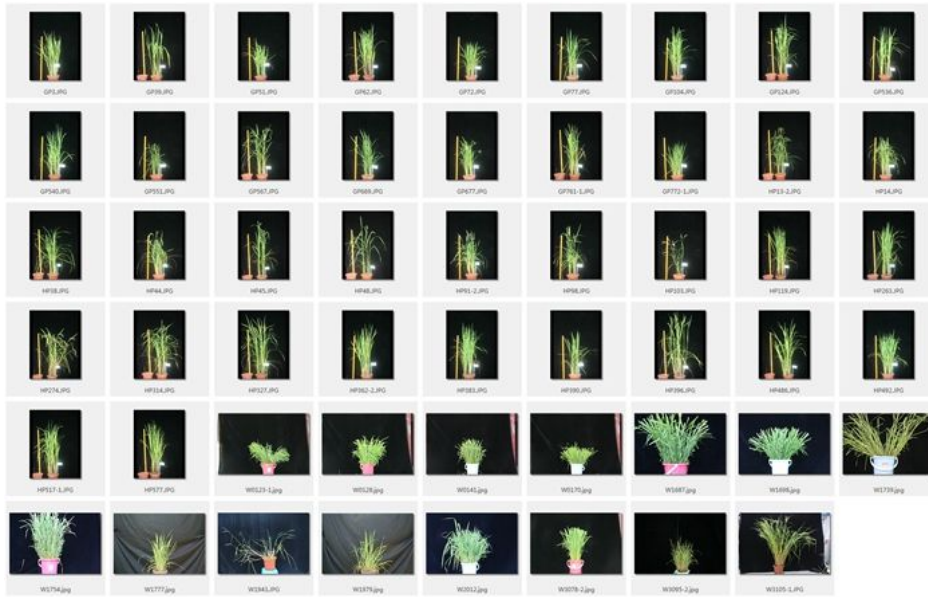




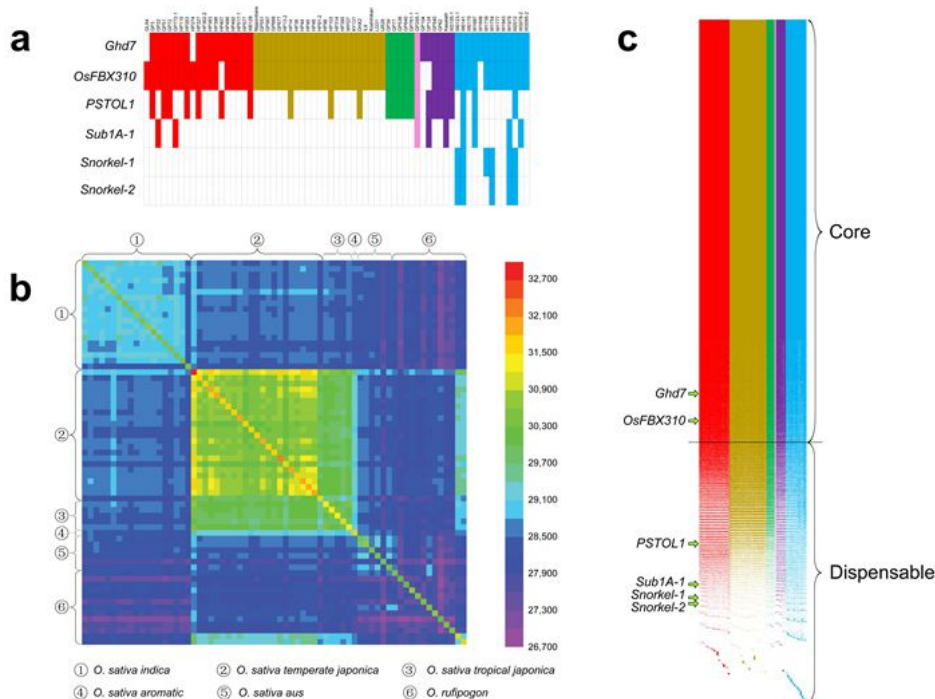
我校学者在水稻遗传学研究方面取得重要进展

发布者：新闻中心 发布时间：2018-01-16 浏览次数：171

1月16日,《自然-遗传学》杂志在线发表了我校生命与环境科学学院黄学辉教授团队与中科院上海植物生理生态研究所、中国水稻研究所等单位合作的题为“Pan-genom analysis highlights the extent of genomic variation in cultivated and wild rice”(泛基因组分析揭示栽培稻和野生稻中基因组变异)的学术论文。该研究首次绘制了栽培野生稻的泛基因组图谱,系统鉴定了涵盖各类群水稻的编码基因集,其中很多新鉴定出的基因在各类群水稻中呈现出丰富的“存在-缺失”变异,研究成果以长文形式发表。



水稻是我国重要的粮食农作物。亚洲栽培稻及其祖先种普通野生稻存在多种类群,分布广泛,可以适应多样的生态环境和农艺条件。水稻丰富的遗传多样性在驯化和育种中都发挥了重要的作用,并将成为应对粮食需求增长和环境变化进行品种改良的关键资源。在之前的研究中,基因组的遗传变异鉴定大多依赖于序列相似性来将短序列直接配到水稻参考基因组上,导致了基因组中高度多态性区域的信息丢失。同时,由于水稻丰富的遗传多样性,参考基因组“粳稻日本晴”不能涵盖栽培稻和普通野生稻中所有的功能基因;比如,之前的水稻遗传学研究中发现的耐水淹基因、磷高效基因等在“日本晴”等水稻品种中完全缺失。




为此,研究团队选取了66个来自不同水稻类群的栽培稻品种和野生稻株系,对它们进行深度测序、从头序列组装和基因注释分析,获得了水稻各类群材料的精细基因组图谱,系统鉴定了水稻基因组中各类复杂的遗传变异,发现很多功能基因存在有多种等位基因类型。此外,该研究系统鉴定到栽培稻和普通野生稻中几乎饱和的编码基因集及其在不同品

中的“存在-缺失”变异；其中新鉴定的很多编码基因存在有转录产物和蛋白质功能结构域，暗示可能存在一定的生物学功能。该研究成果将有助于精确发掘复杂农艺性状的关键位点，有力推动水稻的功能基因组学研究；此外，该研究将有助于育种家充分利用各类群水稻中丰富的遗传变异，为进一步提升我国水稻的产量潜力、抗逆特点等提供了重要基础信息。

该项研究由中科院上海植物生理生态研究所韩斌研究组、上海师范大学黄学辉研究组及中国水稻研究所魏兴华研究组合作完成，论文通讯作者为黄学辉教授。该研究得到了国家自然科学基金委重大研究计划、科技部国家重点研发计划及中国科学院战略性先导科技专项等项目资助。

据悉，《自然-遗传学》是《自然》系列杂志之一，发表国际遗传学研究中的最新发现和重大成果，最新影响因子为27.959。

论文链接：<https://www.nature.com/articles/s41588-018-0041-z>

附：黄学辉教授简介.pdf

(供稿、图片：生环学)