

网站搜索
Search

关键词:

搜索类别:

基因组所超级杂交水稻及其亲本成熟胚表达谱分析文章发表

北京基因组研究所

近日, 中科院北京基因组研究所基因组科学及信息重点实验室研究成果, Transcriptomic profiling of mature embryo from an elite super-hybrid rice LYP9 and its parental lines论文在BMC plant biology杂志上发表。

水稻是一种重要的粮食作物, 同时也是谷物研究的一种重要的模式生物。多年来, 基因组所超级杂交水稻 (LYP9) 及其亲本 (93-11和PA64s) 为模式开展了一系列全基因组水平上的杂交优势相关研究。作为所创新集体研究项目的一部分, 该实验室以水稻的成熟胚为材料, 开展了相关研究。成熟胚在水稻的生命周期中具有重要的地位, 它是发育到一定阶段、拥有完整植株的营养器官雏形并且发育同步化的植物幼体, 普遍认为其已经为后续的发育奠定了物质基础, 并且有研究表明拥有杂交优势性状的F1在较早的胚的阶段就能表现出一些优势的性状。

为了充分展示水稻成熟胚中基因的表达情况, 了解其中的分子生物学过程以及鉴定在这一阶段表现出的杂交优势性状和相关基因, 科研人员以LYP9及其父母本的成熟胚为材料, 利用EST分析的手段对其转录组进行了研究。他们对每个样品随机测序 (5'端) 约一万条, 一共得到27, 566条高质量的EST序列, 并最终得到7, 557条 unigene (2, 511条 contig和5, 046条 singleton)。通过与公共数据库内的序列进行比对, 总共注释了7, 250 (95.9%) 个基因。通过基因表达丰度和功能分析 (主要是GO和KAAS), 对其基因表达谱特征有了全面的认识: 成熟胚中特征性表达的基因集中在两大功能类——抗逆和发育。大量的、种类全面的抗逆相关基因表达, 包括抗水胁迫, 抗氧化损伤, 抗真菌等, 同时, 保证种子重新活化以及之后的快速启动和后期发育所需的基因也大量表达。这与种子要在相当长的时间内、在完全干燥的情况下保持发芽能力的生理特点十分符合。通过比较分析杂交水稻 (F1) 相对其父母本转录组基因表达水平的变化, 鉴定出191个统计学上显著的差异表达基因, 对它们的表达模式和功能进行分析的结果表明: 这些差异表达基因几乎覆盖了所有的表达模式, 各种模式的差异表达基因有很大程度上的功能上的相

中国科学院—当日要闻

- 丁仲礼视察南海海洋所
- 国务院扶贫开发领导小组办公室给中科院发来…
- 中英两国首脑见证 中科院与英国企业签署两…
- 中日韩共建世界最大射电望远镜阵
- 白春礼致信勉励成都教育基地学子
- 禽流感病毒RNA聚合酶P/亚基“真相”被…
- 图片故事: 暖春北川
- 路甬祥在“浙江论坛”新年首讲上论创新
- 《科学》社论: 中美科技合作30年
- 韩启德考察华南植物园

关性；大部分在成熟胚中特异性积累的基因在子代中表现为上调，而表达量比较低的基因更多的表现为下调，使子代拥有一个更强的抗逆系统以及更有活力的后期发育。而这种组织特征性功能的增强在对其他组织的杂交优势相关研究中也发现，可能是杂交优势产生的原因之一。

[时间：2009-02-09]

[关闭窗口]