



EST-SSR标记对三七选育品系的研究

投稿时间: 2010-07-08 责任编辑: 吕冬梅 [点击下载全文](#)

引用本文: 张金渝,杨维泽,崔秀明,虞泓,金航,陈中坚,沈涛. EST-SSR标记对三七选育品系的研究[J]. 中国中药杂志, 2011, 36(2): 97.

DOI: 10.4268/cjmm20110202

摘要点击次数: 863

全文下载次数: 394

广告合作



作者中文名	作者英文名	单位中文名	单位英文名	E-Mail
张金渝	ZHANG Jinyu	云南省农业科学院 药用植物研究所, 云南 昆明 650223 云南大学 中草药生物资源研究所 云南草实验室, 云南 昆明 650091	Institute of Medicinal Plant, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China Yunnan Herbal Laboratory, Institute of Herb Biotic Resources, Yunnan University, Kunming 650091, China	
杨维泽	YANG Weize	云南省农业科学院 药用植物研究所, 云南 昆明 650223	Institute of Medicinal Plant, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China	
崔秀明	CUI Xiuming	文山三七科学院, 云南 文山 663000	Sanqi Academy of Wenshan, Wenshan 663000, China	
虞泓	YU Hong	云南大学 中草药生物资源研究所 云南草实验室, 云南 昆明 650091	Yunnan Herbal Laboratory, Institute of Herb Biotic Resources, Yunnan University, Kunming 650091, China	hongyu@ynu.edu.cn
金航	JIN Hang	云南省农业科学院 药用植物研究所, 云南 昆明 650223	Institute of Medicinal Plant, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China	jinhang1516@sina.com
陈中坚	CHEN Zhongjian	文山三七科学院, 云南 文山 663000	Sanqi Academy of Wenshan, Wenshan 663000, China	
沈涛	SHEN Tao	云南省农业科学院 药用植物研究所, 云南 昆明 650223 云南大学 中草药生物资源研究所 云南草实验室, 云南 昆明 650091	Institute of Medicinal Plant, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China Yunnan Herbal Laboratory, Institute of Herb Biotic Resources, Yunnan University, Kunming 650091, China	

基金项目: 国家“十一五”科技支撑计划项目(2006BAI06A12-13); 云南省自然科学基金项目(2007C136M)

中文摘要:目的: 通过对不同三七选育品系的遗传变异和遗传分化程度进行分析比较, 为三七的品种选育提供理论依据。方法: 利用自行设计和其他人开发的17对EST-SSR引物, 对来自4个不同区域的17份三七选育品系进行遗传多样性及遗传分化分析。结果: 在17份三七选育品系中, 共扩增出136个多态位点, 平均多态信息量PIC值为0.78, Nei's基因多样性 H 0.139, Shannon多样性指数 I 0.208, 选育品系间的遗传分化系数为0.382, 遗传相似度和聚类分析的结果表明17份三七选育品系和屏边三七被划分为4个大类群, 其中17份三七选育品系被分为3个类群, 屏边三七单独在一个类群。结论: 通过集团选择后, 从相同栽培居群内筛选出的不同品系存在一定程度的遗传分化, 可以用EST-SSR标记来检测集团选择的结果。

中文关键词: 三七; EST-SSR标记; 选育品系; 遗传变异

Breeding strains of *Panax notoginseng* by using EST-SSR markers

Abstract: Objective: To comparatively determine the genetic variation and differentiation of different breeding strains of *Panax notoginseng* for providing the basic information for genetic breeding. Method: The genetic diversity and genetic structure of the 17 breeding strains of *P. notoginseng* were assayed by using EST-SSR molecular marker. Result: A total of 136 polymorphic loci of EST-SSR were detected in the 17 breeding strains of *P. notoginseng*, with the PIC (polymorphism information content) being 0.78, H (the gene diversity within population) being 0.139, the I (the Shannon's information index) being 0.208. Gst (coefficient of gene differentiation) was 0.382 among the 17 strains. The cluster analysis of genetic similarity showed that the 17 strains of *P. notoginseng* and *P. stipuleanatus* were classified into 4 groups, while the 17 strains of *P. notoginseng* were classified into three subgroups. Conclusion: The genetic differentiation was detected among the 17 strains of *P. notoginseng* from the same cultivation population by bulk selecting. And it was feasible to detect the effect of bulk selection by EST-SSR markers.

keywords: *Panax notoginseng*; EST-SSR markers; strain of breed; genetic variation

[查看全文](#) [查看/发表评论](#) [下载PDF阅读器](#)