

[本期目录](#) | [下期目录](#) | [过刊浏览](#) | [高级检索](#)[\[打印本页\]](#) [\[关闭\]](#)**农业生物技术科学****均匀设计优化野生狗牙根的SRAP-PCR反应体系**朱红霞¹, 胡利宗², 邓小莉¹

新乡学院

摘要:

采用均匀设计方法,对影响野生狗牙根SRAP-PCR体系的MgCl₂、dNTPs、引物、Taq DNA聚合酶和模板浓度等分别进行了U16(45)和 U12(35)两轮优化,建立了适用于野生狗牙根的SRAP-PCR反应体系。该优化的25ul反应体系包含MgCl₂ 3.5 mmol/L, dNTPs 0.20nmol/L, 引物0.44umol/L, TaqDNA聚合酶1.50 U, 模板28ng/L。在此基础上又对退火温度进行了摸索,结果发现扩增结果对退火温度变化不敏感。最后运用优化体系对来自不同地区的10份野生狗牙根的16个单株的DNA进行扩增验证,结果获得的DNA条带清晰,多态性比较丰富。说明该优化的SRAP-PCR体系可用于野生狗牙根不同种间亲缘关系、系统进化和遗传多样性等领域的研究。

关键词: 野生狗牙根 均匀设计 SRAP-PCR 体系优化

Optimization of SRAP-PCR amplification system for wild cynodon dactylon by uniform design

Abstract:

Uniform design was applied to optimize SRAP(Sequence-related amplified polymorphism)-PCR (polymerase chain reaction) system of cynodon dactylon. Five main factors influenced on SRAP-PCR, including MgCl₂, primer, dNTP, TaqDNA polymerase and DNA template were tested using uniform design U16(45) and U12(35). A 25 ul suitable SRAP-PCR system for cynodon dactylon was established. The SRAP-PCR amplification reaction system was consisted of 3.5 mmol/L MgCl₂, 0.20mmol/L dNTPs, 0.44umol/L primer, 1.50U TaqDNA polymerase and 28g/L template. Annealing temperature was further researched and found that it has no significant influence on amplification results. By using this optimal system, the genomic DNA of other 10 samples of cynodon dactylon was amplified, and DNA bands with high polymorphism were clear. In conclusion, the optimization of SRAP-PCR amplification system can be used to study genetic relationship, systematic evolution and genetic diversity of cynodon dactylon.

Keywords: cynodon dactylon uniform design SRAP-PCR System optimization

收稿日期 2009-04-30 修回日期 2009-05-21 网络版发布日期 2009-09-20

DOI:

基金项目:

通讯作者: 朱红霞

作者简介:

作者Email: lgl0077@163.com

参考文献:**扩展功能****本文信息**

▶ Supporting info

▶ PDF(2424KB)

▶ [HTML全文]

▶ 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

▶ 文章反馈

▶ 浏览反馈信息

本文关键词相关文章

▶ 野生狗牙根

▶ 均匀设计

▶ SRAP-PCR

▶ 体系优化

本文作者相关文章

▶ 朱红霞

PubMed

▶ Article by Zhu,H.X

本刊中的类似文章

- 肖扬.香菇反转录转座子间扩增多态性 (IRAP) PCR反应体系的研究[J]. 中国农学通报, 2009,25(07): 47-51
- 李双梅, 郭宏波, 黄新芳, 柯卫东.萎蒿DNA提取、RAPD优化及引物筛选初报[J]. 中国农学通报, 2006,22(4): 78-78
- 佟汉文, 孙群, 吴波, 丁自勉, 孙宝启, 王建华.Optimization of ISSR-PCR system in licorice[J]. 中国农学通报, 2005,21(4): 70-70
- 刘立军, 彭定祥, 蒙祖庆.芝麻RAPD反应体系的构建与优化[J]. 中国农学通报, 2006,22(6): 35-35

5. 张长禹, 孟建玉, 张小亚, 雷朝亮. 实蝇RAPD反应体系的构建与优化[J]. 中国农学通报, 2007, 23(1): 58-058
6. 吴红, 林清, 雷开荣, 陈旭, 蒋晓英, 陶伟林. 丝瓜SRAP-PCR体系建立与优化[J]. 中国农学通报, 2009, 25(04): 30-34
7. 潘坤, 王文泉, 吴翼, 唐龙祥. 椰子ISSR体系优化[J]. 中国农学通报, 2009, 25(04): 24-29
8. 肖扬. 香菇SSR-PCR技术体系的建立及其在遗传多样性分析中的初步应用[J]. 中国农学通报, 2009, 25(02): 20-24
9. 稻瘟病菌SSR反应体系的优化. 稻瘟病菌SSR反应体系的优化[J]. 中国农学通报, 2007, 23(6): 174-174
10. 张发, 万勇善, 刘凤珍. 花生SSR-PCR体系的优化[J]. 中国农学通报, 2008, 24(4): 37-41
11. 夏志强, 邹枚伶, 王文泉. 木薯SRAP扩增体系的建立与优化[J]. 中国农学通报, 2008, 24(09): 457-460
12. 董晓莉, 汤浩茹, 陈清, 王小蓉, 侯艳霞. 树莓基因组DNA的提取及ISSR反应体系的正交优化[J]. 中国农学通报, 2009, 25(14): 27-31
13. 赵玉辉, 郭印山, 傅嘉欣, 周佳, 黄穗生, 刘成明. 龙眼SRAP反应体系的建立和优化[J]. 中国农学通报, 2009, 25(18): 409-412

文章评论

反馈人	<input type="text"/>	邮箱地址	<input type="text"/>
反馈标题	<input type="text"/>	验证码	<input type="text"/> 2556
反馈内容	<input type="text"/>		

Copyright by 中国农学通报