

昆明植物所破译稻属植物5个物种全基因组 揭示水稻基因组与基因的适应性进化机制

文章来源：昆明植物研究所

发布时间：2014-11-06

【字号：小 中 大】

亚洲栽培稻（一般称为水稻）是世界上最重要的粮食作物之一，是中国第一大粮食作物，养活了80%以上的中国人口。在水稻与其它约23个物种共同组成的稻属植物中，它和7个稻种（普通野生稻<*Oryza rufipogon*>、尼瓦拉野生稻<*Oryza nivara*>、非洲栽培稻<*Oryza glaberrima*>、短舌野生稻<*Oryza barthii*>、展颖野生稻<*Oryza glumaepatula*>、长雄蕊野生稻<*Oryza longistaminata*>和南方野生稻<*Oryza meridionalis*>）都是AA基因组类型，这些水稻近缘物种间断分布于亚洲、非洲、澳洲和南美洲的热带与亚热带地区。由于与水稻有着密切的亲缘关系，它们蕴藏着相当多人类尚未认识与利用的优异基因，迄今水稻常规育种取得的大多数突破几乎都与发掘利用这些AA基因组野生稻的优异基因相关。例如，袁隆平院士等利用海南岛的一株雄性不育普通野生稻（野败）中的细胞质雄性不育基因，育成了闻名中外的杂交水稻，掀起了第二次水稻的绿色革命。AA基因组物种中蕴藏优异基因资源的发掘利用对拓宽我国和世界水稻育种的遗传基础、确保稻米生产国的安全具有重大战略意义。

中国科学院昆明植物研究所高立志研究员带领的植物种质资源、基因组学与生物信息学研究团队，自2007年以来，通过基因组建库与测序关键实验技术的掌握和基因组序列拼接、注释与分析等生物信息学平台的构建，低成本、自主地完成了稻属植物AA-基因组5个物种（尼瓦拉野生稻<*Oryza nivara*>、非洲栽培稻<*Oryza glaberrima*>、短舌野生稻<*Oryza barthii*>、展颖野生稻<*Oryza glumaepatula*>和南方野生稻<*Oryza meridionalis*>）核基因组的测序和拼接，获得了高质量基因组参考序列。该项目测序工作主要利用该所国家大科学装置中国西南野生生物种质资源库购置、我国第一台安装使用的二代高通量测序仪Solexa GA II上完成，生物信息学分析则依托于中国科学院超算中心西南分中心的超算平台。

该研究团队在国际上首次构建了包括水稻的稻属植物AA基因组物种共6个近缘物种的比较与进化基因组学研究框架。在基因组水平上获得了近缘植物基因组与基因变异及进化的式样，以及物种形成遗传基础的崭新认识；鉴定得到了与这些稻属物种形态性状变异、开花发育多样化、生殖隔离形成密切关系的大量基因组结构变异，揭示了不同物种特有的基因家族扩张、丢失、重要功能基因缺失及其功能后果。此外，对稻属植物AA基因组物种6个近缘物种的比较分析，令人惊奇地发现具有相当高比例的重要功能基因受到了达尔文自然选择的影响，它们与水稻开花发育、繁殖、生物与非生物抗性等生物学过程密切相关，这些功能与进化上多样化的基因关乎稻属植物AA基因组物种在亚洲、非洲、澳洲和南美洲的物种形成过程中及后来的生境适应；解析了非编码RNA基因的数量变异、基因功能的不同富集程度与进化速率差异与这些稻种的表型变异、开花发育和生态适应（如干旱和磷匮乏等）相关；诠释了亚洲栽培稻及其野生祖先种与非洲栽培稻及其野生祖先种的在亚洲和非洲的不同适应性进化历史，揭示了亚洲栽培稻相对于其它近缘物种基因组与基因的变异与进化规律。

水稻粳稻（日本晴）基因组的精细图谱已经获得，随后我国科学家自主地完成了籼稻（9311）基因组框架图谱的测序。继上述稻属植物AA基因组5个物种高质量基因组参考序列的获得，目前该研究团队还完成了高度杂合的普通野生稻（*O. rufipogon*）和长雄蕊野生稻（*O. longistaminata*）基因组精细图谱的绘制。迄今为止，稻属植物AA基因组8个物种基因组图谱宣布全部完成。

上述成果为我国和世界水稻科学家高效地发掘与利用野生稻种质资源中丰富的功能变异基因提供了平台。在水稻及其近缘物种中鉴定得到的丰富基因组、蛋白基因与非编码RNA基因变异图谱、一大批诸如受达尔文自然选择的候选重要功能基因以及数以万计的遗传标记的获得，必将促进水稻重要功能基因的规模化解析，为有效地推动我国和世界水稻品种改良和新种质创制提供了机遇。此外，稻属植物8个近期快速形成与分化物种的比较、进化与功能基因组学研究体系的建立，将成为国际植物学界未来深入开展植物基因组与基因进化研究不可多得优秀模式与重要起

点，为诠释决定植物物种形成、生态适应的进化与功能基因组学基础起到了非常重要的作用。野生稻种质资源在我国和世界热带、亚热带地区濒危状况严重，亟待加强保护。毋庸置疑，事关现在并适应未来全球气候变化的水稻新品种改良的近亲野生稻全基因组计划的完成，对奠定我国和世界野生稻种质资源保护的科学基础、促进野生稻保护基因组学研究的开展具有重要意义。上述成果标志着国家大科学装置中国西南野生生物种质资源库基因组学、种质资源与生物信息学研究团队与平台建设取得重要进展，将对云南丰富的野生植物种质资源的研究、保护与发掘利用产生重要影响。

该成果于11月3日以*Rapid diversification of five Oryza AA genomes associated with rice adaptation* 为题在线发表于《美国科学院院刊》(Proc. Natl. Acad. Sci. USA)；该研究团队博士生张群洁、朱婷、夏恩华、施超、刘云龙、张响和刘源为并列第一作者。研究项目的完成得到了云南省高端科技人才引进计划、云南省百名海外高层次人才引进计划、云南省自然科学基金重点项目和中国科学院“百人计划”海外杰出人才择优支持等项目的支持。

[文章链接](#)

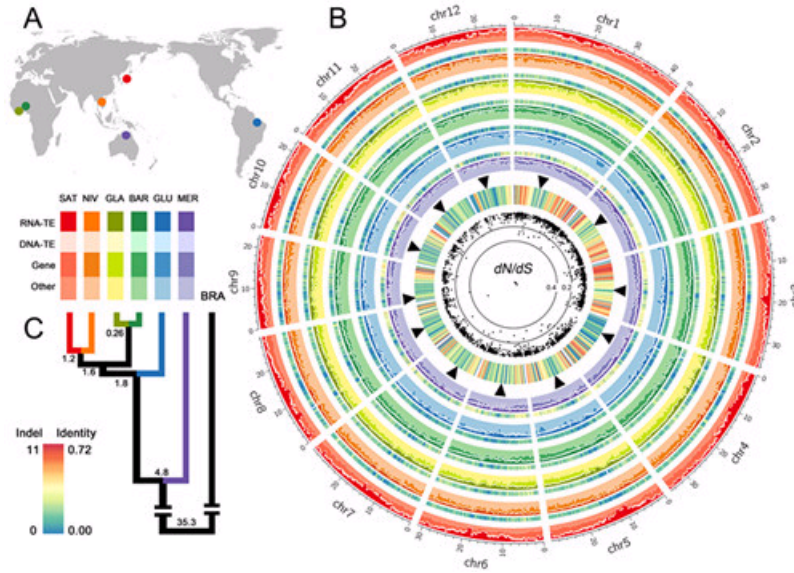


图1 稻属植物AA-基因组六个物种的比较基因组学

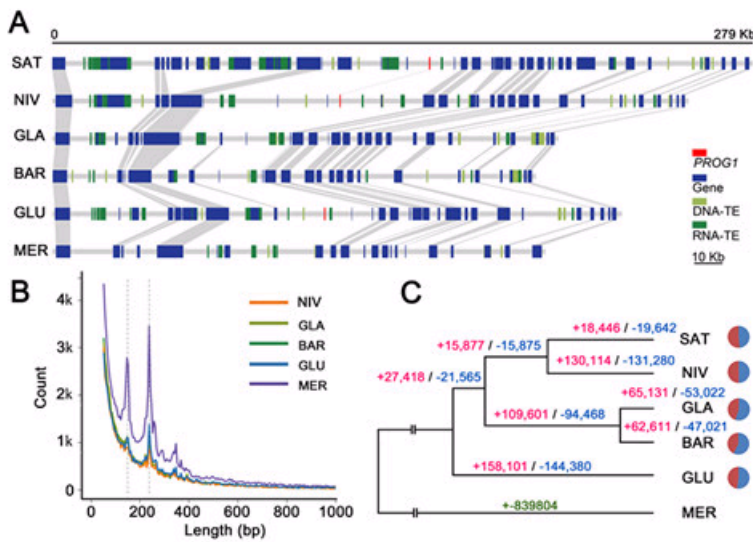


图2 稻属植物 AA 基因组的快速进化

图3 稻属植物AA-基因组物种基因家族的进化

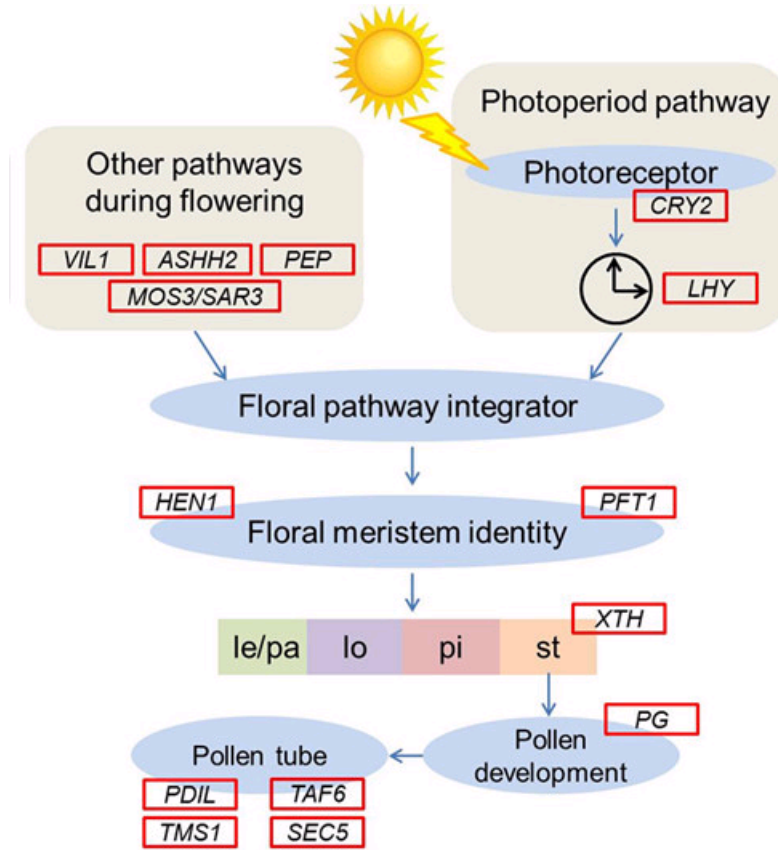


图4 水稻花发育生物学过程中受达尔文自然选择的基因

打印本页

关闭本页