

【作者】	彭德镇
【单位】	南昌大学生命科学学院, 江西南昌
【卷号】	37
【发表年份】	2009
【发表刊期】	31
【发表页码】	15160-15162
【关键字】	钩距虾脊兰; DNA提取; ISSR分子标记
【摘要】	<p>[目的] 为钩距虾脊兰种质资源研究奠定基础。[方法] 以钩距虾脊兰为试验材料, 利用改良的 CTAB 法提取钩距虾脊兰基因组 DNA, 并对影响 ISSR 扩增反应的各因素进行优化。[结果] 获得了高质量的钩距虾脊兰基因组 DNA; 同时, 建立了最适的钩距虾脊兰 ISSR PCR 体系, 即25 <math>\mu</math>l PCR 反应体积中, 2.5 <math>\mu</math>l 10<math>\times</math>PCR buffer, 2.0 mmol/L MgCl<sub>2</sub>, 100 ng 模板 DNA, 240 <math>\mu</math>mol/L dNTPs, 1.75 U Taq DNA 聚合酶, 0.4 <math>\mu</math>mol/L引物; 最佳扩增程序为94 <math>^{\circ}</math>C预变性5 min, 然后进行40个循环: 94 <math>^{\circ}</math>C 变性 30 s, 复性温度根据各引物的 T<sub>M</sub> 值略低 1~2 <math>^{\circ}</math>C, 30 s, 72 <math>^{\circ}</math>C 延伸50 s, 循环结束后72 <math>^{\circ}</math>C 延伸 7 min, 4 <math>^{\circ}</math>C保存。[结论] 这一优化系统的建立为进一步利用 ISSR 分子标记技术进行钩距虾脊兰遗传多样性研究提供了基础。</p>
【附件】	 PDF下载 <a href="#">PDF阅读器下载</a>

关闭