

拟提名 2023 年度云南省科学技术奖项目公示内容

一、项目名称

水稻及其野生近缘基因组变异、进化与物种形成基因组学研究

二、提名者及提名等级

提名者：中国科学院昆明分院

提名等级：云南省自然科学奖特等奖

三、项目简介

该项成果在国际上首次获得了与水稻育种利用密切相关的稻属 AA- 基因组 8 个物种（普通野生稻、尼瓦拉野生稻、非洲栽培稻、短舌野生稻、展颖野生稻、长雄蕊野生稻和南方野生稻）的高质量参考基因组，构建了其比较与进化基因组学研究框架，重建了 AA- 基因组物种的系统发育关系和进化历史，勾画了它们基因组与基因的变异式样，诠释了它们在亚洲、非洲、澳洲和南美洲的物种形成过程中及后来的生境适应的基因组学基础，揭示了达尔文选择压力是丰富基因组变异的重要推动力量并促使它们的交配系统在全球多样化的泛热带生境中快速适应性进化，展示了亚洲栽培稻及其野生祖先种与非洲栽培稻及其野生祖先种的在亚洲和非洲的不同适应性进化历史；基于 LTR 逆转录转座子的结构特征系统地扫描并获得了水稻基因组的 LTR 逆转录转座子家族全景图，首次勾画了近期快速分化形成的稻属

AA-基因组所有 8 个近缘物种基因组中 LTR 逆转录转座子家族的分化、扩增、删除等进化式样与机制，重现了逆转录转座子家族它们在约 4.8 百万年中生活史周期的快速流转、生生不息的图景，揭示了 LTR 逆转录转座子家族的近期快速进化是推动基因的功能分化和基因组进化进而促进物种形成重要的驱动力；利用 Illumina 和 Hi-C 测序技术，首次将组装得到的基因组序列（736.66-Mb）的 ~98.2% 挂载在 12 条染色体上，获得了颗粒野生稻（*O. granulata*）染色体水平的高质量基因组图谱，发现大约 61.98% 的重复序列中绝大多数反转录转座子的不断扩增但缺乏有效的清除机制，导致它成为基因组大小约为 782 Mb 的稻属第二大的基因组；通过稻属叶绿体基因组结构变异图谱的构建首次获得了植物新近物种形成过程中叶绿体基因组和基因变异式样、进化机制、速率或方向性的崭新认识，揭示了叶绿体基因组和基因的适应性进化驱使稻属物种适应亚洲、美洲、非洲和澳洲热带和亚热带的多样化生境；对同源四倍体水稻的多倍化与 DNA 甲基化关系的表观遗传学研究，首次为多倍化事件发生后水稻基因组进化受表观遗传修饰的影响提供了重要的理论基础，大大地促进多倍体水稻育种和野生稻优异新基因资源的发掘与利用研究；首次提出了亚洲栽培稻的非独立起源与驯化假说，揭示了在其驯化过程中籼粳两个亚种之间存在着基因组渗入，发现亚洲栽培稻起源与驯化机制远比原来的认识复杂，被认为是近年来作物起源与驯化理论群体遗传学研究中的一个新突破。该项成果的获得大大地推动了稻属物种形成与适应性进化机制的认识，奠定了我国科学家在野生稻种质资源与基因组学领

域的世界领先地位，为未来全球野生稻基因库的科学保护、为我国和世界水稻科学家对野生稻优异外源基因资源扩大利用奠定了坚实的科技基础。

该项成果共发表 SCI-E 收录论文 14 篇；其中 8 篇代表论文，总影响因子达 59.945，引用次数 399 次，他引次数 358 次。研究成果被国内外同行在 *Nature*、*Science*、*Nature Genetics* 等 TOP 期刊上重点关注和正面评价。

四、代表性论文专著目录

1. Qun-jie Zhang, Ting Zhu, En-hua Xia, Chao Shi, Yun-long Liu, Yun Zhang, Yuan Liu, Wen-kai Jiang, You-jie Zhao, Shu-yan Mao, Li-ping Zhang, Hui Huang, Jun-ying Jiao, Ping-zhen Xu, Qiu-yang Yao, Fan-chun Zeng, Li-li Yang, Ju Gao, Da-yun Tao, Yue-ju Wang, Jeffery L. Benntzen, **Gao L. Z.***. 2014. Rapid diversification of five *Oryza* AA genomes associated with rice adaptation. *Proc Natl Acad Sci USA* 111 (46) E4954-E4962.
2. Jie Zhang, Yuan Liu, En-hua Xia, Qiu-yang Yao, Xiang-dong Liu, **Li-zhi Gao***. 2015. Autotetraploid rice methylome analysis reveals methylation variation of transposable elements and their effects on gene expression. *Proc Natl Acad Sci USA* 112(50): E7022-E7029.
3. Wei Li, Qun-jie Zhang, Ting Zhu, Yan Tong, Kui Li, Cong Shi, Yun Zhang, Yun-long Liu, Jian-jun Jiang, Yuan Liu, En-hua Xia, Hui Huang, Li-ping Zhang, Dan Zhang, Chao Shi, Wen-kai Jiang, You-jie Zhao,

- Shu-yan Mao, Jun-ying Jiao, Ping-zhen Xu, Li-li Yang, **Li-zhi Gao***. 2020. Draft genomes of two outcrossing wild rice, *Oryza rufipogon* and *O. longistaminata*, reveal genomic features associated with mating-system evolution. *Plant Direct* 4(6): e00232. DOI: 10.1002/pld3.232.
4. Zhu T, Xu PZ, Liu JP, Peng S, Mo XC, **Gao L. Z.***. 2014. Phylogenetic relationships and genome divergence among AA- genome species of the genus *Oryza* as revealed by 53 nuclear genes and 16 intergenic regions. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 70: 348-61.
 5. **Li-Zhi Gao***, Yun-Long Liu, Dan Zhang, Wei Li, Ju Gao, Yuan Liu, Kui Li, Chao Shi, Yuan Zhao, You-Jie Zhao, Jun-Ying Jiao, Shu-Yan Mao, Cheng-Wen Gao, Evan E. Eichler. 2019. Evolution of *Oryza* chloroplast genomes promoted adaptation to diverse ecological habitats. *Communications Biology*, 2:278. doi: 10.1038/s42003-019-0531-2.
 6. Cong Shi, Wei Li, Qun-Jie Zhang, Yun Zhang, Yan Tong, Kui Li, Yun-Long Liu, **Li-zhi Gao***. 2020. The draft genome sequence of an upland wild rice species, *Oryza granulata*. *Scientific Data* 7(1):131. doi: 10.1038/s41597-020-0470-2.
 7. Wei Li, Kui Li, Ying Huang, Cong Shi, Wu-Shu Hu, Yun Zhang, Qun-Jie Zhang, En-Hua Xia, Ge-Ran Hutang, Xun-Ge Zhu, Yun-Long Liu, Yuan Liu, Yan Tong, Ting Zhu, Hui Huang, Dan Zhang, Yuan Zhao, Wen-Kai Jiang, Jie Yuan, Yong-Chao Niu, Cheng-Wen Gao, **Li-zhi Gao***. 2020. SMRT sequencing of the *Oryza rufipogon* genome reveals

the genomic basis of rice adaptation. *Communications Biology* 3(1):167. doi: 10.1038/s42003-020-0890-8.

8. **Gao L. Z.***, Hideki Innan. 2008. Non independent domestication of the two rice subspecies, *Oryza sativa* subsp. *indica* and subsp. *japonica*, demonstrated by multilocus microsatellites. *Genetics* 179(2): 965-976.

五、主要完成人基本情况

姓名	职称	职务	工作单位（完成单位）
高立志	二级教授	主任	海南大学 (中国科学院昆明植物研究所)
李伟	研究员	无	河北大学 (华南农业大学)
朱婷	副教授	无	辽宁师范大学 (中国科学院昆明植物研究所)
张杰	副教授	无	云南农业大学 (中国科学院昆明植物研究所)
刘云龙	副研究员	无	中国科学院昆明植物研究所
张群洁	副研究员	无	华南农业大学 (中国科学院昆明植物研究所)
张昀	讲师	无	贵州中医药大学 (中国科学院昆明植物研究所)
施聪	研发工程师	无	杭州昱鼎生物科技有限公司 (中国科学院昆明植物研究所)
李奎	副研究员	无	北京大学现代农业研究院 (中国科学院昆明植物研究所)
施超	教授	无	青岛科技大学 (中国科学院昆明植物研究所)
夏恩华	教授	无	安徽农业大学 (中国科学院昆明植物研究所)

张丹	副教授	无	海南大学 (华南农业大学)
佟岩	助理研究员	无	中国科学院昆明植物研究所
黄荟	副研究员	无	怀化学院 (中国科学院昆明植物研究所)