

中国烟草科学 2012, **33**(6) 61-65 DOI: 10.3969/j.issn.1007-5119.2012.06.012 ISSN: 1007-5119 CN: 37-1277/S

[本期目录](#) | [下期目录](#) | [过刊浏览](#) | [高级检索](#)

[\[打印本页\]](#)

[\[关闭\]](#)

[◀◀ 上一篇](#) | [下一篇 ▶▶](#)

**生物技术**

### 基于EST序列的烟草cSNP发掘

龚达平, 王鲁, 李凤霞, 王卫锋, 刘贯山, 孙玉合

农业部烟草类作物质量控制重点开放实验室, 中国农业科学院烟草研究所, 青岛 266101

**摘要:**

SNP标记是一类应用广泛的第三代分子标记。从GenBank下载普通烟草EST序列共计317 175条, 用CAP3软件对序列进行拼接。设定SNP位点的冗余度大于2, 采用AutoSNP软件检测cSNP。结合位点所在序列的文库和品种信息以及多个SNP位点的共分离分值来评价其可信度。结果表明, 317 175条普通烟草EST拼接成重叠群中15 429个重叠群至少包含4个读长, 鉴定出53 477个冗余度大于2的候选SNP, 烟草中出现SNP的频率为0.34%。其中SNP的转换率大于颠换, 插入/删除表现出A/T偏好。这些高质量SNP标记的发掘为开展烟草基因功能研究和分子育种奠定了良好的基础。

**关键词:** [单核苷酸多态性](#) [序列表达标签](#) [单体型](#) [烟草](#)

**收稿日期** 2011-12-27 **修回日期** **网络版发布日期**

**DOI:** 10.3969/j.issn.1007-5119.2012.06.012

**基金项目:**

国家烟草专卖局项目(110200701021;110200701022)

**通讯作者:**

**作者简介:** 龚达平, 男, 助理研究员, 从事动植物基因组研究。E-mail: gongdaping@163.com。

Copyright © 2008 by 中国烟草科学