

【作者】	易琼, 殷海滨, 龚丽琼, 陈丽梅, 舒群, 李昆志
【单位】	昆明理工大学生物工程技术研究中心, 云南昆明
【卷号】	37
【发表年份】	2009
【发表刊期】	2
【发表页码】	506-509
【关键字】	栽培梨; ISSR; 遗传关系; 聚类分析
【摘要】	<p>目的] 探索利用简单序列重复间区 (ISSR) 分子标记研究供试栽培梨品种的分类和系统发育。[方法] 利用ISSR分子标记技术对8种云南主要栽培梨品种的亲缘关系进行分析。[结果] ISSR PCR反应体系优化结果表明, 20 μl ISSR PCR反应体系中各因素的最佳浓度分别为: 1\times PCR buffer、100 μmol/L dNTP、0.3 μmol/L引物、20 ng的模板DNA和1.5 U Taq DNA聚合酶, 并在此基础上建立了梨ISSR PCR反应体系。从24个引物中筛选出9个能扩增出清晰带并具多态性的引物, 共扩增出了135条DNA片段, 其中102个DNA片段呈现多态性, 占总扩增片段的75.5%。利用NTSYS pc 2.10t软件计算8种梨品种间的Jaccard遗传相似系数, 结果显示梨品种间的相似性系数为0.186~0.750, 平均遗传相似性系数为0.476。UPGMA聚类分析表明, 8种梨品种可以聚为2类: 第一类群包括日本水晶梨、早92、四川火把和西子绿; 第二类群由早酥、金花、早黄酥和砀山梨4个品种组成, 这与传统分类结果一致。[结论] 该研究为梨资源的开发利用及新品种的选育提供科学依据。</p>
【附件】	 PDF下载 PDF阅读器下载

关闭