

植物生产层

本氏针茅SRAP PCR反应体系的建立及引物筛选

井赵斌, 俞 靓, 魏 琳, 程积民

摘要:

以本氏针茅 (*Stipa bungeana*) 幼嫩叶片为材料, 建立适合本氏针茅基因组DNA提取的改良CTAB法, 在此基础上采用正交试验设计和单因素分析相结合的方法, 对本氏针茅SRAP PCR反应体系中的5个主要因素 (DNA、Taq酶、dNTPs、Mg²⁺和引物) 进行优化, 旨在建立适合本氏针茅SRAP分析的反应体系。结果表明, 在20 μL总的反应体系中各组分的加入量分别为: DNA (20 ng · μL⁻¹) 3 μL、Taq DNA酶(5 U · μL⁻¹)0.2 μL、dNTPs (2.5 mmol · L⁻¹)1.4 μL、引物 (10 μmol · L⁻¹) 1.0 μL、Mg²⁺ (25 mmol · L⁻¹)2.0 μL、10× Buffer 2.5 μL、ddH₂O 8.9 μL。体系验证和引物筛选试验表明, 该体系适于本氏针茅遗传多样性分析, 该体系的建立可为本氏针茅种质资源遗传多样性研究和黄土高原植被恢复及生态建设提供理论基础。

关键词: 本氏针茅 SRAP 体系优化 引物筛选

Establishment of the SRAP PCR reaction system and selection of the primers in *Stipa bungeana*

JING Zhao bin, YU Jing, WEI Lin, CHENG Ji min

Abstract:

An improved CTAB method, suitable for isolating genomic DNA of *Stipa bungeana*, using the young leaves of this grass species, was established in a previous study. Based on this result, an orthogonal design and a factor analysis method were combined to optimize the SRAP PCR reaction system of *S. bungeana*, including five main factors: DNA, Taq Polymerase, dNTPs, Mg²⁺ and primers. The results indicated that the optimum concentrations of each component in the 20 μL reaction system were: DNA (20 ng · μL⁻¹) 3 μL, Taq Polymerase (5 U · μL⁻¹) 0.2 μL, dNTPs (2.5 mmol · L⁻¹) 1.4 μL, primer (10 μmol · L⁻¹) 1.0 μL, Mg²⁺ (25 mmol · L⁻¹) 2.0 μL, 10 × Buffer 2.5 μL, ddH₂O 8.9 μL. This reaction system has been experimentally validated and primers selected, and should be a suitable system for the genetic diversity analysis of *S. bungeana*. This SRAP PCR reaction system could provide a basis for the analysis of genetic diversity within *S. bungeana* germplasm resources, with applications being vegetation restoration and ecological reconstruction in the loess plateau.

Keywords: *Stipa bungeana* SRAP system optimization selection of the primers

收稿日期 修回日期 网络版发布日期

DOI:

基金项目:

通讯作者:

作者简介:

作者Email:

参考文献:

扩展功能

本文信息

- ▶ Supporting info
- ▶ PDF(739KB)
- ▶ [HTML全文]
- ▶ 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

本文关键词相关文章

- ▶ 本氏针茅
- ▶ SRAP
- ▶ 体系优化
- ▶ 引物筛选

本文作者相关文章

PubMed

1. 李润芳, 惠荣奎, 邓瑞宁, 蔡明历, 刘 焰. 三叶草遗传多样性的SRAP分析[J]. 草业科学, 2010,27(12): 53-57
2. 沈紫微, 陈本建, 康俊梅, 魏小兰, 张蕴薇. 红豆草ISSR体系优化及其在航天诱变种质鉴定中的应用[J]. 草业科学, 2010,27(12): 65-72
3. 韩永增, 王 赞, 高洪文. 小叶锦鸡儿SSR PCR体系优化及应用[J]. 草业科学, 2011,28(03): 399-403
4. 周莹洁, 王显国, 张新全. 野牛草种质基于SRAP标记的遗传多样性研究[J]. 草业科学, 2011,28(11): 1930-1935
5. 李 媛, 程积民, 于鲁宁, 陈 奥. 火干扰对本氏针茅草地群落特征的影响[J]. 草业科学, 2011,28(06): 1052-1058
6. 任小巍, 王 瑜, 袁庆华. 正交设计优化草地早熟禾SRAP PCR反应体系及引物筛选[J]. 草业科学, 2012,29(03): 411-416