

春小麦重组自交系及多种 SSR 标记构建遗传图谱

董建力¹, 白海波¹, 朱永兴¹, 赵朋², 吕学莲¹, 李树华¹, 王中华²

1. 宁夏农林科学院农业生物技术研究中心, 银川 750002
2. 西北农林科技大学农学院, 杨陵 712100

摘要 以春小麦重组自交系(RIL)宁春4号×宁春27号为作图群体,利用SSR标记构建小麦遗传连锁图谱。结果表明,用1001对SSR引物选出亲本间表现多态性的引物307对,多态性频率为30.7%。利用307对多态性引物对RIL群体进行分析,共检测到266个多态性标记位点。通过 χ^2 检测($P<0.05$),有147个SSR标记表现为偏分离,偏分离率为55.3%,129个偏向母本宁春4号,其偏分离位点主要分布在B和D基因组上。用Mapmaker 3.0和Mapdraw 2.1软件将266个SSR位点绘制在小麦遗传连锁图谱上,该图谱覆盖小麦基因组全长2187.79 cM,标记间的平均遗传距离为8.22 cM。

关键词 春小麦;重组自交系;SSR标记;连锁图谱

中图分类号 Q943

文献标志码 A

doi 10.3981/j.issn.1000-7857.2015.07.014

Construction of wheat linkage map using a set of spring wheat recombinant inbred lines and different SSR markers

DONG Jianli¹, BAI Haibo¹, ZHU Yongxing¹, ZHAO Peng², LÜ Xuelian¹, LI Shuhua¹, WANG Zhonghua²

1. Agricultural Bio-technology Research Center, Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Yinchuan 750002, China
2. College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling 712100, China

Abstract The recombinant inbred lines (RILs) between Ningchun 4 and Ningchun 27 are used as the donors for the construction of the spring wheat genetic linkage map by different SSR markers. It is revealed that 307 pairs of the SSR markers in total are available to show the SSR polymorphism differences between the two parents among 1001 pairs of SSR markers originally selected. The polymorphism frequency is 30.7%. The 307 pairs of the SSR primers with the polymorphisms between Ningchun 4 and Ningchun 27 are applied to further analyze the RIL population, and 266 loci with polymorphism are detected by the primers mentioned above. The χ^2 test ($P<0.05$) shows that 147 SSR markers see a significant segregation distortion of 55.3%, mostly distributed on the B and D genomes. Among them, the segregated distortions of 129 SSR markers are resulted from the female parent of Ningchun 4. By using the software of Mapmaker 3.0 and Mapdraw 2.1, 266 SSR markers are assigned on the linkage genetic map of the wheat, which covers about 2187.79 cM of the wheat genome with an average distance of 8.22 cM between markers.

Keywords spring wheat; recombinant inbred lines; SSR markers; linkage map

遗传连锁图谱构建是作物复杂数量性状遗传研究的重要内容,又是分子标记辅助选择育种研究的理论依据。最早

用于小麦连锁遗传图谱构建的分子标记是片段长度多态性(restriction fragment length polymorphism, RFLP)。20世纪90

收稿日期:2014-10-14;修回日期:2015-01-23

基金项目:国家自然科学基金项目(31160285);宁夏回族自治区农业育种专项;宁夏农林科学院科技先导项目(NKYJ-14-22)

作者简介:董建力,研究员,研究方向为小麦抗逆生理及分子生物学,电子信箱:jianli56@163.com;王中华(通信作者),教授,研究方向为小麦抗逆生理及分子生物学,电子信箱:zhonghuawang@nwsuaf.edu.cn

引用格式:董建力,白海波,朱永兴,等.春小麦重组自交系及多种SSR标记构建遗传图谱[J].科技导报,2015,33(7):84-89.

年代初, Nelson 等^[1-3]用国际小麦原始作图群体(ITMI)构建了第一张小麦部分同源染色体组2、3、4、5、7的RFLP分子遗传图谱,该群体的RFLP遗传图谱已被国内外用于进行小麦抗病性和农艺性状的数量性状位点(QTL)分析,但因RFLP标记的多态性较少,限制了它们的应用。1998年, Roder 等^[4]用SSR标记构建了第一张小麦SSR分子标记图谱,他们将230对引物扩增的279个位点整合到国际小麦簇作图计划(ITIM)的Opata85W7984作图群体遗传框架图上。1998年, Stephenson 等^[5]将51对SSR标记在一个“中国春×SQ1”小麦作图群体上。2000年, Pestsova 等^[6]对从粗山羊草分离的D基因组专化性微卫星标记(GDM)在小麦上进行了作图,将55个SSR位点整合到ITIM作图群体遗传框架图上。此外,国际小麦微卫星协会也已将开发的一些wmc标记整合到已有的小麦遗传框架图上^[7]。SSR标记被认为是继RFLP之后的第二代分子标记。SSR标记不仅可以检测RFLP标记一般不能检测的基因组串联重复序列,而且多态性更高^[8]。

近年来,小麦抗病性^[9]、抗旱性^[10]、产量^[11]、品质^[12]等的QTL或目标基因均借助于分子标记遗传连锁图谱定位。目前,以小麦抗旱性为主要目标构建的作图群体和遗传图谱相对较少,以抗旱性不同的春小麦重组自交系(RIL)群体构建分子遗传图谱更少,并且利用不同抗旱性遗传背景小麦材料、不同分子标记构建的遗传图谱也有所不同。因此,深入进行抗旱相关性状QTL定位和数量遗传研究,有利于发掘小麦更多的抗旱遗传信息。本研究以抗旱小麦宁春27号与水地高产优质宁春4号杂交创建的RIL群体为试材,利用SSR分子标记构建小麦遗传连锁图谱。

1 材料与方法

1.1 材料

以抗旱(WUE)小麦品种宁春27号(宁夏固原地区农科所选育)、抗旱小麦Drasdey(引自澳大利亚)为亲本,分别与水地高产优质广适性小麦品种宁春4号(宁夏永宁县小麦育繁所选育)杂交构建的RIL群体为材料,F₂分离群体采用一穗传方式继代到F₃代,表型稳定,基因型基本纯合,获得2个RIL群体,即宁春4号/Drasdey、宁春4号/宁春27号,通过对这2个RIL中3个亲本的生态地理差异、生理性状差异、农艺性状差异及分子标记的多态性差异进行统计,选出遗传性状、多态性差异大的宁春4号/宁春27号RIL群体132个株系为作图群体。

1.2 SSR引物

根据Roder^[4]实验室及GrainGene2.0网站(<http://wheat.pw.usda.gov/GG2/index.shtml>)SSR标记引物序列信息,选择分布于小麦21条染色体上的SSR引物1001对,每条染色体上选10对以上引物。引物有9种类型,其中,Xbarc 179对,cfa 28对,cfd 80对,Xgdm 38对,Xgpw 162对,Xgwm 230对,mag 7对,psp 4对,wmc 273对。引物由北京攀科新业生物有限公

司合成。

1.3 DNA提取

取供试RIL及其亲本幼苗叶片,采用改良CTAB法提取小麦基因组DNA^[13]。采用1%琼脂糖凝胶电泳检测提取DNA的质量,NanoDrop2000微量分光光度计检测提取DNA浓度,将其统一稀释为100 ng/μL,用于后期PCR扩增反应。

1.4 多态性SSR标记筛选及PCR扩增

以亲本宁春4号和宁春27号的DNA为模板进行多态性筛选。PCR扩增体系总体积10 μL,含2×Master Mix 5 μL,10 μmol/L正反引物各0.5 μL,DNA模板(100 ng/μL)1 μL,去离子水3.5 μL。反应程序为:94℃变性2 min;35个循环,每循环94℃变性30 s,根据不同引物采用相应的退火温度复性30 s,72℃延伸30 s;最后72℃延伸5 min,扩增结束后4℃保存。

扩增产物经6%聚丙烯酰胺凝胶电泳50 min后,银染显色。与亲本宁春4号相同带型的记为“A”,与亲本宁春27号相同带型的记为“B”,双亲共有的带型记为“H”,缺失和其他带型记为“—”。

1.5 连锁图谱的构建

用Mapmaker 3.0软件^[14]计算标记间的遗传距离,确定标记在染色体上的顺序。LOD阈值为3.0,根据已知SSR标记构建每条染色体的框架,用sequence、compare和map命令确定这些标记在本连锁图上的位置,然后用links、try和map命令将其余的标记定位在相应染色体的位置上。采用Kosambi函数将标记之间的重组交换率转换为遗传图距单位(cM)。根据标记间的距离、标记顺序和连锁群,用Mapdraw 2.1软件绘制标记连锁图。

1.6 偏分离分析

根据电泳图谱带型划分RIL群体的基因型,与母本相同带型记为“A”,与父本相同带型记为“B”,缺失或模糊带型记为“—”。将父母本带型结果按孟德尔分离的理论比率(1:1)进行 χ^2 检测,推断被检测标记位点是否存在偏分离,并对照亲本基因型确定偏分离的方向。

2 结果与分析

2.1 多态性引物筛选及在染色体上的分布

用1001对SSR引物对RIL双亲(宁春4号、宁春27号)DNA进行扩增,筛选出在双亲间表现多态性的引物307对(表1),多态性频率为30.7%。多态性引物在小麦A、B、D 3组染色体上分布较均匀,染色体上最多的有19对多态性引物,最少的9对,平均每条染色体上有14.6对多态性引物。分布在1A、2A、4A、1B、2B、3B、7B染色体上的多态性引物相对较多,分布在4B、5B、4D染色体上的多态性引物相对较少。

2.2 SSR标记多态性频率

307对多态性SSR引物分属于9种类型(表1),其中cfa引物的多态性频率最高(35.7%),其次是wmc引物(33.7%),psp和Xgdm引物的多态性较低(25%、21.1%),mag无多态性。多

态性引物中 cfa 的使用率达 100%, wmc 多态性引物虽然最多, 但用于构建图谱的标记仅占该标记总数的 71%, 有 41 个多态性标记未被连接到图谱上。

表 1 不同类型 SSR 标记的多态性频率和使用频率
Table 1 Frequency of polymorphism and utilization of different types of SSR markers

标记类型	引物总数	多态性引物	多态性频率/%	作图标记	标记使用率/%
Xbarc	179	60	33.5	56	93.3
cfa	28	10	35.7	10	100.0
cfb	80	21	26.3	19	90.5
Xgdm	38	8	21.1	7	87.5
Xgpw	162	42	25.9	35	83.3
Xgwm	230	73	31.7	67	91.8
mag	7	0	0	0	0
psp	4	1	25.0	1	100.0
wmc	273	92	33.7	71	77.2

2.3 遗传图谱的构建

用 307 对多态性 SSR 标记对 RIL 群体(宁春 4 号/宁春 27 号)132 个株系进行基因型分析, 构建成包含 30 个连锁群的遗传图谱(图 1), 图谱包括 266 个标记位点, 遗传连锁图总长度为 2187.79 cM, 平均每条染色体连锁图长 104.18 cM, 平均 2 个标记间的距离为 8.22 cM。每个连锁群上的标记数在 3~19 个, 长度在 8.47~145.06 cM。分子标记在各连锁群上的分布相对较为均匀, 平均 2 个标记间距最大的连锁群是 6A, 为 13.05 cM, 最小的是 4A.b 连锁群, 为 2.82 cM, 有 25 个连锁群标记间距小于 10 cM。A、B、D 3 个染色体组上的标记覆盖长度分别为 727.58、705.17 和 755.04 cM, 2 个标记间的平均遗传距离分别为 9.32、7.20 和 8.39 cM, 可以看出, B 染色体组标记间的距离最小, 而 D 染色体组标记虽然覆盖的长度最大, 但标记间的遗传距离介于 A、B 染色体组之间。

不同染色体上标记的数目、覆盖染色体长度和标记间平均距离也有较大差异(图 1), 7B 染色体上标注的 SSR 位点最多, 为 19 个标记, 其次是 2A 染色体 15 个标记, 3A 和 6A 染色体上标注的 SSR 位点最少, 均为 9 个标记。覆盖染色体长度在 50.9~145.06 cM 之间, 大部分覆盖染色体长度小于 100 cM, 较短的是 4D 和 4A 染色体, 覆盖长度分别为 50.9 和 62.41 cM, 而覆盖较长的是 1D 和 7D 染色体, 标记覆盖染色体长度分别为 145.06 和 134.62 cM。

不同染色体上标记的数目、覆盖染色体长度和标记间平均距离也有较大差异(图 1), 7B 染色体上标注的 SSR 位点最多, 为 19 个标记, 其次是 2A 染色体 15 个标记, 3A 和 6A 染色体上标注的 SSR 位点最少, 均为 9 个标记。覆盖染色体长度在 50.9~145.06 cM 之间, 大部分覆盖染色体长度小于 100 cM, 较短的是 4D 和 4A 染色体, 覆盖长度分别为 50.9 和 62.41 cM, 而覆盖较长的是 1D 和 7D 染色体, 标记覆盖染色体长度分别为 145.06 和 134.62 cM。

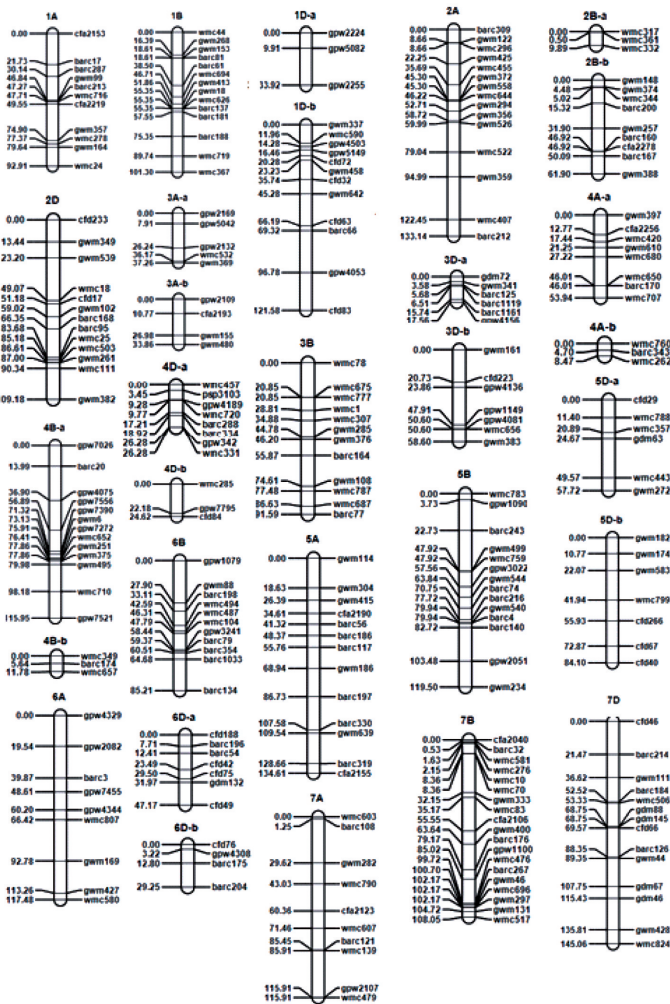


图 1 RIL(宁春 4 号/宁春 27 号)132 个家系构建的小麦 SSR 遗传连锁图谱

Fig. 1 Linkage map of SSR markers using 132 RILs derived from the cross of Ningchun 4 and Ningchun 27

2.4 标记的偏分离统计

标记在21条染色体上的分布比较均匀,每条染色体的标记数量在9~19,平均每条染色体上有12.7个标记。用于构建图谱的266个多态性标记位点中,119个多态性标记位点呈1:1分离比;147个标记(占作图标记的55.3%)呈偏分离(表2),其中38个呈显著偏分离($\chi^2_{0.05}=3.84$),109个呈极显著偏分离($\chi^2_{0.01}=6.63$)。

偏分离标记中有129个偏向父本宁春4号,18个偏向母本宁春27号。存在偏分离的7种SSR引物中,barc和wmc类型的引物偏分离频率较高,分别占作图标记的25.12%和23.13%,gdm类型的SSR引物偏分离频率最低,为2.03%。从偏分离标记所在染色体的位置看,B和D染色体组上偏分离的标记较多,分别为53个和54个,而A染色体组上偏分离的标记较少,为40个。

表2 分子标记和偏分离位点在染色体上的分布

Table 2 Distribution of SSR markers and distorted loci on wheat chromosomes

染色体	标记数	长度/cM	平均遗传距离/cM	偏分离位点数	偏向宁春4号位点数	偏向宁春27号位点数	χ^2 值	显著偏分离位点数	极显著偏分离位点数
1A	11	92.91	8.45	10	10	0	5.26~18.51	1	9
1B	14	101.30	7.24	5	2	3	6.03~8.52	2	3
1D	15	155.50	10.72	9	9	0	6.88~36.13	0	9
2A	15	133.14	8.88	3	0	3	5.37~13.24	1	2
2B	12	71.79	5.09	5	2	3	5.19~18.00	1	4
2D	13	109.18	8.40	12	12	0	3.92~54.22	2	10
3A	9	71.12	7.96	5	5	0	7.14~19.24	0	5
3B	12	91.59	7.63	3	1	2	6.32~17.67	1	2
3D	13	76.16	5.65	11	11	0	4.00~16.79	6	5
4A	11	62.41	4.78	2	2	0	5.00~12.96	1	1
4B	16	127.73	7.67	9	6	3	3.90~76.90	2	7
4D	11	50.90	5.75	5	5	0	4.65~27.57	2	3
5A	13	134.62	10.36	11	11	0	3.85~42.00	4	7
5B	14	119.50	8.54	8	6	2	5.94~30.00	1	7
5D	13	141.82	10.82	6	6	0	4.92~14.70	4	2
6A	9	117.48	7.03	5	5	0	4.16~16.50	3	2
6B	11	85.21	7.75	9	8	1	5.74~33.57	1	8
6D	11	76.42	7.34	3	3	0	5.72~8.21	2	1
7A	10	115.91	11.59	4	3	1	5.14~13.44	1	3
7B	19	108.05	5.69	14	14	0	5.34~112.29	3	11
7D	14	145.06	10.36	8	8	0	7.26~21.16	0	8
合计	266	2187.80	8.22	147	129	18	3.90~112.30	38	109

3 讨论

3.1 作图亲本性状差异

不同小麦产区主要根据当地环境条件、生产中的主要问题及育种目标来选择作图亲本构建遗传图谱。以往报道中大多数作图群体的亲本主要以冬小麦品种为材料,构建冬小麦高产与抗旱、高产与品质等方面的遗传图谱,本研究根据宁夏及西北地区水资源短缺等现状和问题,以高产优质广适

性春小麦品种宁春4号与抗旱、高水分利用效率春小麦品种宁春27号为亲本杂交构建的RIL群体为材料,构建了遗传图谱,构建的图谱可用于水、早春小麦群体内各种性状的遗传规律分析,为春小麦抗逆性状、产量性状、品质性状的分子标记辅助选择、基因定位、基因克隆奠定了基础。

3.2 遗传图谱的饱和度

选择遗传背景差异大的小麦亲本进行杂交,构建株系间

遗传差异明显的作图群体是决定遗传连锁图谱中标记选择和标记密度的重要基础^[15]。方宜钧等^[16]研究表明,遗传图谱分子标记平均间距在 10~20 cM 就能够进行 QTL 的初级定位。小麦染色体数目多,基因组巨大,采用一种 SSR 标记很难构建覆盖全基因组的遗传连锁图谱。多种 SSR 标记的联合运用增加了标记的数量,为建立一个比较饱和的连锁图谱提供了良好的物质基础。本研究利用多种 SSR 标记共同构建的遗传连锁图谱总长度为 2187.79 cM,平均每条染色体连锁图长 104.18 cM,平均 2 个标记的距离为 8.22 cM。A、B、D 3 个染色体组上的标记位点数分别为 78、98 和 90 个,A、B、D 3 个染色体组标记间的平均遗传距离分别为 9.32、7.20 和 8.39 cM,标记数量较多,密度较大,符合 QTL 定位的要求。

3.3 标记间遗传距离

本研究构建的小麦遗传图谱标记间的平均遗传距离比安梅^[17]报道的小麦遗传距离(7.8 cM)大 0.42 cM,比有些报道^[18,19]的小麦图谱遗传距离小 8~10 cM。其主要原因有 4 个方面。

1) 亲本间性状差异大。对 2 套 RIL 3 个亲本间生态地理、农艺性状、生理性状差异进行比较,在多个性状之间表现差异明显。

2) 亲本分子标记的多态性高。本研究利用 1001 对 SSR 引物对 2 个 RIL 的 3 个亲本(宁春 4 号、Dryside、宁春 27 号) DNA 进行扩增,通过亲本两两之间多态性标记数统计,宁春 4 号与宁春 27 号多态性标记数多达 248 个(31.3%),宁春 4 号与 Dryside 的多态性标记数仅 72 个(7.4%),表明宁春 4 号与宁春 27 号的遗传背景差异大于宁春 4 号与 Dryside 的。

3) RIL 群体株系间的差异大。在 RIL 创制中,从 F₂ 代开始随机收获 200 多个单株,每个单株取 1 穗,进行 1 穗传,到 F₆ 代淘汰表型很相似的株系和分离比较大的株系,直到遗传性状很稳定(F₈)。

4) 构建图谱所用的标记相对较多。每条染色体上的标记数在 10 个以上,平均 12.7 个标记,标记在 A、B、D 染色体组的分布较均匀,覆盖了小麦的全基因组。

3.4 标记的偏分离

266 个作图 SSR 标记中,147 个标记表现为显著或极显著的偏分离,占作图标记的 55.3%。147 个偏分离标记中有 129 个偏向父本宁春 4 号,18 个偏向母本宁春 27 号。笔者认为,标记偏向宁春 4 号比例大,说明宁春 4 号控制大多数优良性状的基因存在遗传效应大的主效基因,在数量性状基因/QTL 定位中是非常理想的作图亲本材料,这也是宁春 4 号种植 32 年经久不衰的原因。宁春 4 号与宁春 27 号的遗传力值得进一步研究。在表现偏分离的 7 种 SSR 引物中,barc 和 wmc 类型的引物偏分离的频率较高,分别占作图标记类型的 25.12% 和 23.13%。根据报道和本研究的结果分析,出现偏分离的主要原因有 4 个方面。

1) 亲本间的亲缘关系。本研究中水地小麦品种宁春 4

号的亲本来源于意大利和澳大利亚,宁春 27 号的亲本来源于宁夏当地旱区小麦。Messmer 等^[20]用普通小麦与斯卑尔脱小麦的种间杂交构建 RIL 群体,检测到的偏分离频率分别为 24.6% 和 35%,明显高于 Paillard 等^[21]用 2 个普通小麦品种杂交得到的 RIL 群体中检测到的频率 17%。

2) 性状的遗传力。不同作物不同性状的遗传力有一定差异,遗传力强的性状在后代出现的频率较高。

3) 重组自交系群体构建过程中多代自然选择和人为抽样造成的偏差。

4) 一些引物在 RIL 群体中扩增缺失,导致某个亲本类型缺失较多而产生偏分离^[22]。在创制小麦 RIL 及分子标记分析中应尽可能减少误差,对提高遗传图谱的质量和 QTL 定位的准确性极为重要。

4 结论

1) 选择遗传性状差异大的亲本杂交,创制株系间差异明显的作图群体,既能提高多态性引物频率,又能提高遗传图谱的标记密度。

2) 采用多种 SSR 标记和增加标记数量有利于构建出标记的覆盖长度长,2 个标记间的遗传距离小的遗传图谱。

3) 标记的偏分离程度受亲本的亲缘关系远近、性状的遗传力的影响较大,亲本间亲缘关系越远、性状的遗传力越强,标记偏分离的比例越大。

参考文献(References)

- [1] Nelson J C, Van Deynze A E. Molecular mapping of wheat homoeologous group 2[J]. *Genome*, 1995, 38: 516-524.
- [2] Nelson J C, Van Deynze A E. Molecular mapping of wheat homoeologous group 3[J]. *Genome*, 1995, 38: 525-533.
- [3] Nelson J C, Sorrells M E, van Deynze A E, et al. Molecular mapping of wheat: Major genes and rearrangements in homoeologous group 4, 5 and 7[J]. *Genetics*, 1995, 141: 721-731.
- [4] Roder M S, Korzun V, Gill B S, et al. The physical mapping of microsatellitemarkers in wheat[J]. *Genome*, 1998, 41(2): 278-283.
- [5] Stephenson P, Bryan G, Kirby J, et al. Fifty new microsatellite loci for the wheat genetic map[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 97: 946-949.
- [6] Pestsova E, Ganai M W, Roder M S. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the Dgenome of bread wheat[J]. *Genome*, 2000, 43: 689-699.
- [7] Elouafi I, Nachit M M, Elsaieh A, et al. QTL-mapping of genomic regions controlling glutenstrength in Durum (*Triticum durum* L. var. durum)[J]. *Hereditas*, 2001, 135(2/3): 255-261.
- [8] 朱振东, 贾继增. 小麦 SSR 标记的发展及应用[J]. *遗传*, 2003, 25(3): 355-360.
Zhu Zhendong, Jia Jizeng. Microsatellite marker development and applications in wheat genetics and breeding[J]. *Heredity*, 2003, 25(3): 355-360.
- [9] 马骥超, 常迺滔, 姜俊龙, 等. SSR 标记在小麦抗病 QTL 及抗病基因定位中的应用[J]. *中国植保导刊*, 2007, 27(6): 11-15.

- Ma Jichao, Chang Naitao, Jiang Junlong, et al. Application of SSR marker in wheat resistant disease QTL and locating resistant gene[J]. Chinese Plant Protection, 2007, 27(6): 11-15.
- [10] 杨随庄. 小麦抗旱的分子标记基因定位和基因工程研究进展[J]. 中国农学通报, 2007, 23(4): 59-63.
Yang Suizhuang. Advance on study of molecular marker, gene location and gene engineering in drought resistance in wheat[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2007, 23(4): 59-63.
- [11] 李文才, 李涛, 赵逢涛, 等. 小麦 D 基因组产量性状 QTL 定位[J]. 华北农学报, 2005, 20(1): 23-26.
Li Wencai, Li Tao, Zhao Fengtao, et al. QTL of wheat yield traits in D genome[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2005, 20(1): 23-26.
- [12] 李卫华, 刘伟, 刘丽, 等. 小麦品质性状的 QTL 定位研究进展[J]. 石河子大学学报: 自然科学版, 2005, 23(3): 389-394.
Li Weihua, Liu Wei, Liu Li, et al. A review of QTL research for wheat quality traits[J]. Journal of Shihezi University: Science and Technology Edition, 2005, 23(3): 389-394.
- [13] Saghai-Marocf M A, Soliman K M, Jorgenson R, et al. Ri-bosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 1984, 81: 8014-8018.
- [14] Lander E S, Botstein D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP Linkage maps[J]. Genetics, 1989, 121: 185-199.
- [15] Röder M S, Korzun V, Wendehake K, et al. A microsatellite map of wheat[J]. Genetics, 1998, 149: 2007-2023.
- [16] 方宣钧, 吴为人, 唐纪良. 作物 DNA 标记辅助育种[M]. 北京: 科学出版社, 2002: 22-24.
Fang Xuanjun, Wu Weiren, Tang Jiliang. Crop DNA marker assisted breeding[M]. Beijing: Science Press, 2002: 22-24.
- [17] 安梅, 杨德龙, 栗孟飞, 等. 小麦 RIL 群体遗传连锁图谱的构建及其多态性分析[J]. 甘肃农业大学学报, 2012, 47(6): 74-80.
An Mei, Yang Delong, Li Mengfei, et al. Construction of genetic linkage map and marker polymorphism analysis in wheat RIL population[J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2012, 47(6): 74-80.
- [18] 李卫华, 刘伟, 尤明山, 等. 利用多种 SSR 引物构建小麦遗传连锁图谱及其多态性分析[J]. 麦类作物学报, 2007, 27(1): 1-6.
Li Weihua, Liu Wei, You Mingshan, et al. Construction of wheat molecular linkage map using different SSR markers and the polymorphism of the markers[J]. Journal of Triticeae Crops, 2007, 27(1): 1-6.
- [19] 石培春, 王光利, 张薇, 等. 小麦 SSR 连锁图谱的构建及多态性研究[J]. 新疆农业科学, 2007, 44(增 3): 71-76.
Shi Peichun, Wang Guangli, Zhang Wei, et al. Construction of wheat SSR molecular linkage map and its polymorphism[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2007, 44(Suppl 3): 71-76.
- [20] Messmer M M, Keller M, Zanetti S, et al. Genetic linkage map of a wheat × spelt cross[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1999, 98: 1163-1170.
- [21] Paillard S, Schnurbusch T, Winzeler M, et al. An integrative genetic linkage map of winter wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 107: 1235-1242.
- [22] 刘刚, 许盛宝, 倪中福, 等. 小麦 RIL 群体 SSR 标记偏分离的遗传分析[J]. 农业生物技术学报, 2007, 15(5): 828-833.
Liu Gang, Xu Shengbao, Ni Zhongfu, et al. Genetic analysis of segregation distortion of molecular markers in wheat RIL population[J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2007, 15(5): 828-833.

(责任编辑 王媛媛)

· 学术动态 ·



中国科学技术协会

中国电工技术学会八次全国会员代表大会召开

2015年3月21日,中国电工技术学会第八次全国会员代表大会在北京召开。原机械工业部副部长、中国电工技术学会七届理事会理事长孙昌基,原机械工业部电工局局长、中国电工技术学会七届理事会名誉理事长周鹤良,中国机械工业联合会执行副会长赵驰出席会议,来自学会系统近300多名会员代表与会。

会议以无记名投票形式选举产生第八届理事会领导机构,选举天津工业大学校长杨庆新为第八届理事会理事长,裴相精为秘书长。会议选举189人组成第八届理事会,选举丁立健、马伟明等57人为第八届理事会常务理事。

详见中国科协网 <http://www.cast.org.cn/n35081/n35548/n38635/16320735.html>。