
科学家绘制燕麦基因组草图并解析燕麦素的生物合成基因簇

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13780.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

5月7日，中国科学院分子植物科学卓越创新中心（CEMPS）、中科院-英国约翰英纳斯中心植物和微生物科学联合研究中心（CEPAMS）韩斌研究团队与英国约翰英纳斯中心John Innes Centre（JIC）Anne Osbourn研究团队合作完成了禾本科、燕麦属一年生草本植物二倍体燕麦*Avena strigosa*基因组序

Subtelomeric assembly of a multi-gene pathway for antimicrobial defense compounds in cereals为题，在线发表在Nature communications上。

真核生物中非随机组织的基因在基因组进化和功能中具有重要作用。大多数真核生物基因组中并没有操纵子，但它们的确包含了一些序列不相关而功能相关且在物理位置上成簇存在的基因。这些“类操纵子”基因簇中，引人注目的例子是植物体内合成特殊代谢产物的基因簇。已有证据表明，这些cluster途径并不是通过微生物水平基因转移而产生，而目前人们对其真实的形成机制知之甚少。燕麦素是燕麦属中特异存在的一类抗微生物防御化合物，其生物合成途径也是最典型的植物生物合成基因簇之一。

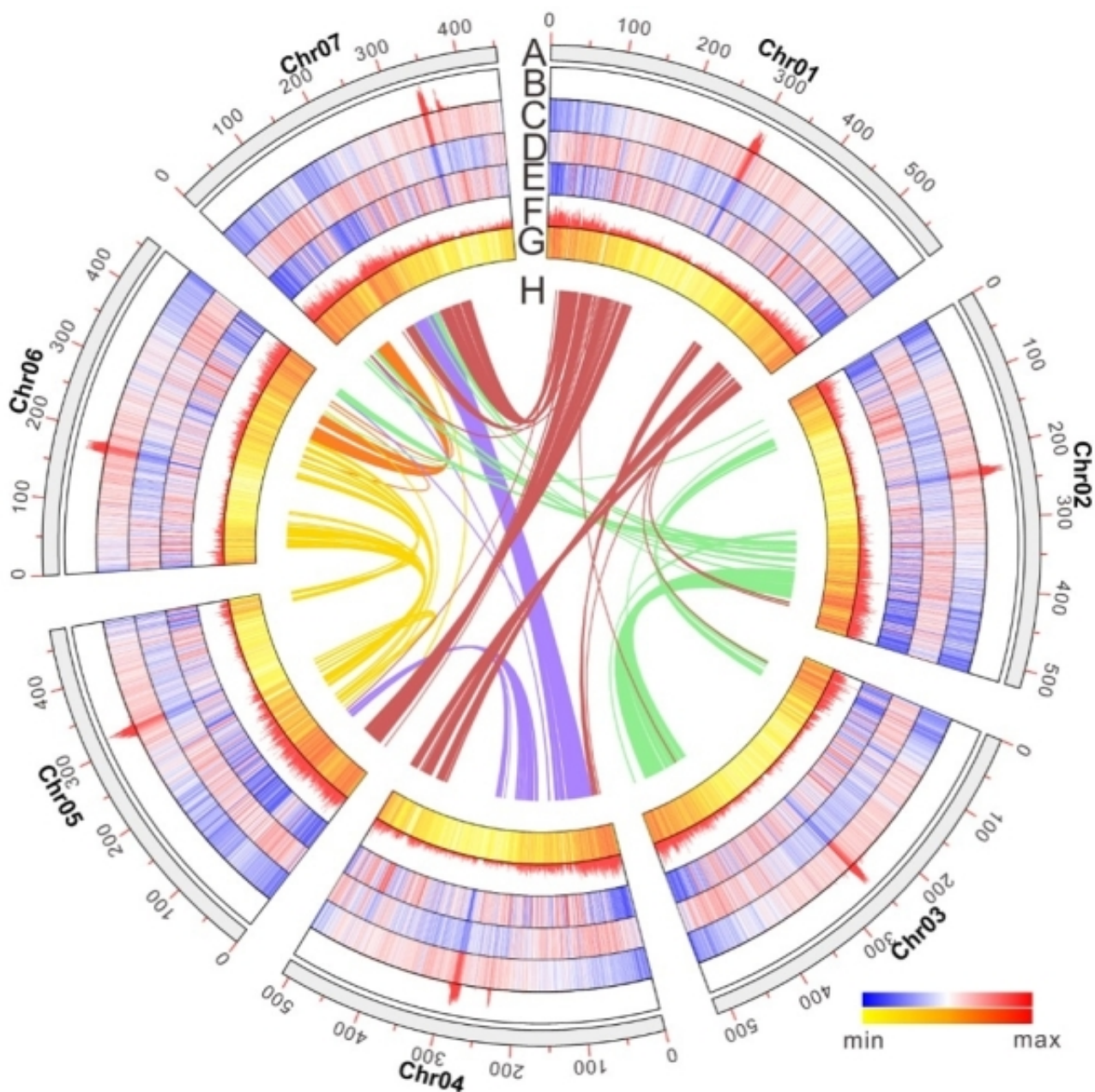
韩斌研究团队选用了可在根尖特异合成燕麦素的二倍体燕麦物种*Avena strigosa*，运用三代测序技术Nanopore，并辅助光学图谱技术BioNano DLS及Hi-C染色体构象捕获技术，完成了该燕麦基因组高质量染色体级别组装，组装基因组3.53Gb，scaffold N50高达73.4 Mb。燕麦基因组中重复序列约占基因组的81.1%，结合从头预测、同源蛋白信息及转录组数据，注释了34,928个高可信度基因。

该研究基于组装获得的全基因组信息完整地解析了燕麦素合成基因cluster，确定了燕麦素合成通路的最后两个缺失步骤，并通过本氏烟草瞬时表达重构了整个合成途径。该研究还对基因簇的起源及不同燕麦品种间的差异进行了比较分析。基因组组装和DNA荧光原位杂交（FISH）结果均表明，燕麦素合成基因cluster位于1号染色体长臂末端的亚端粒区域，且该基因簇特异存在于燕麦属中。该研究为真核生物的基因组可塑性和适应性进化提供了新见解，并为改良小麦和其他谷物抵抗全蚀病与其他疾病提供了分子依据。

韩斌研究组高级工程师李艳、研究员赵强及英国约翰英纳斯中心博士Aymeric Leveau为论文的共同第一作者。研究员韩斌、英国约翰英纳斯中心教授Anne Osbourn为论文的共

同通讯作者。研究工作得到中科院-英国约翰英纳斯中心植物和微生物科学联合研究中心（CEPAMS）、英国生物技术和生物科学研究委员会（BBSRC）、中科院国际合作计划（IPP）和国家自然科学基金委员会的资助。

[论文链接](#)



二倍体燕麦基因组特征分析

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发