

结缕草属植物SRAP-PCR体系的建立和优化

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 以SDS法提取的结缕草属植物叶片DNA为模板,分别采用单因子试验和正交设计试验2种方法,对影响结缕草属植物SRAP-PCR的 Mg^{2+} 、dNTP、引物、TaqDNA聚合酶和模板DNA五个因素进行优化试验。单因子试验分别研究各因素在多水平条件下对SRAP-PCR反应体系的影响,得到最佳反应条件。正交设计采用L16(45)方案,综合考虑各因素间的相互作用,通过直观分析法获得各影响因素的最佳反应水平。根据4对引物对6份结缕草属植物材料扩增结果的验证比较,2种方法所获得的最佳反应体系存在一定的差异。通过综合比较和分析2种方法的优化体系扩增出的条带数、多态性条带数及多态性比率,最终建立了结缕草属植物SRAP-PCR的最佳反应体系: Mg^{2+} 2.00 mmol/L、dNTP 220 μ mol/L、引物 0.20 μ mol/L、TaqDNA聚合酶 0.50 U、模板DNA 60 ng、2 μ L 10 \times buffer,总体积为20 μ L。这一优化体系的建立为今后利用SRAP标记技术进行结缕草属植物遗传多样性、种质鉴定、遗传连锁图谱及亲缘关系分析等方面的研究提供了科学的依据。

关键词 [结缕草属植物](#); [SRAP标记](#); [单因子试验](#); [正交设计](#); [体系优化](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (825KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“结缕草属植物; SRAP标记; 单因子试验; 正交设计; 体系优化”的 相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)