

无栏目

小麦杂交种及其亲本拔节期根系基因差异表达与杂种优势关系的初步研究

王章奎,倪中福,孟凡荣,吴利民,谢晓东,孙其信

中国农业大学植物遗传育种系

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 以一套小麦 4×5 双列杂交组合的根系为材料,利用 mRNA 差异显示技术结合重复 PCR 扩增,分析了拔节期杂种与其亲本根系间基因表达的差异,并与杂种的 10 个农艺性状表现和杂种优势进行相关分析。cDNA 2 次 PCR 重复扩增中可稳定出现的带 (992.4 条) 占总带数 (1241 条) 的 79.97%。统计结果显示,杂种和其亲本间存在显著的基因表达差异,可概括为双亲共沉默型 (W1)、单亲表达沉默型 (W2)、杂种特异表达型 (W3) 和单亲表达一致型 (W4) 这 4 种差异表达类型,其所占比例分别为 6.74%、5.93%、4.38% 和 10.48%。相关分析发现,各种差异表达模式与杂种性状表现的相关中有 3 个呈显著相关,与性状杂种优势的相关中则有 7 个呈显著相关,其中双亲共沉默型 (W1) 和单亲表达沉默型 (W2) 与主穗长和单株生物产量杂种优势均呈显著正相关,单亲表达一致型 (W4) 与千粒重杂种优势呈显著正相关。双亲共沉默型 (W1) 和杂种特异表达型 (W3) 与根冠比杂种优势呈显著正相关。以上研究结果表明,基因的差异表达与作物杂种优势的形成可能有密切关系。

关键词 [小麦](#) [杂种优势](#) [分子机理](#) [mRNA 差异显示](#) [根系](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [王章奎](#); [倪中福](#); [孟凡荣](#); [吴利民](#); [谢晓东](#); [孙其信](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(209KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“小麦”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [王章奎](#)

· [倪中福](#)

· [孟凡荣](#)

· [吴利民](#)

· [谢晓东](#)

· [孙其信](#)