

【作者】	张得钧，高庆波，段义忠，张发起，陈世龙
【单位】	中国科学院高原生物适应与进化重点实验室 中国科学院西北高原生物研究所，青海西宁
【卷号】	36
【发表年份】	2008
【发表刊期】	16
【发表页码】	6673 - 6674 , 6728
【关键字】	虎耳草科；基因组DNA 提取；psbA- trnH
【摘要】	[目的] 探索从虎耳草科植物中提取DNA 的有效方法。[方法] 采用改进的CTAB 法，从11 种虎耳草科植物中提取DNA。以提取的 DNA 为模板，利用通用引物“psbAF”和“trnHR”对虎耳草科植物叶绿体DNA psbA- trnH 片段进行PCR 扩增。[结果] 通过该方法提取的 DNA 纯度较高，质量较好。用所得DNA 进行psbA- trnH 扩增的产量高，可用于后续的测序等分析。对山地虎耳草的PCR 产物纯化后进行测序，得到262 bp 的序列。将其与GenBank 中的虎耳草属其他植物的psbA- trnH 序列进行比对分析，证实该序列为目标psbA- trnH 片段的区域。[结论] 该方法可有效去除次生物质对DNA 的干扰，提取的基因组DNA 可用于叶绿体psbA- trnH 测序分析和其他遗传学分析。
【附件】	 PDF下载 PDF阅读器下载

关闭