

研究简报

小麦与条锈菌非亲和互作的cDNA文库构建及表达序列标签分析

西北农林科技大学植物保护学院

收稿日期 2007-3-13 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】了解小麦受条锈菌诱导后的基因表达情况,从分子水平揭示寄主与病原菌非亲和互作机理。【方法】以小麦品种水源11和条锈菌CY23号小种组成的非亲和组合为材料,利用SMART技术构建条锈菌诱导的小麦叶片cDNA文库。随机挑取克隆测序,对其中获得的507条高质量表达序列标签(EST)进行生物信息学分析。【结果】得到原始文库的滴度为 1.2×10^6 pfu/ml,扩增文库滴度 2×10^9 pfu/ml,重组率97%,插入片段大小为0.4~3 kb。对获得的237个非重复序列进行BLAST分析,已知功能基因大部分与能量代谢、蛋白质合成修饰及加工、转运、信号转导、防卫反应等相关。【结论】该cDNA文库质量较高,信息丰富,获得的已知功能基因中能量和代谢相关约占40%,抗病与防御相关约占17.1%,这些信息有利于在分子水平上研究小麦与条锈菌互作机制,为进一步克隆小麦与条锈菌互作中的相关重要基因及功能分析奠定基础。

关键词 [小麦](#) [条锈菌](#) [cDNA文库](#) [表达序列标签\(EST\)](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

康振生 kangzs@nwsuaf.edu.cn

作者个人主页:

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(350KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“小麦”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [王艳飞](#), [屈志鹏](#), [张永红](#), [马金彪](#), [郭军](#), [韩青梅](#), [黄丽丽](#), [康振生](#)