

## 学校完成桑树基因组测序 标志着我国蚕桑学研究取得又一重大突破

2013-09-24 10:27

数千年来,家蚕只以桑叶作为唯一的食物。二者之间有什么必然的联系?9月19日,美国《自然 通讯》杂志在线发表由我校家蚕基因组生物学国家重点实验室完成的桑树全基因组测序成果论文。9月23日,家蚕基因组生物学国家重点实验室举办成果汇报会,正式发布桑树全基因组测序成果,成功分析出桑树的染色体基数,以及各种基因的网络和功能,为推动传统蚕桑业的转型、建立现代桑树学奠定了科研基础。这一成果也标志着我国关于蚕桑学的研究取得又一重大突破。

目前全世界对桑树基因的研究为零

作为国家863计划“特色林木功能基因组研究与应用”的子项目之一,桑树基因组测序由向仲怀院士、西南大学家蚕基因组生物学国家重点实验室牵头,集合了浙江省农业科学院、广东省农业科学院、中国林业科学研究院等单位,历时三年完成。

“人类对蚕桑的利用开始于5000年前,‘丝绸之路’极大地影响了世界历史的进程。”向仲怀院士介绍,早在2008年,家蚕的基因组就已经被解析,“但目前全世界对桑树基因的研究为零”。

一个有趣的现象是,在数千年进化过程中,家蚕只以桑叶为食。“部分基因分子表明,二者在长期的协同进化中有极其紧密的关联。”向仲怀表示,桑树基因组测序完成不仅能够促进桑树改良,也能调控蚕的基因表达,这对蚕桑产业的创新变革以及现代桑树学的建立都有巨大作用。

该成果有助于多项科学研究的开展

据了解,从2010年11月开始,项目组采用原始川桑开始进行基因测序,以挖掘隐藏在桑树基因组中的故事。成功分析出桑树的染色体基数、进行桑树相关基因和网络的分析……经过比对,项目组在家蚕的血淋巴和丝腺中鉴定出5个预测的桑树来源。“这暗示着以桑树和家蚕为典型代表的植物和植食性昆虫之间在分子水平上存在相互作用。”向仲怀说。

项目组在研究中还发现:在过去的1亿年中,桑树基因的进化速度大约是蔷薇目其他物种的3倍,并存在一系列新的多倍体类型,具有极强的生存能力;而作为能产生“乳汁”的植物,桑树汁里含有丰富的抗病虫物质,具有较高的药用价值;桑树的根系极其发达,其根部为树冠的4至8倍,具有很广泛的生态适应性。该项目组首席专家何宁佳教授表示,桑树基因组测序的完成,还将有助于生态治理、药学等一系列科学研究的开展。

(据2013年9月24 日重庆日报报道,记者李星婷 实习生王濛昀)

发布人: 郑劲松

退出