



中国科学院昆明分院
Kunming Branch Chinese Academy of Sciences



公告: 昆明分院拟提名申报2020年度云南省科学技术奖励项目 (版纳植物园) 相关信息公告 (../zytz/202007/t2020070...)

Q 请输入关键词

搜索

首页 (../..) > 科研进展 (../)

科研进展 (../)



昆明植物所在新基因研究方面取得新进展

昆明植物研究所 章成君 2022-06-16 小中大

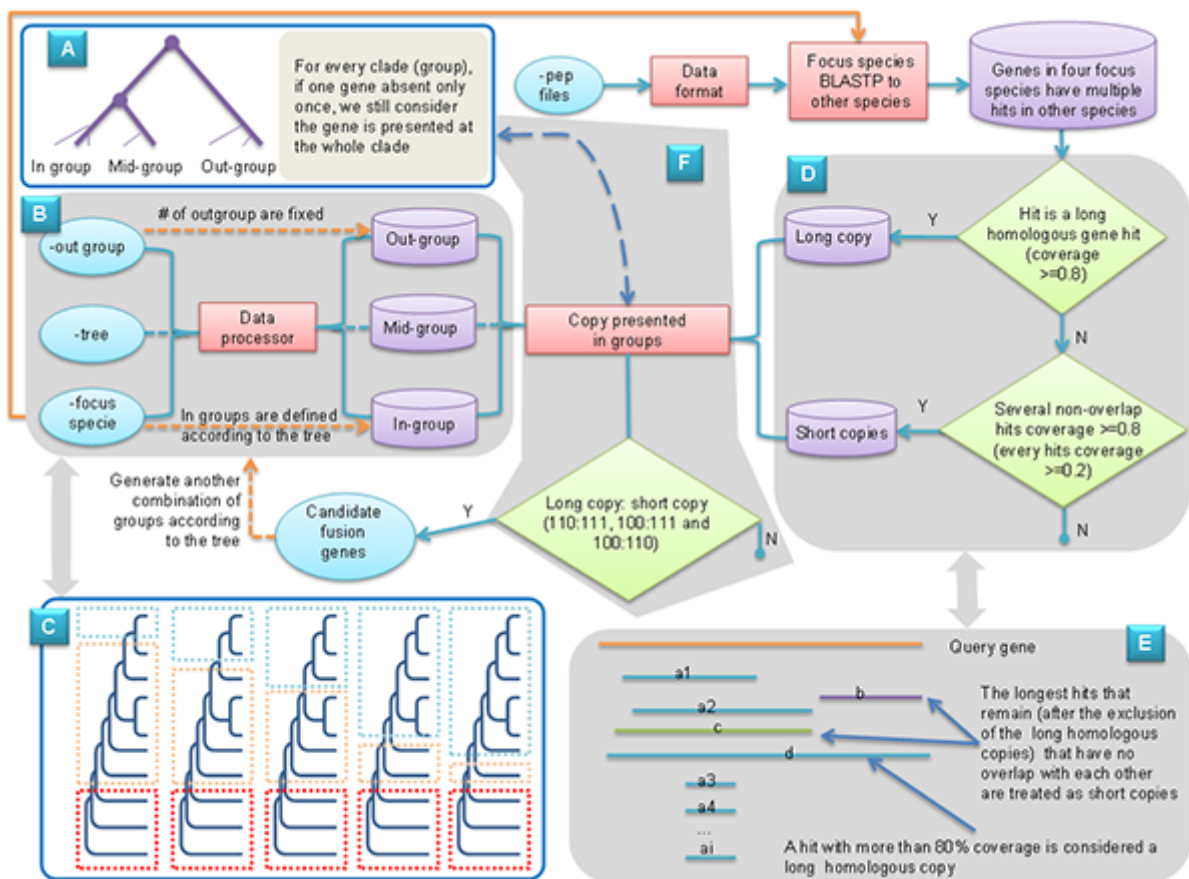
新基因是生物表型进化和物种形成的动力和源泉。由两个或两个以上基因形成的融合基因，不仅可以绕过漫长而又低效的位点突变带来的有害步骤，又可以通过序列重排而将远源相关或者不相关的功能结构域进行组合，极易产生新的结构特征和新的功能，从而助推物种的适应性演化。

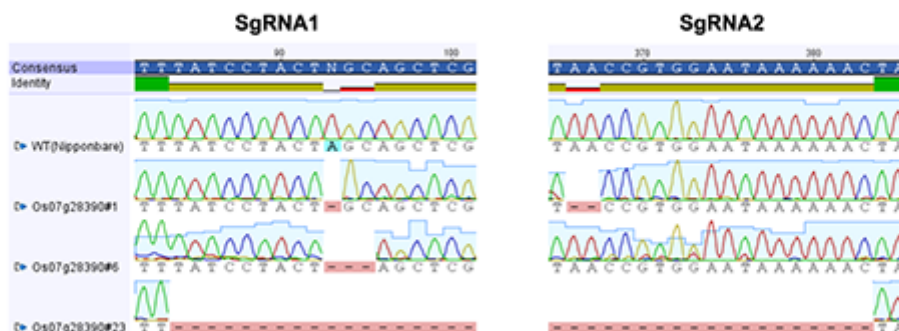
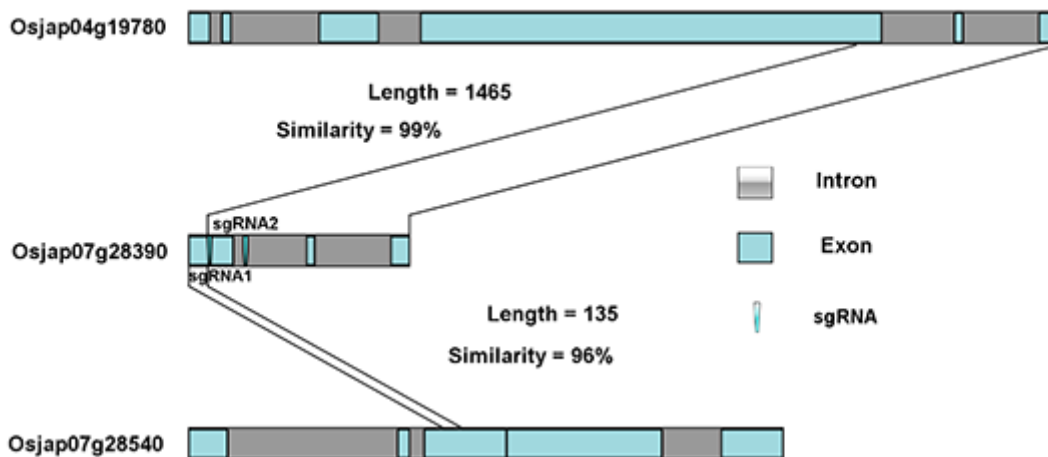
基于此，中国科学院昆明植物研究所章成君专题攻关组自主开发了基于系统发育框架的动态鉴定融合新基因流程GriffinDetector (<http://bioinfor.kib.ac.cn/?q=node/10>)。该研究利用稻属多个基因组数据，在最年轻的分支上选取了4个目标物种，共鉴定到310个融合基因，其中粳稻*Oryza Sativa* L. v.g.japonica、籼稻*O. Sativa* L. v.g.indica、非洲栽培稻*O. glaberrima*和短舌野生稻*O. barthii*分别含有80, 62, 67和43个种特异的基因。通过SNP calling分析，发现这些物种特异基因在群体中的固定频率分别为31.8%，15.4%，21.5%和93.3%，他们可能对于物种的适应性演化至关重要。进一步以粳稻为例分析发现约1/3的融合新

基因与其母基因有相似的表达模式，约1/3的融合新基因具有分化的新表达模式。CRISPR/Cas9 敲除实验表明无论表达模式分化与否，融合基因都能介导表型效应从而影响物种的适应性。该项研究结果，有望在大数据时代对融合基因的研究奠定方法和理论基础。

研究结果以Gene fusion as an important mechanism to generate new genes in the genus *Oryza*为题发表在国际生物学知名期刊Genome Biology上。中国科学院昆明植物研究所周艳丽博士为论文第一作者，章成君研究员、芝加哥大学龙漫远教授和阿卜杜拉国王科技大学Rod Wing教授为共同通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金（No. 31571311和No. 32000180）、美国国家科学基金会（NSF1026200和NSF1051826）和中国科学院青年促进会（No. 2021394）等项目经费的支持。

文章链接 (<https://doi.org/10.1186/s13059-022-02696-w>)





-----相关链接-----

-----院属机构-----

-----友情链接-----



中国科学院
CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

单位邮编: 650204 电话: 0871-65223106 传真: 0871-65223217

单位地址: 云南省昆明市茨坝青松路19号 电子邮件: office@mail.kmb.ac.cn

中国科学院昆明分院版权所有

滇ICP备05000233号 滇公网安备53010302001225号 网站标识码:bm48000015

