

无栏目

利用中国秋大豆(*Glycine max*(L.) Merr)筛选SSR核心位点的研究

谢华 中国农业科学院作物品种资源研究所

谢华 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点开放实验室 北京100081
常汝镇 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点开放实验室 北京100081
曹永生 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点开放实验室 北京100081
张明辉 东北农业大学生命科学学院 哈尔滨150030
冯忠孚 东北农业大学生命科学学院 哈尔滨150030
邱丽娟 中国农业科学院

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 选择中国秋大豆为试验材料,对基因组DNA进行SSR标记筛选和鉴定。经过200个位点在琼脂糖胶上初筛和96个位点在变性聚丙烯酰胺胶上复筛,选出60个位点,这些位点具有以下特点:(1)分布在大豆20个整合遗传连锁群,相邻位点间平均遗传距离在5.0cM左右。除连锁群C2、O上分别有5个位点,G、K、M上分别有2个位点外,其余15个连锁群均分布有3个位点;(2)与96个位点在80份秋大豆种质检测到种质间遗传关系达到极显著相关($r=0.910$);(3)在8

关键词 [大豆](#) [SSR位点](#) [遗传多样性](#) [指纹图谱](#) [核心种质](#)

分类号 [366](#)

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [谢华 中国农业科学院作物品种资源研究所](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(238KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [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](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“大豆”的 相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [谢华 中国农业科学院作物品种资源研究所](#)