

· 热点评 ·

中国科学家绘制籼稻高质量参考基因组序列图谱

黄学辉*

中国科学院上海生命科学研究院植物生理生态研究所, 上海 200233

摘要 2005年多国合作的国际水稻(*Oryza sativa*)基因组测序项目绘制了粳稻(*O. sativa* subsp. *japonica*)品种日本晴的参考基因组序列。最近, 中国科学家发布了2个籼稻(*O. sativa* subsp. *indica*)品种(明恢63和珍汕97)的高质量参考基因组序列, 为籼稻的功能基因组研究和分子育种应用提供了便利。

关键词 籼稻, 基因组, 遗传多样性, 杂种优势

黄学辉 (2017). 中国科学家绘制籼稻高质量参考基因组序列图谱. 植物学报 52, 1–3.

随着基因组测序技术的进步, 水稻(*Oryza sativa*)、玉米(*Zea mays*)和大豆(*Glycine max*)等重要农作物的全基因组序列图谱陆续完成, 大大加速了这些作物的遗传学研究(International Rice Genome Sequencing Project, 2005; Schnable et al., 2009; Schmutz et al., 2010)。水稻是三大主粮之一, 也是最早完成全基因组测序的农作物。亚洲栽培稻包括籼稻(*O. sativa* subsp. *indica*)和粳稻(*O. sativa* subsp. *japonica*)两大亚种, 基因组大小约为430 Mb, 为普通的二倍体作物, 含有12对染色体。较之其它禾谷类作物, 水稻的基因组最小。承担国际水稻基因组测序项目的科研人员采用克隆连克隆的测序策略, 通过对大片段基因组文库(如基因组细菌人工染色体BAC文库)的测序与组装, 结合精细的物理图谱, 于2005年完成了粳稻品种日本晴12条染色体的高质量序列图谱的测定。水稻基因组的测定完成使我们对水稻的基因结构和基因组进化历史有了直接了解。近10多年来, 粳稻品种日本晴高质量基因组图谱的绘制极大地推动了水稻重要功能基因的分子生物学研究。

水稻两大亚种中, 籼稻主要种植于中国南方、东南亚和南亚, 占世界水稻总产量的70%以上。籼稻和粳稻在株型、感光性、籽粒形状、品质、耐寒性和耐肥性等方面均存在一定差异。此外, 较之粳稻, 籼稻具有更广泛的遗传多样性。高质量的籼稻基因组序列图谱将有助于我们挖掘和鉴定籼稻中的基因变异(尤其是较长的结构变异), 及解读籼稻亚种中一些特有

的表型特征。为此, 华中农业大学张启发研究组联合美国亚利桑那大学的Rod A. Wing研究组基于传统的BAC连BAC策略构建了高密度物理图谱, 并采用最新的PacBio单分子实时测序技术绘制出了籼稻品种明恢63和珍汕97的高质量参考基因组序列图谱(Zhang et al., 2016)。

利用基因组注释及比较基因组学等分析手段, 张启发研究组发现这两个籼稻基因组之间及籼粳稻之间存在大量的序列结构差异, 包括倒位、易位和大片段插入缺失等多种形式的遗传变异。其中部分变异直接与基因的有无编码及表达有关。例如, *Ghd7*是张启发研究组在之前的遗传学研究中鉴定到的控制水稻花期、株高及产量的关键基因(Xue et al., 2008)。通过对这两个籼稻基因组的序列比较, 他们发现明恢63基因组中存在1个完整功能的*Ghd7*编码基因; 而珍汕97基因组中的对应区域出现了一个大片段(包含约60 000个碱基)的缺失, 致使包括*Ghd7*在内的多个基因在珍汕97中完全丢失。未来, 对明恢63和珍汕97等的更多高质量组装序列的测定完成与深入分析, 将有助于更加全面和系统地鉴定到这些重要的结构变异及相应的功能基因, 为水稻研究提供更为深入且准确的信息资源。

张启发研究组选用的2个籼稻品种珍汕97和明恢63是我国杂交水稻育种中的重要亲本。母本珍汕97和父本明恢63的杂交后代汕优63是我国迄今为止种植面积最大的杂交稻, 该杂交稻是三系籼粳杂交稻中

收稿日期: 2016-10-28; 接受日期: 2016-11-14

* E-mail: xhhuang@ncgr.ac.cn

具有里程碑意义的品种。其亲本材料的高质量基因组序列的测定也将有助于进一步在分子水平上阐明汕优63等杂交稻高产和抗病的生物学机理及杂种优势的分子机制,为水稻中复杂农艺性状的功能基因组学研究和遗传改良提供新的机遇。

参考文献

International Rice Genome Sequencing Project (2005).

The map-based sequence of the rice genome. *Nature* **436**, 793–800.

Schmutz J, Cannon SB, Schlueter J, Ma JX, Mitros T, Nelson W, Hyten DL, Song QJ, Thelen JJ, Cheng JL, Xu D, Hellsten U, May GD, Yu Y, Sakurai T, Umezawa T, Bhattacharyya MK, Sandhu D, Valliyodan B, Lindquist E, Peto M, Grant D, Shu SQ, Goodstein D, Barry K, Futrell-Griggs M, Abernathy B, Du JC, Tian ZX, Zhu LC, Gill N, Joshi T, Libault M, Sethuraman A, Zhang XC, Shinozaki K, Nguyen HT, Wing RA, Cregan P, Specht J, Grimwood J, Rokhsar D, Stacey G, Shoemaker RC, Jackson SA (2010). Genome sequence of the palaeopolyploid soybean. *Nature* **463**, 178–183.

Schnable PS, Ware D, Fulton RS, Stein JC, Wei FS, Pasternak S, Liang CZ, Zhang JW, Fulton L, Graves TA, Minx P, Reily AD, Courtney L, Kruchowski SS, Tomlinson C, Strong C, Delehaunty K, Fronick C, Courtney B, Rock SM, Belter E, Du FY, Kim K, Abbott RM, Cotton M, Levy A, Marchetto P, Ochoa K, Jackson SM, Gillam B, Chen WZ, Yan L, Higginbotham J, Cardenas M, Waligorski J, Applebaum E, Phelps L, Falcone J, Kanchi K, Thane T, Scimone A, Thane N, Henke J, Wang T, Ruppert J, Shah N, Rotter K, Hodges J, Ingenthron E, Cordes M, Kohlberg S, Sgro J, Delgado B, Mead K, Chinwalla A, Leonard S, Crouse K, Collura K, Kudrna D, Currie J, He RF, Angelova A, Rajasekar S, Mueller T, Lomeli R, Scara G, Ko A, De-

laney K, Wissotski M, Lopez G, Campos D, Braidotti M, Ashley E, Golser W, Kim H, Lee S, Lin JK, Dujmic Z, Kim W, Talag J, Zuccolo A, Fan C, Sebastian A, Kramer M, Spiegel L, Nascimento L, Zutavern T, Miller B, Ambroise C, Muller S, Spooner W, Narechania A, Ren LY, Wei S, Kumari S, Faga B, Levy MJ, McMahan L, Van Buren P, Vaughn MW, Ying K, Yeh CT, Emrich SJ, Jia Y, Kalyanaraman A, Hsia AP, Barbazuk WB, Baucom RS, Brutnell TP, Carpita NC, Chaparro C, Chia JM, Deragon JM, Estill JC, Fu Y, Jeddelloh JA, Han YJ, Lee H, Li PH, Lisch DR, Liu SZ, Liu ZJ, Nagel DH, McCann MC, SanMiguel P, Myers AM, Nettleton D, Nguyen J, Penning BW, Ponnala L, Schneider KL, Schwartz DC, Sharma A, Soderlund C, Springer NM, Sun Q, Wang H, Waterman M, Westerman R, Wolfgruber TK, Yang LX, Yu Y, Zhang LF, Zhou SG, Zhu Q, Bennetzen JL, Dawe RK, Jiang JM, Jiang N, Presting GG, Wessler SR, Aluru S, Martienssen RA, Clifton SW, McCombie WR, Wing RA, Wilson RK (2009). The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. *Science* **326**, 1112–1115.

Xue WY, Xing YZ, Weng XY, Zhao Y, Tang WJ, Wang L, Zhou HJ, Yu SB, Xu CG, Li XH, Zhang QF (2008). Natural variation in *Ghd7* is an important regulator of heading date and yield potential in rice. *Nat Genet* **40**, 761–767.

Zhang JW, Chen LL, Xing F, Kudrna DA, Yao W, Copetti D, Mu T, Li WM, Song JM, Xie WB, Lee S, Talag J, Shao L, An Y, Zhang CL, Ouyang YD, Sun S, Jiao WB, Lü F, Du BG, Luo MZ, Maldonado CE, Goicoechea JL, Xiong LZ, Wu CY, Xing YZ, Zhou DX, Yu SB, Zhao Y, Wang GW, Yu YS, Luo YJ, Zhou ZW, Hurtado BEP, Danowitz A, Wing RA, Zhang QF (2016). Extensive sequence divergence between the reference genomes of two elite indica rice varieties Zhenshan 97 and Minghui 63. *Proc Natl Acad Sci USA* **113**, E5163–E5171.

Chinese Scientist Generated High-quality Genome Sequences for *indica* Rice

Xuehui Huang*

Institute of Plant Physiology and Ecology, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200233, China

Abstract In 2005, the International Rice Genome Sequencing Project conducted by a multi-country consortium of research institutes, has published the reference genome sequence of *Oryza sativa* subsp. *japonica* cv. 'Nipponbare'. Recently, Chinese scientist generated high-quality genome sequences of two elite *indica* rice varieties Zhenshan 97 and Minghui 63, which will have important implications for functional genomics studies and molecular breeding in *indica* rice.

Key words *indica* rice, genome, genetic diversity, heterosis

Huang XH (2017). Chinese scientist generated high-quality genome sequences for *indica* rice. *Chin Bull Bot* **52**, 1–3.

*E-mail: xhhuang@ncgr.ac.cn

(责任编辑: 孙冬花)