

研究论文

以SRAP和EST-SSR标记分析芝麻种质资源的遗传多样性

张鹏<sup>1</sup>, 张海洋<sup>2,\*</sup>, 郭旺珍<sup>1</sup>, 郑永战<sup>2</sup>, 魏利斌<sup>1</sup>, 张天真<sup>1</sup>

1 南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 江苏南京210095; 2河南省农作物新品种重点实验室, 河南郑州450002

收稿日期 2007-2-12 修回日期 网络版发布日期 接受日期 2007-4-23

**摘要** 利用SRAP和EST-SSR分子标记对192份国内外芝麻种质资源进行遗传多样性分析。结果表明, 2种标记都能很好地揭示品种间遗传关系; 在31对SRAP引物组合扩增的270个等位基因中多态性占62.08%, 平均每对引物可以检测5.45个; 25对SSR引物扩增的136个等位基因中56.28%呈多态性, 平均每对检测引物产生3.04个。UPGMA聚类结果显示, 在相

**关键词** [芝麻](#) [SRAP](#) [EST-SSR](#) [遗传多样性](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

张海洋 [zhy@hnagri.org.cn](mailto:zhy@hnagri.org.cn)

作者个人主页: 张鹏<sup>1</sup>; 张海洋<sup>2,\*</sup>; 郭旺珍<sup>1</sup>; 郑永战<sup>2</sup>; 魏利斌<sup>1</sup>; 张天真<sup>1</sup>

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (412KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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“芝麻”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [张鹏](#)
- [张海洋](#)
- [郭旺珍](#)
- [郑永战](#)
- [魏利斌](#)
- [张天真](#)