

### 辣椒转录组SNP挖掘及多态性分析

刘峰<sup>1,3</sup>, 谢玲玲<sup>2</sup>, 弭宝彬<sup>1</sup>, 欧阳嫫<sup>1</sup>, 茆振川<sup>3</sup>, 邹学校<sup>1,\*</sup>, 谢丙炎<sup>3,\*</sup>

(<sup>1</sup>湖南农业科学院蔬菜研究所, 长沙 410125; <sup>2</sup>湖南农业科学院西瓜甜瓜研究所, 长沙 410125; <sup>3</sup>中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

### SNP Mining in Pepper Transcriptome and the Polymorphism Analysis

LIU Feng<sup>1,3</sup>, XIE Ling-ling<sup>2</sup>, MI Bao-bin<sup>1</sup>, OUYANG Xian<sup>1</sup>, MAO Zhen-chuan<sup>3</sup>, ZOU Xue-xiao<sup>1,\*</sup>, and XIE Bing-yan<sup>3,\*</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Vegetables, Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410125, China; <sup>2</sup>Institute of Wa-termelon and muskmelon Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410125, China; <sup>3</sup>Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: [PDF \(867KB\)](#) [HTML \(1KB\)](#) Export: [BibTeX](#) or [EndNote \(RIS\)](#) [Supporting Info](#)

**摘要** 利用SNP分析软件从辣椒 (*Capsicum annuum* L.) 251 068条Unigenes中筛选出18 159个SNP, 其中有1 781个SNP位点被匹配在1 291个注释基因上, 基因功能分类和代谢途径分析表明, 其中有853个基因参与初生代谢 (28.7%)、细胞代谢 (17.3%)、生物合成过程 (15.7%), 另有125个 (9.7%) 基因序列参与新陈代谢途径, 53条 (4.1%) 序列参与次生代谢产物合成途径, 31条 (2.4%) 序列参与植物激素合成途径。EST-SNP序列中4 172条 (22.9%) 满足设计CAPS引物条件, 为了验证EST-SNP正确性, 并选取了15对CAPS引物对5份辣椒材料进行扩增, 结果发现有8对 (53.3%) 引物表现出多态性。表明筛选出这些EST-SNP标记可作为辣椒基因分型、图谱构建等的候选分子标记。

关键词: 辣椒 转录组 EST-SNP CAPS

**Abstract:** In this study, we investigated 251 068 unigenes from two transcriptome in pepper (*Capsicum annuum* L.) using SNP finding soft. In total, 18 159 SNP were identified from these SNP-containing unique ESTs. Among, 1 781 SNP located at 1 291 annotation genes, analysis of GO (Gene Ontology) showed that 853 ESTs were classified, among primary metabolic process (28.7%), cellular metabolic process (17.3%), biosynthetic process (15.7%) being main. In KEGG map, 125 ESTs involved in taken part in metabolic pathways, and 53 participated in biosynthesis of second metabolites, and 31 involved in biosynthesis of plant hormones. Moreover, a total of 4 172 (22.9%) sequences were successfully designed primers of CAPS marker. Eight out of 15 primer pairs selected at random showed polymorphism among 5 different pepper varieties. The results indicated that those CAPS markers from EST-SNP will be more usable in map structure, analysis of genetic polymorphism in pepper.

Keywords: pepper, *Capsicum annuum* L., transcriptome, EST-SNP, CAPS

收稿日期: 2013-08-15; 出版日期: 2014-01-17

#### 引用本文:

刘峰, 谢玲玲, 弭宝彬等. 辣椒转录组SNP挖掘及多态性分析[J]. 园艺学报, 2014, V41(2): 343-348

LIU Feng, XIE Ling-Ling, MI Bao-Bin etc. SNP Mining in Pepper Transcriptome and the Polymorphism Analysis[J]. ACTA HORTICULTURAE SINICA, 2014, V41(2): 343-348

#### 链接本文:

<http://www.ahs.ac.cn/CN/> 或 <http://www.ahs.ac.cn/CN/Y2014/V41/I2/343>

没有本文参考文献

- [1] 盛云燕<sup>1,2,\*</sup>, 王霞<sup>1</sup>, 王洋洋<sup>1</sup>, 翁益群<sup>3</sup>. 甜瓜花器官发育相关基因的电子克隆及表达分析[J]. 园艺学报, 2014, 41(2): 349-356
- [2] 葛菊芬<sup>\*</sup>, 颜彤, 欧阳炜, 高方雨, 努丽艳木古丽<sup>2</sup>. 木明江. 辣椒新品种‘新椒23号’[J]. 园艺学报, 2014, 41(2): 393-394
- [3] 王述彬, 刘金兵, 潘宝贵, 刁卫平, 戈伟. 辣椒新品种‘苏椒17号’[J]. 园艺学报, 2013, 40(9): 1853-1854
- [4] 翁伟, 罗晓文, 杨旭, 成玉富. 茄果类蔬菜抗根结线虫分子育种研究进展[J]. 园艺学报, 2013, 40(9): 1741-1751

#### Service

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ Email Alert
- ▶ RSS

#### 作者相关文章

- ▶ 刘峰
- ▶ 谢玲玲
- ▶ 弭宝彬
- ▶ 欧阳嫫
- ▶ 茆振川
- ▶ 邹学校
- ▶ 谢丙炎

- [5] 申顺善<sup>1</sup>, 赵玉华<sup>1</sup>, 张利敬<sup>1</sup>, 常淑娴<sup>1</sup>, 王晶晶<sup>1</sup>, 朴凤植<sup>2</sup>, \*.绿针假单胞菌HG28-5对辣椒疫病的抑制活性及其根际定殖特性的研究[J]. 园艺学报, 2013,40(8): 1574-1582
- [6] 黄 炜, 巩振辉\*, 李大伟, 逯明辉, 陈儒钢, 李 征.辣椒新品种‘碧螺 6 号’[J]. 园艺学报, 2013,40(4): 793-
- [7] 付 玲, 白小梅, 杨显贺, 吴帼秀, 艾希珍.嫁接辣椒光合特性及其对产量和品质的影响[J]. 园艺学报, 2013,40(3): 449-457
- [8] 孙春英, 毛胜利, 张正海, 王立浩, 张宝玺\*.辣椒抗炭疽病遗传与育种研究进展[J]. 园艺学报, 2013,40(3): 579-590
- [9] 张国斌, 郁继华, 冯 致, 马彦霞, 吕 剑.NO 和ABA 对辣椒幼苗自毒作用缓解的生理生化机制[J]. 园艺学报, 2013,40(3): 458-466
- [10] 魏兵强, 刘飞云, 马宗桓, 陈灵芝, 张 茹, 王兰兰, 侯 栋.辣椒EST-SSRs 的分布特征及在品种多样性研究中的应用[J]. 园艺学报, 2013,40(2): 265-274
- [11] 黄欣阳, 刘志恒, 杨 红, 元 焯, 胡积祥, 王世维.辣椒叶斑病的病原菌生物学特性研究[J]. 园艺学报, 2013,40(2): 275-282
- [12] 程春振, 钟, 云, 吴, 波, 阳佳位, 贝学军, 姜, 波, 朱世平, 闫树堂, 张永艳, 曾继吾, 钟广炎.枳感染柑橘衰退病毒后的应答基因分析[J]. 园艺学报, 2013,40(12): 2341-2353
- [13] 周坤华, 陈学军, 方 荣, 陈丽珍, 宗洪霞, 缪南生.辣椒种间 (*Capsicum annum* × *C. frutescens*) 遗传图谱的构建与分析[J]. 园艺学报, 2013,40(11): 2171-2179
- [14] 魏兵强, 王兰兰\*, 陈灵芝, 张 茹.辣椒胞质雄性不育恢复性的主基因 + 多基因混合遗传分析[J]. 园艺学报, 2013,40(11): 2263-2268
- [15] 邵登魁, 侯全刚, 李莉, 李江, 赵尊练, 张广楠, 李全辉.黄色线辣椒新品种‘青线椒2号’[J]. 园艺学报, 2013,40(1): 186-188