

DOI: 10.1360/yc-007-0867

## 白桦 RAPD 遗传连锁图谱的构建

姜廷波, 李绍臣, 高福铃, 丁宝建, 曲跃军, 唐鑫华, 刘桂丰, 姜静, 杨传平

东北林业大学, 林木遗传育种与生物技术教育部重点实验室, 哈尔滨 150040

**摘要:** 以 80 个来自欧洲白桦(*Betula pendula* Roth)×中国白桦(*Betula platyphylla* Suk)的 F<sub>1</sub> 个体为作图群体。利用 2 个亲本和 10 个 F<sub>1</sub> 个体对 1,200 个 10 bp 的随机寡核苷酸引物进行筛选, 确定了 208 个多态性引物。利用 RAPD 标记, 按照拟测交的作图策略, 分别构建了欧洲白桦和中国白桦的分子标记连锁图谱。对 2 个亲本和 80 个 F<sub>1</sub> 代作图群体进行随机扩增, 共获得了 364 个多态性位点。 $\chi^2$  检验结果表明有 307 个位点符合 1:1 分离的拟测交分离, 26 个位点符合 3:1 分离, 31 个位点属偏分离位点。拟测交位点中有 145 个位点来自欧洲白桦, 有 162 个位点来自中国白桦。利用 2 点连锁分析, 欧洲白桦中的 145 个连锁标记构成了 14 个不同的连锁群(4 个以上标记), 6 个三连体和 6 个连锁对, 37 个为非连锁位点, 连锁标记覆盖的总图距为 955.6 cM (centimorgan), 平均图距 14.9 cM。而来自中国白桦的 162 个标记构成了 15 个连锁群(4 个以上标记), 4 个三连体和 6 个连锁对, 21 个为非连锁位点, 连锁标记覆盖的总图距为 1,545.8 cM (centimorgan), 平均图距 15.2 cM。该图谱的建立为进一步将两个图谱整合为一个高密度图谱及重要基因的定位奠定了基础。

**关键词:** 分子标记; 连锁图谱; 随机扩增多态性 DNA; 欧洲白桦; 中国白桦; 拟测交

## Genetic linkage map of *Betula pendula* Roth and *Betula platyphylla* Suk based on random amplified polymorphisms DNA markers

JIANG Ting-Bo, LI Shao-Chen, GAO Fu-Ling, DING Bao-Jian, QU Yue-Jun,

TANG Xin-Hua, LIU Gui-Feng, JIANG Jing, YANG Chuan-Ping

Key Laboratory of Forest Tree Improvement and Biotechnology of Ministry of Education, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China

**Abstract:** Based on the genetic inheritance and segregation of random amplified polymorphism DNA (RAPDs) markers, the first middensity linkage map for silver birch was constructed by using a pseudotestcross mapping strategy. A segregating population including 80 progenies from the cross between *Betula pendula* Roth and *B. platyphylla* Suk was obtained. A set of 1,200 random oligonucleotide primers were screened, and 208 primers were selected to generate RAPD markers within a sample of 80 F<sub>1</sub> progenies. A total of 364 segregating sites were identified. Among them, 307 belonged to 1:1 segregating site, and 36 belonged to 3:1 segregating site, others were found distorted from the normal 1:1 ratio. Altogether 307 sites segregating 1:1 (testcross configuration) were used to construct parent-specific linkage maps, 145 for *B. pendula* and 162 for *B. platyphylla*. The resulting linkage maps consisted of 145 marker sites in 14 groups (four or more sites per group), 6 triples and 6 pairs for *B. pendula*, which covered the map distance about 955.6 cM (Kosambi units). The average map distance between adjacent markers was 14.9 cM, and 162 linked marker site for *B. platyphylla* were mapped onto 15 groups (four or more sites per group), 4 triples and 6 pairs, which covered the map distance about 1,545.8 cM, and the average map distance between adjacent markers was 15.2 cM. Further study is warranted to intergrate the two maps to

收稿日期: 2007-02-05; 修回日期: 2007-03-16

基金项目: 东北林业大学优秀青年教师资助计划 [Supported by the Excellent Young Teachers Program of Northeast Forestry University]

作者简介: 姜廷波, 博士, 教授, 研究方向: 林木遗传育种与基因工程。E-mail: tbjiang@yahoo.com

one density map and to locate important genes on the maps.

**Keywords:** Molecular marker; linkage map; random amplified polymorphic DNA; *Betula pendula* Roth; *Betula platyphylla* Suk; pseudo-testcross

中国白桦(*Betula platyphylla* Suk)更新好、生长快,是我国北方阔叶次生林的先锋树种,在恢复火迹地和恢复被毁坏的林地生态等方面具有重要作用。同时,由于白桦木质致密、洁白,越来越多地成为用材林树种<sup>[1]</sup>,人们对白桦的遗传改良也更加重视。但白桦也和其他树种一样,具有生长周期长,遗传改良慢等特点。如何缩短育种周期,在较短的时间培育出符合人们需要的优良白桦新品种是林木育种工作者所面临的问题。分子标记技术的发展为人们提高林木育种效率带来了希望。分子标记技术是建立在DNA序列多态性基础之上的,是基因型的直接反映。以分子标记为基础的分子标记辅助选择具有传统育种无可比拟的优越性。即,传统育种从表现型推断基因型,而分子标记辅助选择可对基因型进行直接选择。有关中国白桦分子标记方面的研究仅限种源区划、桦树亲缘关系<sup>[2,3]</sup>,及白桦长纤维性状与分子标记的关系等方面的研究<sup>[4]</sup>。但有关中国白桦遗传连锁图谱构建及重要经济性状的基因定位还未见报道。有学者为研究白桦的基因结构开发了36对SSR引物,其中芬兰学者开发了23对欧洲白桦(*Betula pendula* Roth)SSR印物<sup>[5]</sup>,日本学者开发了13对日本白桦(*Betula platyphylla* var. *japonica*)SSR引物<sup>[6]</sup>。第一张白桦遗传图谱是2005年发表的欧洲白桦遗传图谱<sup>[7]</sup>,该图谱包含89个AFLP标记和19个SSR标记,由于该图谱的作图信息来自3个无关的2代家系,且每个家系的个体仅为30个,使得该图谱的参考价值和应用价值受到了限制。本研究以80个欧洲白桦和中国白桦的杂种F<sub>1</sub>为作图群体,利用RAPD方法检测多态性分子标记,采用拟测交作图策略<sup>[8,9]</sup>,分别构建了中等密度的欧洲白桦和中国白桦遗传图谱。希望为白桦分子标记辅助选择育种和重要性状的基因克隆提供研究基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 亲本检测及作图群体建立

欧洲白桦(*Betula pendula* Roth)引自芬兰,中国白桦(*Betula platyphylla* Suk)来自中国帽儿山种源。

通过RAPD标记检测,发现两亲本间存在较高的遗传多态性。2005年4月于东北林业大学白桦强化种子园通过人工控制受粉获取了欧洲白桦与中国白桦的杂交种,次年4月在温室中进行育苗,1个月后移栽至6 cm×6 cm的培养钵中,共获得了400余株生长发育正常的个体。本研究利用了其中的80个个体作为作图群体。

### 1.2 DNA提取和PCR扩增

利用Universal genomic DNA extraction kit(Ver.3.0, TaKaRa, 大连)提取白桦叶片总DNA, PCR扩增反应在PTC-200 PCR仪(MJ reaserch, USA)上进行。反应体积20 μL, 反应体系: 模板DNA 50 ng, 10 μmol/L引物1 μL, 10 mmol/L dNTP 0.5 μL, 10×buffer 2 μL (100 μmol/L Tris-HCl, 500 mmol/L KCl, 0.8 % Nonidet P40), 25 mmol/L的MgCl<sub>2</sub> 2 μL, 5 U/μL *Taq* DNA聚合酶(MBI) 0.2 μL。扩增条件: 94 °C预变性4 min, 循环反应包括94 °C变性30 s, 36 °C复性30 s, 72 °C延伸1 min, 40个循环后, 72 °C链延伸7 min。扩增产物在1 %琼脂糖凝胶上进行电泳分离和多态性检测分析。

### 1.3 引物筛选

先用2亲本DNA为模板,对1,200个随机引物(Sangon, Shanghai)进行多态性筛选。然后用2亲本和10个F<sub>1</sub>个体的DNA为模板,进一步筛选出208个引物在双亲间存在多态性,并且在杂种后代中表现分离。可见,欧洲白桦和中国白桦之间存在着较大的遗传变异,欧洲白桦和中国白桦杂交后代是是较为理想的白桦作图群体。由于选择的位点符合1:1分离,根据公式 $\eta = 1 - (1 - 1/2)^n$  (n 为子代个体的数目,η为拟测交位点的中选概率),则拟测交位点的中选概率为99.9 %<sup>[9]</sup>。利用中选的引物对包括双亲在内的82个单株的DNA样品进行PCR扩增反应,获得RAPD标记。将用于作图的RAPD标记按引物号的大小和扩增片段长度排序后进行统一编号。

### 1.4 分子标记的赋值和连锁图谱构建

根据PCR扩增谱带的有无分别对个体标记基因型进行赋值,将某一谱带出现的个体在该位点的标

记基因型赋值为H(杂合型), 该谱带不出现的个体在该位点的基因型赋值为A(纯合型)。难于判读的谱带和缺失数据赋值为“-”。利用 $\chi^2$ 检验( $\chi^2_{0.05(1)} = 3.84$ )检测, 确定符合1:1分离的RAPD标记用于图谱构建。图谱构建分析所用软件为MAPMAKER/EXP (version 3.0b)<sup>[10]</sup>。在 $LOD \geq 3.0$ , 重组率 $r \leq 0.4$ 条件下估计连锁群。确定连锁群顺序后, 用Kosambi函数将重组率转换成图距单位(centiMorgan, cM)<sup>[11]</sup>, 用Map Draw Ver.2.0绘制图谱<sup>[12]</sup>。

### 1.5 连锁图谱的参数计算

遗传图谱实际长度分为框架图长度, 即连锁群(>3个标记)长度之和; 连锁群总长度指包括连锁群、三联体和连锁对在内在的所有连锁长度的总和。参照Chakravarti等<sup>[13]</sup>的方法估计遗传图谱长度, 即各连锁群实际长度乘 $(m+1)/(m-1)$ 作为估计长度,  $m$ 为每个连锁群的标记数。框架图覆盖率等于框架图长度占估算的遗传图谱总长度的百分比; 总的图谱覆盖率等于连锁群总长度占估算的遗传图谱总长度的百分比。

## 2 结果和分析

### 2.1 RAPD 标记在欧洲白桦×中国白桦 F<sub>1</sub> 群体中的分离

利用208个获选的在双亲中存在多态性且在子代中有分离的引物, 对2个亲本和80个F<sub>1</sub>代作图群体进行PCR扩增。这些引物在双亲和作图群体中共检测到382个位点, 这些多态性扩增产物的DNA片

段长度多数在0.5~2.0 kb之间。图1显示了用引物S235扩增产生的拟测交位点在F<sub>1</sub>群体中的分离。在382个分离位点中, 有185个位点来自欧洲白桦, 占48.4%; 197个位点来自中国白桦, 占51.6%; 其中有19个位点属在2亲本中均出现的位点。双亲位点在子代中所占比例接近50%, 符合正常杂交组合的位点分布。

### 2.2 连锁图谱构建

利用MAPMAKER/EXP (version 3.0b)软件设置最大重组率为0.4和最小LOD值为3.0进行遗传作图, 通过对拟测交分离位点进行两点连锁分析, 确定相关的连锁群。拟测交位点中有145个位点来自欧洲白桦, 有162个位点来自中国白桦。欧洲白桦中的145个连锁标记构成了14个不同的连锁群(4个以上标记), 6个三连体和6个连锁对, 37个为非连锁位点, 连锁标记覆盖的总图距为955.6 cM (centimorgan), 平均图距14.8 cM(表1, 图2:a)。而来自中国白桦的162个标记构成了15个连锁群(4个以上标记), 4个三连体和6个连锁对, 21个为非连锁位点, 连锁标记覆盖的总图距为1545.8 cM (centimorgan), 平均图距15.2 cM(表1, 图2:b)。欧洲白桦中有1对(2个)标记间的图距为0, 中国白桦中有2对(3个)标记间的图距为0, 这些标记分别由不同引物扩增而来。标记的图位相同, 可能是因为本研究作图群体较小, 不能分辨相距很近的标记(<1.3 cM)之间的距离造成的。

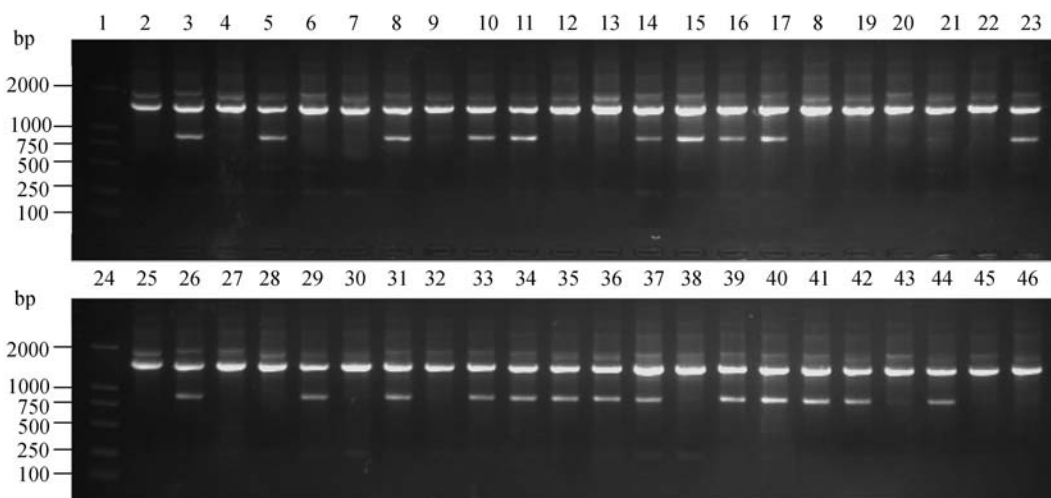


图1 引物S235的扩增片段在欧洲白桦×中国白桦F<sub>1</sub>群体中的分离

泳道1和24: 分子量标记; 泳道2和25: 欧洲白桦; 泳道3和26: 中国白桦; 泳道4~23和27~46, 欧洲白桦和中国白桦的杂种F<sub>1</sub>代个体。

Fig. 1 Segregation of amplified bands by primer S235 in the *Betula pendula* Roth × *Betula platyphylla* Suk F<sub>1</sub> families

1 and 24: Molecular weight marker; 2 and 25: *Betula pendula* Roth; 3 and 26: *Betula platyphylla* Suk; 4~23 and 27~46: The F<sub>1</sub> progeny from *Betula pendula* Roth and *Betula platyphylla* Suk crossing.

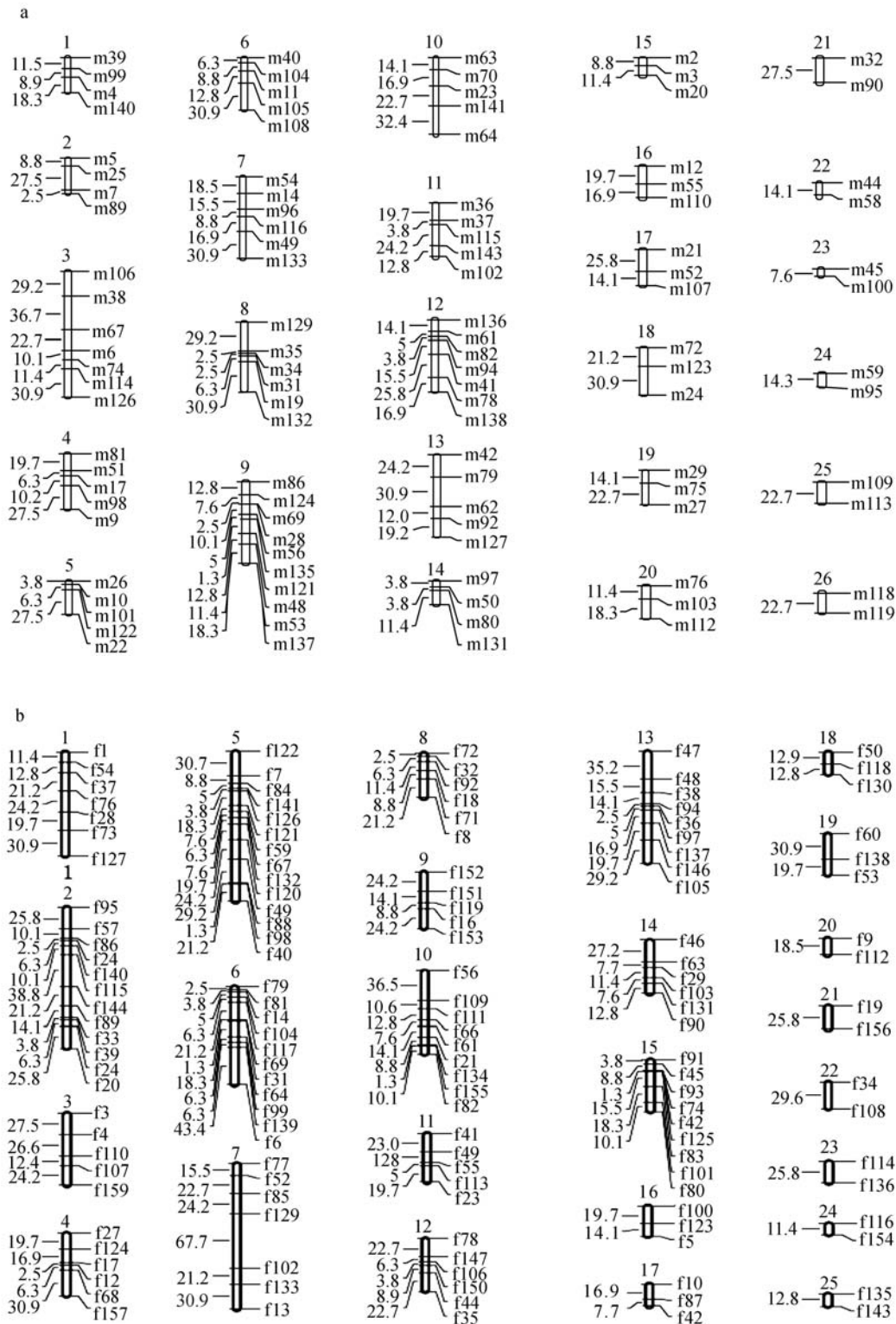


图 2 白桦的RAPD标记连锁图谱  
连锁群的右侧为分子标记代号, 左侧为遗传距离(cM)。

Fig. 2 The linkage maps of *B. pendula* Roth (a) and *B. platyphylla* Suk (b) based on RAPD markers

The codes on the right side of linkage group are the names composed by polymorphic DNA band. Genetic distances in centiMorgans (cM) are given on the left side of linkage group.

表1 欧洲白桦(*Betula pendula* Roth)和中国白桦(*Betula platyphylla* Suk)遗传图谱标记Table 1 The markers of *Betula pendula* Roth and *Betula platyphylla* Suk linkage map

连锁群 Linkage group	欧洲白桦 <i>Betula pendula</i> Roth				中国白桦 <i>Betula platyphylla</i> Suk			
	标记数 Marker number	最大(小)间距 Max. (min) distance(cM)	图距 Total dis- tance(cM)	平均间距 Average distance(cM)	标记数 Marker number	最大(小)间距 Max. (min) distance(cM)	图距 Total dis- tance(cM)	平均间距 Average distance(cM)
1	4	18.3(8.9)	38.6	12.9	7	30.9(11.4)	120.3	20.1
2	4	27.5(2.5)	38.8	12.9	12	38.8(2.5)	164.8	15.0
3	7	10.1(30.9)	141	23.5	5	26.6(12.4)	90.7	22.7
4	5	27.5(6.3)	63.7	15.9	6	30.9(2.5)	76.3	15.3
5	5	27.5(3.8)	37.6	9.4	14	30.7(1.3)	185.6	14.3
6	5	30.9(6.3)	58.8	14.7	11	43.4(1.3)	114.4	11.4
7	6	30.9(8.8)	90.6	18.1	7	67.7(15.5)	182.2	30.4
8	6	30.9(2.5)	71.4	14.3	6	21.2(2.5)	50.3	10.1
9	10	18.3(1.3)	81.7	9.1	5	24.2(8.8)	71.4	17.9
10	5	32.4(14.1)	86.4	21.6	9	36.5(1.3)	101.9	12.7
11	5	24.2(3.8)	60.5	15.1	5	23(5)	60.5	15.1
12	7	25.8(3.8)	81.1	13.5	6	22.7(3.8)	64.3	12.9
13	5	30.9(12)	86.4	21.6	9	35.2(2.5)	138.1	17.3
14	4	11.4(3.8)	19	6.3	6	27.2(7.6)	67.2	13.4
15					9	18.3(1.3)	57.8	7.2
总计 Total	78		955.6		117		1545.8	
平均 Average	5.6			14.9	7.8			15.2

表2 欧洲白桦和中国白桦的基因组长度及图谱覆盖率

Table 1 Genome length and map coverage of *B. pendula* Roth and *B. platyphylla* Suk

项 目 Item	欧洲白桦 <i>B. pendula</i> Roth	中国白桦 <i>B. platyphylla</i> Suk
框架图长度 Frame map length (cM)	955.6	1545.8
连锁群总长度 Total linkage group length (cM)	1279.9	1805.9
估计的基因组长度 Genome length estimation (cM)	1373.6	2017
框架图覆盖率 Frame map coverage (%)	69.6	76.6
总图谱覆盖率 Total linkage group coverage (%)	93.2	89.5

### 2.3 基因组长度和连锁图谱覆盖率的估算

参照 Chakravarti 等<sup>[13]</sup>的方法, 估算的欧洲白桦遗传图谱框架图和连锁群总长度为 1,373.6 cM, 估算的中国白桦遗传图谱框架图和连锁群总长度分别为 2,017 cM; 估算的欧洲白桦框架图覆盖率为 69.6%, 中国白桦框架图平均覆盖率为 76.6%。利用更多的标记可使两种白桦图谱平均覆盖率分别提高到 93.2%和 89.5%(表 2)。

## 3 讨论

用于树木作图的分离群体与水稻、玉米、大豆等作物不同。作物可以获得近交系, 利用近交系杂种的回交世代或 F<sub>2</sub> 代作为作图群体。而树木的生活周期很长, 且近交困难, 很难在较短的时间获得近交

系以及用于作图的回交世代或 F<sub>2</sub> 代。树木具有异交性和 F<sub>1</sub> 分离特性, 可利用 F<sub>1</sub> 代作为树木的作图群体。而作为用于研究林木遗传差异和构建林木遗传图谱的分子标记, 由于 RAPD 分子标记技术具有简便快捷、灵敏度高、模板 DNA 需要量少及多态性丰富等优点。使之成为揭示林木遗传差异和构建林木遗传图谱的重要工具。本实验对 1,200 引物进行筛选, 208 个获选的在双亲中存在多态性且在子代中有分离的引物, 检测到 382 个分离位点。其中, 48.4% 来自欧洲白桦, 51.6% 来自中国白桦。尹佟明等<sup>[14]</sup>分析响叶杨 (*Populus adenopoda* Maxim.) × 银白杨 (*P. alba* L.) F<sub>1</sub> 群体中的多态性位点发现, 51.6% 来源于响叶杨, 48.4% 来源于银白杨。本研究获得的多态性位点分离比例与这个比例完全吻合。本实验中 382

个多态性位点中经  $\chi^2$  检验 ( $P < 0.01$ ) 符合 1:1 分离的拟测交分离位点有 307 个, 占 80%; 符合 3:1 分离的位点 26 个, 占 6.8%; 31 个位点属偏分离位点, 占 8.1%。Kubisak 等<sup>[15]</sup>在利用 RAPD 标记对长叶松×湿地松 F<sub>1</sub> 群体进行研究, 在检测到的 247 个位点中, 有 14 个 3:1 分离位点, 占位点总数的 5.7%, 其余的位点为拟测交位点。本实验中 3:1 分离位点和偏分离位点所占比例较高可能与本实验筛选和使用的多态性引物较多有关。白桦为严格的异交树种, 多数情况自交不亲合或近交衰退现象严重, 遗传负荷较高。因此, 占 8.1% 偏分离位点是可以理解的。

杨树的基因组相对较小 (2C DNA=1.2 pg)<sup>[16, 17]</sup>, 染色体数目为 19 对 (2n=38), 基因组总长的估计值约为 2,400~2,800 cM。白桦同样是 2 倍体植物, 染色体数总数为 14 对 (2n=28), 呈点状。迄今还未见到有关白桦基因组大小的报道。四倍体山地白桦是白桦的近源种, 有学者研究发现其基因组的大小为 1.4 pg<sup>[18]</sup>。因此, 2 倍白桦基因组可能小于 1.4 pg, 基因组总长的估计值约为 2,400~3,000 cM。高密度遗传连锁图谱对重要性状基因的精细定位、分子标记辅助选择和基因的图位克隆都是必须的。从以上参数可以看出, 为实现基因的精细定位, 两种白桦遗传图谱的密度有待进一步提高。该实验室在前人研究的基础上, 已对一些 SSR 引物进行了筛选和 AFLP 分析。相信不久的将来通过 SSR 共显性标记和 AFLP 标记定可以将两个白桦遗传图谱整合为一个高密度的遗传图谱, 实现在高密度遗传图谱基础上的白桦分子育种。高密度白桦遗传图谱的构建对提高白桦育种效率, 推动白桦遗传改良进程, 促进白桦经济林的可持续发展具有重要作用。由于白桦的染色体较小, 细胞遗传学研究较困难。因此本研究没有进一步研究连锁群与染色体之间的对应。就有关文献来看, 目前各树种已构建的遗传图谱都没有在这一方面作进一步的探讨。但同农作物分子育种一样, 构建林木遗传连锁图谱的重要目的之一是定位数量性状基因 (QTL) 和分子标记辅助选择, 进一步研究白桦连锁群与染色体之间的对应关系是今后白桦基因组研究的重要课题之一。

### 参考文献 (References):

[1] LI Ping, FANG Gui-Ping, SUN Cheng-Zhi. III. Wood characteristics of pulpwood. *Chemistry and Industry of Forest Products*, 1995, 15 (Suppl.): 13-18.  
李萍, 房桂平, 孙成志. III. 制化学机械浆有关材性研

- 究. *林产化学与工业*, 1995, 15 (增刊): 13-18.
- [2] JIANG Jing, YANG Chuan-Ping, LIU Gui-Feng, LIU Yu-Xi, REN Xu-Qin. Analysis of genetic variation within and among *Betula platyphylla* provenances and provenance division using RAPD markers. *Plant Research*, 2001, 21 (1): 126-130.  
姜静, 杨传平, 刘桂丰, 刘玉喜, 任旭琴. 利用 RAPD 标记技术对白桦种源遗传变异的分析及种源区划. *植物研究*, 2001, 21 (1): 126-130.
- [3] JIANG Jing, YANG Chuan Ping, LIU Gui-Feng, LIU Yu-Xi, REN Xu-Qin. Analysis of genetic relationship of *Betula* among species using RAPD marker. *Scientica Silvae Sinicae*, 2001, 38 (1): 154-156.  
姜静, 杨传平, 刘桂丰, 刘玉喜, 任旭琴. 利用 RAPD 标记技术对桦树种间亲缘关系的分析. *林业科学*, 2001, 38 (1): 154-156.
- [4] WEI Zhi-Gang, YANG Chuan-Ping, PAN Hua. Identification of molecular markers associated with Birch fiber length trait by multiple regression analysis. *Molecular Plant Breeding*, 2006, 6 (4): 835-840.  
魏志刚, 杨传平, 潘华. 利用多元回归分析鉴定与白桦纤维长度性状相关的分子标记. *分子植物育种*, 2006, 6 (4): 835-840.
- [5] Kulju KKM, Pekkinen M, Varvio S. Twenty-three microsatellite primer pairs for *Betula pendula* (Betulaceae). *Mol Ecol Notes*, 2004, 4(3): 471-473.
- [6] Wu B, Lian C, Hogetsu T. Development of microsatellite markers in white birch (*Betula platyphylla* var. *japonica*). *Mol Ecol Notes*, 2003, 2 (3): 413-415.
- [7] Pekkinen M, Varvio S, Kulju KKM, Kärkkäinen H, Smolander S, Viherä-Aarnio A, Koski V, Sillanpää MJ. Linkage map of birch, *Betula pendula* Roth, based on microsatellites and amplified fragment length polymorphisms. *Genome*, 2005, 48 (4): 619-625.
- [8] Grattapaglia D, Sederoff R. Genetic mapping of QTLs controlling vegetative propagation in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla* using a pseudo-testcross mapping strategy and RAPD markers. *Theor Appl Genet*, 1995, 90 (7-8): 933-947.
- [9] YIN Tong-Ming, HUANG Min-Ren, ZHU Li-Huang. Using dominant markers and F<sub>1</sub> pedigree to construct genetic linkage map in forest trees. *Prog Biotechnol*, 1996, 16 (4): 12-16.  
尹佟明, 黄敏仁, 朱立煌. 利用显性分子标记和 F<sub>1</sub> 群体进行林木遗传连锁图谱的构建. *生物工程进展*, 1996, 16 (4): 12-16.
- [10] Lander ES, Green P, Abrahamson J, Barlow A, Daly MJ, Lincoln SE, Newburg L. Mapmaker: an interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. *Genomics*, 1987, 1 (2): 174-181.
- [11] Kosambi DD. The estimation of map distance from recombination values. *Ann Eugen*, 1944, 12: 172-175.
- [12] LIU Ren-Hu, MENG Jin-Ling. MapDraw: A Microsoft Excel macro for drawing genetic linkage maps based on given genetic linkage data. *Hereditas (Beijing)*, 2003, 25

- (3): 317-321.  
刘仁虎, 孟金陵. MapDraw: 在 Excel 中绘制遗传连锁图的宏. 遗传, 2003, 25 (3): 317-321.
- [13] Chakravarti A, Lasher LK, Reefer JE. A maximum likelihood for estimating genome length using genetic linkage data. *Genetics*, 1991, 128 (1): 175-182.
- [14] YIN Tong-Ming, HUANG Min-Ren, WANG Ming-Xin, ZHU Li-Huang, HE Ping, ZHAI Wen-Xue. RAPD linkage mapping in a *Populus adenopoda* × *P. alba* F<sub>1</sub> family. *Acta Botanica Sinica*, 1999, 41 (9): 956-961.  
尹佟明, 黄敏仁, 王明麻, 朱立煌, 何平, 翟文学. 利用 RAPD 标记构建响叶杨和银白杨分子标记连锁图谱. 植物学报, 1999, 41 (9): 956-961.
- [15] Kubisiak TL, Nelson CD, Nance WL, Stine M. RAPD linkage mapping in a longleaf pine × slash pine F<sub>1</sub> family. *Theor Appl Genet*, 1995, 90 (7-8): 1119-1127.
- [16] Bradshaw HD, Steller RF. Molecular genetics of growth and development in *Populus*. I. Triploidy in hybrid poplars. *Theor Appl Genet*, 1993, 86: 301-307.
- [17] Dhillon SS. DNA in tree species. In: Bonga JM, Durzon DJ eds. *Cell and Tissue Culture in Forestry*, vol 1. The Netherlands MartinusNijhoff Pub, Dordrecht, 298-313.
- [18] Grime JP, Mowforth MA. Variation in genome size- an ecological interpretation. *Nature*, 1982, 299 (5879): 151-153.

## 2005—2006 年度生命科学优秀论文评选揭晓

为了鼓励和发掘极具潜力的青年科学家, 表彰优秀的实验成果, 以及鼓励更多的优秀论文在国内的核心刊物发表, 《遗传》、《遗传学报》、《中国生物工程杂志》、《中国农业科学》、《Genomics Proteomics&Bioinformatics》与生物通网站联合举办了“2005 - 2006 年度生命科学优秀论文评选”活动。经过初选投票以及决赛投票阶段, 并综合各杂志及本领域专家的意见, 最终评选出了 19 篇获奖论文。

### 一等奖:

- 1、RNAi 技术在转基因动物中的应用. 《遗传》, 通讯作者: 贺福初, 张令强.
- 2、RNAi 及 DNA 芯片分析肝癌细胞系中受 DNMT3B 调控的下游基因. 《遗传学报》, 通讯作者: 谢维.
- 3、重组抗 HER2 ScFv/tBid 基因的表达对 SGC7901 胃癌细胞的促凋亡作用. 《中国生物工程杂志》, 通讯作者: 杨安钢.
- 4、选择牵连效应分析: 发掘重要基因的新思路. 《中国农业科学》, 通讯作者: 张学勇, 董依平, 李振声.

### 二等奖:

- 1、染色质免疫沉淀技术在研究 DNA 与蛋白质相互作用中的应用. 《遗传》, 通讯作者: 张璐.
- 2、一种简单有效的植物 RNA 提取方法. 《遗传》, 通讯作者: 王胜华.
- 3、一种通用高效的复杂载体构建的新方法. 《遗传》, 通讯作者: 马立新.
- 4、Clustering Gene Expression Data Based on Predicted Differential Effects of GV Interaction. 《GPB》, 通讯作者: 朱军.
- 5、Classifying Genomic Sequences by Sequence Feature Analysis. 《GPB》, 通讯作者: 孙啸.
- 6、A Contact Energy Function Considering Residue Hydrophobic Environment and Its Application in Protein Fold Recognition. 《GPB》, 通讯作者: 周艳红.
- 7、胃癌差异表达基因在染色体上的定位及其功能分析. 《遗传学报》, 通讯作者: 余传定.
- 8、家蚕瘫痪肽结合蛋白基因克隆与分析. 《遗传学报》, 通讯作者: 陈克平.
- 9、血管内皮细胞特异表达 Cre 重组酶转基因小鼠的建立. 《遗传学报》, 通讯作者: 杨晓.
- 10、hOPG 基因启动子驱动报告基因 LacZ 的转基因小鼠模型的建立. 《中国生物工程杂志》, 通讯作者: 王铸钢.
- 11、利用烟草表达人凝血 IX 因子 (hFIX) 的研究. 《中国生物工程杂志》, 通讯作者: 唐克轩.
- 12、内部结构可控的大体积三维细胞支架制备研究. 《中国生物工程杂志》, 通讯作者: 曹谊林.
- 13、柑橘青、绿霉病高效拮抗菌 34-9 的筛选及其特性研究. 《中国农业科学》, 通讯作者: 邓伯勋.
- 14、多个相关数量性状主基因的联合分析方法. 《中国农业科学》, 通讯作者: 徐辰武.
- 15、荧光定量 RT-PCR 法检测运输应激猪热休克蛋白 mRNA 转录水平. 《中国农业科学》, 通讯作者: 赵茹茜.