

利用基因组文库加速Xa23基因定位的染色体步移 [PDF]

王春连^{1,2} 陈乐天³ 曾超珍^{1,4} 张群宇³ 刘丕庆⁴ 刘耀光³ 樊颖伦^{1,2} 章琦¹

(1中国农业科学院 作物科学研究所/农业部作物遗传育种重点实验室, 北京 100081; 2中国农业科学院 农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京 100081; 3 华南农业大学 生命科学学院, 广东 广州 510642; 4 广西大学 农学院, 广西 南宁 530005; 5 国际水稻研究所中国办事处, 北京 100081; * 通讯联系人, E-mail:zhaokj@mail.caas.net.cn)

摘要: 用距离水稻抗白叶枯病基因Xa23 0.8 cM的EST标记C189, 扩增Xa23的近等基因系CBB23的基因组片段(0.8 kb)为探针, 筛选水稻明恢63的TAC文库和广陆矮4号的PAC文库, 对获得的7个阳性克隆用酶切法和Tail PCR法进行末端片段分离, 获得15个末端片段, 用于感病亲本金刚30和抗病亲本CBB23之间的多态性检测, 发现7个末端片段在双亲间有多态性, 分别为69B、70N、81N、45B、45N、84N和84B。用这些末端片段作RFLP标记, 对金刚30/CBB23的F2群体进行检测和连锁分析, 结果表明这些标记与Xa23的遗传距离依次为0.4、0.4、0.4、0.5、0.6、0.6和1.1 cM。虽然69B、70N和81N与Xa23的遗传距离均为0.4 cM, 但序列比对揭示69B与70N的物理距离为35 kb, 与81N为95 kb, 69B距Xa23最近。三者与Xa23的遗传距离虽然相同, 但物理距离存在很大差异。这些末端片段标记加密了Xa23基因一侧的遗传图谱, 并使其遗传距离缩短到0.4 cM, 加速了Xa23的定位进程, 为Xa23的分离克隆奠定了重要基础。讨论了这种染色体步移方法的适用条件。

关键词: 水稻白叶枯病; 抗性基因; 基因定位; TAC文库; PAC文库; 染色体步移

中国水稻科学. 2006, 20(4): 355-360

.....
.....