
我国科学家揭示水稻基因组中的“隐藏”变异

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14140.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！

我国科学家揭示水稻基因组中的“隐藏”变异。近日，Cell在线发布了四川农业大学水稻研究所教授李仕贵与钦鹏团队联合中科院遗传与发育生物学研究所研究员梁承志团队完成的题为《基于33个水稻遗传多样性材料的泛基因组分析揭示隐藏的基因组变异》的研究论文，被Cell审稿人评价为泛基因组学研究的经典之作。

该团队选取了具有高度代表性的33个水稻材料，采用最新的第三代基因测序技术，对其中31份材料进行了长片段测序、高质量基因组组装及基因注释。结合已报道的日本晴和蜀恢498两个材料的参考基因组，经过系统的比较分析，共鉴定到171,072个结构性变异和22,549个基因拷贝数变异。

这些基因组变异无法利用传统手段鉴定到，绝大多数在先前研究中均未发现，但在重要农艺性状调控中发挥重要作用。例如，著名日本优质稻品种越光中一个早熟位点（qDTH7-3），可能由OsMADS18基因在越光产生两个拷贝，导致表达量升高从而表现早熟表型。

揭示这些结构性变异的方向对理解水稻的进化和驯化遗传基础也有重要意义。例如有研究认为，籼稻群体中两个与植物激素独脚金内酯合成相关基因SLB1和SLB2的缺失是被人工选择到的。但此次研究分析，发现很可能是粳稻中获得SLB1和SLB2基因序列，或因其能帮助磷的吸收提高产量而被保留下来。研究人员还首次构建了水稻图形基因组，是水稻中迄今最为完备的基于图形结构的泛基因组。

李仕贵表示，此研究通过打开结构性变异研究的大门，推进水稻高质量泛基因组研究，将为研究水稻等作物进化与驯化、基因组研究、种质资源的精准评价、优良基因的挖掘、基因功能解析等研究奠定坚实基础，有助于提升了水稻功能基因组学和分子设计育种研究水平，为选育高产优质、绿色安全水稻新品种提供基础支撑。接下来团队就将把研究成果运用到应用基础研究和育种工作中，力争培育出更多产量高、品质好、抗性强的水稻品种，着力破解卡脖子难题，始终把中国人的饭碗牢牢端在自己手中。

该研究得到了国家重点研发计划、自然科学基金重大研究计划集成项目、中科院先导计划和四川农业大学双支计划支持。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.04.046>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：李仕贵等 来源：《细胞》

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://www.iikx.com)转发