

研究简报

豇豆种质资源SSR标记遗传多样性分析

徐雁鸿, 关建平, 宗绪晓\*

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与工程, 北京100081

收稿日期 2006-9-1 修回日期 网络版发布日期 2007-6-19 接受日期 2006-12-20

**摘要** 从46对备选的豇豆SSR引物中鉴定筛选出扩增带单一、稳定清晰且多态性强的13对引物。用这13对引物, 对来自中国、非洲和亚洲其他国家的共316份栽培豇豆[*Vigna unguiculata* (Linn) Walp.]资源的DNA进行SSR扩增, 以研究其遗传多样性。结果共检测到47个等位位点, 平均每对引物扩增出3.692个等位位点, 有效等位基因平均2.

**关键词** [豇豆](#) [SSR](#) [聚类分析](#) [遗传多样性](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

宗绪晓 [zongxx@mail.caas.net.cn](mailto:zongxx@mail.caas.net.cn)

作者个人主页: 徐雁鸿; 关建平; 宗绪晓\*

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (313KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (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“豇豆”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [徐雁鸿](#)
- [关建平](#)
- [宗绪晓](#)