

利用ACGM和EST-SSR标记对云贵高原野生山蚂蝗属种质的遗传多样性分析

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 山蚂蝗属野生种质是一个具有巨大经济价值的资源。本研究利用基于基因表达序列数据库开发的2种分子标记ACGM和EST-SSR共85对引物对山蚂蝗属9个种46个野生种质资源进行多样性分析。结果显示,ACGM引物中有扩增产物的引物比例为86.49%,远高于EST-SSR引物的54.17%。同时,ACGM的多态性比率也大于EST-SSR,可见ACGM在山蚂蝗属野生种质中的转移性优于EST-SSR。通过ACGM和EST-SSR分析得到的遗传相似性系数为0.523~0.967,平均相似系数为0.703,这表明山蚂蝗属野生种质资源间存在较高的遗传多样性。此外,ACGM分析能有效区分46个山蚂蝗属种质基因型,而EST-SSR只能区分绝大多数山蚂蝗属基因型。在UPGMA聚类图上46个供试材料被分成9组,与传统分类结果不完全一致。说明基于禾本科和豆科基因表达序列开发的分子标记能用于山蚂蝗属植物的遗传分析,同时这也为其他野生种质资源的遗传多样性研究提供了有益的借鉴。

关键词 [山蚂蝗属](#); [遗传多样性](#); [ACGM](#); [EST-SSR](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(1226KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“山蚂蝗属; 遗传多样性; ACGM; EST-SSR”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)