

水稻 dirigent 基因家族生物信息学分析

穰中文, 周清明*

(湖南农业大学 农学院, 湖南 长沙 410128)

摘要: 利用现有的水稻生物信息资源, 共鉴定出了 53 个水稻 dirigent (*OsDIR*) 基因, 它们分布在 8 条水稻染色体上; 基因结构分析显示, 有 32 个 *OsDIR* 基因不含内含子, 占总数的 60.4%; 保守功能区域预测表明, *OsDIR* 基因至少含有 1 个保守的 DIR 功能域; 模块预测显示, 水稻 DIR 蛋白拥有至少 10 个大小不同的保守模块, 且不同模块在基因家族成员中出现的频率有较大的差异; 蛋白序列比对表明, 该基因家族蛋白保守序列均位于 DIR 功能域内; 蛋白功能预测表明, 大多数 *OsDIR* 蛋白为稳定的疏水性蛋白, 表达于大多数细胞器中, 且在细胞壁中表达最为丰富; 同源基因分子遗传进化分析表明, *OsDIR* 基因可分为 5 个亚类, 功能域片段与基因的复制特征表明, *OsDIR* 基因可能起源于共同的祖先(基因)。

关键词: 水稻; dirigent 基因; 基因家族; 生物信息学

中图分类号: S511.01

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2013)02-0111-09

Bioinformatic analysis of the dirigent gene family in rice

RANG Zhong-wen, ZHOU Qing-ming*

(College of Agronomy, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China)

Abstract: Fifty-three *OsDIR* genes distributed on 8 different rice chromosomes were identified according to rice bioinformatics resource. Gene structural analyses showed that 32 *OsDIRs*, accounting for 60.4% of the total, are intron-less gene; conserved domain prediction demonstrated that each of the *OsDIR* genes contains at least one conserved dirigent domain and 10 conserved motifs with different sizes, among which each motif showed different frequencies in all members of *OsDIR* gene family, were predicted through motif analysis. Multiple alignment of protein sequences showed that all the conserved protein sequences were located in the conserved domain, and most of the proteins are stabilized hydrophobic proteins, which expressed in most of the organelles with the most of which abundantly expressed in the cell wall, according to *OsDIR* protein sequences functional prediction. The *OsDIR* genes were classified into five subgroups according to phylogenetic analyses based on conserved protein domain sequences. Additionally, the replication characteristics of domain fragments and genes indicated that the *OsDIR* genes origin from the common ancestor/gene.

Key words: rice; dirigent gene; gene family; bioinformatics

具有 DIR 基因保守序列的基因可称之为 DIR 基因或类 DIR 基因^[1]。为了探寻植物中 DIR 以及类 DIR 基因家族的进化关系, Ralph^[2]等分析不同植物(单子叶植物和双子叶植物)的 DIR 基因的全长 cDNA 或开放阅读框序列(ORF), 将 DIR 基因家族分为 5 大亚类, 即 1 个 DIR-a 亚类和 4 个类 DIR 亚类(DIR-b、DIR-c、DIR-d and DIR-e)。

目前, 水稻 dirigent (*OsDIR*) 基因的表达与生理功能的研究在水稻基础研究中几乎空白。笔者利用生物信息学方法, 分析 *OsDIR* 基因在染色体上的分布及其基因结构、遗传进化特征, 并进行多重性平行定序检测, 旨在探寻 *OsDIR* 基因家族的基本特征, 为该基因家族基因成员的时空表达研究和基因生物学功能分析提供参考依据。

收稿日期: 2012-06-11

基金项目: 湖南省高校科技创新团队支持计划资助

作者简介: 穰中文(1982—), 男, 湖南常德人, 博士, 讲师, 主要从事作物遗传育种研究, rzwronger@126.com; *通信作者, zqm0618@yahoo.com.cn

1 材料与方法

1.1 材料

DIR 基因家族编号 PF03018 用于水稻信息资源数据库同源蛋白搜索(TIGR, V6.1)。

1.2 方法

用水稻信息资源数据库(TIGR), 搜索与 *DIR* 基因家族成员同源的基因及蛋白, 并进行相关的序列分析。开放阅读框(ORF)、外显子与内含子和家族基因蛋白序列等信息均从数据库 TIGR 中搜集; 蛋白序列用 expasy protoparam 工具分析; 根据各 *OsDIR* 蛋白基因在 TIGR 水稻数据库中水稻各染色体上的物理位置, 用软件 GGT 2.0^[3]对各基因进行物理作图并定位于相应的染色体上; 用软件 MegAlign 4.0 计算各家族基因成员在染色体上的相对距离及其所编码蛋白质之间的相似性; 蛋白保守功能域由 Pfam 和 SMART 在线程序进行预测; 蛋白序列保守模块(Motifs)用在线程序 MEME(V3.4) 预测, 程序运行参数为: 允许模块重复数为任意数;

最大模块数为 10; 模块最佳长度为 $6 < W < 200$ 。蛋白功能域序列比对(系统默认参数)用软件 MEGA 4.3.0^[4]进行。功能域蛋白序列和基因蛋白质全序列的无根邻接系统进化关系树参照文献^[5]构建。结合其他物种中同源基因的系统进化分析, 对搜索到的 *OsDIR* 基因进行分类。

2 结果与分析

2.1 *OsDIR* 同源基因的鉴定

通过同源搜索, 得到 59 个 *OsDIR* 基因序列; 对同一数据库进行 *DIR* 基因功能搜索, 共得到 49 条水稻 *DIR* 基因序列。结合 2 种搜索方法结果, 除去重复基因后, 利用 Pfam 与 SMART 数据库预测各个蛋白序列保守功能域, 共发现水稻至少有 53 个基因拥有 DIR 功能域。根据这些基因所在的水稻染色体号及在各染色体上的物理位置, 将这些基因按从 *OsDIR1* 到 *OsDIR53* 的顺序进行命名, 各基因在水稻数据库 TIGR 中的序列号以及基因的基本序列特征见表 1。

表 1 53 个 *OsDIR* 基因及其基本序列特征

Table 1 List of 53 *OsDIR* genes identified in rice and their sequence characteristics

序号	基因名称	序列号	染色体号	开放阅读框/bp	内含子数/个	cDNA 序列号
1	<i>OsDIR-01</i>	LOC_Os01g06250	1	1 023	0	n.a.
2	<i>OsDIR-02</i>	LOC_Os01g24960	1	477	2	n.a.
3	<i>OsDIR-03</i>	LOC_Os01g25030	1	510	2	n.a.
4	<i>OsDIR-04</i>	LOC_Os01g26340	1	654	2	n.a.
5	<i>OsDIR-05</i>	LOC_Os03g05030	3	828	0	BAH91992
6	<i>OsDIR-06</i>	LOC_Os03g17220	3	957	0	BAH92094
7	<i>OsDIR-07</i>	LOC_Os03g28190	3	534	0	BAF12227
8	<i>OsDIR-08</i>	LOC_Os03g59440	3	561	0	BAF13568
9	<i>OsDIR-09</i>	LOC_Os04g57130	4	435	1	BAH92863
10	<i>OsDIR-10</i>	LOC_Os07g01600	7	588	1	BAF20619
11	<i>OsDIR-11</i>	LOC_Os07g01620	7	1 122	1	BAF20620
12	<i>OsDIR-12</i>	LOC_Os07g01660	7	690	0	BAF20623
13	<i>OsDIR-13</i>	LOC_Os07g01680	7	663	0	BAF20624
14	<i>OsDIR-14</i>	LOC_Os07g42520	7	528	0	BAF22195
15	<i>OsDIR-15</i>	LOC_Os07g42570	7	570	0	BAF22196
16	<i>OsDIR-16</i>	LOC_Os07g44250	7	615	0	BAF22309
17	<i>OsDIR-17</i>	LOC_Os07g44260	7	465	0	n.a.
18	<i>OsDIR-18</i>	LOC_Os07g44280	7	609	0	BAF22310
19	<i>OsDIR-19</i>	LOC_Os07g44370	7	603	0	BAF22318
20	<i>OsDIR-20</i>	LOC_Os07g44380	7	561	0	n.a.
21	<i>OsDIR-21</i>	LOC_Os07g44450	7	618	0	BAF22323
22	<i>OsDIR-22</i>	LOC_Os07g44930	7	624	0	n.a.
23	<i>OsDIR-23</i>	LOC_Os08g26110	8	567	2	n.a.
24	<i>OsDIR-24</i>	LOC_Os08g26180	8	567	2	n.a.
25	<i>OsDIR-25</i>	LOC_Os08g26560	8	567	2	n.a.
26	<i>OsDIR-26</i>	LOC_Os08g28790	8	624	0	n.a.
27	<i>OsDIR-27</i>	LOC_Os10g18760	10	528	2	BAF23585
28	<i>OsDIR-28</i>	LOC_Os10g18820	10	615	2	n.a.
29	<i>OsDIR-29</i>	LOC_Os10g18870	10	540	2	BAF26285

续 表

序号	基因名称	序列号	染色体号	开放阅读框/bp	内含子数/个	cDNA 序列号
30	OsDIR-30	LOC_Os10g25870	10	567	0	BAF26451
31	OsDIR-31	LOC_Os10g25900	10	495	0	BAF26452
32	OsDIR-32	LOC_Os11g07670	11	531	0	BAF27733
33	OsDIR-33	LOC_Os11g07680	11	537	0	BAF27734
34	OsDIR-34	LOC_Os11g07690	11	534	0	BAF27735
35	OsDIR-35	LOC_Os11g07710	11	537	0	n.a
36	OsDIR-36	LOC_Os11g07740	11	549	0	n.a
37	OsDIR-37	LOC_Os11g07770	11	555	0	CAO02551
38	OsDIR-38	LOC_Os11g07830	11	558	0	BAF27736
39	OsDIR-39	LOC_Os11g10790	11	540	1	BAF27862
40	OsDIR-40	LOC_Os11g10800	11	579	0	BAF27863
41	OsDIR-41	LOC_Os11g10820	11	5 790	5	BAF27864
42	OsDIR-42	LOC_Os11g10850	11	570	0	BAF27866
43	OsDIR-43	LOC_Os11g10870	11	546	0	BAF27867
44	OsDIR-44	LOC_Os11g27620	11	483	1	n.a.
45	OsDIR-45	LOC_Os11g40180	11	891	3	BAF28644
46	OsDIR-46	LOC_Os11g42500	11	726	0	BAH95407
47	OsDIR-47	LOC_Os11g42550	11	513	0	n.a.
48	OsDIR-48	LOC_Os12g07580	12	555	0	BAF29307
49	OsDIR-49	LOC_Os12g09700	12	924	3	BAF29386
50	OsDIR-50	LOC_Os12g09720	12	777	4	BAF29387
51	OsDIR-51	LOC_Os12g12600	12	465	1	BAF29454
52	OsDIR-52	LOC_Os12g14440	12	921	3	BAF29514
53	OsDIR-53	LOC_Os12g26380	12	591	2	n.a.

“ n.a. ” 示数据库中无法获得 cDNA 序列及编号。

2.2 内含子与外显子的鉴定

如表 1 所示, 53 个 *OsDIR* 基因中, 共有 32 个基因不含内含子, 占总数的 60.4%, 大大超过水稻无内含子基因比例(平均为 19.9%^[6])。21 个含有内含子的基因中, 6 个基因(28.6%)含有单个内含子, 15 个基因(61.5%)含有多个内含子($n \geq 2$), 而且含 2 个内含子的基因居多(47.6%)。根据内含子出现数目的多少, 53 个基因被分成类型 I (无内含子基因)和

类型 II (有内含子基因), 分别占总数的 60.4%和 39.6%。

2.3 水稻染色体上 *OsDIR* 的位置分布

53 个 *OsDIR* 基因数量不等地分布在 8 条水稻染色体上(图 1), 其平均开放阅读框长度为 717 bp, 最大开放阅读框长度为 5 790 bp, 最小的长度仅为 435 bp。

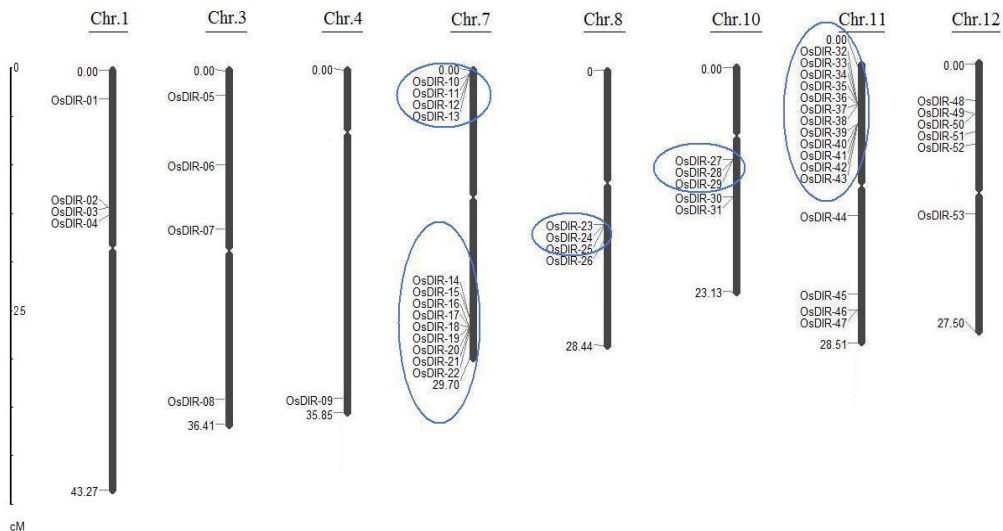


图 1 *OsDIR* 基因在水稻染色体上的分布情况
Fig.1 Distribution of *OsDIR* genes on rice chromosomes

第 11 号染色体所分布的 *OsDIR* 基因数最多, 其次为第 7 号染色体, 其基因数量分别是 16 和 14; 而第 2、5、6 和 9 号染色体上不存在该家族基因成员。在拥有 *OsDIR* 基因的 8 条染色体上, *OsDIR* 基因分布于染色体的各个部位, 如端粒末端、近着丝粒等。虽然大多数基因成员成簇而生(图 1 中椭圆圈点处), 但这些相邻的基因中的部分基因被鉴定为反方向转录基因。

2.4 *OsDIR* 蛋白序列分析

PFam 和 SMART 蛋白序列分析表明, *OsDIR* 基因的蛋白序列中均含有至少 1 个典型的类 DIR 保守功能域, 其长度从 144 个氨基酸到 1 929 个氨基酸不等。对水稻 *DIR* 基因家族蛋白序列 ExPasy 进行分析, 结果表明, 虽然该家族蛋白质等电点和相对分子质量(*MW*)之间存在较大的变化(*PI* 为 4.71 ~ 11.76; *MW* 为 15 100 ~ 216 800), 但绝大多数家族成员(40 个, 占总数的 75.5%)被预测为稳定蛋白, 这与该家族蛋白质的疏水性密切相关。在 53 个 *OsDIR* 蛋白中, 疏水性蛋白占 60.4%, 且 40 个稳定蛋白中的疏水性蛋白占 65%。*OsDIR* 基因的表达产物亚细胞定位预测表明, *OsDIR* 基因的表达产物不仅分布在细胞的绝大多数细胞器, 部分产物还被定位于细胞壁, 而且超过一半以上的 *OsDIR* 家族产物几乎仅存在于细胞壁中。此外, 部分产物被定位于细胞核以及线粒体等部位, 表明该家族蛋白的功能复杂且多样。

2.5 *OsDIR* 蛋白的结构分析

通过 MEME 模块搜索程序, 以综合期望值(*E* 值)小于 $1.00E^{-35}$ 为标准, 鉴定出 53 个 *OsDIR* 蛋白有 10 个保守模块, 其中最大模块长度为 80 个氨基酸, 最小模块长度仅为 11 个氨基酸(图 2)。对 *OsDIR* 蛋白保守模块结构进行比对, 以各模块的期望值从小到大进行排列, 结果表明, 模块 1 至模块 4 出现在绝大多数基因成员中, 且全部出现在 DIR 功能域内, 在基因家族中覆盖率均在 94.34% 以上, 而且模块 2 在基因 *OsDIR31* 上有 2 个拷贝。SMART 分析

发现, 仅基因 *OsDIR11* 具有 2 个 DIR 功能域, 且 2 个功能域之间拥有除模块 4 之外的共同保守模块。模块 7、8、9 和 10 仅出现在小部分家族成员中, 出现频率分别为 5.66%、13.21%、11.32% 和 11.09%, 这些基因家族成员大多为多内含子基因, 说明这些基因在整个家族进化过程中处于新成员地位。对基因 *OsDIR-49*、*OsDIR-50* 和 *OsDIR-08* 进行功能域搜索, 发现这些基因除拥有典型的 DIR 功能域外, 还被鉴定拥有类 Jacalin 功能域, 而模块 7 正处于 3 个基因的 Jacalin 功能域之内, 进一步说明基因或基因家族遗传进化过程的专一化与多样化趋势。*OsDIR* 蛋白模块结构整体分析也表明水稻 DIR 基因家族的复杂性和多样性。将 *OsDIR11* 的 2 个 DIR 功能域分别与其他基因 DIR 功能域蛋白序列(共 54 个, *OsDIR-41* 含有 2 个功能域)进行多序列比对, 发现序列相对保守区域(I、II、III、IV、V 和 VI)与模块预测的相对位置基本一致(图 3)。

2.6 *OsDIR* 基因家族遗传进化分析

利用软件 MEGA4.0 对 54 条 dirigent 功能域序列和 53 条 *OsDIR* 全蛋白序列同时进行多序列比对, 比对结果(图 4)均用于无根分子系统树的构建。无论是以功能域序列为基础的系统树(图 4-a), 还是以全蛋白序列为基础的系统树(图 4-b), 结果都显示, *OsDIR* 基因家族被大致分为 2 个大类, 且系统树的分支情况与基因内含子的表现模式基本一致, 即第一类 *OsDIR* 基因中均为无内含子或单一内含子基因, 第二类 *OsDIR* 基因均为多内含子基因。但是, 以功能域序列为对象所构建的分子系统树, 由于保守功能域序列之间相似度较高, 各基因的分类情况不能本质上反映出各基因分子进化情况; 因此, 在研究基因家族各成员的分类与进化关系时, 大多采用全蛋白序列进行分析^[2,7]。另外, 基因 *OsDIR11* 所拥有的 2 个 DIR 功能域的进化关系十分接近, 表明该基因的复制与其功能域片段的复制可能同步进行。

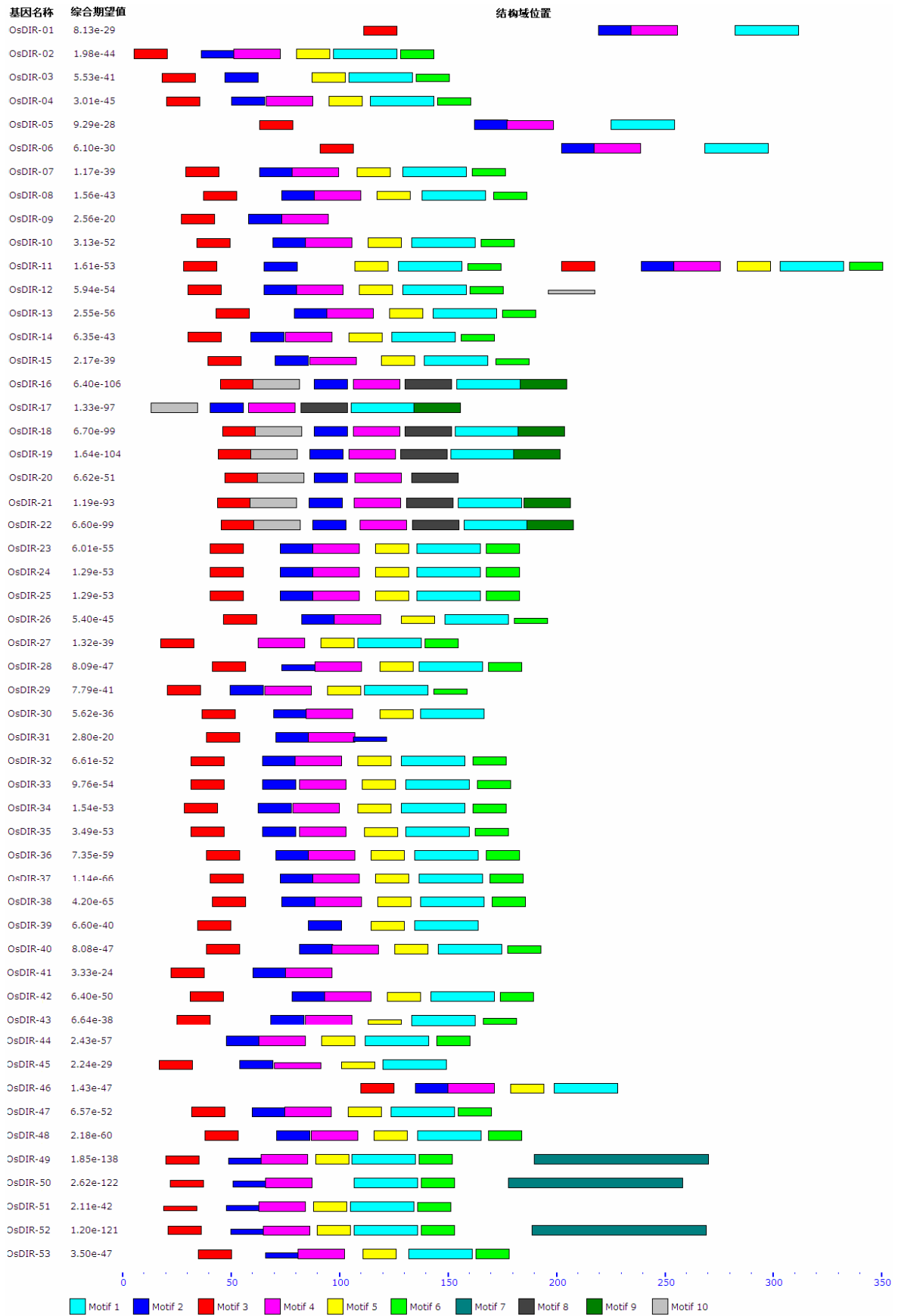
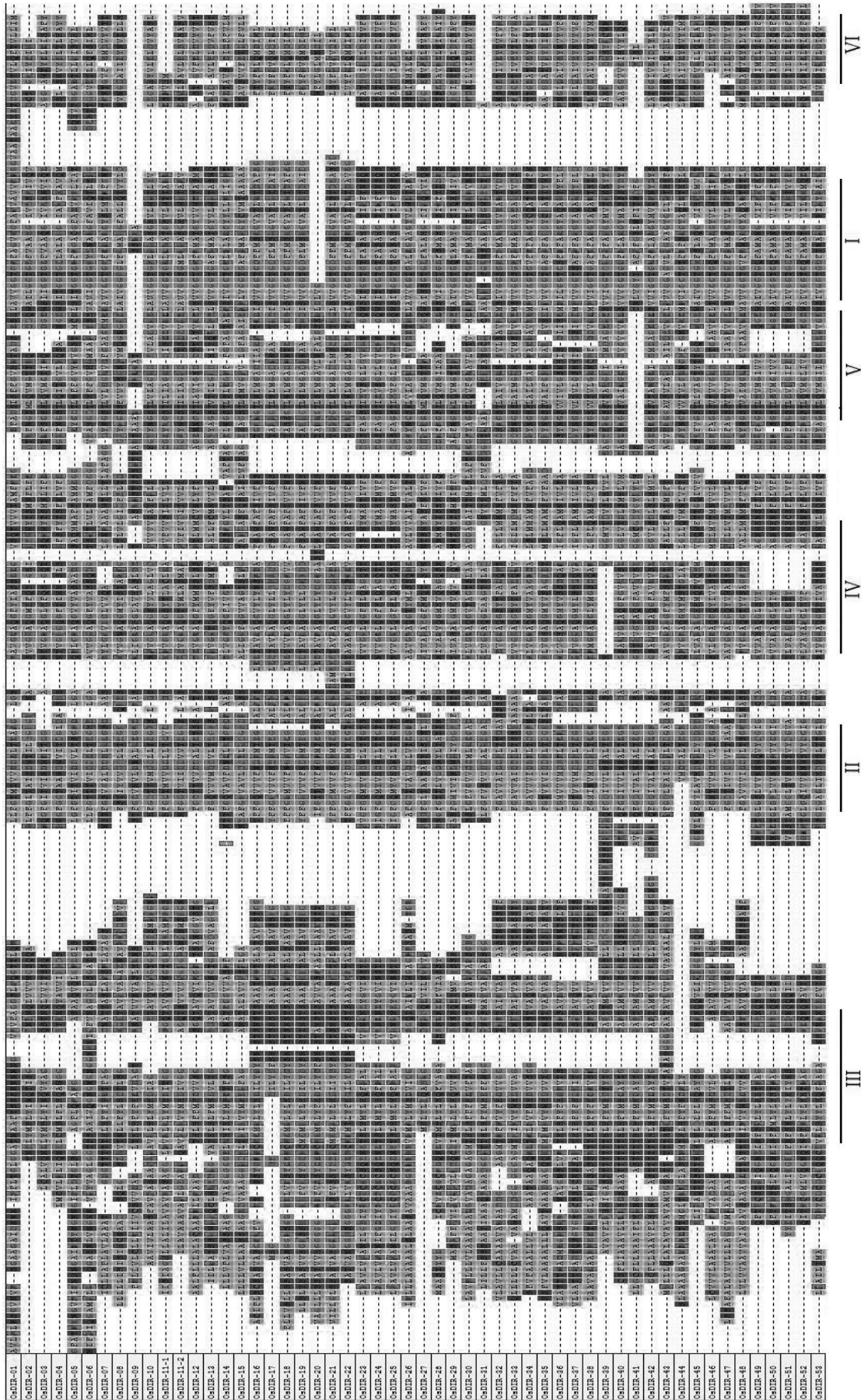


图 2 *OsDIR* 基因家族保守模块预测

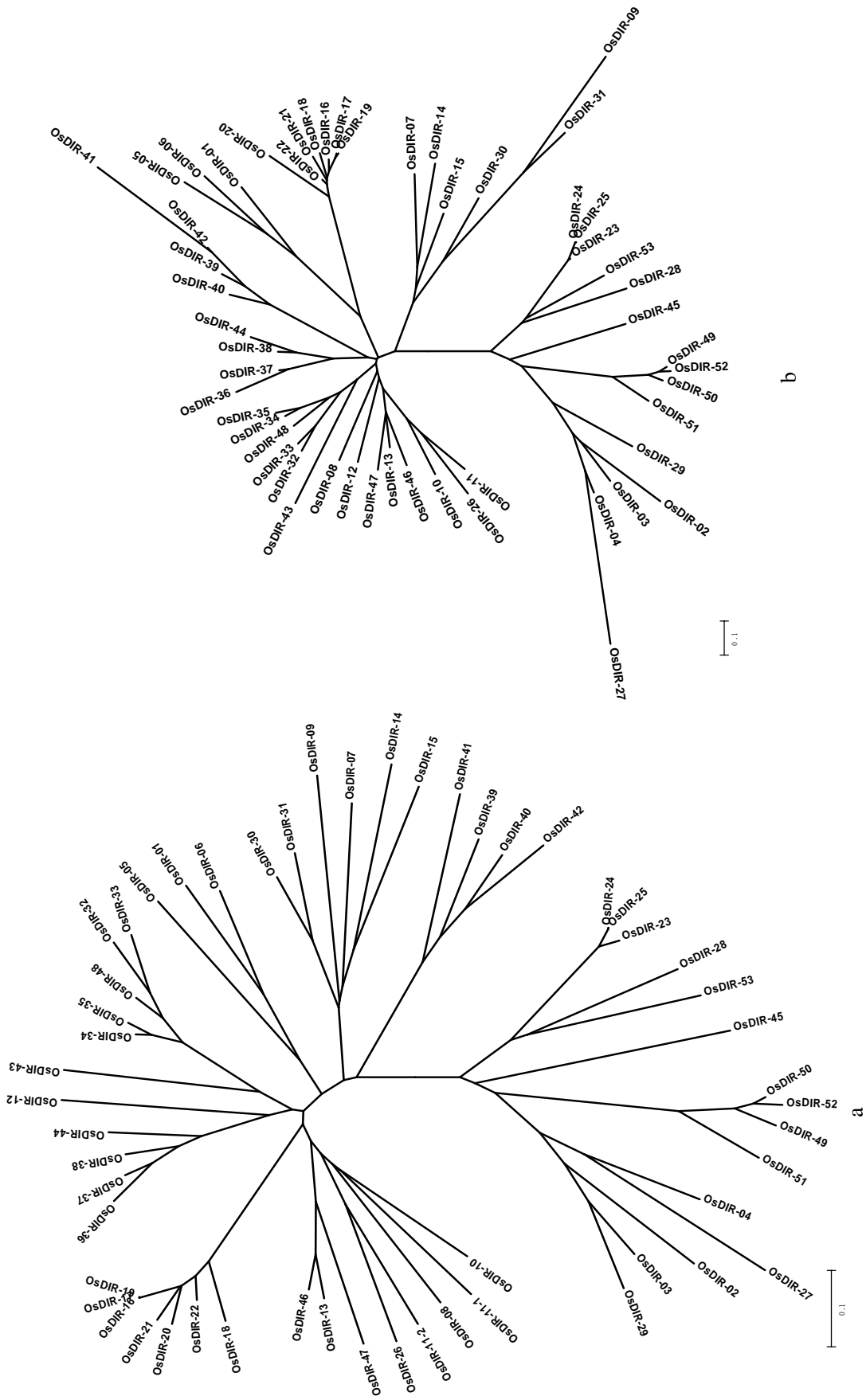
Fig.2 Conserved motif comparison for all the dirigent protein-encoding genes in rice



I、II、III、IV、V和VI表示OsDIR功能域的相对保守区域。

图3 OsDIR蛋白功能域的多序列比对

Fig.3 Multiple alignment of functional domain of OsDIR proteins



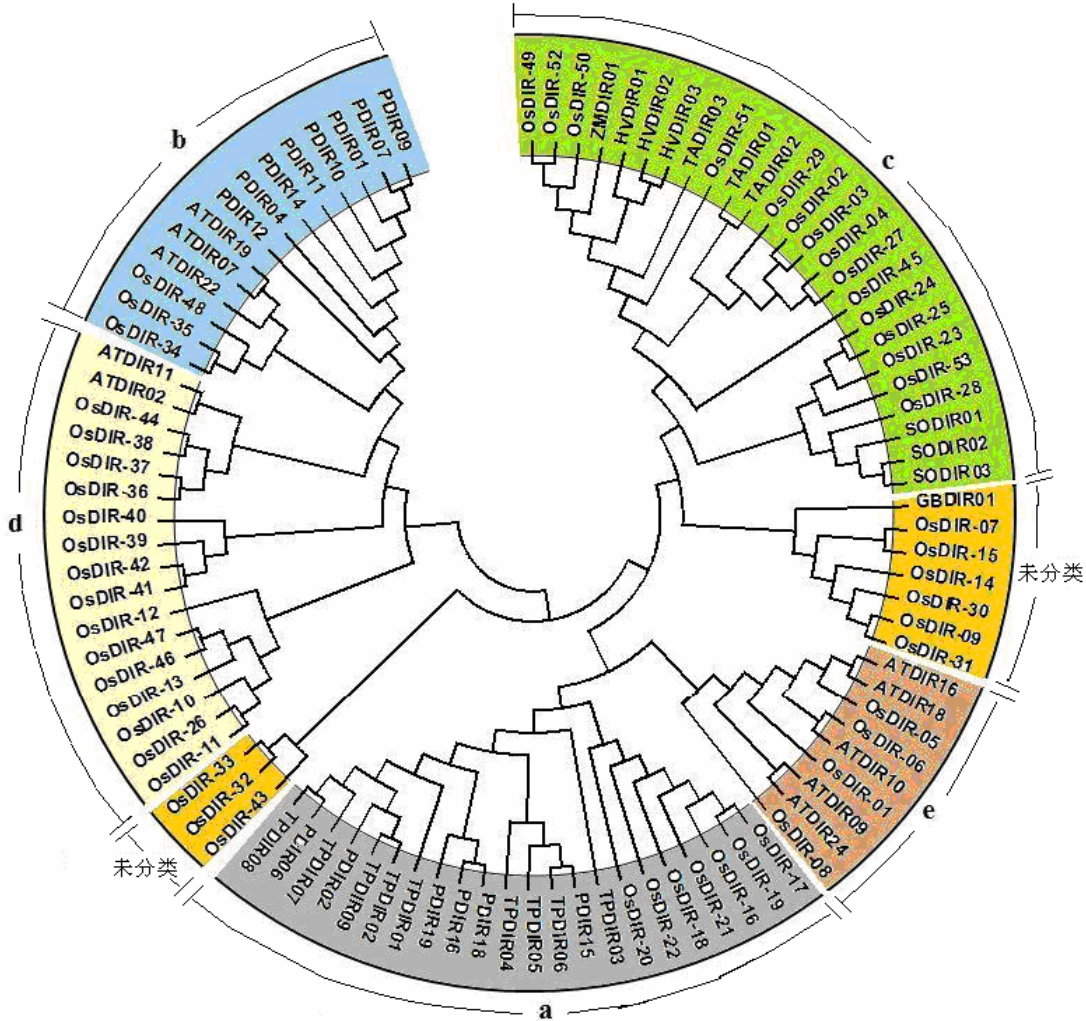
a DIR 功能域蛋白序列； b DIR 全蛋白序列。

图 4 水稻 dirigent 基因遗传进化关系树

Fig.4 Phylogenetic relationship of *OsDIR* gene based on functional domain and full length protein sequences

根据 DIR 蛋白序列的不同蛋白功能和遗传进化关系, Ralph 等^[2]把 DIR 蛋白基因分为 5 个不同的亚类,即 DIR-a、DIR-b、DIR-c、DIR-d 和 DIR-e。为了将 53 个 *OsDIR* 基因进一步分类,从不同物种中选出各亚类具有代表性的基因与 *OsDIR* 基因进行分子进化树分析,结果(图 5)表明,水稻 53 个

OsDIR 基因家族成员分布于各个亚类。与以内含子数量为依据的分类相比,多内含子基因属于 DIR-c 亚类;无内含子或单内含子基因分别归属于其他各亚类,其中 7 个基因属于 DIR-a 类,4 个基因属于 DIR-e 类,18 个基因属于 DIR-b 或 DIR-d 类。按照此分类方法,仍有 9 个基因未能归类于各亚类中。



P, 云杉; TP, 雪松; AT, 拟南芥; HV, 大麦; TA, 小麦; SO, 蔗; GB, 棉花; ZM, 玉米; OS, 水稻。

图 5 DIR 基因遗传进化树及分类

Fig.5 Classification of plant DIR and DIR-like gene base on phylogenetic tree

3 小结与讨论

利用现有的水稻生物信息资源,共鉴定出了 53 个 *OsDIR* 基因,大多数 *OsDIR* 基因不含内含子,且每个 *OsDIR* 基因至少含有一个保守的 DIR 功能域,其蛋白保守序列均位于 DIR 功能域内,说明基因重复与基因片段重复现象均出现在 *OsDIR* 家族进化过程中;模块预测结果表明,*OsDIR* 基因家族进化过程具有专一化与多样化的特征;蛋白功能预

测及其表达分布体现了 *OsDIR* 蛋白质功能的多样性与复杂性;*OsDIR* 基因数目不等地分布在 5 个亚类之中,与前人研究结果基本一致^[2, 8]。另外,功能域片段与基因的复制表明,*OsDIR* 基因可能起源于共同的祖先(基因),但有些 *OsDIR* 蛋白表现出品种的特异性,根据以往相关的观点^[9-11],说明只有少数的基因是源自共同的祖先,如在单子叶与双子叶分化之前;而大部分基因,在双单子分化之后,

由于功能域的分化或多样化导致了 *OsDIR* 基因的多样性与复杂性。

有研究^[12]表明,水稻的核基因组至少经历了 2 次基因组复制过程,并从最初 5 条染色体变成了 12 条染色体。片段复制、串联重复和逆转录转座等基因复制方式在水稻基因家族的物种特异性扩张方面起到了重要作用,而且基因片段的重复是基因组和基因系统进化过程中的原动力^[13],对于大多数基因家族来说,其大小与分布在相当程度上受基因的串联重复和基因片段重复的影响^[14]。根据最近的研究^[15-16],在基因或基因片段复制过程中内含子的丢失比内含子的保留所出现的频率要高得多,说明这些非多内含子基因是 *OsDIR* 基因家族遗传进化过程中较新的成员。另外,基因家族成员数量也反映了由于基因大量重复和多样化使基因组在进化过程中不断重组和扩张^[17]。水稻基因组大约在 7 000 万年前以串连重复为主的复制方式^[18-19],经历了一次基因组范围的复制过程,所产生的同源基因分布在相同或不同的染色体上的各个位置^[20]。由于大部分 *OsDIR* 基因在水稻染色体上成簇分布,而且这些成簇与非成簇 *OsDIR* 基因之间同源性均较高,说明了该基因家族大部分成员可能主要在该过程中产生。另外,在成簇分布的基因中有少数基因表现为逆转录方向,说明在这次基因组范围内的复制历程中可能存在逆转录转座复制方式。

迄今为止,某些 *OsDIR* 基因的 cDNA 仍无法获得,主要原因一方面可能是由于基因自身不表达;另一方面可能是由于这些基因表达量极少,以目前的技术手段无法获取相应的 cDNA。笔者用 RT-PCR 方法对 15 个 *OsDIR* 基因进行表达分析,结果也表明,在高温、干旱及高温与干旱联合胁迫下这些基因的相对表达量存在明显的差异(数据待发表),推测这些差异表达与某一生理特性可能相关,有关生理机理有望进一步验证。

本研究提供了水稻基因组 *OsDIR* 基因家族的分子、遗传进化等信息,也是首次对该基因家族从水稻基因组进行全面分析,以期在 *OsDIR* 基因家族功能研究及相关的胁迫生理机理机制研究中提供参考依据。

感谢 Dr. Jagadish Krishna 和 Dr. Joong Hyoun Chin 对生物信息学方面的理论与实践指导。

参考文献:

- [1] Burlat V, Kwon M, Davin L B, et al. Dirigent proteins and dirigent sites in lignifying tissues[J]. *Phytochemistry*, 2001, 57: 883-897.
- [2] Ralph S, Park J Y, Bohlmann J, et al. Dirigent proteins in conifer defense: Gene discovery, phylogeny, and differential wound- and insect-induced expression of a family of DIR and DIR-like genes in spruce (*Picea* spp.) [J]. *Plant Mol Biol*, 2006, 60(1): 21-40.
- [3] Berloo R V. GGT2.0: Versatile software for visualization and analysis of genetic data [J]. *J Hered*, 2008, 99: 232-236.
- [4] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis(MEGA) software version 4.0 [J]. *Mol Bio and Evol*, 2007, 24: 1596-1599.
- [5] Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees [J]. *Mol Biol and Evol*, 1987, 4: 406-425.
- [6] Jain M, Khurana P, Tyagi A K, et al. Genome-wide analysis of intronless genes in rice and Arabidopsis [J]. *Funct Integr Genomics*, 2008, 8: 69-78.
- [7] Ouyang Y, Chen J, Xie W, et al. Comprehensive sequence and expression profile analysis of Hsp20 gene family in rice [J]. *Plant Mol Biol*, 2009, 70: 341-357.
- [8] Ralph S G, Jancsik S, Bohlmann J. Dirigent proteins in conifer defense II: Extended gene discovery, phylogeny, and constitutive and stress-induced gene expression in spruce (*Picea* spp.) [J]. *Phytochemistry*, 2007, 68: 1975-1991.
- [9] Bai J. Diversity in nucleotide binding site leucine-rich repeat genes in cereals [J]. *Genome Res*, 2002, 12: 1871-1884.
- [10] Jain M, Tyagi A K, Khurana J P. Genome-wide analysis, evolutionary expansion, and expression of early auxin-responsive SAUR gene family in rice (*Oryza sativa*) [J]. *Genomics*, 2006, 88: 360-371.
- [11] Zhang S, Chen C, Li L, et al. Evolutionary expansion, gene structure, and expression of the rice wall-associated kinase gene family [J]. *Plant Physiol*, 2005, 139: 2621-2632.
- [12] Kong H, Landherr L L, Frohlich M W, et al. Patterns of gene duplication in the plant SKP1 gene family in angiosperms: Evidence for multiple mechanisms of rapid gene birth [J]. *Plant J*, 2007, 50(5): 873-885.
- [13] Moore R C, Purugganan M D. The early stages of duplicate gene evolution [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2003, 100: 15682-15687.
- [14] Cannon S B, Mitra A, Baumgarten A, et al. The roles

- of segmental and tandem gene duplication in the evolution of large gene families in *Arabidopsis thaliana* [J/OL]. *BMC Plant Biology*, 2004, 4: <http://www.biomedcentral.com/1471-2229/4/10>.
- [15] Lin H, Zhu W, Silva C J, et al. Intron gain and loss in segmentally duplicated genes in rice [J]. *Genome Biol*, 2006, 7: 41.
- [16] Roy S W, Penny D. Patterns of intron loss and gain in plants: Intron loss-dominated evolution and genome-wide comparison of *O. sativa* and *A. thaliana* [J]. *Mol Biol Evol*, 2006, 24: 171–181.
- [17] Wang D, Pei K, Fu Y, et al. Genome-wide analysis of the auxin response factors ARF gene family in rice (*Oryza sativa*) [J]. *Gene*, 2007, 394: 13–24.
- [18] Anderson C L, Bremer K, Friis E M. Dating phylogenetically basal eudicots using rbcL sequences and multiple fossil reference points [J]. *American Journal of Botany*, 2005, 92: 1737–1748.
- [19] Davies T J, Barraclough T G, Chase M W, et al. Darwin's abominable mystery: Insights from a supertree of the angiosperms [J]. *PNAS*, 2004, 101(7): 1904–1909.
- [20] Goff S A, Ricke D, Lan T H, et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. japonica) [J]. *Science*, 2002, 296(5565): 92–100.

责任编辑: 罗 维

英文编辑: 罗 维

简 报

湖南农业大学荣获 2 项国家科学技术奖

2013年1月18日,2012年度国家科技奖励大会在北京召开,由我校农学院陈立云教授主持完成的“水稻两用核不育系 C815S 选育及种子生产新技术”项目荣获国家技术发明二等奖;生物安全科学技术学院柏连阳教授主持完成的“水田杂草安全高效防控技术研究与应用”项目荣获国家科技进步二等奖。

陈立云教授主持完成的“水稻两用核不育系 C815S 选育及种子生产新技术”项目历经 20 年的研究,育成制种安全、综合性状优良、配合力强的水稻两用核不育系 C815S,利用该不育系选配了 13 个高产杂交组合通过国家或省级审定,研制和发明了两用核不育系及杂交组合安全高产、高效种子生产新技术,解决了困扰两系法杂交水稻生产多年的主要技术问题。用 C815S 配制 13 个杂交组合在湖南等 8 省市累计推广约 157.17 万 hm^2 ,累计生产稻谷 137.06 亿 kg,创社会经济产值 274.92 亿元,新增效益 13.53 亿元。

柏连阳教授主持完成的“水田杂草安全高效防控技术与应用”项目,历时 20 年,突破了国内外长期认为异丙甲草胺、甲磺隆等高活性除草剂只能用于旱地除草的理论禁锢,攻克了旱地芽前除草剂对水稻安全性评价、植物性安全剂研究与应用、微生物除草剂开发和水田杂草“一次性”防除等关键技术,解决了我国南方稻田杂草的安全高效防控问题,项目实施过程中开发了 15 个多分子靶标除草剂产品,获得国家授权发明专利 9 项,在国内外学术刊物上发表论文 77 篇,培养研究生 45 人,培训农民 2.5 万人次。项目成果及产品已在湖南、湖北、广东、广西、江西等水稻产区推广应用 2293.9 万 hm^2 ,为农民增收 67.95 亿元,为企业新增产值 5.44 亿元,获经济效益 73.39 亿元,社会、生态与经济效益显著。

刘双清