

【作者】	马丽娅, 孙小琴, 贾文杰, 李恩香, 杨柏云
【单位】	南昌大学生命科学学院, 江西南昌
【卷号】	36
【发表年份】	2008
【发表刊期】	34
【发表页码】	14912 - 14914
【关键字】	春兰;ISSR; 反应体系优化
【摘要】	<p>[ 目的] 为进一步从分子水平上研究春兰种群的遗传多样性奠定基础。 [ 方法] 以春兰基因组DNA 为模板, 通过单因子试验研究 ISSR 反应体系中主要成分对扩增结果的影响, 以寻找适合春兰ISSR 分析的反应体系。 [ 结果] 春兰的ISSR 反应体系较适宜的扩增条件为:25 <math>\mu</math>l PCR 反应体积中,15 .78 <math>\mu</math>l 双蒸水,2 .5 <math>\mu</math>l 1 <math>\times</math>CR buffer ,1 .1 U Taq DNA 聚合酶,100 ng 基因组DNA ,2 .0 mmol/ L MgCl<sub>2</sub> ,150 <math>\mu</math>mol/ L dNTPs ,2 <math>\mu</math> mol/ L 引物。最佳扩增程序为:94 <math>^{\circ}</math>C 预变性5 min, 然后进行40 个循环;94 <math>^{\circ}</math>C 变性45 s , 复性温度比各引物的T<sub>M</sub> 值略低1 ~2 <math>^{\circ}</math>C,45 s ,72 <math>^{\circ}</math>C 延伸75 s , 循环结束后72 <math>^{\circ}</math>C 延伸7 min ,4 <math>^{\circ}</math>C 保存。[ 结论] 该优化系统的建立为进行春兰鉴定及种质遗传多样性分析提供了一个标准化程序。</p>
【附件】	 <a href="#">PDF下载</a> <a href="#">PDF阅读器下载</a>

关闭