

作物遗传育种·种质资源·分子遗传学

大豆种子不同发育时期全长均一化cDNA文库的构建

李晨, 闫晓红, 周新安, 沙爱华, 单志慧, 周蓉, 魏文辉

(中国农业科学院油料作物研究所基因组学与分子生物学研究室/农业部油料作物生物学重点开放实验室)

收稿日期 2009-6-30 修回日期 2009-8-28 网络版发布日期 2010-2-10 接受日期 2010-2-3

摘要

【目的】为获得大豆种子发育相关基因,并为大豆基因组资源提供材料。**【方法】**采用SMART (switching mechanism at 5' end of RNA transcript)与DSN (duplex-specific nuclease)均一化相结合的技术,构建了全长均一化cDNA文库,采用涂平板测定和PCR快速鉴定的技术分析文库质量,用3730测序仪对文库克隆进行测序。**【结果】**构建了大豆种子不同发育时期全长均一化cDNA文库,最大限度地获得了大豆种子不同发育阶段表达的基因序列,原始文库的库容为 6.0×10^5 cfu/mL,重组率接近100%,插入片段大小在0.6—2.0 kb之间,平均长度超过1.0 kb。经过大规模的质粒提取和测序,共得到了36 656条高质量的EST序列,序列的平均读长在600 bp以上。**【结论】**经过EST序列拼接分析,整个文库有着很高的非冗余性。文库的代表性和重组片段的完整性均达到了分离筛选目的基因的建库要求。

关键词 [大豆](#) [cDNA文库](#) [均一化技术](#) [表达序列标签](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

魏文辉 whwei@oilcrops.cn

作者个人主页:

李晨; 闫晓红; 周新安; 沙爱华; 单志慧; 周蓉; 魏文辉

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(469KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“大豆”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [李晨, 闫晓红, 周新安, 沙爱华, 单志慧, 周蓉, 魏文辉](#)