

作物遗传育种·种质资源

利用水稻Cot-1 DNA和基因组DNA对栽培稻、药用野生稻和疣粒野生稻基因组的比较分析

蓝伟侦,何光存,吴士筠,覃瑞

收稿日期 2005-6-29 修回日期 2005-12-6 网络版发布日期 接受日期

摘要 【目的】研究中高度重复序列在稻属不同物种基因组进化中的作用。【方法】用栽培稻Cot-1 DNA和基因组DNA(gDNA)作为探针,分别对栽培稻、药用野生稻和疣粒野生稻进行荧光原位杂交(FISH)和比较基因组杂交(CGH)。【结果】Cot-1 DNA覆盖栽培稻、药用野生稻和疣粒野生稻基因组比例(%)和大小(Mb)分别为 47.10 ± 0.16 , 38.61 ± 0.13 , 44.38 ± 0.13 和 212.33 ± 1.21 , 269.42 ± 0.89 以及 532.56 ± 1.68 。栽培稻gDNA在药用野生稻和疣粒野生稻基因组中的覆盖率约为91.0%和93.6%,含量分别约为634 Mb和1123 Mb,各有365 Mb和591 Mb不属于源自栽培稻基因组的中高度重复序列,未被栽培稻gDNA所覆盖的部分,分别为64 Mb和78 Mb左右。此外,以Cot-1 DNA的组成为依据,对这3个种核型进行了同源性聚类。【结论】稻属中度和高度重复序列和功能基因一样,在不同种中也存在着高度同源性和保守性,并在进化过程中得以保存下来。药用野生稻和疣粒野生稻基因组增大的重要原因之一,可能是基因组中度和高度重复序列加倍的结果,药用野生稻这种序列扩增相对疣粒野生稻要缓和得多。另外,这两个野生种在长期进化过程中,由于存在加倍、重排和基因选择性丢失等现象,形成了具有自己种的特异性的基因组成分。

关键词 [Cot-1 DNA](#) [CGH](#) [核型](#) [药用野生稻](#) [疣粒野生稻](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [蓝伟侦](#); [何光存](#); [吴士筠](#); [覃瑞](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(315KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中包含“Cot-1 DNA”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [蓝伟侦](#)
 - [何光存](#)
 - [吴士筠](#)
 - [覃瑞](#)