

研究简报

SSR标记开发软件 SSR MINING 1.0的编制

东北农业大学大豆研究所

收稿日期 2007-4-17 修回日期 网络版发布日期 2008-10-10 接受日期 2008-10-20

摘要 【目的】研制利用生物信息学方法通过分析数量迅速增加的EST序列开发SSR标记的有力工具。【方法】通过对SSR标记本身的特点以及排列组合原理的分析，提出快速有效的SSR标记开发算法，并应用Visual Basic6.0程序设计语言进行相关软件的开发。对2004年8月2日至2005年6月12日之间公布在NCBI上的22161条大豆EST序列，进行了SSR标记的检索。【结果】通过对现有SSR标记开发软件中所存在的问题的总结与分析，编制完成SSR标记开发软件SSR MINING 1.0。经过检索共发现2 068个SSR标记，应用DNAMAN对其中30个标记进行了引物设计，并合成进行试验验证，最终获得了14个具有多态性的SSR标记。【结论】SSR MINING 1.0是一个高效、灵活、界面友好、使用简便的SSR标记开发软件。

关键词 [SSR标记](#) [EST序列](#) [Visual Basic 6.0](#) [遗传图谱](#) [大豆](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

陈庆山,胡国华 gshchen@sohu.com,Hugh757@163.com

作者个人主页:

扩展功能

本文信息

► [Supporting info](#)

► [PDF \(380KB\)](#)

► [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)

► [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](#)

相关信息

► [本刊中包含“SSR标记”的相关文章](#)

► [本文作者相关文章](#)

· [孙佳莹, 辛大伟, 单彩云, 刘春燕, 胡国华, 陈庆山](#)