



热点

新闻

视野

学子

专题

请输入关键字

相关文章

当前位置：首页 热点 南农要闻

【前沿】张绍铃教授团队最新成果揭示植物多样性奥秘

构建世界首个植物重复基因数据库

2019-02-22 来源：梨工程技术研究中心 作者：谢智华 陈洁

分享到

图片新闻



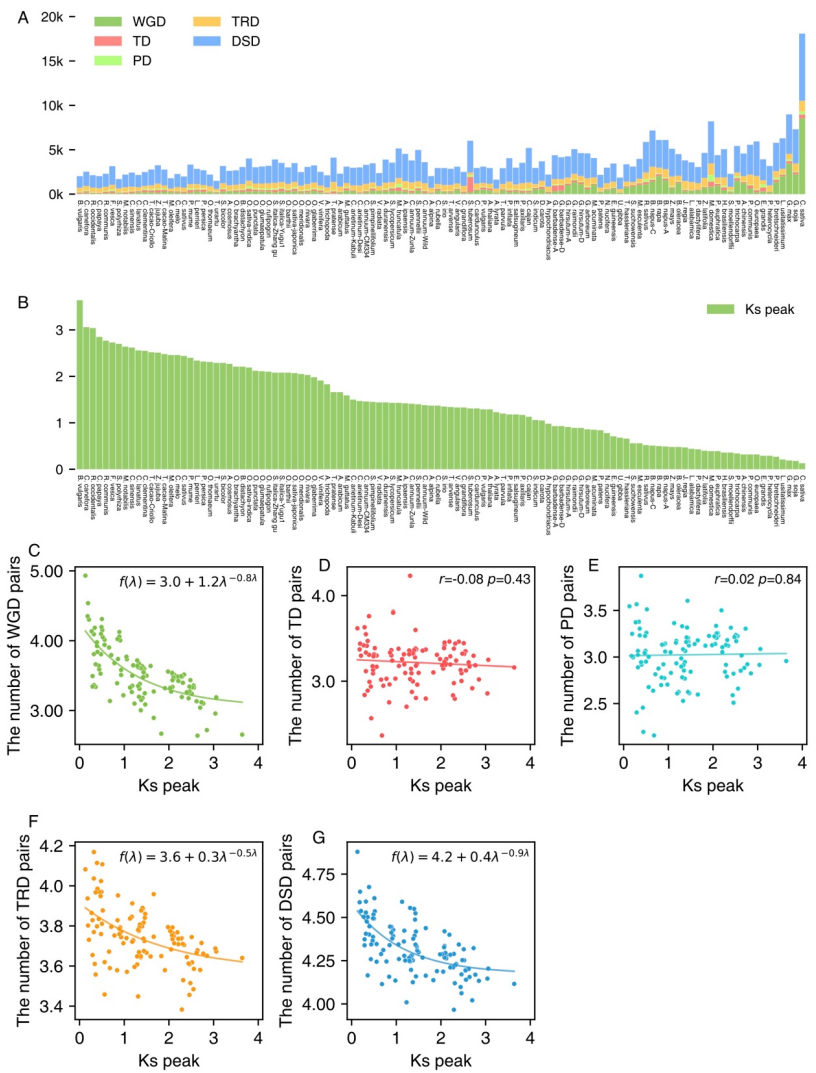
2018年“金秋南农”获奖作品赏

2月21日，南京农业大学园艺学院张绍铃教授团队在国际著名学术期刊Genome Biology (IF5year=16.5) 在线发表题为“Gene duplication and evolution in recurring polyploidization–diploidization cycles in plants” 的研究论文。该研究成果以南京农业大学为第一完成单位，园艺学院博士生乔鑫为论文第一作者，南京农业大学张绍铃教授和美国佐治亚大学Andrew H.Paterson教授为共同通讯作者。并得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金重点项目、美国国家科学基金等项目的资助。该研究系统鉴定了梨等141种植物基因组中不同类型重复基因，构建了世界首个植物重复基因数据库，揭示了重复基因进化的普遍规律。

植物在千百年的进化中，怎样变得越来越多姿多彩？一个重要因素，就是植物会复制自己基因，丰富自己的基因库数量。多了自己的“同胞胎”兄弟姐妹，基因在生物体中就“声势壮大了”，团结起来力量大，不仅能抵御外界复杂多变的环境，还能增加进化变异的机会，实现物种分化和多样性。

以往的研究发现，有的植物有复制自己基因的功能，即通过不同类型复制方式产生一个与原基因序列相同的新基因。基因复制产生的两个同源基因称为重复基因或“姊妹基因”。近年来，随着测序技术的不断升级和测序成本的大幅降低，越来越多的植物基因组被破译。目前已经完成全基因组测序的植物超过200种，包括单细胞绿藻，苔藓类植物，蕨类植物，裸子植物以及被子植物。然而，目前仍缺乏一个具有广泛适用性的鉴定不同种类植物重复基因的方法。

该团队前期系统鉴定梨基因组中重复基因的基础上，开发了一个具有普遍适用性的生物信息学方法（命名为DupGen_finder），用于鉴定植物界中不同种类植物基因组中的重复基因。深入分析141种植物基因组中重复基因含量随时间变化规律发现，基因串联复制和邻近复制在植物漫长的进化过程中始终保持较高的发生频率，为植物适应复杂多变的外界环境提供了源源不断的遗传变异材料。同时该研究还揭示，基因组加倍发生后的较短时间内，重复基因之间发生高频率的基因置换（geneconversion），随着时间的推移，重复基因之间会发生广泛的时空表达分化。最后，利用141种植物基因组中包含的所有蛋白序列构建了大规模的植物直系同源基因家族（86,831）。



植物界不同类型重复基因含量分布及其随时间变化规律

此外，通过大规模收集整理国内外植物基因组数据资源，构建了世界首个植物重复基因数据库（PlantDGD，<http://pdgd.njau.edu.cn:8080>），目前已收录141种完成基因组测序的植物，包含大豆、水稻、小麦、玉米等大宗粮食作物，以及梨、桃、葡萄、蔬菜、花卉等园艺作物，并将拓展为植物相关的所有类别。该数据库将为深入研究重复基因的进化机制提供宝贵的数据资源。

张绍铃教授领衔的南京农业大学梨工程技术研究中心主要从事梨种质资源与遗传育种，梨自交不亲和性机理，基因组与功能基因，品质形成机制与调控等方面的研究。已在Genome Biology、Genome Research、Plant Cell、Plant Journal和NewPhytologist等国际著名期刊上发表了多篇高水平研究论文，其中一篇论文入选ESI高被引论文，得到了国内外同行的高度关注和认可。

论文链接：<https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-019-1650-2>

(27) 阅读次数：5639 编辑：

热点

南农要闻
图片新闻
新闻视频
文化视频

新闻

人才培养 学科师资国际
科学研究 党政综合
社会服务 学院动态

视野

高教动态
发展评价
校园视点
人物风采

学子

校园时讯
成长之路
大学生活
校园文学

专题

媒体南农
专题报道
校报在线
网上橱窗