

国家重大出版工程项目

 **WILEY**
Publishers Since 1807

植物基因组作图手册

遗传作图与物理作图

The Handbook of Plant Genome Mapping


Genetic and Physical Mapping

Khalid Meksem, Guenter Kahl 编著

康定明 华金平 主译

陈章良 主审



 中国农业大学出版社

国家重大出版工程项目

 **WILEY**
Publishers Since 1807

植物基因组作图手册

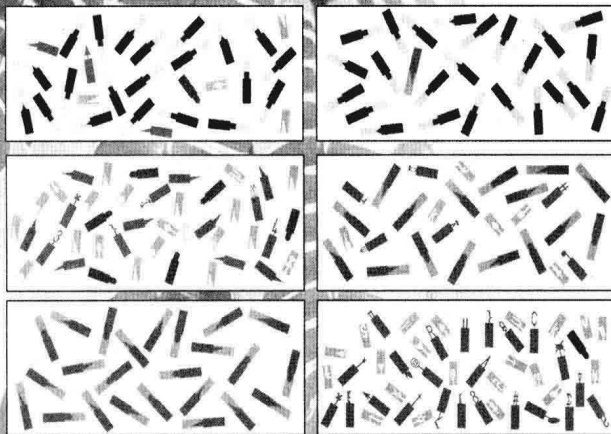
遗传作图与物理作图

The Handbook of Plant Genome Mapping

Genetic and Physical Mapping

Khalid Meksem, Guenter Kahl 编著

康定明 华金平 主译
陈章良 主审



 中国农业大学出版社

图书在版编目(CIP)数据

植物基因组作图手册:遗传作图与物理作图/(德)麦克锡等编著;康定明,华金平主译.北京:中国农业大学出版社,2010.2

书名原文:The Handbook of Plant Genome Mapping:Genetic and Physical Mapping
ISBN 978-7-81117-788-6

I. 植… II. ①麦…②康…③华… III. 植物-基因组-研究-手册 IV. Q943-62

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2009)第 099427 号

书 名 植物基因组作图手册:遗传作图与物理作图
作 者 Khalid Meksem, Guenter Kahl 编著
康定明 华金平 主译
陈章良 主审

策划编辑	宋俊果	责任编辑	冯雪梅
封面设计	郑 川	责任校对	陈 莹 王晓凤
出版发行	中国农业大学出版社	邮政编码	100193
社 址	北京市海淀区圆明园西路 2 号	读者服务部	010-62732336
电 话	发行部 010-62731190, 2620 编辑部 010-62732617, 2618	出 版 部	010-62733440
网 址	http://www.cau.edu.cn/caup	e-mail	cbsszs@cau.edu.cn
经 销	新华书店		
印 刷	涿州市星河印刷有限公司		
版 次	2010 年 2 月第 1 版 2010 年 2 月第 1 次印刷		
规 格	787×1 092 16 开本 23 印张 454 千字 彩插 6		
印 数	1~2 000		
定 价	98.00 元		

图书如有质量问题本社发行部负责调换

编者

Prof. Dr. Khalid Meksem

Dept. Plant, Soil, Agriculture
Southern Illinois University
Carbondale, IL 629
USA

Prof. Dr. Günter Kahl

Plant Molecular Biology
Biocentre and GenXPro
Johann Wolfgang Goethe University
Marie-Curie-Strasse 9
60439 Frankfurt am Main
Germany

封面说明:

封面从左向右展示了一个遗传图谱上的一个连锁群,是蓝色区域的放大图,分子标记(RFLP)即是沿着这个区域(用厘摩,cMs),两个相邻的RFLP标记S10620(红色)和S14162(绿色),在距离上相差1.0 cM。这两个RFLPs用放射性同位素做标记后,杂交于一系列固定于尼龙膜上的BAC克隆上,通常用来分离包含一序列的基因组DNA(例如两翼均被标记的基因),并用荧光原位杂交法(FISH)定位于染色体线上(右边)。这项技术是通过用来作目标序列探索的常规荧光原位杂交技术演变而来的。在传统方法中,两个BAC克隆分别被标记于不同的荧光染色体上,它们或者发出红光(S10620),或者发出黄光(S14162),染色体先是由分子梳产生的。详见第6章:植物染色体的物理作图。

尽管本书倾注了作者、编辑和出版商的大量心血,但还是不能保证没有错误。欢迎读者对书中的叙述、数据、插图、细节或其他内容提出宝贵意见。

Library of Congress Card No. : applied for

British Library Cataloguing-in-Publication

Data:

A catalogue record for this book is available from the British Library.

Bibliographic information published by Die Deutsche Bibliothek

Die Deutsche Bibliothek lists this publication in the Deutsche Nationalbibliografie; detailed bibliographic data is available in the Internet at <<http://dnb.ddb.de>>.

© 2005 WILEY-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim

All rights reserved (including those of translation into other languages). No part of this book may be reproduced in any form—by photoprinting, microfilm, or any other means—nor transmitted or translated into a machine language without written permission from the publishers. Registered names, trademarks, etc. used in this book, even when not specifically marked as such, are not to be considered unprotected by law.

Printed in the Federal Republic of Germany.
Printed on acid-free paper.

Typesetting hagedorn kommunikation, Viernheim

Printing Strauss Offsetdruck GmbH, Mörlenbach

Bookbinding Litges & Dopf Buchbinderei GmbH, Heppenheim

ISBN-13: 978-3-527-31116-3

ISBN-10: 3-527-31116-5

This translation published under license.

Originally published in the English Language by WILEY-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Boschstraße 12 D-69469 Weinheim, Federal Republic of Germany, under the title “Khalid Meksem, Guenter Kahl, The Handbook of Plant Genome Mapping: Genetic and Physical Mapping”. Copyright 2005 by WILEY-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA.

All rights reserved (including those of translation into other languages). No part of this book may be reproduced in any form by photoprinting, microfilm, or any other means—nor transmitted or translated into a machine language without written permission from the publishers. Registered names, trademarks, etc. used in this book, even when not specifically marked as such, are not to be considered unprotected by law.

本书的简体中文版翻译自德国 WILEY-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA 2005 年出版的英文图书 “The Handbook of Plant Genome Mapping: Genetic and Physical Mapping”，作者为 Khalid Meksem, Guenter Kahl。原始版权所有者 WILEY-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA (地址: Boschstraße 12 D-69469 Weinheim, Federal Republic of Germany) 授予中国农业大学出版社专有权利在全球出版发行简体中文版本。

版权所有。在没有版权所有者允许的情况下, 书中(包括翻译本)任何部分不得以任何形式被使用, 不得被转用或翻译成机器语言。书中使用的书名、商标, 甚至没标注的部分均受到法律保护。

著作权合同登记图字: 01-2006-2820。

作者列表

Bartoš, Jan
Laboratory of Molecular Cytogenetics
and Cytometry
Institute of Experimental Botany
Sokolovska 6
77200 Olomouc
Czech Republic

Doležel, Jaroslav
Laboratory of Molecular Cytogenetics
and Cytometry
Institute of Experimental Botany
Sokolovska 6
77200 Olomouc
Czech Republic

Gresshoff, Peter M.
ARC Centre of Excellence for
Integrative Legume Research
and School of Life Sciences
The University of Queensland,
St. Lucia
Brisbane Qld 4072
Australia

Hass-Jacobus, Barbara
Department of Agronomy
Agricultural Genomics
Lilly Hall of Life Sciences
915 W. State Street
Purdue University
West Lafayette, IN 47907-2054
USA

Ishihara, Hirofumi
Department of Plant, Soil and General
Agriculture
Agriculture Bldg. Room 176
Southern Illinois University at
Carbondale
Carbondale, IL 62901-4415
USA

Jackson, Scott A.
Department of Agronomy
Agricultural Genomics
Lilly Hall of Life Sciences
915 W. State Street
Purdue University
West Lafayette, IN 47907-2054
USA

Jesse, Tacco
Keygene N. V., Agro Business Park 90
P. O. Box 216
6700 AE Wageningen
The Netherlands

Kahl, Günter
Plant Molecular Biology, Biocenter and
GenXPro
University of Frankfurt am Main
Marie-Curie-Strasse 9
60439 Frankfurt am Main
Germany

Kubaláková, Marie
Laboratory of Molecular Cytogenetics
and Cytometry
Institute of Experimental Botany
Sokolovska 6
77200 Olomouc
Czech Republic

Lee, Mi-Kyung
Laboratory for Plant Genomics &
GENEfinder Genomic Resources
Department of Soil & Crop Sciences
and Institute for Plant Genomics &
Biotechnology
Texas A&M University
College Station, TX 77843-2123
USA

Macas, Jiří
Laboratory of Molecular Cytogenetics
Institute of Plant Molecular Biology
Branisovska 31
37005 České Budějovice
Czech Republic

Mast, Andrea
Third Wave Technologies
502 South Rosa Road
Madison, WI 53719-1256
USA

Meksem, Khalid
Department of Plant, Soil and General
Agriculture
Agriculture Bldg. Room 176
Southern Illinois University at
Carbondale
Carbondale, IL 62901-4415
USA

Nelson, James C.
Department of Plant Pathology
Kansas State University
Manhattan, KS 66506-5502
USA

Nelson, William
Arizona Genome Computational
Laboratory
Institute for Biomedical Science and
Biotechnology
303 Forbes Building,
University of Arizona
Tucson, AZ 85721
USA

Nguyen, Henry T.
Department of Agronomy,
Plant Sciences Unit
1-87 Agriculture Building
University of Missouri-Columbia
Columbia, MO 65211
USA

Peleman, Johan D.
KEYGENE GENETICS
P. O. Box 216
6700 AE Wageningen
The Netherlands

Peterson, Daniel
Mississippi Genome Exploration
Laboratory (MGEL)
Dept. of Plant and Soil Sciences
117 Dorman Hall, Box 9555
Mississippi State University
Mississippi State, MS 39762
USA

Ren, Chengwei
Laboratory for Plant Genomics &
GENEfinder Genomic Resources
Department of Soil & Crop Sciences and
Institute for Plant Genomics &
Biotechnology
Texas A&M University
College Station, TX 77843-2123
USA

Roupe van der Voort, Jeroen N. A.M.
 KEYGENE GENETICS
 P. O. Box 216
 6700 AE Wageningen
 The Netherlands

Santos, Teofila S.
 Laboratory for Plant Genomics &
 GENEfinder Genomic Resources
 Department of Soil & Crop Sciences
 and Institute for Plant Genomics &
 Biotechnology
 Texas A&M University
 College Station, TX 77843-2123
 USA

Schneider, Katharina
 Max-Planck-Institut für Züchtungs-
 forschung,
 Carl-von-Linne-Weg 10
 50829 Cologne
 Germany

Shen, Richard
 Illumina, Inc.
 9885 Towne Centre Drive
 San Diego, CA 92121-1975
 USA

Scheuring, Chantel
 Department of Soil and Crop Sciences
 and
 Institute for Plant Genomics and Bio-
 technology
 2123 TAMU
 Texas A&M University
 College Station, TX 77843-2123
 USA

Soderlund, Carol
 Arizona Genome Computational
 Laboratory
 Institute for Biomedical Science and
 Biotechnology
 303 Forbes Building
 University of Arizona
 Tucson, AZ 85721
 USA

Sørensen, Anker P.
 KEYGENE GENETICS
 P. O. Box 216
 6700 AE Wageningen
 The Netherlands

Sun, Shuku
 Laboratory for Plant Genomics &
 GENEfinder Genomic Resources
 Department of Soil & Crop Sciences
 and Institute for Plant Genomics &
 Biotechnology
 Texas A&M University
 College Station, TX 77843-2123
 USA

Tooke, Nigel
 Biotage AB
 Kungsgatan 76
 753 18 Uppsala
 Sweden

Town, Christopher D.
 The Institute for Genomic Research
 9712 Medical Center Drive
 Rockville, MD 20850
 USA

van den Boom, Dirk
 SEQUENOM, Inc.
 3595 John Hopkins Court
 San Diego, CA 92121
 USA

Wu, Chengcang
Laboratory for Plant Genomics &
GENEfinder Genomic Resources
Department of Soil & Crop Sciences
Crop Biotechnology Center
Texas A&M University
College Station, TX 77843-2123
USA

Wu, Xiaolei
Department of Agronomy,
Plant Sciences Unit
1-87 Agriculture Building
University of Missouri-Columbia
Columbia, MO 65211
USA

Xu, Zhanyou
Laboratory for Plant Genomics &
GENEfinder Genomic Resources
Department of Soil & Crop Sciences and
Institute for Plant Genomics &
Biotechnology
Texas A&M University
College Station, TX 77843-2123
USA

Zhang, Hong-Bin
Laboratory for Plant Genomics &
GENEfinder Genomic Resources
Department of Soil & Crop Sciences and
Institute for Plant Genomics & Biotech-
nology
Texas A&M University
College Station, TX 77843-2123
USA

译者序

《植物基因组作图手册》是《The Handbook of Plant Genome Mapping》英文版本的中译本,是一本对于控制生物性状遗传位点或者基因进行如何定位作图的手册性专著,阐述了基因定位中各类作图的方法和原理,尤其是对植物性状遗传控制位点的作图进行了举例与分析。全书共分14章,举例说明了基于各类型克隆作图的全基因组作图以及染色体作图,包括物理图谱与遗传图谱的联系与特点区分等。适合于生物学科方向的大学生、研究生,以及相关研究人员的阅读和查阅。

随着小鼠和人类,以及模式植物拟南芥、水稻、玉米等全基因组的序列完成,科学家已全面展开了基因功能的研究,而对生物的重要性状表型,通过不同类型作图,确定控制性状表型的遗传位点,对克隆控制性状表型的功能基因或遗传片段,进一步说明其性状表型发育的分子机制是至关重要的,同时也是分子标记辅助育种工作中的不可或缺的基础工作。因此,基因组的作图定位在后基因组时代,仍然起着十分重要的作用,尤其是对于农作物等基因组序列冗长的物种,某种程度上作图定位是基因克隆的必备环节。

目前,国际上专门论述基因定位作图的书籍还不多,在国内图书市场,基本没有见到,为此我们翻译了这本书。在翻译过程中,由于可供参阅和对照的有关中文正式出版物和公认确定的诸多学术名词的中文译名,我们还不掌握,只是应用了常见的中文文献,以及自身教学和学术场合交流应用的一些名词,我们深知这些中文译名也许并不准确和正确,不能得到大家公认,欢迎广大读者在读到此类问题时,来信给予批评指正。

另外,由于原著是若干作者共写,原著中有些图表和内容的对应上有个别不衔接,在翻译时,我们作了相应调整。再者,在原著的索引中,个别条款在对应原文时,也没有找到,对此我们做了适当删减。

该书的翻译过程中,得到中国农业大学出版社宋俊果、冯雪梅和高欣老师的大力支持与协助,在此表示衷心感谢。

译者

2010年1月于中国农业大学

序

人类已经将 150 种细菌、古细菌的基因组、两种植物的基因组,以及一系列无脊椎动物和脊椎动物基因组,包括人类基因组破译(尽管还不全面),400 多种其它生物的基因组测序正在进行。这本《植物基因组作图手册:遗传作图与物理作图》的出版显得晚了一些,实际上许多植物和动物有着不同密度的遗传图谱,这些图谱将有待逐渐完善。一些文章认为今后这个领域的研究工作不必再构建高密度图谱,而是应该提供更多用于图位克隆的基因信息。

其实,基因的遗传图谱与基因其他图谱是相互联系的,也就是说手边即使没有可用的遗传图谱,但只要有一系列多态性亲本,有足够的充分分离的后代,以及高分辨率的分子标记体系,强有力的计算机设备,包括足够的人力与财力,就可以很快、很容易地建立基因的遗传图谱。所以,今后遗传图谱将会相对容易并更加普遍地提供出来。

但是,对于全基因组的完整物理图谱,情况却大不相同。传统上物理图谱是在遗传图谱的基础上获得的,因此除非有其他方法,最实用的建立物理图谱的方法仍然需要手中建立有大量插入克隆的文库,并且最好有高密度的遗传图谱,无论是采用什么方法(因为 YAC 克隆具有嵌合现象和冗余性,BAC 克隆基本已代替了 YAC 克隆)构建的 DNA 克隆,只要用单个标记或者多个标记或者标记群能容易鉴定克隆的都是可以应用的方法。与制作遗传图谱比较,制作一个高分辨率的物理图谱仍然需要投入大量的人力、时间、知识和资金。正是因为这个原因,高分辨率的物理图谱只在原核生物上完成得较多,因为许多原核生物的染色体测序已经完成,可以通过将遗传图谱与染色体序列的直接比对,最终得到物理图谱。但是应用这种方法却只在较少的高等生物的物理图谱获得上得到应用。因为许多真核生物还没有这样完整的基因组序列(如完整的物理图谱)。除此之外,组装全基因组序列的技术也仍然必须依赖和利用遗传图谱和物理图谱。这种方法的例外是 HAP-PY 作图方法,因为应用这个巧妙的工具,可以直接而快速地得到物理图谱。所以,在最近一个阶段,对许多在这个领域进行研究的博士后来说,首先还是需要建立目标生物的遗传图谱,包括产生 BAC 文库和将成千上万个克隆物理比对到重叠群,至少是在目标区域。尽管这是一项单调乏味的工作,但是遗传作图标记仍然将在这个过程中占有重要的地位。

鉴于上述情况,我们邀请了国际知名的而且非常具有能力的植物研究专家,本着实事求是的科学态度,将其学识与智慧贡献给这本《植物基因组作图手册:遗传作图与物理作图》。展现在你面前的这本《植物基因组作图手册:遗传作图与物理

作图》是关于这个复杂内容研究方面的最完整的、最新的论文集,而且在这本书的书写和编辑工作中,作者们倾注了大量的心血。所有的作者都在竭尽全力地报告他们在此领域的最新成果和进展,并对所应用的方法进行详细的叙述,以力求展示这个领域未来的研究潜力。可以说这本手册反映了植物基因组遗传作图和物理作图研究方面的世界级水平。

最后,再次衷心感谢所有贡献者,感谢他们使这本书在不久的将来成为植物基因组作图方面的权威论著。

谨将此书献给已逝的 Jozef Stefaan Schell,
感谢他激励着我们去思考,做研究。

目 录

第一部分 遗传作图

1 作图群体及遗传作图原理	3
概述	3
摘要	3
1.1 引言	4
1.2 作图群体	6
1.2.1 适合自交植物的作图群体	6
1.2.1.1 F_2 群体	6
1.2.1.2 重组自交系	8
1.2.1.3 回交群体	9
1.2.1.4 渗入系:外源基因文库	10
1.2.1.5 双单倍体株系	10
1.2.2 杂交授粉作物的作图群体	11
1.2.3 用两步策略对突变体和 DNA 片段作图	11
1.2.4 具体染色体的作图工具	12
1.2.5 自然群体与育种池的作图	13
1.2.6 对在物理结构图谱上与 DNA 对应基因和突变体的作图	14
1.2.7 作图中的具体问题	15
1.3 讨论	17
致谢	17
参考文献	18
2 遗传作图的分子标记体系	21
摘要	21
2.1 引言	21
2.2 遗传作图中常用的 DNA 标记	22
2.2.1 RFLP	22
2.2.1.1 常规 RFLP 分析技术	23
2.2.1.2 PCR-RFLP	23
2.2.1.3 错配 PCR-RFLP	24

2.2.2	RAPD	25
2.2.3	SSR 标记	26
2.2.3.1	常规 SSR 分析	27
2.2.3.2	ISSR	31
2.2.3.3	STMP	32
2.2.4	AFLP	33
2.2.4.1	传统的 AFLP 分析	33
2.2.4.2	f-AFLP	36
2.2.4.3	cDNA-AFLP 和 HiCEP	36
2.2.4.4	TE-AFLP	38
2.2.4.5	MEGA-AFLP	39
2.2.4.6	MITE-AFLPs	41
2.2.4.7	AFLP 的转换	42
2.2.5	REMAP 与 IRAP	43
2.2.5.1	IRAP	44
2.2.5.2	REMAP	44
2.2.6	SRAP	45
2.3	讨论	46
	参考文献	47
3	遗传作图的方法及软件	49
	概述	49
	摘要	49
3.1	引言	49
3.1.1	植物遗传连锁作图的方法和工具	50
3.1.1.1	问题的阐述	50
3.1.2	位点分组	51
3.1.3	位点排序	51
3.1.4	多位点距离的估算	52
3.1.5	使用变异和混合杂交设计	53
3.1.5.1	远缘杂交物种	53
3.1.5.2	同源多倍体物种	53
3.1.5.3	组合数据	53
3.1.6	连锁作图软件的实用性、界面和特征	54
3.2	植物 QTL 作图的方法和工具	54
3.2.1	问题的阐述	54
3.2.2	单标记关联	55

3.2.2.1	数值性状	55
3.2.2.2	分类性状	56
3.2.3	间隔作图:简单法(SIM;Simple Interval Mapping)	56
3.2.3.1	ML 方法	56
3.2.3.2	最小平方(回归)和非参数法	57
3.2.4	间隔作图:复合法(CIM;Composite Interval Mapping)	58
3.2.5	显著性测试	59
3.2.6	间隔作图:多个 QTL 模型构建	59
3.2.6.1	逐步回归和穷尽搜索方法构建多个 QTL 位点的模型	59
3.2.6.2	马尔克夫链蒙特卡罗 MCMC 方法	60
3.2.6.3	遗传算法	60
3.2.7	多性状(MT;Multiple-trait)的 QTL 作图	61
3.2.8	多重杂交(MC;Multiple-cross)QTL 作图	61
3.2.9	计算最优化的方法	61
3.3	作图方法和工具的未来趋势	62
3.3.1	连锁和 QTL 作图的未来	62
3.3.2	植物作图软件所适用的软件工具	62
3.3.2.1	软件优良特性的标准	62
3.3.2.2	分析范围	63
3.3.2.3	学习与使用的方便性	63
3.3.2.4	易用性和扩展性	63
3.3.3	公共遗传作图软件的发展模式	64
	参考文献	65
4	单核苷酸多态性:检测技术和它们在基因型分类和基因组作图中的潜力 ..	70
4.1	引言	70
4.2	选择技术	74
4.2.1	SNP 分析 I:Invader 技术	74
4.2.1.1	引言	74
4.2.1.2	Cleavase 用作裂解的酶	74
4.2.1.3	寡核苷酸及其结构	75
4.2.1.4	探针循环和信号放大	75
4.2.1.5	DNA 模式	75
4.2.1.6	RNA 模式	76
4.2.1.7	可选择的检测模式	76
4.2.1.8	特异性	77
4.2.1.9	功能强大性	78

4.2.1.10	Invader 的应用	79
4.2.1.11	结论	79
4.2.2	SNP 分析 II: 焦磷酸测序法	79
4.2.2.1	引言	79
4.2.2.2	用焦磷酸测序技术作 SNP 基因型分析	80
4.2.2.3	等位基因频率的定量	81
4.2.2.4	单倍型分析	82
4.2.3	SNP 分析 III: 可规模化的高度复杂的 SNP 基因分析平台	84
4.2.3.1	引言	84
4.2.3.2	Illumina 基因型分析平台	84
4.2.3.3	基因型分析数据	87
4.2.3.4	结论	89
4.2.4	SNP 分析 IV: 用 MALDI-TOF MS 进行高通量 SNP 分析	89
4.2.4.1	引言	89
4.2.4.2	用 Massarray 平台进行 SNP 分析	90
4.3	总结和展望	96
	致谢	96
	参考文献	97
5	分子设计育种: 通过标记辅助选择开发遗传图谱和分子标记	100
	摘要	100
5.1	引言	100
5.2	标记辅助选择	101
5.2.1	遗传距离分析、品种鉴定以及种子纯度分析	102
5.2.2	间接选择	103
5.2.2.1	单基因性状	104
5.2.2.2	多基因(数量)性状	104
5.2.2.3	分子标记辅助回交	106
5.3	新品种的培育(标记辅助育种)	106
5.3.1	排除不利连锁	106
5.3.2	抗性基因的积累	107
5.3.3	多基因性状的分子标记辅助育种	107
5.3.4	新性状的引入	109
5.3.5	(外源)种质资源的有效利用	109
5.4	设计育种	110
5.4.1	对所有农艺相关性状的位点作图	110
5.4.2	对相关于农艺性状的位点上的等位基因的变异评价	113