迄今分辨率最高的野生稻-栽培稻泛基因组图谱绘就

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/32784.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！

迄今分辨率最高的野生稻-栽培稻泛基因组图谱绘就。亚洲栽培稻驯化历史可追溯至一万年前的普通野生稻。 面对全球人口增长和气候变化加剧的双重压力，如何将野生稻历经万年锤炼的“ 生存智慧 ”注入现代品种，培育出兼具高产潜力与抗病抗逆特性的“ 超级水稻 ”已成为重要研究课题。然而，传统依赖单一参考基因组的研究模式譬如以管窥天，仅能捕捉水稻遗传多样性的冰山一角。因此，亟需构建高质量、大规模的野生稻泛基因组，剖析其广泛的多样性，挖掘其耐逆、抗病等优良性状的遗传变异宝库。

中国科学院院士、分子植物科学卓越创新中心研究员韩斌团队首次完成了145份亚洲栽培稻及普通野生稻的高精度基因组组装，绘制了迄今为止分辨率最高的野生稻-栽培稻泛基因组图谱，挖掘了普通野生稻广泛的遗传多样性，解析了亚洲栽培稻各类群的进化及驯化路线。该研究为水稻基因组辅助育种提供了关键的遗传资源，为培育抗病耐逆、适应气候变化的优质水稻品种奠定了科学基础。

该团队整合具有代表性的129份普通野生稻和16份亚洲栽培稻资源，进行高质量基因组测序和从头组装，构建出可覆盖野生稻和栽培稻全面遗传景观的泛基因组图谱。这是该团队继解析水稻驯化路线和构建首个栽培稻-野生稻泛基因组草图后，在水稻基因组研究和进化领域取得的又一突破。

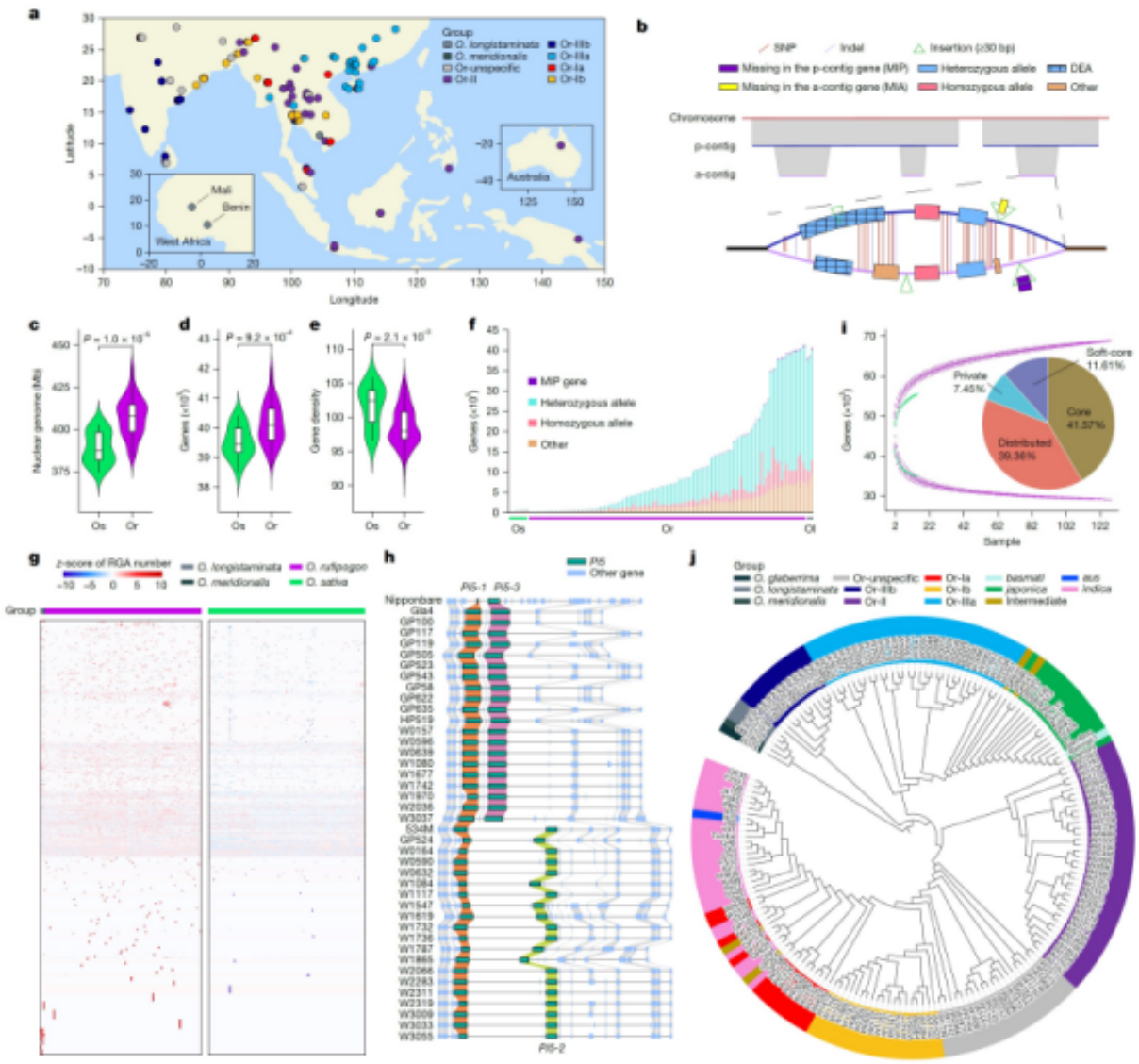
这一参考基因组级别的栽培稻-野生稻泛基因组为原有公认的单个参考基因组新增了38.7亿个碱基对，包含69,531个基因，其中近20%为野生稻所特有。同时，这些基因被证实与抗病防御和环境适应性等性状相关。研究发现，野生稻中的抗病基因丰度和多样性均高于栽培稻，已精准定位到1,184个野生稻中拷贝数高于栽培稻的抗病基因位点，其中包括2个已验证的抗稻瘟病基因。这证实野生稻堪称作物改良的“ 战略资源库 ”，可为培育抗病耐逆的水稻品种提供直接的基因来源。

该研究基于高质量的基因组序列，对亚洲栽培稻各类群中的早期关键驯化基因进行单倍型分析，证明所有亚洲栽培稻的驯化位点均来源
于粳稻祖先Or-IIIa
，证实亚洲栽培稻单起源假说，为持续数十年的学术争议提供证据。同时，研究还发现，南亚各栽培稻类群之间存在
广泛的基因交流，并由此定义了新的栽培
稻亚群intro-*indica*，绘制出一幅更全面的水稻进化和驯化路线图。

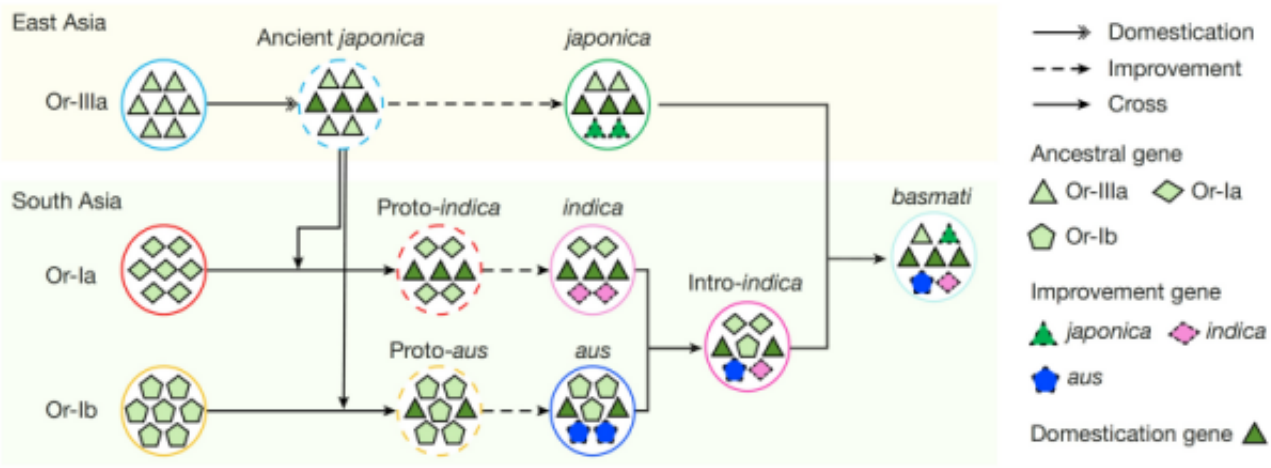
上述研究构建了近饱和的野生稻泛基因组数据库，实现了野生稻遗传资源的系统性整合，弥合了野生稻和栽培稻基因组学研究的差距。科学家可据此精准挖掘野生稻优势等位基因，追溯重要基因的起源，解析水稻环境适应与表型可塑性机制。同时，这一研究为实现水稻快速从头驯化、精准培育抗逆性强、资源利用率高、产量突破的新品种提供了关键的基因资源。

4月16日，相关研究成果以《野生和栽培稻精细泛基因组图谱》（*A pangenome reference of wild and cultivated rice*）为题，在线发表在《自然》（*Nature*）上。《自然》同期发布了题为*Unlocking the diversity of wild and domesticated*
*rice*的研究简报
。研究工作得到国家自然科学基金、农业农村部重点研发项目、中国科学院战略性先导科技专项的支持。

论文链接



野生稻和栽培稻泛基因组图谱



亚洲栽培稻进化路线图

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转发