

# 普通小麦-簇毛麦 6V 代换系 45S rDNA 和 5S rDNA 位点的 FISH 分析

杨学明<sup>1,2</sup>, 姚金保<sup>1</sup>, 马鸿翔<sup>1</sup>, 陈佩度<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>江苏省农业科学院农业生物技术研究所, 南京 210014; <sup>2</sup>南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 南京 210095)

**摘要:**采用顺序基因组原位杂交和双色荧光原位杂交技术,对普通小麦-簇毛麦 6V 代换系 K0736 的 45S rDNA 和 5S rDNA 基因位点进行了分析。结果表明,该代换系  $2n=42$ ,有 1 对簇毛麦 6V 染色体,为 6V/6A 代换系,45S rDNA 位点有 8 对,位于 7 对染色体上。5S rDNA 位点有 6 对,分别位于 6 对染色体上。在 1A、1B、5D 的端部同时存在 45S rDNA 和 5S rDNA 位点,并在物理位置上紧密相邻。同时讨论了 rDNA 位点的数目和分布位置存在变异的可能因素。

**关键词:**普通小麦-簇毛麦 6V 代换系; rDNA; 顺序基因组原位杂交和荧光原位杂交技术

## FISH Analysis of 45S rDNA and 5S rDNA Gene Loci in a Wheat-*Haynaldia villosa* 6V Substitution Line

YANG Xue-ming<sup>1,2</sup>, YAO Jin-bao<sup>1</sup>, MA Hong-xiang<sup>1</sup>, CHEN Pei-du<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Biotechnology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014;

<sup>2</sup>State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095)

**Abstract:** Sequential genomic *in situ* hybridization (GISH) and double color fluorescence *in situ* hybridization (FISH) techniques were used to map physically 45S rDNA and 5S rDNA gene loci in a wheat-*H. villosa* 6V/6A substitution line. The results indicated that eight pairs of 45S rDNA loci were detected on seven pairs of wheat chromosomes, and six pairs of 5S rDNA loci were detected on six pairs of wheat chromosomes, respectively. Both 45S and 5S rDNA signals were collocated closely on the terminal region of the short arm of chromosomes 1A, 1B and 5D. At the same time, we discussed the possible factors of variation about the two types of rDNA in locus number and location in wheat-*H. villosa* 6V/6A substitution line.

**Key words:** Wheat-*H. villosa* 6V substitution line; rDNA; Sequential GISH and FISH

普通小麦异代换系是利用染色体工程技术,把携带外源优良基因的染色体转进小麦遗传背景,替换小麦中 1 条、1 对或多条染色体所形成的品系或中间种质材料<sup>[1]</sup>。由于异代换系中外源染色体对被代换的小麦染色体在功能上具有良好的补偿作用,而且还带有普通小麦所没有的优良基因,因此异代换系在小麦遗传改良中具有重要的利用价值。簇毛麦属禾本科,小麦族,小麦亚族,具有抗白粉病、锈病、梭条花叶病,抗寒耐旱和高蛋白质含量等优良性

状,是小麦育种中重要的优良基因供体材料。通过小麦与簇毛麦属间杂交、回交,已选出硬粒小麦、普通小麦与簇毛麦的附加系、代换系和易位系,将簇毛麦的许多有益基因转移到小麦中<sup>[2-8]</sup>。

核糖体 RNA 基因(ribosomal DNAs, rDNA)是具有重要功能的保守重复序列,成簇分布于 1 对或多对染色体上。通过荧光原位杂交技术将 rDNA 在染色体上进行物理定位,不仅可以为核型分析提供一个稳定有效的细胞学标记,而且可以研究植物种属

收稿日期:2010-06-30 修回日期:2011-01-07

基金项目:国家现代农业(小麦)产业技术体系专项(nycytx-03);江苏省农业科技自主创新资金(CX09635);江苏省科技支撑计划(BE2008366-2, BE2009426)

作者简介:杨学明,在职博士,副研究员,主要从事小麦遗传育种和植物分子细胞遗传研究。E-mail: xmyang@jaas.ac.cn

间的进化关系,分析染色体的结构变异等重要的遗传学问题。在小麦族植物中,45S rDNA 和 5S rDNA 在普通小麦 (*T. aestivum* L.)、黑麦 (*Secale cereale* L.)、簇毛麦 (*H. villosum* L.)、中间偃麦草 (*Thinopyrum intermedium* (Host) Barkworth & D. R. Dewey)、波兰小麦 (*T. polonicum* L.)、矮兰麦 (*T. turgidum* cv. Ailanmai)、大麦 (*Hordeum vulgare* L.) 等中的定位已有少量报道<sup>[9-17]</sup>,这些 rDNA 位点不仅可以用于导入外源染色体的鉴定,也可用于小麦族植物系统演化关系的分析。

本研究以 45S rDNA 和 5S rDNA 为探针,利用顺序基因组原位杂交和双色荧光原位杂交技术,对 1 个普通小麦-簇毛麦 6V 代换系的 45S rDNA 和 5S rDNA 基因位点进行分析,检测这 2 个基因位点在普通小麦-簇毛麦 6V 代换系中的位点数目和分布情况。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材 料

普通小麦-簇毛麦 6V 代换系 K0736 是 1 对簇毛麦 6V 染色体代换了 1 对普通小麦染色体,在 6V 染色体短臂上含有小麦白粉病免疫的抗性基因 *Pm21*,该代换系由南京农业大学细胞遗传研究所育成,经过 C-分带、染色体配对分析和 GISH 鉴定<sup>[3,6]</sup>。

### 1.2 方 法

**1.2.1 根尖细胞有丝分裂染色体制片** 在 22℃ 的培养箱中,小麦种子在垫有滤纸的培养皿中用蒸馏水浸泡 24h,露白后转移到 4℃ 冰箱中处理 22 ~ 24h,然后转移到 22℃ 培养箱中至根长 1 ~ 2cm,剪取根尖置于冰水中处理 24h 后,用卡诺氏固定液(无水乙醇:冰醋酸=3:1)固定。制片时,将固定的根尖用 45% 醋酸解离 15min,然后切取少许根尖生长点组织置于载玻片上,加 45% 醋酸,盖上盖玻片敲匀后直接压片,相差显微镜下预检。取染色体分散良好的制片用液氮处理,揭去盖玻片后用 70%、90% 和 100% 乙醇梯度脱水,空气中干燥后用于原位杂交。

**1.2.2 探针标记** 所用 pTa71 和 pTa794 克隆分别含有小麦 18S·26S 和 5S 核糖体 RNA 基因的编码序列<sup>[18-19]</sup>。pSc119.2 是一个来源于黑麦、含有 120bp 的高度重复序列,可以鉴别普通小麦 B 组和 4A、5A 染色体<sup>[20]</sup>。pAs1 是来源于山羊草、含有 1000bp 的高度重复序列,可以鉴别普通小麦 D 组染

色体<sup>[21]</sup>。通过缺口平移法,pTa71、pSc119.2 和 pTa794、pAs1 分别以 digoxigenin-11-dUTP 和 biotin-12-dUTP 标记。簇毛麦基因组 DNA 按 CTAB 方法提取,用 digoxigenin-11-dUTP 对进行标记。标记探针经 0.8% Agarose 电泳检测,以明确标记探针片段的大小。

**1.2.3 原位杂交与信号检测** 荧光原位杂交按 Cheng 等<sup>[22]</sup>的方法,略做修改。每张染色体制片加 70% 甲酰胺 100μl,在 85℃ 烘箱中变性 3min 后,立即浸入 -20℃ 70%、90% 和 100% 乙醇梯度脱水,室温气干。原位杂交混合液(1 ~ 2ng/μl 标记探针,2 × SSC,10% 硫酸葡聚糖,50% 去离子甲酰胺)于沸水中变性 7min,立即置于冰上 5min 以上。每张变性后的染色体制片加 20μl 变性杂交液,盖上盖玻片,37℃ 保湿杂交过夜。

杂交后,在室温条件下,染色体制片分别置于 2 × SSC 洗涤 1 次,1 × PBS 中洗涤 2 次,每次 5min。每张染色体制片加 100μl 含 anti-dig-Rhodamine 和 anti-biotin Fluorescein(单色荧光原位杂交对应的抗体)的 1 × TNB(0.5mol/L Tris-HCl pH 7.5,0.75mol/L NaCl,2.5% Blocking reagent),盖上盖玻片,37℃ 黑暗条件下,保湿培养 60min。然后在 1 × PBS 中洗涤 3 次,每次 5min。空气中干燥后,加 15μl 含 1μg/ml DAPI 的抗褪色剂,盖上盖玻片。在 Olympus BX61 荧光显微镜下,用不同滤光片分别观察染色体和杂交信号,用 CCD(charge coupled device)摄像机将图像输入到计算机中,用 IPLab4.0 软件调节对比度和亮度。

**1.2.4 顺序原位杂交** 染色体制片在第 1 次原位杂交后,揭去盖玻片,用 70%、90% 和 100% 乙醇梯度脱水,在空气中干燥后进行重复原位杂交,原位杂交和信号检测同上述实验流程。

## 2 结果与分析

### 2.1 普通小麦-簇毛麦 6V 代换系外源染色体的检测

以簇毛麦基因组 DNA 为探针,进行有丝分裂中期染色体 GISH,图 1-a 显示,该代换系的染色体数目 2n=42,有 1 对 6V 染色体代换了普通小麦 1 对染色体。以 pSc119.2 和 pAs1 为探针,进行同一染色体制片双色原位杂交(图 1-c),结果表明该代换系为 6V/6A 代换系。

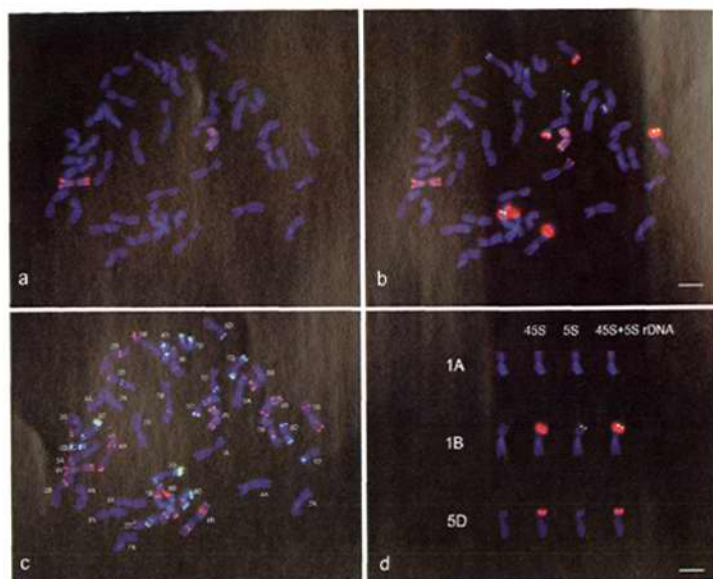


图1 45S rDNA和5S rDNA在普通小麦-簇毛麦6V/6A代换系K0736有丝分裂中期染色体上的FISH定位

Fig.1 FISH mapping with 45S rDNA and 5S rDNA probes on metaphase chromosomes of wheat-*H.*

*villosa* 6V/6A substitution line K0736

a:以簇毛麦基因组DNA为探针,进行有丝分裂中期染色体GISH;b:对同一染色体制片进行45S rDNA(红色信号)和5S rDNA(绿色信号)FISH;c:以pSc119.2(红色信号)和pAs1(绿色信号)为探针,进行同一染色体制片FISH;d:45S rDNA(红色信号)和5S rDNA(绿色信号)基因位点在1AS、1BS、5DS上的分布。图示比例尺为10 $\mu$ m

a:GISH with the genomic DNA of *H. villosa* as the probe on mitotic metaphase chromosomes of wheat-*H. villosa* 6V/6A substitution line K0736;b:Sequential bicolor FISH with 45S rDNA(red signals)and 5S rDNA(green signals)probes on the same metaphase chromosomes;c:Sequential bicolor FISH with pSc119.2(red signals)and pAs1(green signals)as probes on the same metaphase chromosomes;d:Physical location of 45S rDNA(red signals)and 5S rDNA(green signals)on chromosomes 1AS,1BS and 5DS. Scale bars = 10 $\mu$ m

## 2.2 rDNA位点在普通小麦-簇毛麦6V代换系染色体上的分布

FISH结果显示(图1-b),45S rDNA在普通小麦-簇毛麦6V代换系K0736有丝分裂中期染色体上有8对杂交信号,分别位于7对染色体上,其中3对杂交信号较强,其余杂交信号强度较弱。以pSc119.2和pAs1为探针对同一染色体制片进行重复原位杂交,按信号从强至弱,8对杂交信号分别位于6BS、1BS、5DS、1AS、7DL、3DS、1BL、2BL上,6BS、1BS上的杂交信号位于次缢痕区域。45S rDNA位点在染色体上的位置分别为,7DL上位于染色体臂的近端部,1BL和2BL上位于染色体臂的近中部,其余杂交位点位于染色体臂的端部。5S rDNA有6对杂交信号,分别位于染色体1AS、1BS、1DS、3BS、5BS、5DS上(图1-b、c),其中1AS上的信号强度较弱。

45S rDNA和5S rDNA基因位点在染色体1AS、1BS、5DS上紧密相邻(图1-b、d),1BS上5S rDNA

位点位于随体上,在45S rDNA位点的远着丝粒一侧;1AS和5DS上5S rDNA位点位于45S rDNA位点的近着丝粒一侧。

## 3 讨论

### 3.1 45S rDNA和5S rDNA的定位

真核生物的核糖体基因是一个串联的多基因家族,可分布于1对或几对染色体上,在植物进化过程中该基因被认为是相当保守的基因,与核仁的形成直接相关,它在染色体上的物理位置比较保守。45S rDNA位点不仅存在于随体染色体上,也存在于某些非随体染色体上,但拷贝数一般较少。

Mukai等<sup>[11]</sup>利用原位杂交技术将普通小麦中国春45S rDNA定位在6BS、1BS、5DS、1AS和7DL上,其中在6BS、1BS、5DS上45S rDNA位于次缢痕区域。Jiang等<sup>[9]</sup>利用原位杂交技术不仅证实了Mukai等的结论,还检测到位于5AL和1BL上的45S rDNA位点,同时在硬粒小麦Langdon、普通小麦

Wichita, Cheyenne, 普通小麦-黑麦 1BL/1RS 易位系 79-3435 中均检测到 5AL 和 1BL 上的 45S rDNA 位点,在普通小麦 Wichita 的 3DS 上还检测到 1 个新的位点。Dvořák 等<sup>[23]</sup>将普通小麦中的 5S rDNA 定位在 1BS、1DS、5AS、5BS 和 5DS 上, Mukai 等<sup>[10]</sup>利用原位杂交技术将普通小麦 5S rDNA 定位在第 1 和第 5 连锁群染色体的短臂上,在 1AS 上检测到 5S rDNA 位点。簇毛麦中 45S rDNA 和 5S rDNA 均只有 1 个位点,分别位于簇毛麦染色体 1VS 和 5VS 的端部<sup>[13-14]</sup>。

本研究表明,在普通小麦-簇毛麦 6V/6A 代换系 K0736 中,3 对具有较强杂交信号的 45S rDNA 位点分别位于 6BS、1BS、5DS,其中 6BS、1BS 上的位点处于次缢痕区域,在 1AS、7DL、1BL 上也检测到 45S rDNA 位点,这与前人的研究结果相同。在 5AL 上没有检测到 45S rDNA 位点,但在 3DS、2BL 上检测到杂交信号,其中 2BL 上检测到的 45S rDNA 位点在小麦 rDNA 物理定位的研究中尚未见报道。该代换系的第 1 连锁群各染色体短臂上均有 1 个 5S rDNA 位点,第 5 连锁群的 5BS 和 5DS 上检测到 5S rDNA 位点,在 5AS 上没有检测到该位点,但在 3BS 上检测到 5S rDNA 位点,这个位点在小麦中亦未见报道。

### 3.2 45S rDNA 和 5S rDNA 的变异原因

在小麦族植物中,45S rDNA 和 5S rDNA 基因位点在种间、种内存在着较大变异。Dubcovsky 等<sup>[24]</sup>研究表明,在小麦属植物中次要的 45S rDNA 位点在染色体上的位置存在着较明显的变化,并且核仁组织区(nucleolar organizer region, NOR)也发生了位置的变换,但是没有发生染色体结构的重组。徐川梅等<sup>[16]</sup>认为异源多倍体物种在由二倍体物种通过杂交和加倍并经过长期进化形成的过程中,在多倍体背景下具有强势 45S rDNA 基因的物种的染色体组,可能会对较为弱势的物种的 45S rDNA 基因的表达起到抑制作用,导致非随体染色体 45S rDNA 拷贝数减少,或者直接通过染色体结构变异如缺失、易位等行为将原始物种染色体随体丢失掉,从而成为端 NOR 染色体。Scoles 等<sup>[25]</sup>通过对小麦属中几个种的研究,认为 5S rDNA 结构的变化可以由转录间隔区的重复和缺失来解释。Hanson 等<sup>[26]</sup>认为 rRNA 基因位点的增加是由于 rRNA 基因从有 rRNA 基因位点的染色体易位到了没有 rRNA 基因位点的染色体上。Badaeva 等<sup>[27]</sup>认为可移动的遗传元素可能促使了 rDNA 位点的跳跃而产生新的 rDNA 位点。Jiang 等<sup>[9]</sup>利用原位杂交技术在普通小麦

Wichita 的 3DS 上检测到 1 个新的 45S rDNA 位点,这个位点可能来自于其他染色体,通过对 Wichita 系谱各品系的原位杂交分析,可以提供关于该位点来源的更多信息。本研究中,在普通小麦-簇毛麦 6V 代换系 K0736 染色体 3DS 上也检测到 45S rDNA 位点,这与 Jiang 等在普通小麦 Wichita 的 3DS 上检测到的位点类似,同时在 2BL 上检测到 1 个新的位点;在第 5 连锁群的 5AS 上没有检测到 5S rDNA 位点,但在 3BS 上检测到 5S rDNA 位点,3BS 上 5S rDNA 位点在已往的研究中未见报道。综合以上研究结果,可以推断检测到新的 rRNA 基因位点或产生 rRNA 基因位点变异的因素,可能有以下几个方面:(1)物种或品种的特异性所决定的;(2)FISH 方法及检测灵敏度的差异;(3)物种或品种之间发生染色体结构变异,如易位、缺失等;(4)多倍体物种形成过程中,一些染色体上的 rRNA 基因低拷贝化;(5)遗传元素促使 rRNA 位点的移动。

### 参考文献

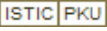
- [1] 李振声. 小麦远缘杂交与染色体工程[M]// 庄巧生, 王恒立. 小麦育种理论与实验进展. 北京: 科学普及出版社, 1987, 462-477
- [2] 陈佩度, 刘大钧. 普通小麦与簇毛麦杂种后代的细胞遗传学研究[J]. 南京农学院学报, 1982, 4: 1-16
- [3] 陈佩度, 周波, 齐莉莉, 等. 用分子原位杂交(GISH)鉴定小麦-簇毛麦双倍体、附加系、代换系和易位系[J]. 遗传学报, 1996, 22(5): 380-386
- [4] 郑殿升. 中国禾谷类作物野生近缘植物在育种中的应用[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(3): 354-358
- [5] Blanco A, Simeone R, Resta P. The addition of *Dasypyrum villosum* (L.) Candargy chromosomes to durum wheat (*Triticum durum* Desf.) [J]. Theor Appl Genet, 1987, 74: 328-333
- [6] Chen P D, Qi L L, Zhou B, et al. Development and molecular cytogenetic analysis of wheat-*Haynaldia villosa* 6VS/6AL translocation lines specifying resistance to powdery mildew [J]. Theor Appl Genet, 1995, 91: 1125-1128
- [7] Friebe B, Cermeno M C, Zeller F J. C-banding polymorphism and the analysis of nucleolar activity in *Dasypyrum villosum* (L.) Candargy, its added chromosomes to hexaploid wheat and the amphiploid *Triticum dicoccum-D. villosum* [J]. Theor Appl Genet, 1987, 73: 337-342
- [8] Yu M Q, Chen J, Deng G B, et al. Identification for *H. villosa* chromatin in wheat lines using genomic *in situ* hybridization, C-banding and gliadin electrophoresis techniques [J]. Euphytica, 2001, 121: 157-162
- [9] Jiang J, Gill B S. New 18S · 26S ribosomal RNA gene loci: chromosomal landmarks for the evolution of polyploidy wheats [J]. Chromosoma, 1994, 103: 179-185
- [10] Mukai Y, Endo T R, Gill B S. Physical mapping of the 5S rRNA multigene family in common wheat [J]. J Hered, 1990, 81: 290-295
- [11] Mukai Y, Endo T R, Gill B S. Physical mapping of the 18S · 26S rRNA multigene family in common wheat: Identification of a new locus [J]. Chromosoma, 1991, 100: 71-78

- 387-391
- [7] Wang F G, Zhao J R, Dai J R, et al. Selection and development of representative simple sequence repeat primers and multiplex SSR sets for high throughput automated genotyping in maize [J]. *Chin Sci Bull*, 2007, 52: 215-223
- [8] Menkir A, Kling J G, Badu-Apraku B, et al. Molecular marker-based genetic diversity assessment of *Striga*-resistant maize inbred lines [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 1145-1153
- [9] 李俊芳, 张雪原, 孙世贤, 等. 国家玉米主产区预试品种的 SSR 分析 I. 预试品种的真实性和一致性评价 [J]. *玉米科学*, 2006, 14(6): 38-42
- [10] 王风格, 赵久然, 王璐, 等. 适于玉米杂交种纯度鉴定的 SSR 核心引物的确定 [J]. *农业生物技术学报*, 2007, 15(6): 964-969
- [11] 张雪原, 赵攀峰, 王风格, 等. 玉米品种 SSR 分子标记与田间小区种植一致性鉴定结果的比较 [J]. *玉米科学*, 2009, 17(1): 40-45, 50
- [12] 郭景伦, 赵久然, 王风格, 等. 玉米杂交种纯度室内与田间鉴定结果比较研究 [J]. *种子世界*, 2004(7): 22-24
- [13] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 103(3): 455-461
- [14] 薛丹丹, 郭海林, 郑扶琦, 等. 结缕草属植物杂交后代杂种真实性鉴定—SRAP 分子标记 [J]. *草业学报*, 2009, 18(1): 72-79
- [15] 张建成, 王传堂, 焦冲, 等. SRAP 标记技术在花生种子纯度鉴定中的应用 [J]. *中国农学通报*, 2005, 21(12): 35-39
- [16] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 107(2): 271-282
- [17] Budak H, Shearman R C, Parmaksiz I, et al. Comparative analysis of seeded and vegetative biotype buffalograsses based on phylogenetic relationship using ISSRs, SSRs, RAPDs and SRAPs [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 280-288
- [18] 陈丽静, 潘刚刚, 何晶, 等. 用 SRAP 分子标记鉴定玉米自交系的遗传多样性 [J]. *四川农业大学学报*, 2009, 27(2): 148-152
- [19] 姜树坤, 马慧, 刘君, 等. 利用 SRAP 标记分析玉米遗传多样性 [J]. *分子植物育种*, 2007, 5(3): 412-416
- [20] 赵新亮, 郭露光. 利用 SRAP 分子标记划分玉米自交系类群初探 [J]. *西北农业学报*, 2007, 16(3): 77-81
- [21] Saghai-Marof M A, Biyashey R M, Yang G P. Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics [J]. *Proc Nat Acad Sci USA*, 1984, 81: 8014-8018
- [22] 王日新, 盖树鹏, 夏连胜, 等. 玉米自交系亲缘关系的 SSR 分析 [J]. *中国农学通报*, 2008, 24(5): 100-104
- [23] 黄进勇. 山东省主栽玉米杂交种的 SSR 和 SRAP 分析 [D]. 青岛: 青岛农业大学, 2009
- [24] 盖树鹏, 盖伟玲, 王日新. 6 个玉米杂交种种子纯度的 SSR 鉴定. *种子*, 2010, 29(7): 44-47
- [25] Tessier C, David J, This P, et al. Optimization of the choice of molecular markers for varietal identification in *Vitis vinifera* L. [J]. *Theor Appl Genet*, 1999, 98: 171-177
- [26] Jones E S, Sullivan H, Bhatramakki D, et al. A comparison of simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism marker technologies for the genotypic analysis of maize (*Zea mays* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 361-371
- ~~~~~
- (上接第 467 页)
- [12] Reddy P, Appels R. A second locus for the 5S multigene family in *Secale L.*: sequence divergence in two lineages of the family [J]. *Genome*, 1989, 32(3): 456-467
- [13] Gradzielewska A. The genus *Dasyprum*-part 2. *Dasyprum villosum*-a wild species used in wheat improvement [J]. *Euphytica*, 2006, 152: 441-454
- [14] 裴自友, 袁文业, 孙善澄, 等. 簇毛麦和中间偃麦草 rRNA 基因位点双色荧光原位杂交分析 [J]. *华北农学报*, 2002, 17(1): 6-10
- [15] 廖进秋, 杨瑞武, 周永红, 等. 波兰小麦和矮兰麦 45S rDNA 和 5S rDNA 基因位点 FISH 分析 [J]. *遗传*, 2007, 29(4): 449-454
- [16] 徐川梅, 别同德, 王春梅, 等. 45S rDNA 在小麦及其近缘物种染色体上的分布 [J]. *遗传*, 2007, 29(9): 1126-1130
- [17] 赵丽娟, 李立家, 覃瑞, 等. 大麦 45S 和 5S rDNA 定位及 5S rDNA 伸展纤维的 FISH 分析 [J]. *武汉植物学研究*, 2005, 23(1): 15-19
- [18] Gerlach W L, Bedbrook J R. Cloning and characterization of ribosomal RNA genes from wheat and barley [J]. *Nucleic Acids Res*, 1979, 7: 1869-1885
- [19] Gerlach W L, Dyer T A. Sequence organization of the repeating units in the nucleus of wheat which contain 5S rRNA genes [J]. *Nucleic Acids Res*, 1980, 8: 4851-4865
- [20] Bedbrook J R, Jones J, O'Dell M, et al. A molecular description of telomeric heterochromatin in *Secale* species [J]. *Cell*, 1980, 19: 545-560
- [21] Rayburn A L, Gill B S. Isolation of a D-genome specific repeated DNA sequence from *Aegilops squarrosa* [J]. *Plant Mol Biol Rep*, 1986, 4: 102-109
- [22] Cheng Z, Presting C C, Buell C R, et al. High-resolution pachytene chromosome mapping of bacterial artificial chromosomes anchored by genetic markers reveals the centromere location and distribution of genetic recombination along chromosome 10 of rice [J]. *Genetics*, 2001, 157: 1749-1757
- [23] Dvořák J, Zhang H B, Kota R S, et al. Organization and evolution of the 5S ribosomal RNA gene family in wheat and related species [J]. *Genome*, 1989, 32: 1003-1016
- [24] Dubcovsky J, Dvořák J. Ribosomal RNA multigene loci: Nomads of the *Triticeae* genomes [J]. *Genetics*, 1995, 140: 1367-1377
- [25] Scoles G J, Gill B S, Xin Z Y, et al. Frequent duplication and deletion events in the 5S rRNA genes and the associated spacer regions in the *Triticeae* [J]. *Plant Syst Evol*, 1988, 160: 105-122
- [26] Hanson R E, Islam-Faridi M N, Percival E A, et al. Distribution of 5S and 18S-28S rDNA loci in a tetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L.) and its putative diploid ancestors [J]. *Chromosoma*, 1996, 105: 55-61
- [27] Badaeva E D, Friebe B, Gill B S. Genome differentiation in *Aegilops*. 2. Physical mapping of 5S and 18S-26S ribosomal RNA gene families in diploid species [J]. *Genome*, 1996, 39: 1150-1158

# 普通小麦-簇毛麦6V代换系45S rDNA和5S rDNA位点的FISH分析

作者: [杨学明](#), [姚金保](#), [马鸿翔](#), [陈佩度](#), [YANG Xue-ming](#), [YAO Jin-bao](#), [MA Hong-xiang](#), [CHEN Pei-du](#)

作者单位: [杨学明, YANG Xue-ming \(江苏省农业科学院农业生物技术研究所, 南京, 210014; 南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 南京, 210095\)](#), [姚金保, 马鸿翔, YAO Jin-bao, MA Hong-xiang \(江苏省农业科学院农业生物技术研究所, 南京, 210014\)](#), [陈佩度, CHEN Pei-du \(南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 南京, 210095\)](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) 

英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年, 卷(期): 2011, 12(3)

## 参考文献(27条)

- [Badaeva E D;Friebe B;Gill B S Genome differentiation in Ae-gilops. 2. Physical mapping of 5S and 18S-26S ribosomal RNA gene families in diploid species 1996](#)
- [Hanson R E;Islam-Faridi M N;Percival E A Distribution of 5S and 18S-28S rDNA loci in a tetraploid cotton\(Gossypium hisu-tum L.\)and its putative diploid ancestors 1996](#)
- [Stoles G J;Gill B S;Xin Z Y Frequent duplieafinn and deletion events in the 5S rBNA genes and the associated spacer regionsin theTriticeae 1988](#)
- [Dubcovsky J;Dvoir\(a\)k J Ribosomal RNA muhigene loci:Nomads of the Triticeae genomes 1995](#)
- [Dvor\(a\)k J;Zhang H B;Kota R S Organization and evolution of the 5S ribosomal RNA gene family in wheat and related species 1989](#)
- [Cheng Z;Presting G G;Buell C R High. resolution pachytene chromosome mapping of bacterial artificial chromosomes anchored by genetic markers reveals the centromere location and distribution of genetic recombination along chromosome 10 of rice 2001](#)
- [Bayhurn A L;Gilt B S Isolation of a D-genome specific repeated DNA sequence from Acgilops squarrosa 1986](#)
- [Bedbrook J R;Jones J;O' Dell M A molecular description of telomeric heterochromatin in Secale species 1980](#)
- [Gerlach W L;Dyer T A Sequence organization of the repeating units in the nucleus of wheat which contain 5S rRNA genes 1980](#)
- [Gerlach W L;Bedbrook J R Cloning and characterization of ribosomal RNA genes from wheat and barley 1979](#)
- [赵丽娟;李立家;覃瑞 大麦45S和5S rDNA定位及5s rDNA伸展纤维的FISH分析 2005\(01\)](#)
- [徐川梅;别同德;王春梅 45S rDNA在小麦及其近缘物种染色体上的分布 2007\(09\)](#)
- [廖进秋;杨瑞武;周永红 波兰小麦和矮兰麦45S rDNA和5S rDNA基因位点FISH分析 2007\(04\)](#)
- [裴自友;袁文业;孙善澄 簇毛麦和中间偃麦草rRNA基因位点双色荧光原位杂交分析 2002\(01\)](#)
- [Gradzielewska A The genus Dasyprum-part 2.Dasyprum villosum-a wild species used in wheat improvement 2006](#)
- [Reddy P;Appels R A second locus for the 5S muhigene family in Secale L. :sequence divergence in two lineages of the family 1989\(03\)](#)

17. Mukai Y;Endo T R;Gill B S Physical mapping of the 18 S ? 26S rRNA multigene family in common wheat:Identification of a new locus 1991
18. Mukai Y;Endo T R;Gill B S Physical mapping of the 5S rRNA multigene family in common wheat 1990
19. Jiang J;Gill B S New 18S @ 26S ribosomal RNA gene loci:chromosomal landmarks for the evolution of polyploidy wheats 1994
20. Yu M Q;Chen J;Deng G B Identification for H. villosa ehromatin in wheat lines using genomic in situ hybridization,C-banding and gliadin electrophoresis techniques 2001
21. Friebe B;Cermeno M C;Zeller F J C-banding polymorphism and the analysis of nucleolar activity in Dasypyrum villosum(L.) Can-dargy, its added chromosomes to hexaploid wheat and the amhip-loid Triticum dicoccum-D. viilosum 1987
22. Chen P D;Qi L L;Zhou B Development and molecular cytogenetic analysis of wheal-Haynaldia villosa 6VS/6AL translocation lines specifying resistance to powdery mildew 1995
23. Blanco A;Simeone R;Resta P The addition of Dasypyrum villosum(L.)Candargy chromosomes to durum wheat(Triticum durum Desf.) [外文期刊] 1987
24. 郑殿升 中国禾谷类作物野生近缘植物在育种中的应用 2005(03)
25. 陈佩度;周波;齐莉莉 用分子原位杂交(GISH)鉴定小麦-簇毛麦双倍体、附加系、代换系和易位系 1996(05)
26. 陈佩度;刘大钧 普通小麦与簇毛麦杂种后代的细胞遗传学研究 1982
27. 李振声 小麦远缘杂交与染色体工程 1987

本文链接: [http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical\\_zwyczyxb201103022.aspx](http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201103022.aspx)