

植物保护

23个小麦抗叶锈病近等基因系SRAP多态性

刘雅辉, 闫红飞, 杨文香, 李 星, 李亚宁, 孟庆芳, 张立荣, 刘大群, 张 汀

河北农业大学植物病理系/河北省农作物病虫害生物防治工程技术研究中心

收稿日期 2007-3-29 修回日期 网络版发布日期 2008-5-10 接受日期

**摘要** 【目的】分析以Thatcher为遗传背景的小麦抗叶锈病近等基因系的遗传多样性, 探讨SRAP技术在小麦抗叶锈病基因标记及基因克隆研究中应用的可行性。【方法】采用SRAP (sequence-related amplified polymorphism) 技术对23个以Thatcher为遗传背景的小麦抗叶锈病近等基因系和感病对照Thatcher进行分析。【结果】从128对引物中筛选得到41对具有多态性引物, 每个引物组合产生6~41个多态性条带, 共产生537个多态性条带, 多态性条带率达49.5%, 平均每个引物组合产生13.1个多态性条带; 每个引物组合产生1~13个特异性条带, 共产生115个特异性条带, 特异性条带率为10.6%, 平均每个引物组合产生2.8个特异性条带。聚类分析将23个小麦抗叶锈病近等基因系和Thatcher在相似系数0.72处分为A、B两大类, 其中96%的个体归入B类。B类又分为I、II两个亚类, 95%的个体聚在第II亚类。第II亚类在相似系数为0.785附近分为4小类。【结论】23个小麦抗叶锈病近等基因系间存在一定的差异。SRAP技术是一种简单有效的分子标记系统, 可在小麦叶锈病抗病基因的研究中应用。

**关键词** [小麦抗叶锈病基因](#) [近等基因系](#) [SRAP](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

刘大群 [ldq@mail.hebau.edu.cn](mailto:ldq@mail.hebau.edu.cn)

作者个人主页: 刘雅辉; 闫红飞; 杨文香; 李 星; 李亚宁; 孟庆芳; 张立荣; 刘大群; 张 汀

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(352KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“小麦抗叶锈病基因”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [刘雅辉](#)

· [闫红飞](#)

· [杨文香](#)

· [李 星](#)

· [李亚宁](#)

· [孟庆芳](#)

· [张立荣](#)

· [刘大群](#)

· [张 汀](#)