

植物基因组比较作图研究进展

覃 瑞*, 宋发军, 宋运淳¹

(中南民族大学化学与生命科学学院国家民委生物技术重点实验室, 武汉 430074;

¹武汉大学生命科学院教育部发育生物学重点实验室, 武汉 430072)

摘 要: 基因组比较作图是基因组研究的重要内容。植物比较作图研究表明, 在长期的进化过程中, 基因的组成表现出高度的保守性。随着植物遗传图谱和物理图谱的迅速发展, 为植物比较作图奠定了重要的基础。现就植物基因组遗传图和物理图以及比较作图的最新研究进展作一介绍。

关键词: 遗传图谱; 物理图谱; 比较作图

中图分类号: S511 **文献标识码:** A **文章编号:** 0253-9977(2004)02-157-05

比较作图就是利用共同的遗传标记(主要是分子标记、基因的 cDNA 克隆以及基因组克隆)对相关物种进行物理或遗传作图, 比较这些标记在不同物种基因组中的分布情况, 揭示染色体或染色体片段上的同线性(syteny)或共线性(collinearity), 从而对不同物种的基因组结构及基因组进化历程进行精确分析^[1]。基因组比较作图的研究, 不仅揭示了同属甚至同科物种基因组间的同源性和差异性, 对不同物种在起源、演化过程中的变化的研究具有巨大的启示作用, 而且结束了过去植物基因组研究主要由各物种的经济价值而确定的、局限于各个物种的分散研究系统, 使得不同领域的研究工作得以有机地互相补充, 建立跨越物种的大遗传系统^[1,2]。因此, 比较作图已成为近年来植物基因组学研究的重要内容。

比较作图的分子基础是物种间 DNA 序列尤其是编码序列的保守性。水稻^[3]、玉米^[4]等一些重要的植物的遗传图谱和物理图谱日益趋向高分辨率、高精度度等方面的迅速发展, 为植物比较作图奠定了重要的基础。

1 遗传图谱和物理图谱

1.1 遗传图谱

遗传图谱(genetic map)是应用杂交育种以及家系分析等遗传学方法构建的能显示基因以及其它序列特征在基因组上位置的图, 构建基础是染色体的交换和重组, 遗传图距通过重组率进行描述, 其单位以厘摩(centi-Morgan, cM)表示, 1 个遗传图距即 1 个 cM, 大小为 1% 的重组率。遗传图谱的构建一般采用形态标记、细胞学标记、生化标记和 DNA 分子标记等 4 种遗传标记。上世纪 80 年代以前主要

采用前三种遗传标记, 所构建的遗传图谱也称经典遗传图谱。由于这三种标记都是以基因表达的结果为基础, 是对基因的间接反映, 从而存在标记数量小、特殊遗传材料培育困难等问题, 除玉米少数作物外, 大多数作物并没有一个完全的遗传连锁图^[2]。进入上世纪 80 年代后, DNA 分子标记等分子标记得以广泛应用, 这是由于基因虽然是非常有用的标记, 但可用作标记的基因非常有限, 而且高等真核生物基因组中存在大量的基因隔离区, 纯粹用基因作为标记将在遗传图中留下大片的无标记区; 而 DNA 分子标记如 RFLP、RAPD、SSLP、SNP 具有数量丰富、遗传稳定、不受基因表达与否的限制、不受环境影响以及共显性的特点, 是在 DNA 水平上对遗传变异的直接反映, 从而促进遗传图谱的构建由经典遗传图谱时期发展到以 DNA 分子标记为主的遗传图谱时期, 促进了遗传图谱向高精度度和高分辨率迅速发展。此外, 分子生物学和基因克隆技术的发展, 使得大量基因和 cDNA 片段被克隆分离, 进一步为遗传图谱的构建提供了丰富的材料。以水稻遗传图发展为例, 自 1988 年 McCouch 等发展第一张水稻 RFLP 遗传图以来, 到 1996 年水稻遗传图 DNA 标记已增至 2300 个, 其中 1800 个为从愈伤组织、根以及茎尖中分离的 cDNA, 标记间平均间距达到 300kb。至 1998 年, Harushima 等发表了包含 2275 个分子标记的高密度 RFLP 连锁图, 这是水稻的第 5 张遗传图谱^[5]。日本基因组计划在

收稿日期: 2003-04-30; 修回日期: 2003-12-08

国家自然科学基金(批准号: 39870423)和湖北省自然科学基金(批准号: 2002AB113)资助项目

* 通讯作者, E-mail: qin_rui@hotmail.com

此基础上又发展了将近 1000 个新的 RFLP 标记, 于 2001 年 3 月在网上公布了包含 3267 个 RFLP 标记的高密度水稻分子标记连锁图(见 <http://rgp.DNA.affrc.go.jp>), 这是迄今为止最新的水稻分子标记连锁图。植物遗传图谱的高分辨率和高精确度进一步发展, 大大促进了植物物理图和基因组比较作图研究。

1.2 物理图谱

物理图(physical map)是采用分子生物学技术直接将 DNA 分子标记、基因或者克隆标定在基因组实际位置的图, 相对于遗传图而言, 这一位置是实际的、可测定的, 而不是相对的。

物理图有三个重要的用途。第一, 根据遗传学研究提供的信息, 可在物理图上把基因定位在一定的范围内, 通过对该范围内 DNA 片段的确定并结合图位克隆技术, 可达到分离基因的目的; 第二, 目前基因的物理图的 DNA 构成片段一般为 1~200kb (如水稻 BAC 克隆平均长度为 120kb), 有利于直接测序, 从而“拼接”整个基因组的序列, 为研究者在核苷酸水平上解开遗传之谜提供了可能^[6]; 第三, 利用如荧光原位杂交等技术通过对特定 DNA 序列特别是编码序列在染色体上的分布位置的研究, 对研究基因组进化、起源以及结构和功能方面具有重要的理论意义。

物理作图主要包括四种类型: (1) 限制性作图(restriction mapping)。利用限制性内切酶将染色体切成数片段, 再根据重叠序列把片段连接成染色体, 确定遗传标志之间的物理距离 [碱基对(bp)或千碱基(kb)或兆碱基(Mb)], 它可以将限制性酶切位点标定在 DNA 分子的一定位置上。(2) 依靠克隆的作图(clone-based mapping)。即根据克隆的 DNA 片段之间的重叠顺序构建重叠群(contig), 绘制重叠克隆的物理连锁图。近年来, 随着构建大片段基因文库技术, 如 YAC 和 BAC 载体的使用以及越来越多生物遗传图谱分辨率和精确度的提高, 使得利用重叠克隆群构建物理图成为可能^[7]。利用该技术 Wang 等^[8]用 1199 个 DNA 标记筛选出 5701 个 YAC, 构建了相应的重叠克隆群, 其物理图谱覆盖了水稻基因组的 50%。Harushima 等^[9]进一步构建的由 2275 个 YAC 克隆组成 213 个相互交叉重叠群的最新水稻物理图谱, 覆盖率提高到 65%。Rajyashri 等^[9]利用 RFLP 标记 RG214、RG32 还构建了抗稻瘰蚊 *Gm-2* 的 YAC 重叠克隆群。但是, 由于 YAC 存在较高的嵌合、重组、缺失现象(Chimerism), BAC 在基因组物理图构建中得到重视, 研究者相继构建了水稻^[10]、高粱^[11]、拟南芥菜^[12]等 BAC 文库。根据研究目的的

需要, 为了认识水稻染色体亚端粒区域的组织结构(生物的染色体亚端粒区域在物种进化过程中是高度活跃的), 王文明等构建了水稻第 6 染色体长臂亚端粒区的 BAC 重叠克隆群, 对其研究发现该区域存在大量的基因编码区^[13]。近年来, PCR 技术的引入, 给重叠克隆群的构建带来了巨大革新, 以 PCR 技术为基础发展的一系列技术如 STS、RAPD、AFLP 以及 Alu-PCR 等已被广泛应用于物理图的构建^[7]。2002 年 4 月, 在 *Science* 上发表的粳稻和籼稻基因组的草图序列主要就是在 STS 技术基础上完成的。(3) 荧光标记原位杂交(fluorescent in situ hybridization, FISH)作图。将荧光标记的探针与染色体杂交确定分子标记的所在位置, 作出探针分子的染色体物理图。染色体原位杂交技术(*in situ hybridization*, ISH)的兴起与发展推动了物理图谱的另一个研究方向即细胞遗传图的构建, 细胞遗传图能够直观地反映基因或 DNA 序列在染色体上的分布情况, 这对基因间的真实连锁关系和染色体结构的认识、染色体结构的改造、研究基因结构和功能的关系及基因工程育种、检查遗传图中基因次序与臂区划分的准确性都具有很重要的意义。运用该技术, 李立家通过分析玉米抗病基因及其它植物抗病基因在玉米染色体上的位置关系发现, 抗病基因集中分布于少数染色体相同臂上, 而且排列相对密集, 从而推测抗病基因集中排列的倾向很可能由于功能与结构的一致性所决定, 它们也许具有某种共同或相似的功能(李立家, 1998, 武汉大学博士论文)。由于 YAC、BAC 文库建立与相应功能基因物理图谱的构建, 大片段 YAC 与 BAC 克隆作为染色体原位杂交的探针, 使功能基因的染色体定位效率显著提高, 一些重要的功能基因如 *Xa-21*、*Pi-5(t)*、*Glh*、*RTSV*、*Gm-2*、*Bph3* 等也成功定位到水稻染色体上^[14~16]。利用 BAC-FISH, Cheng 等成功构建了高密度的水稻第 10 染色体粗线期物理图, 并确定了该染色体着丝粒的准确位置^[17]。(4) 顺序标签位点(sequence tagged site, STS)作图。通过 PCR 或分子杂交将基因组中单一的小片段 DNA 顺序定位在基因组的 DNA 区段中。这是目前最有效的物理作图技术, 能对大基因组作出快速的最详尽图谱的技术。

2 植物比较作图研究进展

植物比较作图(comparative mapping)最早是在双子叶植物茄科中番茄和马铃薯^[18]、番茄与土豆以及番茄和胡椒^[19]之间进行的。近年来, 随着单子叶植物禾本科作物分子图的迅速发展, 比较作图研究尤为引人注目, 并取得了很大进展。通过玉米和高

梁, 小麦、大麦和黑麦, 玉米、小麦和水稻, 小麦、水稻、玉米和小麦, 粟与水稻等的比较基因组研究^[20]表明, 尽管这些作物亲缘关系远近, 基因组大小、染色体数目各不相同, 但比较作图的结果却显示出它们的基因组存在高度的保守性, 染色体共线性片段和基因间的同源性广泛存在^[21]。

2.1 植物比较遗传作图

比较遗传作图是利用一个种的基因或者基因的部分片段或者遗传标记, 通过遗传学的方法在其他的物种中寻找其同源顺序及构建相应的遗传标记图。1995年, Nagamura 等用水稻 cDNA 标记延伸因子 eFF2 同源顺序 (elongation factor eFF2 homologue) 对大豆、高粱、拟南芥等 16 种植物进行杂交, 结果发现均存在同源性序列^[22]。Devos 等进一步研究还发现, 水稻中存在与许多拟南芥的同源基因^[23]。由于水稻基因组在禾本科植物中基因组最小, 仅为 400Mb, DNA 含量仅为 0.45pg (单倍体基因组), 是遗传研究中理想的模式植物, 已构建了高分辨率的遗传图^[3], 为其他植物的作图提供了丰富的探针。因此, 以水稻基因作为依据对包括禾本科植物在内的不同种的植物比较作图, 有助于种间分子、遗传和杂交育种所必须的信息的转译, 最终建立具有较为广泛联系和适应多种植物的遗传骨架^[20]。比较遗传作图还可以了解更多的各种植物中可供利用的遗传标记, 这对遗传研究较为滞后的植物来说尤其重要, 如 1994 年 Jena 等构建了栽培稻与药用野生稻的分子标记比较遗传图^[24], 用栽培稻的 RFLP 遗传标记建立了药用野生稻的 RFLP 遗传图, 这是根据不同物种间基因组的同线性原理进行的, 既有基因组成的依据, 又从分子进化角度体现了二者之间的亲缘关系, 可以说是植物比较作图的进步。在此原理基础上, Kennard 等也成功地构建出水稻与来源于北美洲的野生稻 *Zizania palustris* L 的 RFLP 的比较遗传图, 并且发现在野生稻与栽培稻之间不仅存在着高度保守性, 而且在栽培稻 11 条染色体 (第 12 染色体除外) 中还普遍存在着与 *Zizania palustris* L 具有共线性的标记^[25]。随着比较作图的研究不断深入, 植物的比较作图已经发展到对细胞器中的较小的基因组的分析。最近, Ishii 和 McCouch 对栽培稻、药用野生稻、澳洲野生稻、小粒野生稻、宽叶野生稻、马来野生稻、玉米、小麦、高粱、大麦、燕麦和蔗糖等 15 种禾本科作物的叶绿体基因组的微卫星 DNA 通过设定的引物扩增的结果也表明, 在禾本科的叶绿体基因组的微卫星 DNA 中也存在着微同线性^[26]。

2.2 植物比较物理作图

以上综述的比较图的报道都是比较遗传图, 虽然它们也能反映出不同物种在进化中所发生的易位、重复等遗传现象, 但并不能反映它们在染色体上的真实位置的变化。植物比较物理作图主要有两种方法, 一是对同源顺序的序列分析, 通过分析它们的相似性来研究不同物种分子系统进化过程和解读基因序列; 另一种是比较原位杂交定位, 这是由于不同物种的同线性片段在染色体上的真实位置、片段间在染色体上距离的远近、片段分布的染色体区域 (如近着丝粒、臂的中部或端部等)、非同线性片段与同线性片段如何穿插分布以及在细胞水平上种间核型的进化特点等, 只有通过染色体比较原位杂交定位才能直观地阐明, 所以比较原位杂交物理作图已成为植物比较作图中的一个越来越重要的研究领域。以早期的植物的比较原位杂交物理作图中的 rDNA 研究为例, 1994 年, Fukui 等用 17S-5.8S-25S 的 RNA 基因作为探针对栽培稻及 8 个野生稻种进行了比较物理定位, 结果发现不仅野生稻种中的 rDNA 位点数变异很大, 而且来源于不同区域的栽培稻的 rDNA 位点数也存在着一一定的变异^[27], Taketa 等通过对 9 个野生大麦的 5S 和 18S-25S rDNA 基因的染色体物理定位也发现了这种变异的存在, 他们因此推断由于环境选择的压力造成了 rDNA 位点在数量及染色体位置上的变化^[28]。目前, 功能基因的比较物理作图进展较为迅速, 1998 年, 李立家在玉米中对水稻、番茄、拟南芥的抗病基因 *Xa-21*, *Cf-9*、*Cf-2* 及 *RPS2* 进行了染色体定位, 发现在玉米基因组中均存在着与上述基因高度同源的序列 (李立家, 1998, 武汉大学博士论文); 鄢慧民等利用 BAC-FISH 对水稻 *Xa-21* 基因在栽培稻和玉米中进行的比较物理定位发现, 在栽培稻第 11 染色体长臂检出 1 个同源位点, 而在玉米中则第 1、3 和 8 染色体上检测到 3 个同源位点, 从而证明玉米基因组在进化中经历了序列加倍^[29]。与此同时, 任南等以水稻 DNA 作为探针, 对玉米进行基因组原位杂交还发现, 玉米 10 条染色体上广泛存在与水稻 DNA 同源区段, 玉米基因保守的或重要的部分与非保守部分的排列是相间的, 而且保守或重要的基因是集中分布而不是分散的, 推测这些集中分布的基因在功能上可能存在着某种相关性^[30]。在最近的研究中, 我们利用与水稻抗病基因 *Pi-5(t)*、*Gm-2*、*Gm-6* 连锁的 BAC 克隆在药用野生稻中进行了染色体定位, 供试的 BAC 克隆的杂交信号仅仅集中在药用野生稻一个特定位点。这意味着 BAC 克隆中包含的单或低拷贝序列在栽培稻、药用野生稻和玉米分歧的进化过程中仍旧连在一起, 是同线的^[31,32]。此外, 在对

抗病基因 *Xa-5* 在栽培稻与药用野生稻中 BAC-FISH 比较定位发现, 该基因同源顺序分别位于栽培稻和药用野生稻第 5 染色体短臂和长臂上, 根据这种反映在染色体核型上的变化, 我们推测在进化的过程中, 在药用野生稻可能发生了含着丝粒在内的倒位, 显然, 比较的 BAC-FISH 不只是单个标记的比较, 它可以提供种间多个不同单或低拷贝序列的分布位置同线性和进化变异的信息^[15]。

3 植物比较作图前景和意义

比较作图的研究意义在于: 一、根据不同种的基因组基因及其排列顺序的高度保守特点绘制而成的比较图, 可以研究和探明它们的进化线索。广泛的比较作图可为多个种所用, 建立它们之间的联系框架或系统。如 1995 年, Moore 等通过对来源于水稻 12 条染色体的 19 个片段在玉米、小麦、甘蔗、甜菜和高粱的相应连锁群上的定位研究, 最终构建出了禾本科原始祖先的染色体图^[33]。这对于重要禾本科作物的遗传育种具有重要的理论指导意义。二、解读基因组序列, 即通过同源性比较来推测未知基因的功能。目前, 在基因组研究中, 更系统化的研究方式莫过于获取生物体全部基因序列。由于“人类基因组计划”的实施, 一些生物基因组全序列已被获得, 基因组学已成为生命科学乃至生物产业的先遣学科, 基因组学一改传统“模型导向”的研究模式, 凸现其“数据导向”的特点^[34]。生物信息学(bioinformatics)在植物比较基因组研究中的引入就是很好的例子。如 Pellegrini 等的研究发现, 在长期的进化过程中, 具有相同或相关功能的蛋白质以某种特定的形式演化, 最后在形成的新的物种中, 蛋白质的功能要么保存下来, 要么丢失^[35]。由于这种进化上的系统性的演变特点, 通过对不同物种的蛋白质功能、氨基酸以及相应的核苷酸序列的比较研究可以推断未知蛋白质的功能, 从而对生物的遗传本质达到更深刻的了解, 这也是生物信息学的核心目标—即根据基因组的序列来推断和确定蛋白质的功能。三、促进基因作图。由于不同生物的同源基因的相似性, 大基因组的遗传信息可以通过研究较小的相关基因组而得到, 基因组小的植物物种有利于对直向的同源基因(orthologous gene)进行基于图谱的克隆。如小麦的基因组(17000Mb)比水稻基因组(400Mb)大的多, 而水稻和小麦基因组的比较作图揭示了许多相似性, 因此有可能首先在水稻基因组上定位与小麦对等的基因, 来分离小麦基因组中的相应基因。

综上所述, 比较作图除了提供最基本的遗传信

息, 还可以为基因功能的研究提供指导性的建议以及为分类学家提供准确的、分子水平的分类依据。比较作图已成为基因组分析中前景十分辉煌的重要研究领域, 对其深入研究将使遗传学的发展产生质的飞跃^[21]。在最近的植物细胞凋亡研究中, 来源于哺乳动物的原癌基因 *ras*^[36]、成视网膜细胞瘤 *rb* 基因^[37]、抑癌基因 *P⁵³*^[38] 等基因通过荧光原位杂交在玉米中也检测到了同源序列的存在。这些研究结果对比较作图无疑具有深远影响, 它预示着比较作图在跨越种和种、科与科甚至生物界与界之间的界限, 从一个更高、更为广泛的起点去研究生物基因组的一个新的领域的开始, 揭示了比较作图广阔的应用前景。

参 考 文 献

- [1] 沈立爽, 朱立煌. 植物的比较基因组研究和遗传系统. *生物工程进展*, 1995, 15: 23 - 28.
- [2] 胡会庆, 李子银. 分子标记在植物遗传研究中的应用进展. *生物工程进展*, 1997, 14(80): 32 - 34.
- [3] CAUSSE M A, FUTTON T M, CHO Y G, *et al.* Saturated molecular map of the rice genome based on an interspecific backcross population. *Genetics*, 1994, 138: 1251 - 1274.
- [4] COE E H. New genes-new mapped genes-new markers. *Maize Genet Crop Newsl*, 1996, 70: 99 - 109.
- [5] HARUSHIMA Y, YANO M, SHOMURA A, *et al.* A high-density rice genetic linkage map with 2275 markers using a single F₂ population. *Genetics*, 1998, 148: 474 - 479.
- [6] 中国科学院国家基因研究中心. 水稻基因组物理图的构建. *生命的化学*, 1997, 17(3): 1 - 2.
- [7] 曲雪萍, 王斌. 重叠克隆群的研究发展. *生物工程进展*, 1999, 19(3): 2 - 6.
- [8] WANG ZX, IDONUMA A, UMEHARA T. Physical mapping of rice chromosome 1 with Yeast artificial chromosomes (YACs). *DNA Res*, 1996, 3: 291 - 296.
- [9] RAJYASHRI K R, NAIR S, OHMIDO N, *et al.* Isolation and FISH mapping of Yeast Artificial Chromosomes (YACs) encompassing an allele of the *Gm-2* gene for gall midge resistance in rice. *Theor Appl Genet*, 1998, 97: 507 - 514.
- [10] YANG D C, PARCO A, NANDI S, *et al.* Construction of a bacterial artificial chromosome(BAC) library and identification of overlapping BAC clones with chromosome 4-specific RFLP markers in rice. *Theor Appl Genet*, 1997, 95(7): 1147 - 1154.
- [11] WOO S S, JIANG J, GILL B S, *et al.* Construction and characterization of bacterial artificial chromosome library of Sorghum bicolor. *Nucleic Acids Res*, 1994, 22(23): 4922 - 4931.
- [12] MOZO T, DEWAR K, DUNN P, *et al.* A complete BAC based physical map of the *Arabidopsis thaliana* genome. *Nat Genet*, 1999, 22: 271 - 275.
- [13] 王文明, 翟文学, 陈纯贤, 等. 水稻第六染色体长臂亚端粒区遗传图与物理图的整合. *遗传学报*, 2000, 27(5): 400 - 408.
- [14] JIANG J, GILL B S. Nonisotopic *in situ* hybridization and plant genome mapping: the first ten years. *Genome*, 1994, 37(5): 717 - 725.
- [15] 覃 瑞, 魏文辉, 宋运淳. BAC-FISH 在植物基因组研究

- 中的应用. *生物化学与生物物理进展*, 2000, **20**(1): 20 — 23.
- [16] YAN H M, QIN R, JIN W W, *et al.* Comparative Physical Mapping of *Bph3* with BAC-FISH in *Oryza officinalis* and *O.sativa*. *Acta Botanica Sinica*, 2002, **44**(5): 583 — 587.
- [17] CHENG Z K, PRESTING G G, BUELL C R, *et al.* High-resolution pachytene chromosome mapping of bacterial artificial chromosomes anchored by genetic markers reveals the centromere location and the distribution of genetic recombination along chromosome 10 of rice. *Genetics*, 2001, **157**: 1749 — 1757.
- [18] BONIERBALE M W, PLAISTED P L, TANKSLEY S D. RFLP maps based on a common set of clones reveal modes of chromosomal evolution in potato and tomato. *Genetics*, 1998, **120**: 1095 — 1103.
- [19] TANKSLEY S D, BERNATZKV R, LANITAN N L, *et al.* Conservation of gene repertoire but not gene order in pepper and tomato genome. *Genetics*, 1998, **132**: 1141 — 1161.
- [20] DEVOS K M, GALE M D. Genome relationships: the grass model in current research. *The Plant Cell*, 2000, **12**: 637 — 646.
- [21] KELLER B, FEUILLET C. Colinearity and gene density in grass genomes. *Trends in Plant Science*, 2000, 246 — 251.
- [22] NAKAMURA Y, TANAKA T, TAKIGUCHI, *et al.* Hybridization of rice DNA markers to other plant genomes. *Rice Genome*, 1995, **4**(2): 5 — 7.
- [23] DEVOS K M, BEALES J, NAGAMURA Y, *et al.* Arabidopsis-rice: will colinearity allow gene prediction across the eudicot-monocot divide? *Genome Research*, 1999, **9**: 825 — 829.
- [24] JENA K K, KHUSH G S, KOCHERL G. Comparative RFLP mapping of a wild rice, *Oryza officinalis*, and cultivated rice, *O. sativa*. *Genome*, 1994, **37**: 382 — 389.
- [25] KENNARD W, PHILLIPS R, PORTER R, *et al.* A comparative map of wild rice (*Zizania palustris* L. 2n=2x=30). *Theor Appl Genet*, 1999, **99**(5): 793 — 799.
- [26] ISHII T, MCCOUCH S R. Microsatellites and microsynteny in the chloroplast genomes of *Oryza* and eight other Gramineae species. *Theor Appl Genet*, 2000, **100**(8): 1257 — 1266.
- [27] FUKUI K, OHMIDON, KHUSH G S. Variability in 1-DNA loci in the genus *Oryza* detected through fluorescence in situ hybridization. *Theor Appl Genet*, 1994, **87**: 893 — 899.
- [28] TAKETA S, HARRISON G E, HESLOP-HARRISON J S. Comparative physical mapping of the 5S and 18s-25s 1-DNA in nine wild Hordeum Species and cgtotypes. *Theor Appl Genet*, 1999, **98**: 1 — 9.
- [29] 鄢慧民, 宋运淳, 李立家, 等. 水稻 *Xa21* 基因在水稻和玉米中的比较物理定位. *植物学报*, 1999, **41**(3): 249 — 253.
- [30] 任南, 宋运淳, 毕学知, 等. 玉米 *cyclinIII* 基因的染色体原位杂物理定位. *遗传*, 1997, **19**(6): 1 — 4.
- [31] QIN R, WEI W H, JIN W W, *et al.* Physical location of rice *Gm-6*, *Pi-5(t)* genes in *O.officinalis* with BAC-FISH. *Chinese Science Bulletin*, 2001, **46**(8): 2427 — 2430.
- [32] QIN R, WEI W H, NING S B, *et al.* The physical location of rice *Gm-2*, *Gm-6* *O.officinalis* with BAC-FISH based on comparative RFLP map of wild rice, *O.officinalis* and cultivated rice, *O.sativa*. *Agr Sci China*, 2002, **1**(1): 1 — 4.
- [33] MOORE G, DEVOS K M, WANG Z, *et al.* Grasses line up and form a circle. *Current Biology*, 1995, **5**(7): 737 — 739.
- [34] 杨焕明, 汪建, 刘斯奇, 等. 人类基因组计划与生命科学及生物产业. *遗传*, 2000, **4**: 273 — 276.
- [35] PELLEGRINI M, EDWARD W, MICHAEL J, *et al.* Assigning protein functions by comparative genome analysis: Protein phylogenetic profiles. *Biochemistry*, 1999, **96**(8): 4285 — 4288.
- [36] 杨 征, 蔡陈凌, 覃 瑞等. 原癌 *ras* 在玉米中同源序列的检出及其荧光原位杂交定位. *遗传学报*, 2000, **27**(4): 338 — 343.
- [37] 杨 征, 蔡陈凌, 刘立华, 等. 玉米中哺乳动物细胞调之相关基因 *rb* 同源序列的检出及其荧光原位杂交. *植物学报*, 1999, **41**(12): 1339 — 1341.
- [38] NING S B, SONG Y C, WANG L, *et al.* Detection of the sequences homologous to *P53* in maize and their chromosome localizations via hybridization in situ. *Developmental Reproductive Biology*, 1999, **8**(1): 55 — 67.

Progresses in Comparative Mapping of Plant Genomes

QIN Rui*, SONG Fa-Jun, SONG Yun-chun¹

(Key Laboratory of the State Ethnic Affairs Commission for Biological Technology, South-Central University for Nationalities, Wuhan 430074, China; ¹Key Laboratory of Ministry of Education for Plant Developmental Biology, Wuhan University, Wuhan 430072, China)

Abstract: Comparative mapping of genomes is one of important research fields in genome study. Comparative mapping of plant genomes has shown that the organization of genes remains highly conserved over long evolutionary periods. Construction of a plant genetic map and a physical map has provided the bases for comparative mapping of a plant. Here we introduced the progresses in comparative mapping of plant genomes.

Key words: genetic map; physical map; comparative map

Supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 39870423) and by the Natural Science Foundation of Hubei Province (Grant No. 2002AB113)

*Corresponding author, E-mail: qin_rui@hotmail.com