

## 油料所领衔揭示作物多倍体基因组不对称进化规律

文章来源：中国农业科学院油料作物研究所

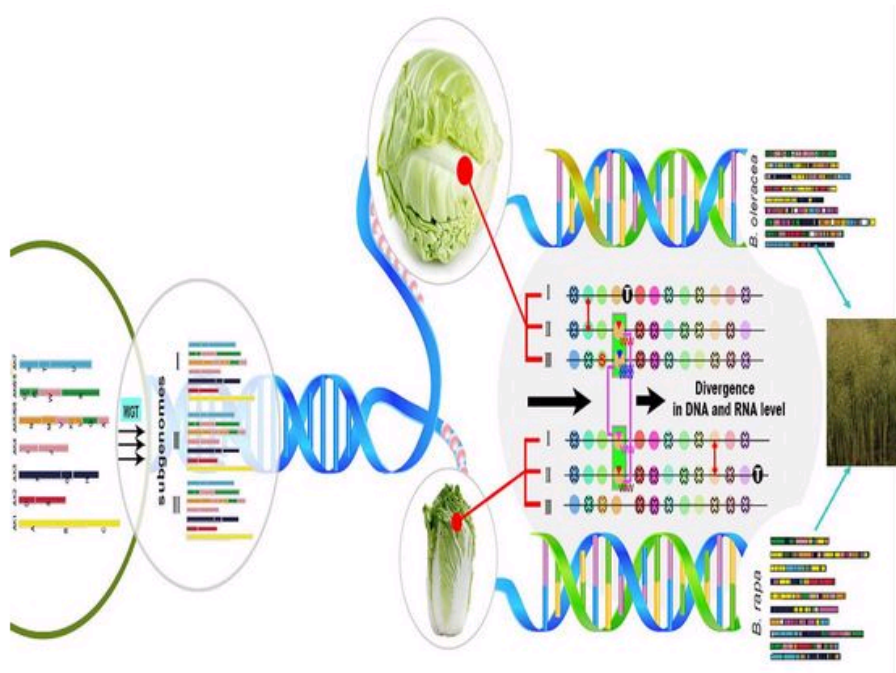
作者：

点击数：次

发布时间：2014-05-26

【字体：大 中 小】

近日，从中国农业科学院油料作物研究所获悉，由我国科学家领衔的白菜、甘蓝和油菜全基因组测序项目再次取得阶段性重大成果，项目组完成了甘蓝基因组测序和分析，并在此基础上与其它近缘种植物基因组比较，发现了作物种间和种内基因组呈现多层次的不对称的进化规律。该研究于5月23日在线发表在国际权威学术期刊《Nature Communications》上。



据悉，我国主要油料作物油菜（基因组命名为AACC）、主要蔬菜作物白菜（基因组为AA）和甘蓝（基因组为CC）同属于芸薹属作物，而油菜是由白菜和甘蓝杂交后进化而来的。甘蓝和白菜共同祖先种的基因组含三份同源基因组（三倍化，称为亚基因组）。甘蓝基因组测序是白菜、甘蓝和油菜等芸薹属全基因组测序项目的一部分。

据甘蓝项目组技术负责人、油料所刘胜毅研究员介绍，甘蓝基因组至少包含45758个蛋白编码基因，与白菜基因组相似，其基因组的大部分能够与十字花科近缘模式植物拟南芥基因组建立共线性关系，进而为基因组进化研究提供了良好的模式材料。通过对这组模式材料的分析，科学家最终揭示出甘蓝和白菜基因组间存在转座子扩增的不对称性、串联重复基因扩增的不对称性、可变剪切数量的不对称性及共线性区外基因丢失率的不对称性，而在种内的亚基因组间存在基因丢失率差异以及亚基因组间同源基因的序列分化、表达分化、可变剪切分化等不对称性进化。这个规律的揭示对杂交育种具有重要的直接指导意义。

该项研究的另一个重要发现是，甘蓝基因组拥有合成更多更广抗癌类物质的基因基础。此前的研究已表明食用十字花科作物新鲜组织具有明显的抗癌效果，而甘蓝可能最有效。

油菜和甘蓝基因组测序和分析项目总负责人、油料所王汉中研究员介绍，芸薹属作物基因组学研究是一项基础性工作，其研究成果对有效指导和促进油菜等芸薹属作物的遗传改良具有重要意义，比如，能使今后的芸薹属作物基因转移变得有的放矢，使油菜的分子育种成为可能，尤其是克服油菜遗传基础狭窄等问题。

该项成果是在中国农科院油料所和蔬菜所、深圳华大基因研究院主导下，联合华中农业大学、湖南大学、西南大学、江

苏农科院、四川农科院、青海农科院等多所国内研究机构以及美、澳、加、英、法、韩等国的相关研究机构科研人员共同完成，这是继白菜基因组测序项目后的又一重大成果。（通讯员 余波）

#### 相关文章

- > [专家建议大力推广油菜秸秆菌核腐解技术](#)
- > [油料所参与完成花生全基因组测序](#)
- > [飞机喷药防治病害助推油菜生产全程机械化](#)
- > [油料所2个建设项目通过农业部验收](#)
- > [油料所7项研究成果入选农业部主导目录](#)

[网站地图](#) | [设为首页](#) | [加入收藏](#) | [联系我们](#)

主办：中国农业科学院 承办：中国农业科学院农业信息研究所 京ICP备05083737

