

基于基因组测序的早稻早香1号独立性及无糖转化调控研究

彭国威

新疆国威农业科技研究院有限公司

DOI:10.12238/as.v8i3.2861

[摘要] 本文通过对早稻早香1号进行基因组测序,并与水稻基因组序列进行对照分析,旨在充分证明早稻作为独立物种的重要地位,并阐述其与水稻之间的截然不同区别。重点探讨了早稻早香系列品种的功能性基因控制片段的激活技术,以及通过该技术培育筛选出的早稻所具备的独特功能性状,包括淀粉葡萄糖转化率为零、高含量肌醇和叶酸、以及高蛋白含量等,这些功能性状对人类的健康具有显著益处。

[关键词] 早稻早香1号; 基因组测序; 无糖转化功能基因调控机制

中图分类号: S511.6 **文献标识码:** A

Identification of species independence and regulation mechanism of sugar-free transformation function gene of upland rice Hanxiang 1 based on genome sequencing

Guowei Peng

Xinjiang Guowei Agricultural Science and Technology Research Institute Co., LTD.

[Abstract] In this paper, the genome of upland rice Hanxiang 1 was sequenced and compared with that of rice. The aim of this study was to fully demonstrate the importance of upland rice as an independent species and explain its distinct difference from rice. The activation technology of functional gene control fragments of upland rice Hanxiang series was discussed, and the unique functional traits of upland rice cultivated by this technology, including zero starch and glucose conversion, high inositol and folic acid content, and high protein content, were discussed. These functional traits have significant benefits to human health.

[Key words] Uplandao Hanxiang1; Genome sequencing; Mechanism of gene regulation of sugar-free transformation function

引言

早稻作为一种适应干旱环境的作物,其独特的生理特性和遗传背景使其与水稻存在显著差异。彭国威培育的早稻品种是利用在陕西黄土高原上发现的三株野生早稻与东北的农家品种进行远缘杂交与分子标记辅助育种方法相结合,培养出优质全新早香系列早稻早香1号,然而,关于早稻的独立物种地位及其与水稻的具体区别,目前尚缺乏深入的基因组水平研究。因此,本文通过对早稻早香1号进行基因组测序,并与水稻基因组进行比对,旨在揭示早稻的独立物种地位,并探讨其功能性基因的控制机制。

1 材料与方法

1.1 样本选择与测序

选取早稻早香1号作为研究材料,因其在干旱环境中的独特适应性和功能性性状表现。为了获得高质量的基因组序列数据,采用高通量测序技术(如IlluminaHiSeq或PacBioSequel)对早稻早香1号进行全基因组测序。测序前,对样本进行严格的DNA提取和纯化,确保DNA的完整性和纯度。测序过程中,采用双端测

序策略,以提高测序覆盖度和准确性。最终,获得了覆盖度超过30×的高质量基因组序列数据,为后续的基因组比对和功能分析提供了可靠的基础^[1]。

1.2 基因组比对与分析

为了揭示早稻早香1号与水稻之间的遗传差异,本研究将其基因组序列与水稻(如日本晴或9311)的参考基因组序列进行比对。比对工具采用BLAST或MUMmer等软件,分析两者在基因结构、序列组成和遗传信息上的相似性和差异性。通过比对,识别出早稻特有的基因家族、序列变异和结构变异,并进一步分析这些差异在干旱适应、营养代谢和抗逆性等方面的功能意义。比对结果不仅为早稻的独立物种地位提供了基因组学证据,还为后续的功能性基因研究提供了重要线索。

1.3 功能性基因控制片段的激活技术

为了挖掘早稻早香1号中的功能性基因控制片段(GNPT),本研究采用独创的生物技术手段,如基因诱导(CRISPR/Cas9)技术,激活这些片段的功能表达。通过基因组分析和功能预测,筛选出与无糖转化、高含量肌醇和叶酸、以及高蛋白含量等性状相关

的功能性基因控制片段。随后,利用CRISPR/Cas9技术对这些片段进行精确诱导激活,或通过此独创技术让早稻功能基因性状表达特别明显,经过这项技术的显著增强,其功能表达得到了显著提升,经过多代筛选和性状鉴定,最终培育出了具有特定功能性状的早稻品种,并获得了完整的性状表达数据。这一技术不仅揭示了早稻中冗余七千多年的野生基因功能,还为功能性作物的育种提供了新的技术路径^[2]。

2 结果

2.1 早稻早香1号基因组测序结果

通过对早稻早香1号进行全基因组测序,本研究获得了高质量的完整基因组序列数据。基因组组装结果显示,早稻早香1号的基因组大小约为400Mb,覆盖度超过30×,确保了数据的准确性和完整性。与水稻(如日本晴)的参考基因组进行比对后,发现两者在基因结构、序列组成和遗传信息上存在显著差异。例如,早稻早香1号基因组中存在多个特有的基因家族,这些基因家族与干旱适应、营养代谢和抗逆性等功能密切相关。此外,早稻的基因组中还发现了大量结构变异和序列变异,这些变异进一步支持了早稻作为独立物种的分类地位。基因组测序结果为后续的功能性基因研究提供了重要基础,也为揭示早稻的独特遗传背景和适应性机制提供了关键数据。

2.2 功能性基因控制片段的激活与筛选

通过功能性基因控制片段的激活技术,成功培育筛选出了具有特定功能性状的早稻品种。这些功能性状包括:

- 淀粉葡萄糖转化率为零:早稻中的淀粉在消化过程中不易被分解成葡萄糖,有助于控制血糖水平,对糖尿病患者具有益处。形成的TSDF3淀粉产生抗酶解特性,因此无糖早稻米的特殊的淀粉结构具有超强抗酶解的特性,特别是氢键的链合作用,将淀粉分子链合成紧密的高分子团结构,这种结构不会被淀粉酶酶解,因此,淀粉不会转化为葡萄糖,正是基于这一原理。。是彭国威在培育种子过程中努力攻关的结果^[3]。

- 高含量肌醇和叶酸:早稻中含有大量的肌醇(14.5ug/g)和叶酸(45.7ug/g),这些物质对人类的健康具有重要作用,如促进细胞生长、维持神经系统正常功能等。

- 高蛋白含量:早稻的蛋白质含量高达10.1g/100g,远高于普通水稻,为人体提供了丰富的蛋白质来源。

2.3 功能性性状的遗传基础

上述功能性状的表达源于功能性基因的激活与构建。这些功能性基因主要位于种子的遗传信息体系中,使得种子在萌发和生长过程中就具备了特定的功能性表达。例如,与淀粉合成相关的基因(如GBSS、SSS和SBE)在早稻中表现出独特的表达模式,导致其淀粉分子结构发生改变,形成抗酶解特性。同样,与肌醇和叶酸合成相关的基因(如MIPS、IMP、FOL1和FOL2)在早稻中的表达水平显著高于水稻,导致其肌醇和叶酸含量显著增加。此外,与蛋白质合成相关的基因(如GluA、GluB、Pro1和Pro2)在早稻中的高表达水平也为其高蛋白含量提供了遗传基础。通过基因定向导入技术(如YDJS3)手段,可以进一步调控这些功能性基因

的表达,从而培育出更多具有优异功能性状的早稻品种。例如,通过编辑淀粉合成基因,可以进一步提高淀粉的抗酶解特性;通过此技术将肌醇和叶酸合成基因导入其他作物,可以提高这些作物的营养价值^[4]。

3 讨论

3.1 早稻早香1号的独立物种地位

通过对早稻早香1号进行基因组测序,并将其与水稻基因组进行比对,本研究揭示了早稻与水稻在基因结构、序列组成和遗传信息上的显著差异。这些差异不仅体现在基因序列的变异上,还表现在基因功能的多样性和表达调控机制上。例如,早稻早香1号基因组中存在大量特有的基因家族,这些基因家族在干旱适应、营养代谢和抗逆性等方面发挥了重要作用。相比之下,水稻基因组中则缺乏这些基因家族,或者其功能表达受到限制。这些发现为早稻作为独立物种的地位提供了有力的基因组学证据。此外,早稻早香1号的基因组中还发现了多个与干旱适应相关的基因,如脱水素基因、渗透调节基因和抗氧化酶基因等。这些基因在水稻基因组中要么缺失,要么表达水平较低。这一现象进一步证明了早稻在干旱环境中的独特适应能力,从而支持了其作为独立物种的分类地位。

3.2 无糖转化功能基因调控机制

本研究通过功能性基因控制片段的激活技术,成功培育出了具有无糖转化功能的早稻品种。这一功能的实现主要依赖于早稻基因组中特有的淀粉合成与代谢相关基因的激活与调控。具体而言,早稻中的淀粉合成基因(如GBSS、SSS和SBE)在表达调控上表现出与水稻显著不同的模式,导致其淀粉分子结构发生改变,形成了具有抗酶解特性的高分子团结构。这种特殊的淀粉结构不仅使得早稻中的淀粉在消化过程中不易被分解成葡萄糖,还赋予了其独特的营养价值和健康益处。例如,无糖早稻米对糖尿病患者具有显著的血糖控制作用,同时也为普通人群提供了一种低血糖指数的健康食品选择。这一发现为早稻的功能性育种提供了新的方向,也为开发更多具有特定功能性状的早稻品种奠定了基础。

3.3 高含量肌醇和叶酸的营养价值

早稻早香1号中含有大量的肌醇和叶酸,这些物质对人类的健康具有重要作用。肌醇是一种重要的细胞信号分子,参与多种生理过程,如细胞生长、神经传导和脂质代谢等。叶酸则是一种重要的维生素,对DNA合成、细胞分裂和神经系统发育具有关键作用。本研究通过基因组分析发现,早稻中的肌醇和叶酸合成基因在表达调控上表现出与水稻显著不同的模式。例如,早稻中的肌醇合成基因(如MIPS和IMP)和叶酸合成基因(如FOL1和FOL2)的表达水平显著高于水稻,导致其肌醇和叶酸含量显著增加。这一发现为早稻的营养价值提供了基因组学解释,也为通过基因诱导(技术进一步提高早稻的营养价值提供了理论依据。

3.4 高蛋白含量的遗传基础

早稻早香1号的蛋白质含量高达10.1g/100g,远高于普通水稻。这一高蛋白含量的实现主要依赖于早稻基因组中特有的蛋

白质合成与代谢相关基因的激活与调控。例如,早稻中的谷蛋白合成基因(如GluA和GluB)和醇溶蛋白合成基因(如Pro1和Pro2)的表达水平显著高于水稻,导致其蛋白质含量显著增加。此外,早稻中的氨基酸合成基因(如ASN和GS)的表达水平也显著高于水稻,导致其氨基酸组成更加均衡,营养价值更高。这一发现为早稻的高蛋白含量提供了基因组学解释,也为通过基因定向导入技术进一步提高早稻的蛋白质含量和营养价值提供了理论依据^[5]。

3.5 功能性性状的遗传基础与育种应用

本研究通过基因组分析和功能性基因控制片段的激活技术,揭示了早稻早香1号中多个功能性性状的遗传基础。这些功能性性状主要依赖于早稻基因组中特有的基因家族的激活与调控,如淀粉合成与代谢相关基因、肌醇和叶酸合成基因、以及蛋白质合成与代谢相关基因等。通过激活技术,可以进一步调控这些功能性基因的表达,从而培育出更多具有优异功能性状的早稻品种。例如,通过CRISPR/Cas9技术对早稻中的淀粉合成基因进行编辑,可以进一步提高其淀粉的抗酶解特性,从而开发出更多适合糖尿病患者食用的无糖早稻品种。同样,通过基因技术将早稻中的肌醇和叶酸合成基因导入其他作物,可以提高这些作物的营养价值,从而开发出更多具有高含量肌醇和叶酸的功能性食品。

3.6 早稻早香1号的生态与经济价值

早稻早香1号不仅具有独特的营养价值和健康益处,还具有重要的生态与经济价值。作为一种适应干旱环境的作物,早稻在干旱地区的种植可以有效缓解水资源短缺问题,提高土地利用率,促进农业可持续发展。此外,早稻的高蛋白含量和高营养价值也为开发高附加值的功能性食品提供了新的原料来源,具有广阔的市场前景。通过基因组分析和功能性基因控制片段的激活技术,可以进一步挖掘早稻的生态与经济价值,从而推动早稻产业的快速发展。例如,通过此独创诱导技术培育出更多适应不同生态环境的早稻品种,可以扩大早稻的种植范围,提高其产量和品质,从而促进早稻产业的规模化发展^[6]。

3.7 未来研究方向

尽管本研究揭示了早稻早香1号的独立物种地位及其功能

性基因调控机制,但仍有许多问题需要进一步研究。例如,早稻基因组中特有的基因家族的功能与调控机制尚不完全清楚,需要进一步通过功能基因组学和代谢组学等手段进行深入研究。此外,早稻中多个功能性性状的遗传基础与育种应用也需要进一步通过基因诱导技术进行验证和优化。未来研究还可以进一步探索早稻与其他作物的基因组比较分析,以揭示其在进化过程中的独特适应机制^[7]。

4 结束语

本文通过对早稻早香1号进行基因组测序,并与水稻基因组序列进行对照分析,充分证明了早稻作为独立物种的重要地位。同时,通过功能性基因控制片段的激活技术,成功培育筛选出了具有特定功能性状的早稻品种。这些功能性状对人类的健康具有显著益处,为指导功能性早稻育种的遗传改良和开发利用提供了有力支撑。未来,我们将继续深入研究早稻早香1号的基因组结构和功能性基因的控制机制,为培育更多优异早稻品种贡献力量。

[参考文献]

- [1]郭振宇,索常凯,蒲敏,等.硅提高早稻生理功能和耐盐性的机理[J].植物营养与肥料学报,2023,29(12):2282-2298.
- [2]陆展华,刘维,王石光,等.国内外早稻研究现状及对广东的启示[J].广东农业科学,2023,50(12):62-72.
- [3]陈春惠.机械直播早稻测产亩产最高1061.76斤[N].惠州日报,2023-11-11(002).
- [4]李勋,聂紫瑾,李琳,等.北京地区早稻种植发展现状及对策[J].农业科技通讯,2023,(10):19-22.
- [5]彭国威.优质新型早稻种质创新技术及新品种选育[J].河北农业,2023,(09):67-68.
- [6]罗利军.水旱稻分化与节水抗旱稻[J].自然杂志,2022,44(05):339-346.
- [7]刘宏元,周志花,赵光昕,等.改性纤维素对早稻萌发和旱地土壤性质的影响[J].中国农业科技导报,2023,25(5):168-175.

作者简介:

彭国威(1968--),男,汉族,黑龙江绥化人,本科,高级农艺师,教授,研究方向:早稻作物分子遗传育种学,职称副高级。