

植物保护

适用于大豆疫霉菌遗传分析的新EST-SSR标记

中国农业科学院作物科学研究所, 国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程

收稿日期 2007-7-26 修回日期 网络版发布日期 2008-8-10 接受日期 2008-8-25

摘要 【目的】开发大豆疫霉菌SSR标记, 为深入了解大豆疫霉菌遗传变异提供理想分析工具。【方法】用SSRIT软件对28 197条大豆疫霉菌EST进行SSR搜索, 选择含有SSR的合适EST设计、合成引物和PCR扩增。【结果】发现1 454条EST含有SSR, 其中3个碱基重复基元类型最多, 有855个, 占鉴定总数的54.3%。设计合成140对引物, 用10个大豆疫霉菌菌株基因组DNA进行PCR检测, 有111对引物(79.3%)扩增出SSR特征条带。通用性检测表明有33对引物在检测的1个或多个其它疫霉菌或腐霉菌中产生扩增产物。【结论】大豆疫霉菌EST含有丰富的SSR位点, 本研究从EST中开发了111个新大豆疫霉菌SSR标记, 可有效地用于大豆疫霉菌及其相关种的遗传变异研究。

关键词 [大豆疫霉菌](#) [表达序列标签 \(EST\)](#) [SSR标记](#) [通用性](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

朱振东 zhuzd115@caas.net.cn

作者个人主页:

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDE\(377KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“大豆疫霉菌”的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [蔺宇, 徐静静, 王晓鸣, 武小菲, 李彦舫, 朱振东](#)