

# 旱稻旱香1号与水稻基因组比较分析： 探究旱稻适应性进化的遗传基础

彭国威

中国山东华源旱稻农业生物科技有限公司，华源生物分子育种实验室，山东 临沂 276000

DOI: 10.61369/MAT.2026010007

**摘要：**旱稻作为水稻的重要生态型变种，其独特的抗旱特性为作物改良提供了宝贵资源。旱香1号作为典型旱稻品种，其基因组蕴含着适应性进化的关键遗传信息。通过比较旱稻与水稻基因组的结构变异和表达差异，可以揭示植物应对水分胁迫的分子机制。这种跨物种的基因组学研究不仅有助于理解作物环境适应的进化历程，更为抗旱作物育种提供了新的分子靶点。

**关键词：**旱香1号；水稻基因组；比较分析；旱稻适应性进化；遗传基础

## Comparative Genomic Analysis between Upland Rice Hanxiang 1 and Paddy Rice: Exploring the Genetic Basis of Adaptive Evolution in Upland Rice

Peng Guowei

Huayuan Upland Rice Agricultural Biotechnology Co., Ltd., Huayuan Biomolecular Breeding Laboratory,  
Linyi, Shandong 276000

**Abstract:** Upland rice, as an important ecotype variant of paddy rice, offers valuable resources for crop improvement due to its unique drought resistance characteristics. Hanxiang 1, as a typical upland rice variety, harbors key genetic information for adaptive evolution in its genome. By comparing the structural variations and expression differences between the genomes of upland rice and paddy rice, the molecular mechanisms underlying plant responses to water stress can be revealed. This cross-species genomics study not only aids in understanding the evolutionary process of crop environmental adaptation but also provides new molecular targets for breeding drought-resistant crops.

**Keywords:** Hanxiang 1; paddy rice genome; comparative analysis; adaptive evolution of upland rice; genetic basis

## 引言

水分利用效率是决定作物环境适应性的核心因素，旱香1号与常规水稻在基因组层面的系统比较，能够识别抗旱相关的关键基因家族及其调控网络。从转座子活跃到选择压力差异，从基因拷贝数变异到表达模式分化，多层次的基因组特征分析将阐明旱稻适应性进化的遗传本质。这项研究对解析植物抗旱分子机理具有重要理论价值。

## 一、主要科学问题与拟开展的研发内容

本研究基于对野生旱稻抗旱机制的深入观察，发现其根毛在干旱胁迫下可形成超常密度与长度，这一性状与植物体内特殊抗旱酶系统的激活密切相关。研究旨在通过生物技术手段解析并利用这一机制，培育具备强抗旱性的优质旱稻新品种。研发工作将围绕以下核心内容展开：首先，建立野生旱稻种质资源库，利用现代基因组学技术鉴定控制根毛发育及抗旱性的关键基因位点；

其次，开发远缘杂交与分子标记辅助育种相结合的技术体系，将优良抗旱基因导入栽培稻背景；重点探究抗旱酶（如活性氧合成相关酶系）在根尖响应水分信号时的聚集规律与功能激活机制，阐明其如何通过软化细胞壁、促进细胞伸长来增强植物的水分吸收与逆境存活能力。最终目标是创制出抗旱性强、营养品质高、适应性广的旱稻新种质，为干旱半干旱地区粮食安全生产提供品种支撑<sup>[1]</sup>。

作者简介：彭国威(1968.10-)，男，汉族，黑龙江绥化人，硕士，高级农艺师，教授。研究方向：旱稻作物分子遗传育种学，职称副高级。

## 二、材料与方法

### (一) 实验材料与品种选育

本研究以早香1号早稻品种为核心实验材料。该品种系采用陕西黄土高原发现的野生早稻为母本，与东北优质农家品种五优C-2为父本，通过远缘杂交与分子标记辅助育种技术相结合，经多代系统选育而成。所有试验材料均种植于陕西富平实验基地，采用旱作栽培模式，全生育期不进行人工灌溉，完全依赖自然降水。实验田前茬为豆科作物，土壤为典型黄壤土，播种前测定基础肥力。田间管理按旱作农业标准进行，不施用除草剂，人工除草<sup>[2]</sup>。本研究的主要是采取同科同属之间内源基因进行转化的方法同时也利用分子生物学辅助完成此课题科的研究。

### (二) 基因组DNA提取与测序

采用改良CTAB法从幼嫩叶片中提取高质量基因组DNA。通过琼脂糖凝胶电泳和Nanodrop分别检测DNA完整性和纯度，确保OD<sub>260/280</sub>值在1.8-2.0之间。合格样品送往测序中心，采用IlluminaNovaSeq平台进行全基因组重测序，构建350bp插入片段文库，进行双端150bp测序。同时辅以PacBio三代测序技术进行scaffold拼接，确保基因组组装的连续性和完整性<sup>[3]</sup>。

### (三) 基因组组装与注释

原始测序数据经过质控过滤后，使用SOAPdenovo2进行初步组装，再通过PacBio长读长数据进行校正和拼接。采用同源比对和转录组数据辅助预测基因结构，使用Augustus和GlimmerHMM进行基因预测。通过Nr、Swiss-Prot、KEGG等数据库进行基因功能注释，利用InterProScan进行结构域分析。转座子元件采用RepeatMasker软件识别。

### (四) 比较基因组学分析

将组装好的早香1号基因组与水稻日本晴参考基因组进行全基因组比对。采用MUMmer软件进行共线性分析，通过BLAST进行同源基因鉴定。使用MAFFT进行多序列比对，采用最大似然法构建系统发育树。通过PAML软件进行正选择基因分析，重点关注与抗旱性及品质形成相关的基因家族。

### (五) 功能基因激活技术

采用自主研发的酶激活引导方法，特异性激活野生早稻中存在的功能性基因控制片段(GNPT)。通过设计特异性引物，对关键功能基因进行克隆和载体构建，利用农杆菌介导法转化早稻愈伤组织。通过潮霉素筛选和PCR鉴定获得阳性转基因植株，在人工气候室进行表型鉴定<sup>[4]</sup>。

## 三、结果与分析

### (一) 基因组测序与组装质量评估

通过对早香1号进行全基因组测序，共获得约150Gb原始数据，经质控后有效数据量为120Gb，测序深度达30×。组装后基因组大小为389Mb，contigN50为45.2kb，scaffoldN50达3.2Mb。通过BUSCO评估显示，组装完整性达95.6%，表明基因组组装质量较高。注释共预测到35,786个蛋白编码基因，其中

92.3%的基因功能得到注释。转座子元件占基因组比例为41.5%，与水稻基因组相比，LTR类转座子比例显著提高<sup>[5]</sup>。

### (二) 比较基因组学分析结果

与水稻日本晴基因组比较发现，早香1号基因组存在显著差异。共线性比对显示，两个基因组间存在大量染色体重排现象，共鉴定出1,256个物种特异性基因家族。系统发育分析表明，早香1号与水稻的分化时间约在700万年前。选择压力分析发现，早香1号中有128个基因受到正选择，主要富集在水分利用效率、抗旱响应等通路。这些基因组水平的差异为早稻的独立物种地位提供了有力证据。

### (三) 抗旱相关基因家族分析

在早香1号基因组中鉴定到显著扩张的基因家族，其中与抗旱性相关的基因家族扩张最为明显。脱水素基因家族成员数量是水稻的2.3倍，且表达量在干旱胁迫下显著上调。编码渗透调节物质合成关键酶的基因家族也发生扩张，如吡咯啉-5-羧酸合成酶基因家族。此外，发现多个与根系发育相关的基因出现特异性突变，这可能与发达的根系表型相关。这些遗传变异为早香1号的强抗旱性提供了分子基础<sup>[6]</sup>。

### (四) 功能成分形成机制解析

代谢通路分析显示，早香1号中淀粉合成途径发生重要改变。颗粒结合淀粉合成酶基因发生特异性突变，导致淀粉分支程度降低，形成抗酶解的TSDF3型淀粉。肌醇合成途径中，肌醇-1-磷酸合成酶基因表达量是普通水稻的5.2倍，这与高肌醇含量表型相符。叶酸合成通路中，GTP环化水解酶II基因表达上调，促进叶酸积累。这些发现从分子水平解释了功能成分的形成机制<sup>[7]</sup>。

## 四、结果与讨论

### (一) 结果

#### 1. 基因组结构差异与物种独立性证据

通过对早香1号与水稻基因组的比较分析，发现二者在基因组结构上存在系统性差异。共线性分析显示，两个基因组间存在大规模染色体重排现象，涉及多个染色体臂的倒位和易位。基因家族分析表明，早香1号特有基因家族达1,256个，其中与抗旱性相关的基因家族显著扩张<sup>[8]</sup>。系统发育分析支持早稻与水稻的分化时间约为700万年，这一时间尺度远超栽培稻亚种间的分化时间。选择压力分析检测到128个正选择基因，主要富集在水分利用效率、渗透调节等抗旱相关通路。这些多层次的基因组证据共同表明，早稻在进化过程中形成了独特的遗传特征，支持其作为独立物种的分类地位<sup>[9]</sup>。

#### 2. 功能性状形成的分子机制解析

代谢通路分析揭示了早香1号特殊功能性状形成的分子基础。淀粉合成途径中，颗粒结合淀粉合成酶基因的特异性突变导致淀粉分支度降低，形成以直链淀粉为主的TSDF3型抗酶解淀粉。实时荧光定量PCR证实，肌醇合成关键酶基因表达量是普通水稻的5.2倍，这直接解释了样品中14.5 μg/g的高肌醇含量。叶酸合成通路中，GTP环化水解酶II基因表达上调3.8倍，与45.7 μg/g的

叶酸含量相吻合。蛋白质组学分析发现，种子贮藏蛋白合成相关基因表达增强，这与10.1%的高蛋白含量表型一致。这些发现从转录水平和蛋白水平系统阐明了功能成分积累的分子机制。

## (二) 讨论

### 1. 旱稻独立物种地位的基因组学证据充分性

本研究的比较基因组学分析为旱稻的独立物种地位提供了强有力的分子证据。旱香1号与水稻基因组之间存在的大量结构变异和特异性基因家族，表明两者在进化过程中已产生显著的遗传分化。特别是共线性分析显示的大规模染色体重排现象，以及系统发育分析支持的约700万年的分化时间，这些证据均远超栽培稻亚种间的遗传差异水平。值得注意的是，旱香1号基因组中检测到的128个正选择基因，主要富集在抗旱、水分利用等适应性通路，这反映了旱稻在适应干旱环境过程中经历了独特的自然选择。这些发现从基因组结构、进化历史和适应性进化三个维度共同支持了旱稻作为独立物种的分类学地位，对厘清稻属植物分类系统具有重要理论意义<sup>[10]</sup>。

### 2. 功能基因激活技术的创新价值与应用前景

本研究采用的功能基因激活技术，通过特异性激活野生旱稻中存在的GNPT片段，成功实现了对目标性状的精准改良。这种方法与传统转基因技术有本质区别，它不引入外源基因，而是通过激活作物自身存在的功能基因片段，更符合自然规律且具有更高的生物安全性。技术成功的关键在于对野生种质资源中功能基因片段的精准识别和高效激活，这为作物遗传改良提供了新思

路。特别是在当前功能基因组学研究日益深入的背景下，该技术有望发展成为精准设计育种的重要工具，为培育具有特定功能性状的作物新品种提供技术支撑，在功能性农业领域具有广阔应用前景。

### 3. 研究成果对旱作农业与粮食安全的战略意义

本研究培育的旱香1号品种在无灌溉条件下实现亩产605公斤，这一产量水平与灌溉水稻相当，但其耗水量仅为水稻的三分之一，水分利用效率显著提高。这一突破对缓解农业用水矛盾、保障粮食安全具有战略意义。特别是在全球气候变化导致干旱频发的背景下，旱稻的节水特性使其成为干旱半干旱地区粮食生产的优选作物。此外，旱稻适合机械化轻简栽培，能够有效降低劳动成本，符合现代农业发展方向。通过调整作物布局，在缺水地区发展旱稻种植，既可节约水资源，又能保障粮食供给，对实现农业可持续发展具有重要现实意义。

## 五、结束语

综上所述，旱香1号与水稻基因组的比较分析揭示了作物适应性进化的复杂遗传基础。通过挖掘抗旱相关基因资源和代谢通路，为作物遗传改良提供了重要线索。随着功能基因组学研究的深入，这些发现将推动抗旱作物育种进入精准设计的新阶段，为保障粮食安全提供科技支撑。

## 参考文献

- [1] 罗志. 陆稻的起源与适应性进化 [D]. 华中农业大学, 2024.
- [2] 李梦臣, 朱生秀, 黄乐达, 吴飞, 张安宁. 不同水稻品种(系)在克拉玛依市的试种表现初报 [J]. 上海农业科技, 2024, (03): 45-46.
- [3] 罗志, 周衡陵, 李静, 李朝阳, 王磊, 罗利军, 夏辉. 陆稻的起源与适应性进化研究进展 [J]. 上海农业学报, 2022, 38(04): 9-19.
- [4] 王永鹏. 增施硅肥对旱香稻1号生产的影响 [J]. 中国农技推广, 2022, 38(02): 58-60.
- [5] 黄立钰, 张石来, 黄光福, 张静, 胡凤益. 陆稻陆生适应性进化的遗传和分子机制 [A]. 第十九届中国作物学会学术年会论文摘要集 [C]. 中国作物学会, 中国作物学会, 2020: 1.
- [6] 范晓芳. 播期及覆膜处理对不同品种旱稻产量和品质的影响 [D]. 石河子大学, 2020.
- [7] 陆稻陆生适应性进化研究取得新进展 [J]. 中国食品学报, 2020, 20(03): 45.
- [8] Wang Yulong, Jiang Conghui, Zhang Xingtian, Yan Huimin, Yin Zhigang, Sun Xingming, Gao Fenghua, Zhao Yan, Liu Wei, Han Shichen, Zhang Jingjing, Zhang Yage, Zhang Zhanying, Zhang Hongliang, Li Jinjie, Xie Xianzhi, Zhao Quanzhi, Wang Xiaoning, Ye Guoyou, Li Junzhou, Ming Ray, Li Zichao. Upland rice genomic signatures of adaptation to drought resistance and navigation to molecular design breeding [J]. Plant biotechnology journal, 2023, 22(3): 662-677.
- [9] Science; Reports from Yunnan University Describe Recent Advances in Science (Neo-functionalization of a Teosinte branched 1 homologue mediates adaptations of upland rice) [J]. Biotech Week, 2020.
- [10] Xiao Yang. Adaptive Differentiation in Upland Rice: Bi-directional Selection [J]. Molecular Plant, 2019, 12(2): 143-144.