

作物遗传育种·种质资源·分子遗传学

小麦EST-SSR标记的开发和遗传作图

潘海涛,汪俊君,王盈盈,齐照良,李斯深

(山东农业大学农学院/作物生物学国家重点实验室)

收稿日期 2009-3-4 修回日期 2009-7-10 网络版发布日期 2010-2-10 接受日期 2010-2-3

摘要

【目的】利用小麦EST序列数据库开发EST-SSR标记。**【方法】**对GenBank/dbEST注册的普通小麦EST序列(2006.4.18—2007.2.4)进行SSR查找,采用Primer5.0软件设计EST-SSR引物,选用3个小麦品种进行有效性检测,利用RIL群体和Mapmaker/Exp3.0软件进行遗传作图。**【结果】**在265 362条普通小麦EST序列中,共发现6 314个SSR,占整个EST数据库的2.38%。其中二核苷酸、三核苷酸重复序列最多,分别为2 237(35.43%)和2 084(33.01%)个。二核苷酸重复中,以GA/CT和AG/TC出现频率最高、分别占SSR总数的17.85%和10.37%,其次是CA/GT(4.07%)和AC/TG(2.53%);三核苷酸重复中,CAA/GTT(3.93%)、CGG/GCC(3.83%)、CGC/GCG(3.36%)、GGC/CCG(3.14%)、CTT/GAA(2.53%)、TGC/ACG(2.27%)以较高的频率出现。根据筛选得到的微卫星序列共设计了596个EST-SSR引物对,选择其中95%以上的194个合成。PCR检测表明,165个引物对(85%)可以扩增出稳定清晰的带型;在RIL群体中检测到21个EST-SSR引物26个位点多态性,将其中的23个位点整合到已有的小麦遗传图谱上。**【结论】**开发了165个小麦EST-SSR新标记,EST序列是小麦SSR标记的重要来源。

关键词 [小麦,EST-SSR,分子标记,RIL,遗传图谱](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

潘海涛;汪俊君;王盈盈;齐照良;李斯深

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(729KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“小麦,EST-SSR,分子标记,RIL,遗传图谱”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [潘海涛,汪俊君,王盈盈,齐照良,李斯深](#)