

研究简报

苹果S-SAP分子标记体系建立及应用

赵桂玲,张志宏,马跃,常琳琳,王昆,代红艳

(沈阳农业大学林学院/辽宁省教育厅果树生物技术与遗传改良创新团队)

收稿日期 2009-8-17 修回日期 2009-10-18 网络版发布日期 2010-4-1 接受日期 2010-4-19

摘要

【目的】建立和优化苹果S-SAP分子标记体系,探讨应用S-SAP技术区分元帅芽变的可能性,为从DNA分子水平上对苹果芽变鉴定和利用奠定基础。**【方法】**利用富士、寒富和嘎啦初步建立S-SAP分析体系;根据谱带量和多态性等对32对引物组合进行筛选;从DNA酶切、PCR扩增、银染方法等角度对影响S-SAP反应的因子进行优化;利用6对多态性引物,对8个元帅芽变进行S-SAP分析,采用NTsys-pc2软件的SIMQUAL程序计算相似系数,UPGAM方法进行循环同化阶层聚类分析,并通过Treeplot程序生成聚类图。**【结果】**优化的苹果S-SAP分析体系为,改良CTAB法提取基因组总DNA;Mse I和Pst I双酶切基因组总DNA;Fermentas公司的Taq DNA聚合酶进行PCR扩增;6%变性聚丙烯酰胺凝胶分离选择性扩增产物;改良弱碱法银染检测差异片段。筛选出6个适宜苹果品种分析的S-SAP引物。发现LTRP1/Mtcc引物组合在元帅芽变分析中具有多态性,矮红、红星与新元帅等具有多态性位点,供试芽变资源的遗传相似系数在0.88—0.98之间,以相似系数0.93为标准,8个元帅芽变资源可分为4类。**【结论】**建立了基于Ty1-copia组反转录转座子的苹果S-SAP标记体系,筛选出了6个适宜苹果品种分析的S-SAP引物,利用LTRP1/Mtcc引物组合成功区分了元帅芽变。

关键词 [苹果](#) [S-SAP](#) [元帅芽变](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

代红艳 daihy@syau.edu.cn

作者个人主页:

赵桂玲;张志宏;马跃;常琳琳;王昆;代红艳

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(694KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(OKB\)](#)

▶ [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“苹果”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [赵桂玲,张志宏,马跃,常琳琳,王昆,代红艳](#)