



## 昆明动物所等在水稻表观遗传学研究中取得进展

文章来源: 昆明动物研究所

发布时间: 2012-09-24

【字号: 小 中 大】

作为一种重要的表观遗传学机制, DNA甲基化在动植物生长发育过程中发挥重要的生物学功能。为了深入了解水稻甲基化的格局, 评估其生物学意义, 中国科学院昆明动物研究所遗传资源与进化国家重点实验室马普进化基因组学青年科学家小组与云南省农业科学院、深圳华大基因研究院、中国科学院植物研究所以及上海肿瘤研究所等合作, 构建了水稻及其野生近缘种的单碱基分辨率的DNA甲基化图谱。

研究结果显示, 水稻基因组的甲基化水平是拟南芥的四倍。与拟南芥甲基化格局相一致的是, 启动子区的甲基化抑制基因的表达, 而基因内部甲基化通常与基因表达水平呈正相关。有趣的是, 研究人员发现, 甲基化在基因转录终止区(TTRS)可以显著抑制基因的表达, 而且效果甚至强于启动子甲基化。通过综合分析栽培稻与野生稻的基因组、甲基化组和转录组的差异, 研究发现, 全基因组水平的DNA序列差异是甲基化格局差异的主要决定因素, 而DNA甲基化差异仅可以解释栽培稻与野生稻之间有限的基因表达差异。此外, 研究人员还鉴定到了一批栽培稻与野生稻甲基化差异的基因。

该项研究获得的水稻单碱基分辨率甲基化谱, 不仅加深了我们对植物基因组DNA甲基化机制和功能的理解, 同时也为今后的水稻表观遗传学研究提供了宝贵的数据。

相关论文发表在*BMC Genomics* (2012, 13: 300)上。该研究工作得到了973计划和云南省项目的支持。

[论文链接](#)

打印本页

关闭本页