



2004年CORESTA会议 第58届烟草科学研究会议 论文集

中国烟草学会
青州烟草研究所科技信息中心
2005年8月



ISSR标记烟属不同种的遗传图谱

DEL PIANO L. ; ABET M. ; SORRENTINO C. ;
COZZOLINO E. ; CUCINIELLO A.
意大利烟草试验站

近几年，DNA技术的应用，尤其是PCR技术在植物遗传多样性评价上的应用得到了快速发展。简单序列重复区间扩增（ISSR）技术可以对DNA相临片段间定位，利用5'端或3'端引物对单序列重复（SSR）区域进行PCR扩增。本研究的目的是评价ISSR技术对烟属（*Nicotiana*）种性状鉴定潜在的作用。

提取烟属中的30个种的基因组DNA，然后利用10个不同的引物（14-22bp）进行PCR扩增，PCR扩增物在琼脂凝胶电泳上分离，用溴化乙锭染色，通过紫外透影仪观测。扩增后的电泳图谱与通常所观察到扩增图谱一样显示出高度的多态性。每一引物能形成大量的标记，范围从15-30，大小从200-2500bp。

这些研究结果表明，ISSR技术对个体分子标记是一种有用的工具，能对烟属种进行性状描述。

根据完成的烟属种的分析，进展到对其他种扩增的进一步试验。

借助ISSR技术，烟属种指纹图谱的成功，对该属种的性状描述做出了贡献。相信这一技术在未来的植物资源的收集可能是一种强有力的操作工具。

（孙希芳 译 徐宜民 校）

【打印】 【关闭】