

SSR 与 SRAP 标记在玉米品种鉴定中的比较研究

盖树鹏¹, 盖伟玲², 黄进勇¹

(¹青岛农业大学生命科学学院, 青岛 266109; ²青岛农业大学农学与植保学院, 青岛 266109)

摘要: 利用 SSR 标记和 SRAP 标记对 19 个玉米品种及 8 份莱农 15 样品进行了分析, 比较了 2 种标记的分辨能力及在亲缘关系和杂交种纯度鉴定中的表现。与 SSR 标记相比, SRAP 标记用于玉米品种鉴定扩增位点数量更多, PIC 值更高, 具有更高的分辨率; 在亲缘关系分析方面, SSR 检测的遗传距离变幅更大, 2 种标记计算的遗传距离呈极显著正相关, 分类结果基本一致; 在杂交种纯度检测中, SRAP 标记的期望位点在杂交种群体中检测率高于 SSR 标记相应位点, 检测杂交种纯度结果更接近田间种植鉴定, 因而准确度更高。SRAP 在玉米品种鉴定中具有一定的优势, 可作为 SSR 标记技术的有益补充, 特别是在杂交种纯度鉴定中应用。

关键词: 玉米; SSR; SRAP; 品种鉴定

Comparison of SSR and SRAP Marker for Varieties Identification in Maize (*Zea mays* L.)

GAI Shu-peng¹, GAI Wei-ling², HUANG Jin-yong¹

(¹ College of Life Science, Qingdao Agricultural University, Qingdao 266109,

² College of Agronomy and Plant Protection, Qingdao Agricultural University, Qingdao 266109)

Abstract: SSR marker is usually the prior candidate of molecular marker for seed identification in maize. Unfortunately, some problems still exist in hybrids purity identification. Consequently, supplementary markers are still necessary to be explored to facilitate varieties identification besides SSR marker. In this study, SSR and SRAP markers were performed in 19 maize varieties and 8 samples of Lainong 15. The discriminative power of the markers, genetic relationship and hybrids purity revealed by SSR and SRAP markers were compared and analyzed. Comparing to SSR markers, SRAP markers displayed more amplified alleles per primer-pair, higher PIC value, and higher discriminative power. For the 19 maize varieties, genetic distance estimated based on SSR and SRAP data were significantly correlated with each other, and similar clustering results were achieved. Specific primers of SSR and SRAP with complementary pattern were used to detect hybrid purity of Lainong 15. The hybrid purity identified by SRAP marker was more vicinal to field test than that by SSR marker. In conclusion, SRAP markers could be applied in maize identification as a useful supplement of SSR, especially in hybrid purity identification.

Key words: Maize; SSR; SRAP; Varieties identification

快速、标准的玉米种子质量检测方法是保护广大农民利益、维护育种家权益的重要措施。近年来, 玉米育种速度和育种水平不断提高, 每年参加国家及省区试的品种达数百个, 甚至以千计; 同时高频率使用少数骨干自交系使品种的遗传基础趋于狭窄, 加大了品种鉴定的难度^[1]。传统的田间性状鉴定、

同工酶和蛋白质电泳图谱的鉴定技术很难适应育种的飞速发展^[2]。RFLP、RAPD、SSR 和 AFLP 等标记技术曾在作物品种鉴定中发挥了一定作用^[3-6]。其中, SSR 标记以其多态性丰富、检测技术简单、结果可靠、重复性好等优点, 成为当前最具潜力的玉米品种鉴定技术^[4, 7-10], 并成为玉米品种鉴定的国家标准

收稿日期: 2010-07-13 修回日期: 2010-09-19

基金项目: 山东省中青年科学家奖励基金项目 (2004bsb014)**

作者简介: 盖树鹏, 博士, 副教授, 硕导, 主要从事植物分子标记和基因克隆工作。E-mail: spgai@qau.edu.cn

(NY/T 1432-2007)。然而,实践中常出现 SSR 纯度鉴定结果低于田间鉴定结果等问题^[11-12],仍有必要筛选其他适用于玉米品种鉴定的补充标记。2001 年美国加州大学 Li 等^[13]发明了相关序列扩增多态性(sequence-related amplified polymorphism, SRAP)技术,具有简单、高效、高共显性、高重复性、易测序、平均分布等优点,已广泛应用于品种鉴定、图谱构建、比较基因组学、遗传多样性检测、基因定位等研究^[14-16]。已有研究表明 SRAP 标记提供的信息量较 SSR 和 AFLP 更为丰富,具有更高的分辨能力^[16-17]。鉴于 SSR 在玉米品种鉴定中的地位,SRAP 这种新型的分子标记技术并未引起足够的重视,国内仅见其用于玉米遗传多样性分析和杂种优势群划分的报道^[18-20]。因此,有必要探讨 SRAP 在玉米品种鉴定中的可行性。本文分别利用 SSR 技术和 SRAP 技术对 19 个山东省栽培规模较大的品种和莱农 15 扞样进行了分析,比较 SSR 和 SRAP 在构建指纹图谱分辨能力、分析品种亲缘关系和纯度鉴定等方面的表现,以期为玉米品种鉴定方法提供有益的补充。

1 材料与方 法

1.1 供试材料

供试材料包括 19 份山东省推广面积较大的杂交种(表 1)、莱农 15 扞样 8 份及其亲本 W71-2 和 9648,均由连胜种业提供。2008 年,播种自交系套袋杂交收获杂交种(莱农 15),分别取 100 株进行 SSR 和 SRAP 纯度鉴定,3 次重复。SSR、SRAP 分析于 2007-2009 年在青岛农业大学遗传研究室进行。

表 1 供试的 19 份玉米品种

Table 1 Name of 19 maize varieties

序号 Code	材料 material	序号 Code	材料 Material
1	京科糯 2000	11	农大 108
2	恒丰 16	12	莱农 15
3	5872	13	鲁玉 16
4	莱农 14	14	丹玉 86
5	沈单 20	15	莱农 3
6	郑单 958	16	中科 11
7	浚单 20	17	981
8	浚单 18	18	中科 4
9	蓝玉 6 号	19	金海 5
10	纪元一号		

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取 采用 CTAB (cetyl triethylammonium bromide) 法提取玉米总 DNA,参考 Saghai-Maroof 等^[21]方法。

1.2.2 SSR 分析 PCR 反应体系 20 μ l,反应程序如下:94 $^{\circ}$ C 30s,65~58 $^{\circ}$ C 1min,72 $^{\circ}$ C 1min,15 循环;94 $^{\circ}$ C 30s,58 $^{\circ}$ C 1min,72 $^{\circ}$ C 1min,20 循环。各组充分混匀后,在 PCR 仪(PTC-200)上扩增^[22]。选择分布于 10 条染色体上的 20 对引物进行 SSR 分析^[23],引物序列信息来源于 MaizDB (<http://www.agron.missouri.edu/>),由上海生工合成。phi072 (ACCGTGCATGATTAATTTCTCCAGCCTT, GACAGCCGCAAATGGATTGAACT, bin = 4.01) 用于检测莱农 15 的纯度^[24]。

1.2.3 SRAP 分析 根据 Li 等^[13]推荐的 5 条正向引物 me1~me5,5 条反向引物 em1~em5,组成 25 个引物组合,引物由上海生工合成。引物组合 me4/em5 (TGAGTCCAAACCGGACC/GACTGCGTACG AATTAAC) 在莱农 15 双亲中具有互补特异条带,用于分析莱农 15 纯度^[23]。PCR 扩增参照 Li 等^[13]的方法。所有反应重复 2~3 次,取扩增清晰、重现性好的条带分析。

1.2.4 电泳及银染 用 8% 的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳。上样量为 10 μ l,360V 恒压条件下电泳 2.0~2.5h。银染法检测。

1.2.5 数据处理 每个样品电泳条带按有或无记录,电泳条带存在时赋值为 1,无带记为 0,缺失记为 9。多态信息量 (PIC) 按照公式 $PIC = 1 - \sum p_i^2$ 计算, p_i 为某引物组合第 i 个等位变异的频率。

分子标记分辨能力根据 Tessier 等^[25]的方法。

$$D = 1 - \sum_{i=1}^i p_i \frac{(Np_i - 1)}{N - 1}$$

应用单匹配系数 (single matching coefficient, SM) 表示材料的相似系数。经 Ntsys 软件分析得到单匹配系数矩阵图,用该软件的 UPGMA (unweighted pair group method arithmetic averages) 聚类分析法生成表示玉米自交系间遗传相似系数的树状图。

1.2.6 杂交种纯度鉴定 每份扞样随机取 500 粒,400 粒用于田间鉴定,100 粒分别进行 SSR 和 SRAP 分析,3 次重复。田间选择地势平坦、土质肥沃、水利条件好、能排能灌的地块,开沟单粒点播,行距 60cm,株距 25cm,调查出苗率。试验地的管理采用常规栽培措施,但不定苗不去杂。鉴定在花期和成熟期进行,依据品种的特征特性逐株进行鉴定,2

次鉴定的平均值为最终鉴定结果。

2 结果与分析

2.1 SRAP 与 SSR 标记的分辨能力

利用筛选出的带型稳定、多态性丰富、重复性好、分布于 10 条染色体上的 20 对引物,在 19 个杂交种中共检测到 123 个等位变异,每对引物检测到 4~11 个等位变异,平均为 6.2 个, PIC 值分布范围为 0.468~0.861,平均为 0.756^[23]。从 25 个 SRAP 引物组合筛选出 20 个组合,每个引物组合在 19 个品种中扩增出 4~16 条,共扩增出 223 条带,平均 11.15 条带。 PIC 值分布范围为 0.752~0.927,平均为 0.879。其中,引物组合 me4/em1 可独立将 19 个杂交种区分开来^[23]。可见,SRAP 标记能够提供品种间更多的遗传变异信息。

图 1 显示了 SRAP 和 SSR 标记的分辨能力,2 种标记所有引物的 D 值都超过 0.6,因而都具有较高的分辨能力。随着标记位点数的增加,分子标记的分辨能力表现逐渐增加的趋势。在标记位点数相同的情况下,SRAP 与 SSR 标记分辨能力没有明显的差异,仅表现引物间差异。SRAP 标记位点数较 SSR 多。本研究中,SSR 最大位点数为 11,而 SRAP 最大标记数 18,因而 SRAP 标记分辨能力更强。

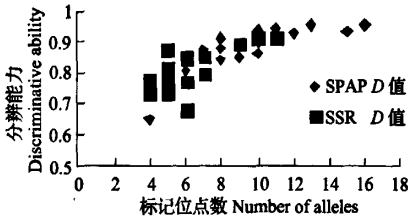


图 1 SSR 与 SRAP 标记的分辨能力

Fig. 1 The discriminative ability of SSR and SRAP markers

2.2 SRAP 与 SSR 分析品种亲缘关系

分别利用 SSR 和 SRAP 标记数据计算了供试玉米品种的遗传相似系数矩阵和遗传距离。SRAP 标记检测品种间遗传距离为 0.134~0.381,SSR 标记检测到的遗传距离为 0.107~0.467,SSR 标记检测的遗传距离变异幅度更大。2 种标记检测遗传距离呈显著的正相关, $R^2 = 0.303$ (自由度 $f = 169$,临界值 $\alpha = 0.208$)。采用 UPGMA 进行聚类分析,得到 19 个玉米品种的聚类图(图 2)。根据 SSR 扩增结果,以相似系数 0.74 处可将这 19 个品种划分为 5 类,分别是 I: 中科 4、981、沈单 20; II: 农大 108、金海 5; III: 丹玉 86、蠡玉 6 号; IV: 莱农 3、浚单 18、浚

单 20、纪元一号、郑单 958、中科 11、5872、鲁玉 16、莱农 15、莱农 14、恒丰 16; V: 京科糯 2000。根据 SRAP 结果,同样在相似系数 0.74 处,19 个品种的聚类结果为: I: 中科 4、981、沈单 20; II: 金海 5; III: 蠡玉 6 号、莱农 3、丹玉 86、农大 108、浚单 18、浚单 20、纪元一号、郑单 958、中科 11、5872; IV: 鲁玉 16、莱农 15、莱农 14、恒丰 16; V: 京科糯 2000。2 种标记的分类结果主要在第 III 和 IV 类间存在差异,其他品种聚类结果基本一致。这主要是因为 SSR 是针对基因组中高度重复序列进行的扩增,并根据 123 个变异的信息量进行的聚类;而 SRAP 主要扩增基因外显子区域,根据 223 个变异的信息量聚类分析,导致 2 种方法的聚类结果存在一定的差异。从聚类的信息量考虑,SRAP 聚类结果可能更可靠。

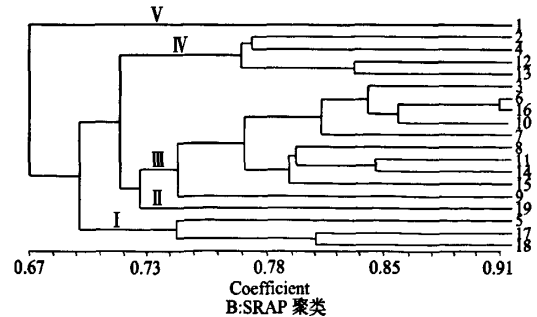
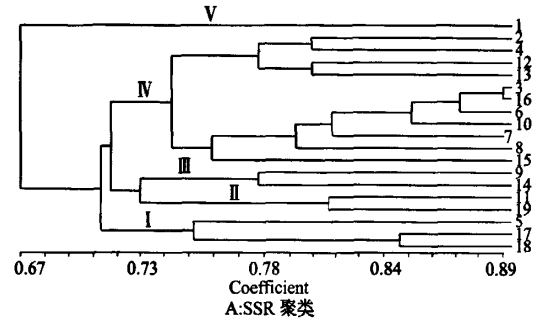


图 2 19 个玉米杂交种的聚类图

Fig. 2 Cluster analysis of 19 maize hybrid cultivars

2.3 SSR 和 SRAP 分析杂交种纯度

自交系套袋杂交收获了莱农 15 的种子,由于严格进行套袋杂交,田间鉴定纯度结果为 100%,SSR 和 SRAP 检测纯度鉴定结果分别为 97.3% 和 99.7%。分子标记是根据互补条带判断杂交种纯度^[10],SRAP 标记中的互补条带在杂交种中出现的频率更高,可见,SRAP 标记期望位点的检测率要高于 SSR 标记。进一步利用 SSR 和 SRAP 标记检测了 8 份样品的纯度(表 2)。相关性检验表明:SSR 和 SRAP 标记纯度鉴定结果与田间种植纯度鉴定结果

间存在正相关关系,SSR 纯度鉴定结果与田间种植鉴定结果相关系数 $r = 0.8971$,回归方程为: $y = 0.7079x + 0.303$;SRAP 纯度鉴定结果和田间种植鉴定结果相关系数 $r = 0.9775$,回归方程为: $y = 0.8618x + 14.246$ 。而 SRAP 标记检测结果的相关程度更高,具有更高的准确度。

表 2 SSR 与 SRAP 标记鉴定莱农 15 杂交种纯度

Table 2 Purity of Lainong 15 samples identified by SSR and SRAP (%)

样品 Sample	SSR 鉴定结果 Purity by SSR	SRAP 鉴定结果 Purity by SRAP	田间鉴定结果 Field-planting results
套袋种子 Bagging seed	97.3	99.7	100.0
扞样 1	96.0	98.7	99.5
扞样 2	88.9	91.7	93.6
扞样 3	93.0	94.7	95.9
扞样 4	90.9	93.3	94.7
扞样 5	95.0	97.0	98.1
扞样 6	91.9	93.7	94.6
扞样 7	98.0	98.7	99.5
扞样 8	96.0	97.0	97.2

筛选的检测品种纯度的特异标记是与某种性状相连锁的 DNA 片段,自交系虽经过多代自交,仍不能保证所有位点是 100% 纯合的,在有性繁殖的过程中,可能与性状间发生重组导致标记可检测率下降。SSR 标记是由基因组中的微卫星序列差异造成的,而 SRAP 揭示的多态性与开放阅读框架有关,从这个角度上看,其与生物性状的关联更大。本研究中筛选的 SRAP 标记检测杂交种纯度的准确度更高,可能与 SRAP 标记与相应性状的连锁更加紧密有关。

3 讨论

近年来,分子标记技术在玉米品种鉴定中发挥了越来越重要的作用,广泛应用于杂种优势群的划分和杂种优势预测、品种(系)指纹图谱构建、品种纯度和真伪检测及区试品种质量控制。其中,SSR 标记由于多态性信息量丰富、重复性好等优点而成为玉米品种鉴定的首选标记。标记信息量是评价标记应用价值的重要指标,等位变异数是衡量信息量多少的最基本统计参数,对一个特定物种而言,标记等位变异数越多,就更容易检测到多态性^[26]。本文的结果表明:单个 SRAP 引物扩增的平均等位变异数、PIC 值、分辨能力(D 值)都要高于 SSR,因而 SRAP 标记多态性信息量较 SSR 标记更丰富。同

时,SRAP 标记具有重复性高、平均分布、高共显性、操作简便可实现自动化等特点,符合作物品种鉴定标记的条件;而且,SRAP 标记不需要像 SSR 标记那样花费人力物力进行引物开发,合成 20 条 SRAP 引物(相当于 10 对 SSR 引物)可以组合出 100 对 SRAP 引物。可见,SRAP 标记在玉米指纹图谱构建及品种鉴定中具有较大的应用价值。

遗传距离是进行品种鉴定的重要指标,根据 SSR 标记和 SRAP 标记数据计算的遗传距离间表现极显著的正相关关系。2 种标记的亲缘关系聚类结果基本一致,仅表现细微差别,这种差别可能与标记的多态性来源不同有关。可见,2 种标记都可用于玉米品种的遗传多样性分析,这与前人的结论一致^[4,8,18-19]。

SRAP 标记的期望位点(互补带)在杂交种群体中检测率更高,检测杂交种纯度结果更接近田间种植鉴定,因而准确度更高。SRAP 标记的测序研究表明多数标记为外显子区域,Blast 搜索表明 60% 的条带与已知基因序列高度一致^[13],预示着 SRAP 标记与目标性状间连锁更加紧密。SSR 标记是针对微卫星序列的扩增,与目标性状间表现的连锁不一定非常紧密,这可能是造成 SSR 纯度鉴定结果与 SRAP 和田间鉴定结果差异的主要原因。

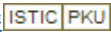
与 SSR 标记相比,SRAP 标记具有更高的分辨率和更低的开发成本,检测杂交种纯度结果更接近田间种植鉴定,准确度更高。可见,SRAP 在玉米品种鉴定中具有一定的优势,特别是用于杂交种纯度分析准确度更高。考虑到多数 SSR 标记已在玉米基因组中定位的优势,SSR 标记理应成为品种鉴定的首选,而 SRAP 标记可成为 SSR 的有益补充,特别是在杂交种纯度鉴定中应用。

参考文献

- [1] 王风格,赵久然,郭景伦,等.中国玉米新品种标准 DNA 指纹库构建研究的几点思考[J].植物学通报,2005,22(1):121-128
- [2] 刘华,王宇生,张辉,等.小麦种质资源醇溶蛋白指纹图谱数据的初步建立及应用[J].作物学报,1999,25(6):674-682
- [3] 陈一华,张超良,王泽立,等.玉米种子的 DNA 指纹计算机化鉴定[J].应用与环境生物学报,2000,6(3):223-226
- [4] 袁力行,傅骏骅,Warburton M,等.利用 RFLP、SSR、AFIP、RAPD 标记分析玉米自交系遗传的比较研究[J].遗传学报,2000,27(8):725-733
- [5] Smith J S C,Chin E C L,Shu H,et al. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.):Comparisons with data from RFLPs and pedigree [J]. Theor Appl Genet,1997,95:163-173
- [6] 马廷飞,卢新雄,陈晓玲,等.基于 SSR 标记的 30 份玉米种质遗传完整性分析[J].植物遗传资源学报,2007,8(4):

- 387-391
- [7] Wang F G, Zhao J R, Dai J R, et al. Selection and development of representative simple sequence repeat primers and multiplex SSR sets for high throughput automated genotyping in maize [J]. *Chin Sci Bull*, 2007, 52: 215-223
- [8] Menkir A, Kling J G, Badu-Apraku B, et al. Molecular marker-based genetic diversity assessment of *Striga*-resistant maize inbred lines [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 1145-1153
- [9] 李俊芳, 张雪原, 孙世贤, 等. 国家玉米主产区预试品种的 SSR 分析 I. 预试品种的真实性和一致性评价 [J]. *玉米科学*, 2006, 14 (6): 38-42
- [10] 王风格, 赵久然, 王璐, 等. 适于玉米杂交种纯度鉴定的 SSR 核心引物的确定 [J]. *农业生物技术学报*, 2007, 15 (6): 964-969
- [11] 张雪原, 赵攀峰, 王风格, 等. 玉米品种 SSR 分子标记与田间小区种植一致性鉴定结果的比较 [J]. *玉米科学*, 2009, 17 (1): 40-45, 50
- [12] 郭景伦, 赵久然, 王风格, 等. 玉米杂交种纯度室内与田间鉴定结果比较研究 [J]. *种子世界*, 2004 (7): 22-24
- [13] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 103 (3): 455-461
- [14] 薛丹丹, 郭海林, 郑扶琦, 等. 结缕草属植物杂交后代杂种真实性鉴定—SRAP 分子标记 [J]. *草业学报*, 2009, 18 (1): 72-79
- [15] 张建成, 王传堂, 焦冲, 等. SRAP 标记技术在花生种子纯度鉴定中的应用 [J]. *中国农学通报*, 2005, 21 (12): 35-39
- [16] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 107 (2): 271-282
- [17] Budak H, Shearman R C, Parmaksiz I, et al. Comparative analysis of seeded and vegetative biotype buffalograsses based on phylogenetic relationship using ISSRs, SSRs, RAPDs and SRAPs [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 280-288
- [18] 陈丽静, 潘刚刚, 何晶, 等. 用 SRAP 分子标记鉴定玉米自交系的遗传多样性 [J]. *四川农业大学学报*, 2009, 27 (2): 148-152
- [19] 姜树坤, 马慧, 刘君, 等. 利用 SRAP 标记分析玉米遗传多样性 [J]. *分子植物育种*, 2007, 5 (3): 412-416
- [20] 赵新亮, 郭露光. 利用 SRAP 分子标记划分玉米自交系类群初探 [J]. *西北农业学报*, 2007, 16 (3): 77-81
- [21] Saghai-Marof M A, Biyashey R M, Yang G P. Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics [J]. *Proc Nat Acad Sci USA*, 1984, 81: 8014-8018
- [22] 王日新, 盖树鹏, 夏连胜, 等. 玉米自交系亲缘关系的 SSR 分析 [J]. *中国农学通报*, 2008, 24 (5): 100-104
- [23] 黄进勇. 山东省主栽玉米杂交种的 SSR 和 SRAP 分析 [D]. 青岛: 青岛农业大学, 2009
- [24] 盖树鹏, 盖伟玲, 王日新. 6 个玉米杂交种种子纯度的 SSR 鉴定. *种子*, 2010, 29 (7): 44-47
- [25] Tessier C, David J, This P, et al. Optimization of the choice of molecular markers for varietal identification in *Vitis vinifera* L. [J]. *Theor Appl Genet*, 1999, 98: 171-177
- [26] Jones E S, Sullivan H, Bhatramakki D, et al. A comparison of simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism marker technologies for the genotypic analysis of maize (*Zea mays* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 361-371
- ~~~~~
- (上接第 467 页)
- [12] Reddy P, Appels R. A second locus for the 5S multigene family in *Secale L.*: sequence divergence in two lineages of the family [J]. *Genome*, 1989, 32 (3): 456-467
- [13] Gradzielewska A. The genus *Dasyprum*-part 2. *Dasyprum villosum*-a wild species used in wheat improvement [J]. *Euphytica*, 2006, 152: 441-454
- [14] 裴自友, 袁文业, 孙善澄, 等. 簇毛麦和中间偃麦草 rRNA 基因位点双色荧光原位杂交分析 [J]. *华北农学报*, 2002, 17 (1): 6-10
- [15] 廖进秋, 杨瑞武, 周永红, 等. 波兰小麦和矮兰麦 45S rDNA 和 5S rDNA 基因位点 FISH 分析 [J]. *遗传*, 2007, 29 (4): 449-454
- [16] 徐川梅, 别同德, 王春梅, 等. 45S rDNA 在小麦及其近缘物种染色体上的分布 [J]. *遗传*, 2007, 29 (9): 1126-1130
- [17] 赵丽娟, 李立家, 覃瑞, 等. 大麦 45S 和 5S rDNA 定位及 5S rDNA 伸展纤维的 FISH 分析 [J]. *武汉植物学研究*, 2005, 23 (1): 15-19
- [18] Gerlach W L, Bedbrook J R. Cloning and characterization of ribosomal RNA genes from wheat and barley [J]. *Nucleic Acids Res*, 1979, 7: 1869-1885
- [19] Gerlach W L, Dyer T A. Sequence organization of the repeating units in the nucleus of wheat which contain 5S rRNA genes [J]. *Nucleic Acids Res*, 1980, 8: 4851-4865
- [20] Bedbrook J R, Jones J, O'Dell M, et al. A molecular description of telomeric heterochromatin in *Secale* species [J]. *Cell*, 1980, 19: 545-560
- [21] Rayburn A L, Gill B S. Isolation of a D-genome specific repeated DNA sequence from *Aegilops squarrosa* [J]. *Plant Mol Biol Rep*, 1986, 4: 102-109
- [22] Cheng Z, Presting C C, Buell C R, et al. High-resolution pachytene chromosome mapping of bacterial artificial chromosomes anchored by genetic markers reveals the centromere location and distribution of genetic recombination along chromosome 10 of rice [J]. *Genetics*, 2001, 157: 1749-1757
- [23] Dvořák J, Zhang H B, Kota R S, et al. Organization and evolution of the 5S ribosomal RNA gene family in wheat and related species [J]. *Genome*, 1989, 32: 1003-1016
- [24] Dubcovsky J, Dvořák J. Ribosomal RNA multigene loci: Nomads of the *Triticeae* genomes [J]. *Genetics*, 1995, 140: 1367-1377
- [25] Scoles G J, Gill B S, Xin Z Y, et al. Frequent duplication and deletion events in the 5S rRNA genes and the associated spacer regions in the *Triticeae* [J]. *Plant Syst Evol*, 1988, 160: 105-122
- [26] Hanson R E, Islam-Faridi M N, Percival E A, et al. Distribution of 5S and 18S-28S rDNA loci in a tetraploid cotton (*Gossypium hisutum* L.) and its putative diploid ancestors [J]. *Chromosoma*, 1996, 105: 55-61
- [27] Badaeva E D, Friebe B, Gill B S. Genome differentiation in *Aegilops*. 2. Physical mapping of 5S and 18S-26S ribosomal RNA gene families in diploid species [J]. *Genome*, 1996, 39: 1150-1158

SSR与SRAP标记在玉米品种鉴定中的比较研究

作者: 盖树鹏, 盖伟玲, 黄进勇, GAI Shu-peng, GAI Wei-ling, HUANG Jin-yong
作者单位: 盖树鹏, 黄进勇, GAI Shu-peng, HUANG Jin-yong (青岛农业大学生命科学院, 青岛, 266109), 盖伟玲, GAI Wei-ling (青岛农业大学农学与植保学院, 青岛, 266109)
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES
年, 卷(期): 2011, 12(3)

参考文献(26条)

1. Jones E S;Sullivan H;Bhatramakki D A comparison of simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism marker technologies for the genotypic analysis of maize(Zea mays L.) 2007
2. Tessier C;David J;This P Optimization of the choice of molecular markers for varietal identification in Vitis vinifera L 1999
3. 盖树鹏;盖伟玲;王日新 6个玉米杂交种种子纯度的SSR鉴定 2010(07)
4. 黄进勇 山东省主栽玉米杂交种的SSR和SRAP分析 2009
5. 王日新;盖树鹏;夏连胜 玉米自交系亲缘关系的SSR分析 2008(05)
6. Saghai-Marooif M A;Biyashey R M;Yang G P Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley:Mendelian inheritance,chromosomal location and population dynamics[外文期刊] 1984
7. 赵新亮;郭霭光 利用SRAP分子标记划分玉米自交系类群初探 2007(03)
8. 姜树坤;马慧;刘君 利用SBAP标记分析玉米遗传多样性 2007(03)
9. 陈丽静;潘刚刚;何晶 用SRAP分子标记鉴定玉米自交系的遗传多样性 2009(02)
10. Budak H;Shearman R C;Parmaksiz I Comparative analysis of seeded and vegetative biotype buffalograsses based on phylage-netic relationship using ISSRs, SSRs, RAPDs and SRAPs 2004
11. Ferriol M;Pico B;Nuez F Genetic diversity of a germplasm col-lection of Cucurbita pepo using SRAP and AFLP marken 2001(02)
12. 张建成;王传堂;焦冲 SRAP标记技术在花生种子纯度鉴定中的应用 2005(12)
13. 薛丹丹;郭海林;郑轶琦 结缕草属植物杂交后代杂种真实性鉴定-SRAP分子标记 2009(01)
14. Li G;Quiros C F Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction:its application to mapping and gene tagging in Brassica 2001(03)
15. 郭景伦;赵久然;王凤格 玉米杂交种纯度室内与田间鉴定结果比较研究 2004(07)
16. 张雪原;赵攀峰;王凤格 玉米品种SSR分子标记与田间小区种植一致性鉴定结果的比较 2009(01)
17. 王凤格;赵久然;王璐 适于玉米杂交种纯度鉴定的SSR核心引物的确定 2007(06)
18. 李俊芳;张雪原;孙世贤 国家玉米主产区预试品种的SSR分析 I. 预试品种的真实性和一致性评价 2006(06)
19. Menkir A;Kling J G;Badu-Apraku B Molecular marker-based genetic diversity assessment of Striga-resistant maize in-bred lines 2005
20. Wang F G;Zhao J R;Dai J R Selection and development of representative simple sequence repeat primers and multiplex SSR sets for high throughput automated genotyping in maize 2007
21. 马延飞;卢新雄;陈晓玲 基于SSR标记的30份玉米种质遗传完整性分析 2007(04)
22. Smith J S C;Chin E C L;Shu H An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize(Zea mays L.):Comparisons with data from RFLPs and pedigree[外文期刊] 1997

23. [袁力行;傅骏骅;Warburton M 利用RFLP、SSR、AFLP、RAPD标记分析玉米自交系遗传的比较研究](#) 2000(08)
24. [陈一华;张超良;王泽立 玉米种子的DNA指纹计算机化鉴定](#) 2000(03)
25. [刘华;王宇生;张辉 小麦种质资源醇溶蛋白指纹图谱数据的初步建立及应用](#) 1999(06)
26. [王风格;赵久然;郭景伦 中国玉米新品种标准DNA指纹库构建研究的几点思考](#) 2005(01)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201103023.aspx