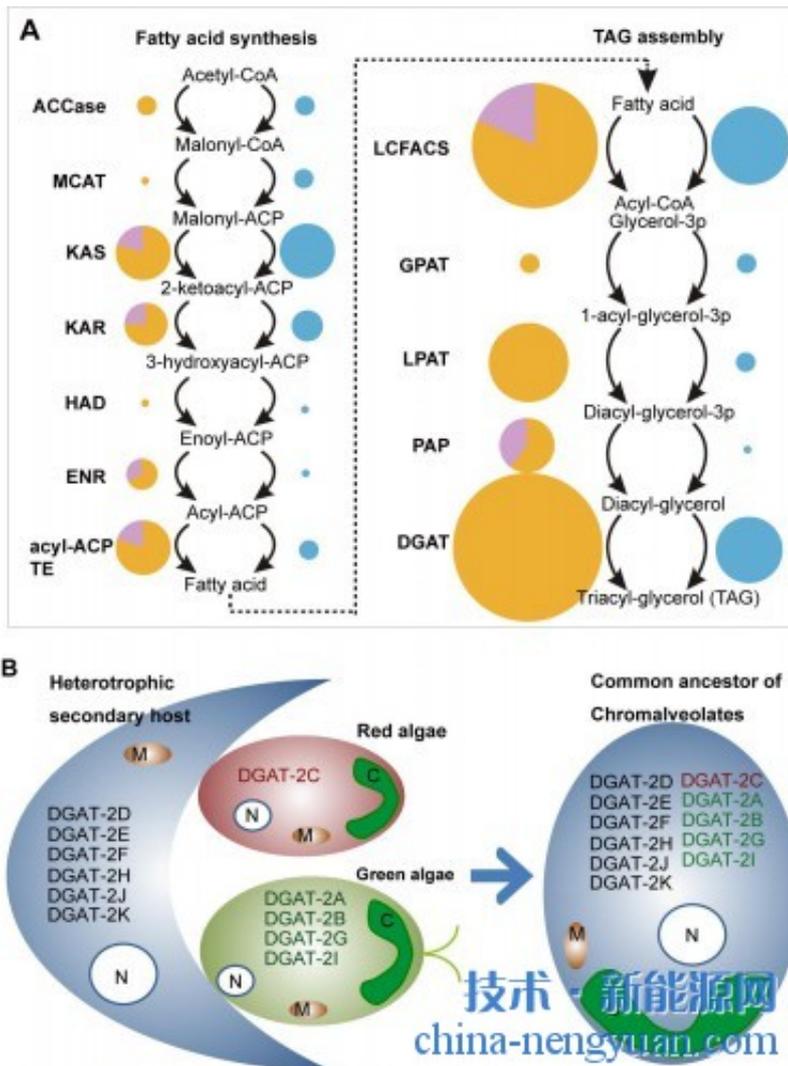


青岛能源所微藻产油遗传机理和进化机制研究取得新进展



微拟球藻中TAG合成途径上的基因数膨胀及其进化来源

近日，中国科学院青岛生物能源与过程研究所在微藻产油的遗传和进化机制研究方面取得新进展。研究人员以微拟球藻为模式生物，较为系统地阐明了高产油性状的遗传基础及进化机制，为高产油藻的筛选和育种提供了坚实基础和崭新思路。相关成果已于2014年1月9日在线发表于PLoS Genetics。

自然界中一些光合微藻产油高、生长速度快、环境适应性强，并可在边际土地上用海水或废水栽培，因此作为一种新型生物柴油作物受到广泛重视。然而，目前对其高产油遗传与进化机制尚不清楚。

微拟球藻是一种在海洋中广泛分布，且在世界各地均可规模培养的野生高产油藻。青岛能源所单细胞研究中心功能基因组团队王冬梅、宁康和博士研究生李敬等通过对分属五个种系的六个微拟球藻藻株的基因组解析和比较，发现在脂肪酸合成和甘油三酯（TAG）组装途径上的多个关键功能酶基因的拷贝数显著增多（gene dose expansion），且这种特定代谢节点的基因数膨胀在不同微拟球藻藻株中普遍存在。这构成了微拟球藻高效合成TAG的遗传基础（图A）。

其中，海洋微拟球藻（*Nannochloropsis oceanica*）携带有已知基因组中最多的二脂酰甘油酰基转移酶（DGAT），该酶催化TAG合成途径的最后一个步骤。在排除基因水平转移、基因重复、基因转座等可能原因后，研究人员发现在11个DGAT-2基因中，有一个基因来源于二次共生中的红藻共生体，四个来源于二次共生的绿藻共生体，而其他六个基因可能来源于二次共生中的真核宿主细胞（图B）。

此外，相当比例（15.3%）的TAG合成相关基因可能最初来源于细菌，并经基因水平转移进入海洋微拟球藻基因组。因此，微拟球藻强有力的产油机制源自于二次共生中多基因组融合和细菌来源的水平基因转移，并得益于产油关键基因在各个进化株系的并行稳定遗传。

该研究是在国家基金委重大国际合作项目和中科院创新团队国际合作伙伴计划等支持下，由青岛能源所单细胞中心主任徐健研究员主持完成的，美国亚利桑那州立大学教授胡强和马里兰大学教授陈峰等也参与了该研究。

原文地址：<http://www.china-nengyuan.com/tech/56912.html>