

抗黄矮病小麦-中间偃麦草易位系基因组可转化人工染色体文库的构建及初步筛选

王晓萍¹, 张增艳¹, 张群宇², 刘耀光², 辛志勇¹

1. 中国农业科学院作物育种栽培研究所农业部作物遗传育种重点实验室; 北京 100081; 2. 华南农业大学生物技术学院遗传工程研究室; 广州 510642

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 利用抗黄矮病小麦-中间偃麦草易位系HW642的细胞核DNA构建了一个可转化人工染色体(transformation-competent artificial chromosome, TAC)文库, 文库由 2.3×10^6 克隆构成, 重组率为90.48%, 平均插入片段大小为22kb左右, 约覆盖普通小麦单倍体基因组2.5倍, 在该文库中分离得到单拷贝DNA序列的几率约是95.77%. 文库保存在24块96孔板中, 每个孔中约含有1000个不同的重组克隆, 可以采用Pooled PCR的方法对文库进行筛选. 用来源于小麦的简单重复序列(simple sequence repeat, SSR)引物wms37扩增中间偃麦草、抗病易位系及感病材料, 得到一条与抗性共分离的特异条带, 约450bp. 将此特异标记条带转化为SCAR(sequence characterized amplified region)标记, 用于筛选HW642基因组TAC文库, 得到12个阳性克隆. 对阳性克隆进行了PCR-Southern验证, 以中间偃麦草基因组总DNA为探针与限制酶HindIII消化后的阳性克隆杂交, 其中10个阳性克隆分别有1~6条杂交带, 结果表明, 这10个阳性克隆可作为抗黄矮病相关基因筛选的候选克隆.

关键词 [小麦](#) [黄矮病抗性](#) [可转化人工染色体\(TAC\)](#) [文库](#) [SCAR](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(316KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“小麦”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [王晓萍](#)
- [张增艳](#)
- [张群宇](#)
- [刘耀光](#)
- [辛志勇](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者