



[北林焦点](#) [绿色要闻](#) [专题报道](#) [宣传橱窗](#) [校园动态](#) [教学科研](#) [微媒体](#) [媒体北林](#) [党建思政](#) [绿色人物](#) [观点言论](#) [绿色视野](#) [一周排行](#) [北林报](#) [校园掠影](#) [视频新闻](#)

2021年5月30日 星期日

包头  17℃~29℃



来稿信箱: bjfunews@163.com

输入搜索内容后按回车键

提交查询内容

[您现在的位置](#) >> [新闻首页](#) >> [教学科研](#)

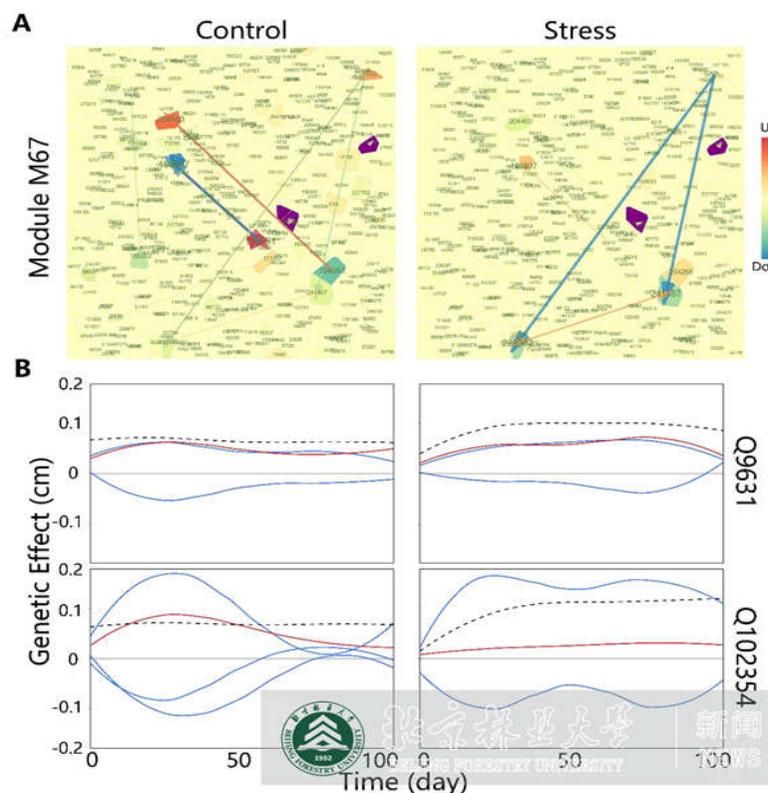
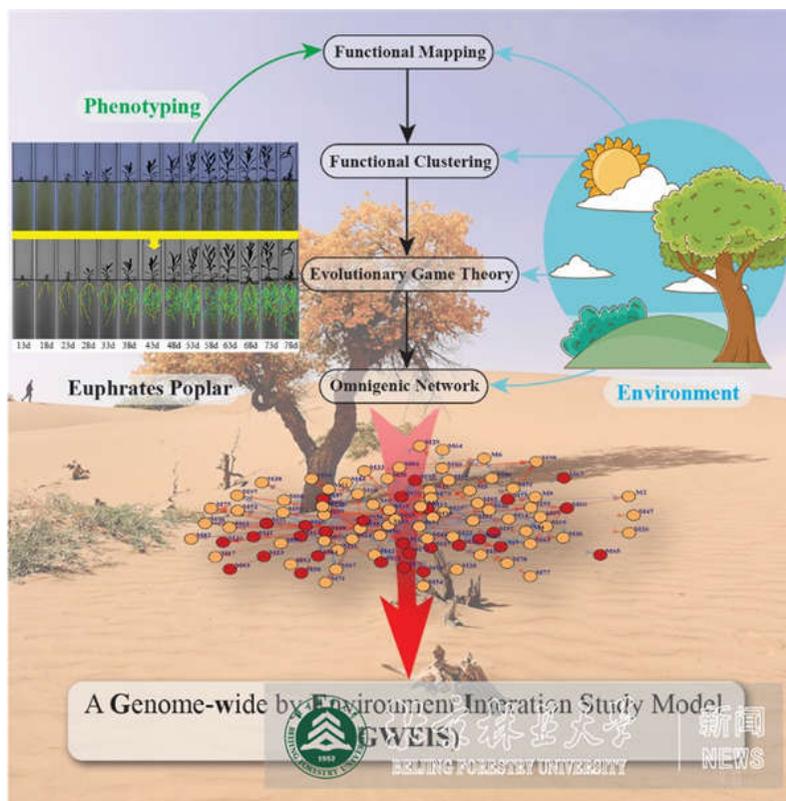
高精尖创新中心最新研究揭示复杂性状遗传密码的新方法

来源: 高精尖创新中心 发表时间: 2021/05/13 浏览次数: 252

近日, 国际著名学术期刊《Cell Reports》发表了我校林木分子设计育种高精尖创新中心研究团队题为“Modeling genome-wide by environment interactions through omnigenic interactome networks”的最新论文。论文提出了一个关于复杂性状基因定位的统计模型, 在国际上首次成功构建了一张覆盖整个基因组的基因-基因互作与基因-环境互作的全貌图。

复杂性状是在基因与环境联合作用下, 通过发育程序的传递与调控而形成的。最近, 美国斯坦福大学两个研究团队, 分别在《Cell》上提出性状控制的全基因理论 (omnigenic theory) 和基因型与环境互作的非线性理论 (nonlinearity theory)。这两个理论因能更好地解析复杂性状而受到学术界广泛关注。然而, 这两个理论仅各自从复杂性状的一个侧面解释其复杂性, 单独一个尚不足以勾画出性状形成、变异与进化的遗传机理全貌图。更重要的, 如何将这两个理论组装到实际数据分析中, 形成可操作的计算算法尚未实现。

在这篇《Cell Reports》论文中，研究人员在其通讯作者邬荣领早期在美国提出的功能作图 (functional mapping) 理论 (自然综述: 遗传, 2006年) 基础上, 借助多学科的元素, 整合全基因理论与基因-环境互作非线性理论, 提出全基因互作组网络 (omnigenic interactome network) 方法。将基因-基因互作当作两个比赛者的博弈, 利用博弈理论 (game theory) 解释一个基因的效应同时受它自身的内源能力和其他基因对之所施加的外源影响联合控制。利用生态学中的食饵-捕食 (prey-predator) 理论整合博弈论思想, 建立非线性Lotka-Volterra (nLV) 微分方程组, 以此量化基因互作 (即上位性) 的大小与方式。



新nLV模型突破了传统定义的上位性概念。上位性效应是性状遗传的重要组成, 但是长期以来对它的研究与利用极为有限。传统方法仅能估计上位性的强度, 而新模型还能发现上位性的因果关系, 以及因果关系的正负方向, 完整地勾画出基因与基因互作的机理。

论文引入发育模块理论 (developmental modularity theory) , 在高维统计聚类分析模型与变量选择模型指导下, 将超高维基因网络分解成多个相对独立而又相互关联的网络群 (network community) , 构建出多层次、稀疏、宏观与微观相交错的全基因互作组网络。该网络能完全囊括GWAS的几十万甚至上百万个位点, 是目前学术界首个真正意义上的全基因组模型。

全基因互作组网络, 提供了一个关于每一个基因如何通过与其他基因互作影响表型变异的精细路线图, 能有效解析基因与环境非线性互作所产生的表型可塑性、表型适应性与表型进化等重要生物学问题。

论文以分布在我国西北沙漠地区的英雄树胡杨 (Euphrates poplar) 为材料, 设计了两项全基因组连锁与GWAS实验, 研究胡杨在盐胁迫与对照条件下生根轨迹, 用以验证新模型的生物学意义。结果发现, (1) 传统方法发现的对胡杨耐盐性有显著效应的数量性状位点 (或称QTL) , 其作用主要来自其他位点对它们的正向调控, 仅少数是因为自身有较高的独立作用。实践中, 对前者的利用必须把QTL及其调控基因作为一个整体进行选择或基因编辑才能发挥作用。例如, 在对照条件下基因 H SL1 对生根能力的作用是通过调节因子 Z AT10 等调节而实现的, 而在盐胁迫条件下, 这种正向调控作用不存在, 取而代之的是其他基因如 E 2SKP1 的负调控。根据这一结果, 人们可以通过刺激 Z AT10 基因在胁迫条件下的表达而达到盐胁迫条件下胡杨增根的效果。(2) 许多不显著的位点, 并非自身的独立作用较小, 而是因为其他位点的负向调控, 抵消了它的作用。这样, 通过关闭这种负向调控, 这些不显著位点的作用即能释放出来。这一措施能有效挖掘所谓的缺失遗传力 (missing heritability) 。(3) 有些不显著的位点, 自身确实具有较小的独立作用, 但同时接受了较大的正调控与负调控, 正负抵消, 导致总体效应不显著。对于这类位点, 通过关闭负调控, 开启正调控, 新的遗传变异能够被释放出来, 是创造新表型的手段。

文章第一作者是计算生物学中心硕士研究生王豪杰, 中心讲师叶梅霞是共同第一作者。计算生物学中心博士生符亚茹、董昂、张苗苗、冯莉, 中心教师薄文浩、祝绪礼、姜立波、梁丹参与了样品收集、实验设计、种质采集、数据收集和数据分析等工作。林木分子设计育种高精尖创新中心首席研究员邬荣领是通讯作者。

文章链接: <https://www.cell.com/cell-reports/home>

作者: 梁丹; 审稿: 延晓康 | 编辑: 宗子哲; 审核: 杨金融

[关于我们](#) | [新闻投稿](#) | [管理员登陆](#)

Copyright © 2005- 2018 北京林业大学新闻办公室 地址：北京市海淀区清华东路35号 邮政编码:100083