标记中,有251个标记分别标定在10条不同的连锁群上,标记间的平均图距为7.1cM,总图谱覆盖了高粱基因组的1779cM,是目前国际上几个比较完整的高粱分子连锁图谱之一。群体的共分离分析表明,与寄生草抗性有关的萌发诱导物基因(Germination Stimulant gene-GermStim)位于高粱的遗传连锁群J上,相距较近的分子标记为13cM。进一步的精细定位分析,发现有两个分子标记分别位于基因的两侧,距离为1.6和2.1cM。

**关键词** [高粱](#) [重组近交系](#) [寄生草](#) [连锁图谱](#) [萌发诱导物](#)

分类号

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(301KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“高粱”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [徐吉臣](#)
- [Yohan M Weerasuriya](#)
- [Jeffery L Bennetzen](#)

## Abstract

## Key words

DOI:

通讯作者