



中文标题 检索 跨刊检索

宿半夏SRAP-PCR反应体系优化的研究

投稿时间: 2012-11-06 责任编辑: [点此下载全文](#)

引用本文: 张爱民,卢河东,薛建平,陶兴魁,薛涛,盛玮,朱艳芳.宿半夏SRAP-PCR反应体系优化的研究[J].中国中药杂志,2012,37(24):3815.

DOI: 10.4268/cjcm20122428

摘要点击次数: 49

全文下载次数: 54



作者中文名	作者英文名	单位中文名	单位英文名	E-Mail
张爱民	ZHANG Ai-min	淮北师范大学 生命科学院 资源植物生物学安徽省重点实验室, 安徽 淮北 235000	Anhui Key Laboratory of Plant Resources and Biology, School of Life Science, Huaibei Normal University, Huaibei 235000, China	
卢河东	LU He-dong	淮北师范大学 生命科学院 资源植物生物学安徽省重点实验室, 安徽 淮北 235000	Anhui Key Laboratory of Plant Resources and Biology, School of Life Science, Huaibei Normal University, Huaibei 235000, China	
薛建平	XUE Jian-ping	淮北师范大学 生命科学院 资源植物生物学安徽省重点实验室, 安徽 淮北 235000	Anhui Key Laboratory of Plant Resources and Biology, School of Life Science, Huaibei Normal University, Huaibei 235000, China	xuejp2000@yahoo.com.cn
陶兴魁	TAO Xing-kui	淮北师范大学 生命科学院 资源植物生物学安徽省重点实验室, 安徽 淮北 235000 宿州学院 化学与生命科学院, 安徽 宿州 234000	Anhui Key Laboratory of Plant Resources and Biology, School of Life Science, Huaibei Normal University, Huaibei 235000, China Chemistry and Life Science Department, Suzhou University, Suzhou 234000, China	
薛涛	XUE Tao	淮北师范大学 生命科学院 资源植物生物学安徽省重点实验室, 安徽 淮北 235000	Anhui Key Laboratory of Plant Resources and Biology, School of Life Science, Huaibei Normal University, Huaibei 235000, China	
盛玮	SHENG Wei	淮北师范大学 生命科学院 资源植物生物学安徽省重点实验室, 安徽 淮北 235000	Anhui Key Laboratory of Plant Resources and Biology, School of Life Science, Huaibei Normal University, Huaibei 235000, China	
朱艳芳	ZHU Yan-fang	淮北师范大学 生命科学院 资源植物生物学安徽省重点实验室, 安徽 淮北 235000	Anhui Key Laboratory of Plant Resources and Biology, School of Life Science, Huaibei Normal University, Huaibei 235000, China	

基金项目:国家自然科学基金项目(30973963);安徽省自然科学基金项目(090413252);安徽高校省级自然科学研究重点项目(KJ2009A160);宿州学院特色种植业苗种生产工程技术研究中心项目(2011YKF18)

中文摘要:目的:研究宿半夏SRAP-PCR分子标记技术的优化体系。方法:采用 $L_{16}(5^5)$ 正交设计对宿半夏SRAP-PCR反应体系进行了5因素(dNTPs、 Mg^{2+} 、模板DNA、引物、*Taq*酶)4水平优化筛选。结果:半夏SRAP最适合的正向引物是5'-TGAGTCCAAACCGGAAAG-3',反向引物为5'-GACTGGGTACGAATTACG-3'。优化的反应体系为25 μ L反应体系中含有70 ng DNA模板,0.9 μ mol \cdot L⁻¹引物,0.2 mmol \cdot L⁻¹ dNTPs,1.5~2.0 mmol \cdot L⁻¹ Mg^{2+} ,2.0 U *Taq*酶。结论:宿半夏SRAP-PCR体系的建立为今后构建半夏SRAP遗传图谱奠定了基础。

中文关键词:半夏 SRAP-PCR 反应体系优化 正交设计

Study on optimization of SRAP-PCR reaction System for *Pinellia ternata* in Suzhou

Abstract:Objective: To investigate the optimization system of SRAP-PCR molecular marker technology in the analysis on *Pinellia ternata*. **Method:** SRAP-PCR reaction system for *P. ternata* was optimized by $L_{16}(5^5)$ orthogonal design with five elements(dNTPs, Mg^{2+} , the template DNA, primers, *Taq* enzyme) and four standards. **Result:** The most suitable forward primer for SRAP for *Pinellia ternata* was 5'-TGAGTCCAAACCGGAAAG-3', while the reverse primer was 5'-GACTGGGTACGAATTACG-3'. The optimized reaction system contained 70 ng DNA template, 0.9 μ mol \cdot L⁻¹ primer, 0.20 mmol \cdot L⁻¹ dNTP s, 1.5~2.0 mmol \cdot L⁻¹ Mg^{2+} , and 2 U *Taq* enzyme. **Conclusion:** SRAP-PCR system for *P. ternata* is established to lay a foundation for future construction of SRAP genetic map of *P. ternata*.

keywords: *Pinellia ternata* SRAP-PCR optimization of reaction system orthogonal design

[查看全文](#) [查看/发表评论](#) [下载PDF阅读器](#)