

植物保护

大豆疫霉基因组SSR标记开发

徐静静, 王晓鸣, 段灿星, 武小菲, 朱振东

(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 2009-1-7 修回日期 2009-3-2 网络版发布日期 2009-9-10 接受日期 2009-9-16

摘要

**【目的】**开发大豆疫霉基因组SSR标记,为从分子水平深入研究大豆疫霉及其近缘种提供一种理想的分子标记。  
**【方法】**用FPCR软件从大豆疫霉全基因组序列中查询SSRs,选择合适的SSR序列用Primer5.0软件设计引物。  
**【结果】**从发现的1 234个含有2~4个碱基重复单元的完全SSRs中选出260段设计引物,经10个大豆疫霉分离物基因组DNA检测,有213对(81.9%)扩增出SSR特征条带,其中114(53.5%)对引物扩增出多态性。通用性检测表明,14.6%~28.6%引物分别在选择的8个疫霉种中有效扩增。基于10个SSR标记数据进行聚类分析,结果表明这些标记可以完全区分大豆疫霉及其它疫霉。**【结论】**大豆疫霉基因组SSR标记具有高多态性,是大豆疫霉遗传变异、遗传多样性、及遗传图谱构建等研究理想工具。部分大豆疫霉基因组SSR标记在其近缘种中具有通用性,可以用于疫霉菌的系统进化、鉴定、区分及开发近源种的SSR标记。特别开发的SSR标记,在大豆疫霉基因组中具有准确的位置,将极大地方便大豆疫霉菌功能基因的定位和克隆,以及进行疫霉菌的比较基因组的研究。

关键词 [大豆疫霉](#) [全基因组序列](#) [SSR标记](#) [通用性](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

朱振东 [zhuzd115@caas.net.cn](mailto:zhuzd115@caas.net.cn)

作者个人主页:

徐静静; 王晓鸣; 段灿星; 武小菲; 朱振东

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(426KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“大豆疫霉”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [徐静静, 王晓鸣, 段灿星, 武小菲, 朱振东](#)