

一种基于聚合酶链式反应检测 SNP 的方法

郑艳萍^{1,2} Chander Subhash^{1,2} 杨小红^{1,2} 周俊青^{1,2} 李建生^{1,2} 严建兵^{1,2}

(1. 中国农业大学 农学与生物技术学院, 北京 100094; 2. 国家玉米改良中心, 北京 100094)

摘要 SNP 是具有广泛利用潜力的第 3 代分子标记, 本文旨在开发一种利用 PCR 技术快速检测 SNP 的方法。设计思路是: 根据已知 SNP 位点设计 2 条特异正向引物, 其最后一个碱基分别与已知 SNP 的 2 个碱基相同, 同时在 1 条引物的 5' 端添加 1 段 20 bp 左右的其他物种的特异序列(如细菌 DNA 序列), 然后选择 1 条合适的反向引物; 最后同时加入 3 条引物, 通过梯度 PCR 选择合适的退火温度进行 PCR 反应。利用这一方法成功将玉米的 ZDS 基因定位在玉米第 7 染色体短臂 7.02 Bin。这种检测 SNP 的方法设计简单, 费用低廉, 尤其适合 SNP 标记的分子标记连锁图构建或者基因定位。

关键词 Allele-Competitive PCR (AC-PCR); 单核苷酸多态性; 基因定位

中图分类号 Q 343.17; S 513

文章编号 1007-4333(2006)03-0051-05

文献标识码 A

Method for detecting SNP based on PCR technique

Zheng Yanping^{1,2}, Chander Subhash^{1,2}, Yang Xiaohong^{1,2}, Zhou Junqing^{1,2}, Li Jiansheng^{1,2}, Yan Jianbing^{1,2}

(1. College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, Beijing 100094, China;

2. National Maize Improvement Center of China, Beijing 100094, China)

Abstract SNP is one kind of powerful molecular markers. The purpose in this study was to establish a simple method of detecting SNP based on PCR technique. Two specific forward primers were synthesized, both were in conformity with the found SNP in the last nucleotide. A 19 bp pecific sequence was added into one primer with other species' sequence (eg. Bacteria DNA sequence) in 5' end. The same reversed primer was selected using the software Primer 5.0. The PCR was performed with the three specific primers using an appropriate anneal temperature selected by gradient PCR. The ZDS gene has been mapped on the short arm of chromosome 7 in maize based on this method. This technique is simple, effective and cheap, and could be helpful in constructing linkage maps and map genes.

Key words Allele-Competitive PCR (AC-PCR); Single Nucleotide Polymorphism (SNP); gene mapping

1980 年 Botstein 等首次提出 DNA 限制性片段长度多态性(RFLP)概念以来^[1], DNA 分子标记技术发展迅速, 已经成为基因定位、连锁图构建、数量性状分析、资源收集评估等研究领域不可或缺的工具, 发展快速、方便和低廉的分子标记技术已成为遗传学和分子生物学研究的重要内容。DNA 分子标记主要分为 3 类: 第 1 类是以核酸分子杂交为基础的分子标记, 以 RFLP 为代表^[2], 这类标记也常被称为第 1 代分子标记; 第 2 类是以聚合酶链式反应(PCR)为基础的分子标记, 如扩增片段长度的多态

性(AFLP)^[3]、随机扩增多态性 DNA (RAPD)^[4]、简单序列重复^[5]等, 以 PCR 为基础的分子标记常被称为第 2 代分子标记。第 3 类是以单核苷酸多态性为基础的分子标记即 SNP, SNP 是指发生在 DNA 序列上某个特定位置上单个碱基的变异, 包括单个碱基的转换(transition), 如 T C 和 A G, 以及颠换(transversion)如 A C、A T、T G 和 G C, 且其中最少数 1 种等位基因在群体中的频率不小于 1%^[6]。1998 年, Science 杂志公布人类第 1 张 SNP 图谱^[7]及人类、大猩猩、鸡、拟南芥和水稻等重要物

收稿日期: 2005-11-30

基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目(2001CB1088); 国家自然科学基金资助项目(30500322)

作者简介: 郑艳萍, 硕士研究生; 严建兵, 副教授, 通讯作者, 主要从事玉米基因组学和分子育种研究, E-mail: yjianbing@cau.edu.cn

表 1 PCR 扩增所用的引物序列

Table 1 Primers for PCR

引物	5 端引物	3 端引物
1	5 GGTTGGGTTGGATAAACCTT3	5 TCTGATCAGGCCTGAATG3
2	5 GCAAAATGTAATTCACCTTCCACA3	5 TACCTGCTTTTGAACCTTAC3
3	5 CACGACGTTGTA AAAACGACCAAATGTATTCACCTTCCACG 3	5 TACCTGCTTTTGAACCTTAC3

包括 100 ng 的基因 DNA 10 ×buffer 1.5 μL, 25 mmol Mg²⁺ 0.9 μL, 2.5 mmol dNTP 0.3 μL, 2.5 U/μL TagE 0.2 μL, 以及 3 条引物 (10 μmol 各 0.5 μL)。筛选合适退火温度的热循环程序为: 95 预变性 5 min, 35 个循环 (95 变性 1 min, 50 ~ 70 退火 1 min, 72 延伸 1 min), 72 延伸 10 min。群体扩增的的热循环程序为: 95 预变性 5 min, 35 个循环 (95 变性 1 min, 选定温度退火 1 min, 72 延伸 1 min), 72 延伸 10 min。扩增的 DNA 片段进行聚丙烯酰胺凝胶电泳分析 (采用 6% (质量分数) 的变性聚丙烯酰胺凝胶, 配方为 57 克丙烯酰胺、

3 克 N-N 亚甲双丙烯酰胺、100 mL 5 ×TBE, 420 g 尿素, 过滤定容至 1 000 mL)。

2 结果

1) 根据 ZDS 基因的 cDNA 序列设计一对引物 (表 1, 引物 1) 在综 3 和 87-1 2 个亲本中都扩增出 558 bp 的条带, 测序结果发现, 在 2 个亲本中有 8 个 SNP, 高出玉米 1 SNP/100 bp 的平均值 (图 2), 根据序列中的第一个 SNP 设计了 AC-PCR 引物用于进一步的 SNP 检测 (表 1, 引物 2 和 3)。

利用梯度 PCR 仪选择 50 ~ 70 (50、50.5、

```

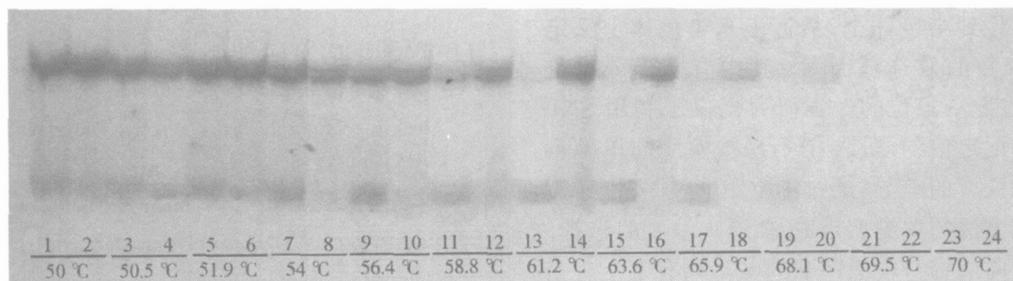
Z3zds    GGTTGGGTTGGATAACCTTTGTACACGGCGGATGCAGACTTTTCTGTTTTTCGGACCTTGCTCTCTCATCTCCTGCTGATTACTACATTGAAGGGCAAGGTTCCCTGATCCAGTAAGT
87-1zds  GGTTGGGTTGGATAACCTTTGTACACGGCGGATGCAGACTTTTCTGTTTTTCGGACCTTGCTCTCTCATCTCCTGCTGATTACTACATTGAAGGGCAAGGTTCCCTGATCCAGTAAGT
Z3zds    CTACTCTTTTCCAAGTATCAAAATTAATGCTTCTGCTCGAAAATGATTCACTTCCACCTCTAAATTCATCTGCAGAGCTGTGCTGACTCTGGAGATCCATACATGCCATTGCCAAACGA
87-1zds  CTACTCTTTTCCAAGTATCAAAATTAATGCTTCTGCTCGAAAATGATTCACTTCCACCTCTAAATTCATCTGCAGAGCTGTGCTGACTCTGGAGATCCATACATGCCATTGCCAAACGA
Z3zds    GGAGATCATTAGTAAGGTTCAAAGCAGGTAGGTTTGTAATAGCTTCTGTTTTGGTCAAATTCGCTGTTCCTTTTACATACTGAGCAAACCCCATTTCAATCACTTAAAG
87-1zds  GGAGATCATTAGTAAGGTTCAAAGCAGGTAGGTTTGTAATAGCTTCTGTTTTGGTCAAATTCGCTGTTCCTTTTACATACTGAGCAAACCCCATTTCAATCACTTAAAG
Z3zds    AGAGAGATTTCTTCTGCTTATGTTATTTGTAATCTTCCAAAGCTCACATCAGTAATAAACACATGTAATTTCCACAGGTTGTAGAAGTGTCCCATCTTCCCGGGCTTGAAGTTA
87-1zds  AGAGAGATTTCTTCTGCTTATGTTATTTGTAATCTTCCAAAGCTCACATCAGTAATAAACACATGTAATTTCCACAGGTTGTAGAAGTGTCCCATCTTCCCGGGCTTGAAGTTA
Z3zds    CATGGTCCAGTGTGGTAAAGATCGGACAATCGCTGTACCGTGAGGCTCCTGGAAAGCACCCATTGAGGCTGATCAGA
87-1zds  CATGGTCCAGTGTGGTAAAGATCGGACAATCGCTGTACCGTGAGGCTCCTGGAAAGCACCCATTGAGGCTGATCAGA
    
```

图 2 2 个亲本中扩增出的部分 ZDS 序列及 SNP 位置

Fig. 2 Partial sequence of ZDS and SNPs in two parents

51.9、54、56.4、58.8、61.2、63.6、65.9、68.1、69.5 和 70) 的退火温度反应梯度, 在 2 个亲本中进行 PCR 扩增, 产物进行聚丙烯酰胺凝胶电泳, 如图 3 所示。在 50 ~ 58.8 , 2 个亲本间都扩增出与目标片段一致的条带, 但在 2 个亲本之间没有明显多态性, 表明 2 条正向引物与 2 个亲本 DNA 都发生特异

结合, 没有扩增出特异产物; 在 69.5 和 70 之间没有明显扩增产物; 在 61.2、63.6、65.9 和 68.1 4 个温度上 2 个亲本不但有特异条带而且还具有明显的多态性, 说明 2 条正向引物分别与两亲本发生了特异结合, 但扩增条带的亮度依次减弱, 最后选择 64 为 AC-PCR 的最适宜退火温度。



奇数为综 3, 偶数为 87-1

图 3 亲本的梯度 PCR 反应结果

Fig. 3 Gradient PCR in both parents

2)为进一步验证这种方法在基因定位上是否有效,继续利用这3条引物在基于这2个亲本所发展的RIL分离群体中进行了PCR反应,部分结果如图4所示,在群体中得到了预期的清楚的特异条带。将来源于综3的带型记为1,87-1的带型记为2,缺失的带型记为0。利用Mapmaker 3.0作图软件

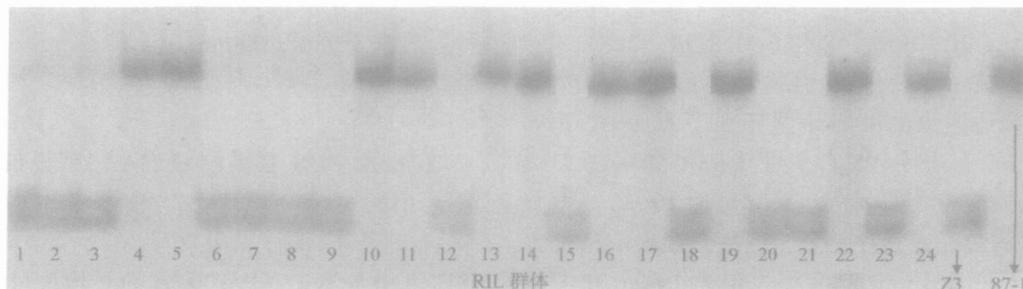


图4 ZDS基因SNP标记在部分RIL群体中的分离

Fig. 4 SNP marker segregation of ZDS gene in the partial RIL population

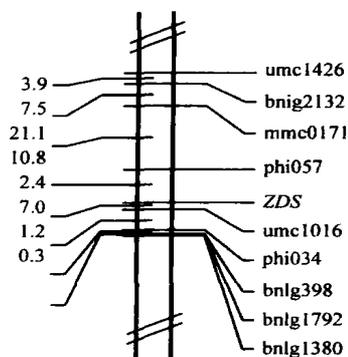


图5 利用本研究开发的SNP标记将ZDS基因定位在玉米第7染色体短臂上

Fig. 5 ZDS has been mapped on the short arm on chromosome 7 with the developed SNP marker

3 讨论

SNP标记是有着广阔应用前景的分子标记,其多态性非常丰富,理论上可以把任何一个基因或者目标片段定位到染色体上,最近玉米染色体上又定位了1450个新的候选基因^[15],其中有一部分就是利用SNP的方法定位的。本研究提供了利用SNP进行分子标记定位的思路,把不易被检测的单碱基突变转换成长度的差异,通过PAGE的方法将其检测出来。该方法的关键就是PCR退火温度的选择,因为2条正向引物与模板匹配的碱基只有1个有差别,容易造成错配。在大规模反应之前需要利用梯度PCR的方法选择合适的退火温度,这样才能保证扩增产物的特异性。但比起基于分子杂交的RFLP

($LOD > 3.0$)和实验室原有的群体标记数据对ZDS基因进行了定位,结果将该SNP标记定位于第7染色体7.02 Bin(图5),与临近的2个标记phi057和umc1016的连锁距离分别是10.8和2.7 cm,这一结果与前人研究结果完全一致^[14]。

技术或者PCR后再酶切的CAPs技术来说,操作简单;能够检测的多态性也多,因为RFLP和CAPs都基于特定的酶切位点,而这种方法可以是随机位点;同时费用也低。该方法不仅可用于分子标记连锁图构建,基因定位等研究,还可以用于群体遗传学,基于SNP的分子进化等领域的研究。

本研究只是利用了正向引物1个碱基的突变,理论上还可以同时利用多个SNP位点,提高反应的特异性 and 提高反应的效率。比如:如果2个SNP位点发生在20 bp以内,可以在引物设计同时加入这2个突变位点;还可在正向或反向引物中同时考虑不同SNP位点,可以提高反应的特异性。还可以针对多个SNP位点,合成不同长度的特异物种DNA,通过多引物PCR同时检测多个SNP位点,提高反应效率。

参考文献

- [1] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. Am J Hum Genet, 1980, 32(3): 314-331
- [2] Saghai Maroof M A, Soliman K M, Jorgensen R A, et al. Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population, and population dynamics[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1984, 81(24): 8014-8018
- [3] Vos P R, Hogers, Bleeker M, Reijmans M, et al. AFLP:

- a new technique for DNA fingerprinting [J]. *Nucleic Acids Res*, 1995, 23(21):4407-4414
- [4] Williams J G K, Kubelik A R, Livak K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers[J]. *Nucleic Acids Res*, 1990, 18(22): 6531-6535
- [5] Senior L, Lynn M, Heun M. Mapping maize microsatellites and polymerase chain reaction confirmation of the targeted repeats using a CT primer[J]. *Genome*, 1993, 36(5): 884-889
- [6] Landegren U, Nilsson M, Kwok P Y. Reading bits of genetic information: methods for single-nucleotide polymorphism analysis[J]. *Genome Res*, 1998, 8(8): 769-776
- [7] Wang D G, Fan J B, Siao C J, et al. Large-scale identification, mapping, and genotyping of single-nucleotide polymorphisms in the human genome[J]. *Science*, 1998, 280(5366): 1077-1082
- [8] 刘万清,贺林. SNP 为人类基因组描绘新的蓝图[J]. *遗传*, 1998, 20(6): 38-40
- [9] Zwick M E, Cutler D J, Chakravarti A. Patterns of genetic variation in Mendelian and complex traits[J]. *Annu Rev Genom Hum Genet*, 2000, 1: 387-407
- [10] Tenaillon M I, Sawkins M C, Long A D, et al. Patterns of DNA sequence polymorphism along chromosome 1 of maize (*Zea mays*) [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2002, 98(16): 9161-9166
- [11] Lemieux B. Overview of DNA chip technology. *Mol Breed*, 1998, 4(4): 277-289
- [12] Saghai Maroof M A, Soliman K M, Jorgensen R A, et al. Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population, and population dynamics[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1984, 81(24): 8014-8018
- [13] 萨姆布鲁克 J, 拉塞尔, DW. 分子克隆实验指南[M]. 第3版. 黄培堂, 等译. 北京: 科学出版社, 2002: 99-102
- [14] Matthews P D, Luo R, Wurtzel E T. Maize phytoene desaturase and zeta-carotene desaturase catalyze a poly-Z desaturation pathway: implications for genetic engineering of carotenoid content among cereal crops[J]. *J Exp Bot*, 2003, 54(391): 2215-2230
- [15] Falque M, Decousset L, Dervins D, et al. Linkage mapping of 1454 new maize candidate gene loci[J]. *Genetics*, 2005, 170(4): 1957-1966