

<b>【作者】</b>	郭大龙，吴正景，郑玉萍，韩璐，齐庆智
<b>【单位】</b>	河南科技大学林学院，河南洛阳
<b>【卷号】</b>	36
<b>【发表年份】</b>	2008
<b>【发表刊期】</b>	18
<b>【发表页码】</b>	7583 - 7585
<b>【关键字】</b>	SRAP; 苦瓜; 正交设计; 优化
<b>【摘要】</b>	<p>[目的] 分子标记技术的快速发展为在DNA 水平上估计苦瓜种质的遗传差异提供了更准确、更高效的方法。[方法] 采用正交试验设计，对影响苦瓜SRAP 反应体系的5 种因素( Mg<sup>2+</sup>、dNTPs、引物、Taq 聚合酶及模板DNA)4 个水平进行优化筛选。[结果] 确立了适合苦瓜SRAP 分析的优化反应体系，即1 ×buffer，1.0 ng/ μl 模板DNA, 1.5 mmol/ L Mg<sup>2+</sup>，0.3 mmol/ L dNTPs，0.5 μmol/ L 引物, 0.075 U/ μl Taq 聚合酶，总体积20 μl。[结论] 优化的SRAP- PCR 反应体系的建立为利用SRAP 技术进行苦瓜种质资源分类、遗传图谱构建和基因定位奠定了技术基础。</p>
<b>【附件】</b>	 <a href="#">PDF下载</a> <a href="#">PDF阅读器下载</a>

关闭