

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,常汝镇,曹永生,张明辉,冯忠孚,邱丽娟

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

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80份秋大豆初选核心种质中表现出较高多态性,平均每个位点等位变异数为9.3,多态性信息含量(PIC)值为0.773;(4)在检测的秋大豆绝大多数种质基因组中,均为单一拷贝的位点,具有较高特异性;(5)在相同的PCR扩增条件下,同一位点不同等位变异间易于识别且扩增强度较为一致。这套SSR核心位点的确定为中国大豆核心种质的构建奠定了基础。

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

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [谢华](#); [常汝镇](#); [曹永生](#); [张明辉](#); [冯忠孚](#); [邱丽娟](#)

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](#)

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](#)

· [常汝镇](#)

· [曹永生](#)

· [张明辉](#)

· [冯忠孚](#)

· [邱丽娟](#)