

中国小麦品种资源Glu-1位点组成概况及遗传多样性分析

[张学勇 中国农业科学院作物品种资源研究所](#)

张学勇 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点实验室 北京100081

庞斌双 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点实验室 北京100081

游光霞 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点实验室 北京100081

王兰芬 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点实验室 北京100081

贾继增 中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与 小麦;核心种质;高分子量谷蛋白亚基;遗传多样性 分析了 5 12 9份中国小麦初选核心种质样品HMW GS的组成情况,其中地方品种 345 9份、育成品种(系) 16 70份。这些材料作为初级核心种质基本代表了保存在国家长期库中的普通小麦种质资源的遗传多样性,覆盖了中国小麦栽培的 10大生态区。

总体来看,在Glu A1、Glu B1和Glu D13个位点上的主要等位变异分别为null、7+8和 2 +12。育成品种中 1、7+9、14 +15、5 +10和 5 +12亚基(对)的频率比地方品种有很大的提高。在Glu 1位点上,地方品种与育成 2002 35 11 19 8 26 2002-35-11-19-26 小豆种质资源同工酶遗传多样性分析与评价

王述民 中国农业科学院作物品种资源研究所 北京100081

谭富娟 中国农业科学院作物品种资源研究所 北京100081

胡家蓬 中国农业科学院作物品种资源研究所 北京100081)

摘要 对 5 8份野生小豆和 2 4 9份栽培小豆种质资源进行了酯酶(EST)、过氧化物酶(PER)、苹果酸脱氢酶(MDH)和超氧歧化酶(SOD)的检测分析,共检测到 6个基因位点,33个等位基因。小豆等位酶基因在野生种中的分布频率高于栽培种,在国内地方种中的分布频率高于日本地方种。4种同工酶的 6个基因位点的平均杂合度为0 .6 5 1,其中野生小豆的杂合度(0 .6 36)低于栽培小豆(0 .6 6 4),说明小豆在长期的驯化和栽培过程中已经发生了遗传上的变异。依据同工酶谱带信息,把

关键词 [小豆](#) [等位酶](#) [遗传杂合度](#) [聚类分析](#)

收稿日期 修回日期

通讯作者

DOI

分类号 18

相关文章(小豆):

[中国小麦品种资源Glu-1位点组成概况及遗传多样性分析](#)[AFLP初析小豆栽培和野生变种\(Vigna angularis var. angularis and var. nipponensis\)间演化与地理分布关系](#)[小豆种内 \$\alpha\$ -淀粉酶基因第三内含子的变异](#)[应用RAPD分析小豆种质资源遗传多样性及遗传演化趋势](#)[\[PDF全文\]](#)[\[HTML全文\]](#)[发表评论](#)[查看评论](#)