上海交通大学硕士学位论文

水稻中microRNA介导的基因沉默相关SNP的研究

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 硕士研究生 | ： | 黄飘飘 |
| 学号 | ： | 1140809051 |
| 导 师 | ： | 张大兵教授、李俊彦博士 |
| 申请学位 | ： | 理学硕士 |
| 学科 | ： | 生物学 |
| 所 在 单 位 | ： | 生命科学技术学院 |
| 答 辩 日 期 | ： | 20 年 月 |
| 授予学位单位 | ： | 上海交通大学 |
|  |  |  |

Dissertation Submitted to Shanghai Jiao Tong University for the Degree of Master

INVESTIGATION OF SNPS INVOLVED IN RICE MIRNA-MEDIATED GENE SILENCING

|  |  |
| --- | --- |
| Candidate： | Piaopiao Huang |
| Student ID: | 1140809051 |
| Supervisor： | Prof. Dabing Zhang & Dr. Junyan Li |
| Academic Degree Applied for： | Master of Science |
| Speciality： | Biology |
| Affiliation： | School of Life Science and Biotechnology |
| Date of Defence： |  |
| Degree-Conferring-Institution： | Shanghai Jiao Tong University |

**上海交通大学**

**学位论文原创性声明**

本人郑重声明：所呈交的学位论文《水稻中microRNA介导的基因沉默相关SNP的研究》，是本人在导师的指导下，独立进行研究工作所取得的成果。除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含任何其他个人或集体已经发表或撰写过的作品成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中以明确方式标明。本人完全意识到本声明的法律结果由本人承担。

学位论文作者签名：

日期： 年 月 日

**上海交通大学**

**学位论文版权使用授权书**

本学位论文作者完全了解学校有关保留、使用学位论文的规定，同意学校保留并向国家有关部门或机构送交论文的复印件和电子版，允许论文被查阅和借阅。本人授权上海交通大学可以将本学位论文的全部或部分内容编入有关数据库进行检索，可以采用影印、缩印或扫描等复制手段保存和汇编本学位论文。

保密□，在 年解密后适用本授权书。

本学位论文属于

不保密□。

（请在以上方框内打“√”）

学位论文作者签名： 指导教师签名：

日期： 年 月 日 日期： 年 月 日

水稻中microRNA介导的基因沉默相关SNP的研究

摘 要

miRNA是重要的调节因子，在植物的生长发育和抗逆性中扮演不可替代的角色。和miRNA介导的基因沉默相关的单核苷酸多态性(SNP)可能导致非常严重的植物农艺性状改变。为了进一步了解在miRNA和其靶基因上的进化压力以及SNP如何通过影响miRNA和靶基因对的互补模式从而影响miRNA相关的性状，我们进行了针对miRNA介导的调节的全基因组SNP的研究，并且分析了这些SNP对miRNA和靶基因互补模式以及相关性状的影响。我们发现pre-miRNA上SNP的密度比基因间隔区和外显子区域都要低，这和miRNA是植物中主要调控因子的角色相符。对比成熟的保守miRNA和非保守miRNA发现，两者的SNP分布并不相同，暗示了两者各位点上的进化压力不同；而对比成熟的保守miRNA和其相应的靶基因结合位点，则发现它们之间SNP分布有相关性，这也支持了miRNA和相应靶基因结合位点的共同进化的观点。在本研究中，我们将单倍型分析拓展成联合互补模式分析从而可以应用在miRNA和其结合位点上，并且我们找到了两个靶基因的结合位点上携带有两个可能对miRNA介导的调节产生重要影响的SNP，但是并没有发现这些SNP给水稻带来显著的形状变化。本研究是全基因组分析SNP对miRNA和靶基因相互作用的全新尝试，可能加深甚至改变我们对miRNA介导的基因沉默机理的理解以及SNP给miRNA和靶基因互作带来的影响。

**关键词**：水稻，microRNA，单核苷酸多态性，互补性，性状改变

INVESTIGATION OF SNPS INVOLVED IN RICE MIRNA-MEDIATED GENE SILENCING

ABSTRACT

MiRNAs are key regulators and play inevitable role in plant growth, development and stress tolerance. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) that are involved in miRNA-mediated gene silencing might cause serious changes to plant agronomic traits. To further understand the evolutionary pressure imposed on miRNAs and their targets as well as how SNPs could affect the complementarity of miRNA:target pairs and further bring changes to miRNA-involved phenotypes, we performed a genome-wide scan of SNPs involved in miRNA-mediated regulation, and analyzed their effects on miRNA:target complementarity and related phenotypes. We found that SNP density of pre-miRNAs was lower than both intergenic regions and exons, consistent with their established roles as master regulators in many genetic pathways. And comparison between conserved mature miRNAs and non-conserved mature miRNAs showed the SNP distributions were rather different, implying the differential selection pressure upon them; while comparison between conserved mature miRNAs and their binding sites showed similar SNP distribution, and this supported the co-evolution of miRNAs and their binding sites of cognate targets. In this study, we extended haplotype analysis into combined complementarity pattern analysis to apply on miRNA:target pairs, and found two target genes carrying SNPs which potentially may bring great changes to miRNA-mediated regulation, but we didn’t find obvious phenotypical changes for these SNPs. This study provided a new attempt of analyzing genome-wide SNPs on miRNA:target interactions, and might change and deepen our understand of the mechanism of miRNA-mediated gene silencing and the effects of SNPs on the miRNA:target interaction.

KEY WORDS: Rice, microRNA, SNP, complementarity, phenotypical change

目 录

水稻中microRNA介导的基因沉默相关SNP的研究 I

摘 要 I

ABSTRACT II

第一章 综述 1

1.1 单核苷酸多态性 1

1.2 植物微小RNA (microRNA, miRNA) 2

**1.2.1** miRNA的生成和成熟过程 2

**1.2.2** miRNA靶基因和鉴定方法 3

**1.2.3** miRNA的保守性 4

1.3 miRNA介导的基因沉默中相关的SNP 5

1.4 研究内容及意义 5

第二章 材料和方法 1

2.1 测序数据 1

2.2 miRNA靶基因鉴定 1

2.3 鉴定和分析miRNA介导的调节相关SNP 1

2.4 表达相关性分析 2

2.5 联合互补模式分析 2

第三章 水稻miRNA信息整理和相应靶基因的预测和整理 3

3.1 水稻miRNA整理和相应信息收集 3

**3.1.1** miRNA根据保守性分类 3

3.2 miRNA靶基因预测和整理 4

3.3 本章小节 5

第四章 水稻miRNA靶基因的生物相关性筛选 6

4.1 miRNA的表达热图(heatmap) 7

4.2 降解组验证miRNA和靶基因作用对(miRNA:target interaction pair)的表达量相关性检验 10

4.3 miRNA家族内不同miRNA和靶基因表达量相关性比较 12

4.4 本章小节 13

第五章 miRNA及其靶基因上结合位点的SNP获得和分析 14

5.1 本地SNP数据库的建立 14

**5.1.1** SNP数据库之间的比较 15

5.2 水稻全部miRNA的SNP密度分析 16

5.3 成熟的保守miRNA和非保守miRNA上各位点SNP频率 20

5.4 保守miRNA和其靶基因保守位点上SNP频率 21

5.5 本章小节 23

第六章 联合互补模式分析 24

6.1 水稻miRNA单倍型分析 24

6.2 pre-miRNA二级结构稳定性分析 26

6.3 miRNA和靶基因结合位点互补模式(complementarity pattern)研究 30

6.4 联合互补模式分析 32

**6.4.1** 联合互补模式分析方法介绍 32

**6.4.2** 互补性恢复现象和osa-miR818家族 35

6.5 本章小节 39

第七章 单倍体表型分析和对比 40

7.1 寻找结合位点上带有SNP的靶基因 40

7.2 单倍型之间水稻品系表型比较 44

7.3 本章小节 47

第八章 总结和展望 48

8.1 总结 48

8.2 展望 49

参 考 文 献 51

附录1 miRNA单倍型分析 55

附表1 保守成熟miRNA上SNP信息 56

附表2 保守miRNA的预测靶基因 61

附表3 保守miRNA靶基因结合位点上的SNP信息 64

致 谢 70

攻读硕士学位期间已发表或录用的论文 71

图 录

图1-1 植物中miRNA的生成、成熟以及作用过程 3

图1-2 植物中中保守miRNA家族 4

图4-1 pre-miRNA在水稻各个不同时期的组织／器官中的表达热图 8

图4-2 成熟miRNA在水稻各个不同时期的组织／器官中的表达热图 9

图4-3由降解组验证的miRNA:靶基因作用对之间Spearman相关性系数图 11

注：X坐标是落在特定相关系数区间的作用对数量，其中下方负相关的作用对的条形图用绿色标出，而上方正相关的作用对则用棕色标出。 11

Fig. 4-3 Heatmap of expression levels of mature miRNAs in various tissues/organs at various stages 11

Note: X-axis is the number of pairs that fall on the specified range of correlation coefficient; so bars with green color in the lower part denote the negatively correlated miRNA:target pairs, by contrast, bars with brown color in the upper part denote the positively correlated miRNA:target pairs. 11

图4-4 osa-miR156家族和SBP基因家族之间表达量的皮尔森相关性系数\* 12

\*幼年花器官包括：0.6-1.0mm花序、3.0-4.0mm花序和5.0-10mm花序 12

图5-1本地SNP数据库模式图 14

注：图中三个框内分别代表在本地数据库中的三个表，粗体的是表名，而下面的则是列名称 14

图5-2 RiceVarMap和SNP-seek database新旧版本中pre-miRNA上SNP数量 16

图5-3水稻pre-miRNA、外显子和基因间隔区的SNP密度 18

注: 其中，SNP密度是SNP的数量除以相应基因组区段的长度。而X坐标则是SNP密度落在相应区间的基因片段百分比，右下方的条形图是SNP密度分别低于0 ~ 0.10, 0 ~ 0.08 和0 ~ 0.05的miRNA比例。 18

图5-4 pre-miRNA的SNP密度分布图，其中保守miRNA以红色标明，非保守miRNA则以蓝色标明 19

注: 右下方的条形图是SNP密度分别低于0 ~ 0.10, 0 ~ 0.08 和0 ~ 0.05的miRNA比例。 19

图5-5成熟miRNA每个位点的SNP频率，其中保守miRNA是蓝色而非保守的则是红色 21

注: X坐标是以成熟miRNA 5’到3’的顺序排列，而Y坐标则是SNP频率。其中标上数字的是SNP频率最高和最低的几个位点 21

图5-6成熟miRNA和其结合位点上每一个位置的SNP频率分布 22

注: 结合位点上位置的排列顺序和成熟miRNA的顺序相同，都是按照成熟miRNA 5’到3’的顺序排列，红色表示的是miRNA结合位点，而蓝色表示的则是保守的成熟miRNA 22

图6-1 单倍型分析流程图解 25

图6-2 所有pre-miRNA上的SNP数量分布图 26

注：X坐标是pre-miRNA上SNP的数量，而Y坐标是拥有相应SNP数量的pre-miRNA总数 26

图6-3 osa-miR1880 (a), osa-miR2872 (b), osa-miR5542 (c)的参考基因组模式和单倍体模式的二级结构预测图 28

注：其中用圆圈圈住的是SNP的位置，这三个miRNA是展示发夹结构因为其上的SNP稳定性下降（∆∆G = 39.3 kcal/mol），稳定性保持不变（∆∆G = 0 kcal/mol）和稳定性增加（∆∆G = -27.5 kcal/mol）的范例。 28

图6-4 保守miRNA中，osa-miR399h (a), osa-miR156 (b) 的参考基因组模式和单倍体模式的二级结构预测图 29

注：其中用圆圈圈住的是SNP的位置，这两个保守miRNA是展示发夹结构因为其上的SNP稳定性下降（∆∆G = 11.2 kcal/mol）， 和稳定性增加（∆∆G = -8.1 kcal/mol）的范例。 29

图6-5 联合互补模式分析的流程图解 33

图6-6 互补模式在SNP影响下可能产生的四种互补性变化图例 34

35

图6-7 互补性恢复模式图 36

注：图中，竖线代表配对，空格代表错配，互补模式的排列顺序是miRNA的5’到3’方向 36

图6-8 osa-miR818家族，包括osa-miR818a-e, osa-miR1436, osa-miR1439, osa-miR1442和osa-miR1862b的二级结构预测图 38

注：其中粉红色阴影标注的是成熟miRNA序列 38

图6-9 在位点十一发生互补性恢复的模式图 39

注：图中，竖线代表配对，空格代表错配，星号代表G:U，互补模式的排列顺序是miRNA的5’到3’方向 39

图7-1 七个结合位点上带有SNP的靶基因与所调控的miRNA家族互补模式图 41

注：图中，星号(\*)代表配对，空格代表错配，点(.)代表G:U，互补模式的排列顺序是miRNA的5’到3’方向 41

图7-2两个靶标基因和调控它们的miRNA家族的互补模式图 41

注：其中靶基因位点用绿色标出，每一个箭头都是由SNP产生的突变并且代表一个单独的单倍体模型。LOC\_Os02g36924 和osa-miR444b.1/b.2圈在一起表示它们处在同一个基因组区间只是在不同的链上，所以在其上的SNP能够同时导致成熟miRNA和miRNA结合位点的突变 41

图7-3水稻品系表型根据其单倍体模型分类图 46

注：渐变的颜色用来表示该点的水稻品系数量 46

表 录

（黑体3号字，段前0.7厘米，段后0；目录题目与条目之间空两行）

[表2-1高频感应加热的基本参数 3](#_Toc251151029)

[表3-1论文的层次代号与说明 6](#_Toc251151065)

# 综述

## 单核苷酸多态性

随着当年人类基因组计划的完成，一些在群体中数量巨大的细微突变也被发现[[1]](#endnote-2),[[2]](#endnote-3)，而其中数量最充足的突变是单核苷酸多态性。单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)的定义是，基因组DNA的单个碱基对位置在一些群体的正常个体中有不同的替代碱基 (allele)，而且不同的碱基在群体中的频率在1%及以上[[3]](#endnote-4)。理论上，SNP可能有两个，三个甚至四个替代碱基，但是在人体中，三个和四个替代碱基的现象极其罕见，因此SNP一般都是指有两个替代碱基的分子标记。

SNP通常有四种不同的类型，包括一种转换 (transition) C⬄T (G⬄A) 和三种颠换(transversion) C⬄A (G⬄T ), C⬄G (G⬄C ), and T⬄A (A⬄T)。在人体中，C⬄T (G⬄A)的变换类型占了绝大部分。SNP在基因组不同的地方分布相差很大，甚至可能达到100倍。全基因组分析发现SNP在不同的基因组区间的分布并不均匀， 在保守性比较高的区段比如编码区和调控因子等功能区段则会有较少的SNP，然而在保守性比较低的区段比如 [[4]](#endnote-5),[[5]](#endnote-6)。SNP可能落在基因的编码序列、非编码序列和基因间隔区，其中落在基因编码序列的SNP可以分为两种：同义SNP (synonymous SNP)和非同义SNP (nonsynonymous SNP)。非同义SNP会改变蛋白质的氨基酸序列，但是其中的错义突变(missense mutation)只是改变氨基酸的类型，而无义突变(nonsense mutation)则会引入终止子(stop codon)，从而提前终止蛋白质的翻译。然而非同义SNP则不会对蛋白质序列带来改变，不过仍然可能影响mRNA剪切、稳定性和结构以及蛋白质折叠，从而影响到蛋白质功能[[6]](#endnote-7)。这些在功能区段的SNP往往会带来明显的表型变化，比如在普通小麦中，TaMYB2基因的编码序列上第458位的一个SNP G⬄A和小麦不同品系的耐干性有关[[7]](#endnote-8)，而在研究水稻驯化过程中，发现水稻落粒性的丢失是由*qSH1*(第一号染色体上的落粒性数量性状)上的一个SNP导致的[[8]](#endnote-9)。不过在非编码序列和基因间隔区的SNP依然可能对生理过程产生影响，比如基因剪切、转录因子结合、mRNA降解或非编码RNA (non-coding RNA)的序列。

SNP因为拥有在大多数物种中数量多、分布广泛并且能够被用于高通量和超高通量自动测序等特点而迅速成为植物分子遗传学最普及的分子标记。另外和其它的分子标记相比，SNP的变化更小，这种低频率的突变使得它们在进化上能够保持更加稳定，因为也是研究复杂的遗传学特性和基因组进化的适宜标记。

近些年，二代测序技术的应用(next-generation sequencing, NGS) 能够在测定生物体基因组时一次产生上亿条序列，通过重测序能够发现很多的SNP，目前NGS被用在很多物种中并且鉴定出大量SNP，包括人[[9]](#endnote-10)，水稻[[10]](#endnote-11),[[11]](#endnote-12),[[12]](#endnote-13)，玉米[[13]](#endnote-14),[[14]](#endnote-15)，大豆[[15]](#endnote-16)，拟南芥[[16]](#endnote-17)等。这些研究中所得到的SNP，给对相应物种的研究带来很多的便利。

## 植物微小RNA (microRNA, miRNA)

miRNA是一类很小、内源表达并且不翻译的RNA，由DCL从更长的RNA前体(miRNA precursor, pre-miRNA)剪切而得。miRNA在化学上和功能上都和小干扰RNA (siRNA, small interfering RNA)类似，其中siRNA可以调节例如RNA干扰 (RNAi)，转录后基因沉默(post-transcriptional gene silencing, PTGS)，转录基因调控 (transcriptional gene silencing, TGS)，而植物中miRNA主要参与调控PTGS。

### miRNA的生成和成熟过程

植物miRNA，不同于动物miRNA，大部分在基因组中和蛋白编码序列没有关联，而是有自己的转录单位，也就是miRNA基因。如图1-1所示的植物miRNA生成和成熟过程，这些miRNA基因通过RNA聚合酶II (*RNA polymerase II*)转录成初级miRNA (pri-miRNA, primary miRNA)。 之后pri-miRNA经过DCL1 (*DICER-LIKE1*)多次剪切，首先变成可以形成茎环结构 (stem-loop structure)的pre-miRNA，然后被DCL1和HYL1 (HYPONASTIC LEAVES1)一起剪切成带有两个碱基长度的3’悬挂 (3’ overhangs) miRNA:miRNA\*二聚体。其中DCL1对pri-miRNA和pre-miRNA的剪切和它们的二级结构有非常紧密的关系，这些剪切过程会影响到之后成熟miRNA的生成量和序列。miRNA:miRNA\*二聚体则被HEN1 (*HUA ENHANCER1*) 甲基化3’端核苷酸，避免其变得不稳定[[17]](#endnote-18)。

在HST (*HASTY*)则协助将甲基化的二聚体运出细胞核到细胞质中之后，miRNA:miRNA\*分离，而成熟的miRNA则载入到AGO1 (*Argonaute1*)蛋白而形成 RNA诱导的沉默复合体(RISC, RNA-induced silencing complex)，而miRNA\*则被降解了。

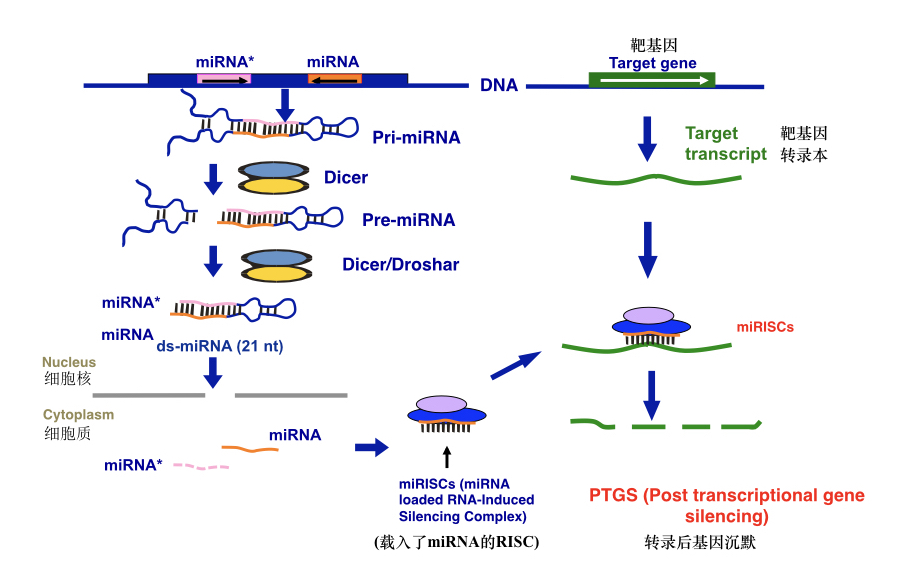


图1-1 植物中miRNA的生成、成熟以及作用过程

Fig.1-1 Illustrations of miRNA biogenesis, maturation and functioning process in plants

通过碱基匹配，RISC中的miRNA引导复合体识别靶基因。而在植物中，miRNA通常和靶基因有非常高的互补性（通常少于4个错配）。之后AGO1的PIWI功能域则会将靶基因mRNA剪切成两段从而实现基因沉默，其中靶基因的miRNA结合位点中剪切的地方几乎一直都是成熟miRNA的10位和11位[[18]](#endnote-19)。实验表明，很多miRNA调控的靶基因的mRNA在miRNA的生成或功能受损的植物中表达量升高[[19]](#endnote-20)；而相反，miRNA的过表达则导致了靶基因mRNA表达量降低43。

### miRNA靶基因和鉴定方法

基于miRNA和靶基因的高互补性，生物信息方法可以用以预测miRNA的靶基因，而随后的很多对于已经验证的miRNA和靶基因对的互补模式(complementarity pattern)则不断修正靶基因预测算法27,44。当然也有实验方法对miRNA的靶基因进行鉴定，包括过表达miRNA，抗miRNA (miRNA-resistant)的靶基因，5’-RACE和降解组测序(degradome)等。其中5’-RACE和降解组测序都是直接检测在在转录组中能够匹配上miRNA介导的剪切所产生的剪切片段（也就是miRNA的10位和11位的剪切位点）。实验方法和生信预测方法在很大程度上都有重叠，但是也有鉴定到一些未曾被预测到以及miRNA的非保守靶基因，但是这些不一致的结果正好可以提供给生物信息上靶基因预测的算法。另外，在靶基因的鉴定中，不同物种之间miRNA和靶基因的保守性是非常重要的参考，因为很多的miRNA在物种间具有保守性并且可以调控每个物种中的同源基因。

miRNA是生物体很多调节通路的重要调节物，因为miRNA的靶基因中有很多是保守的基因，甚至本身就具有调控作用，比如转录因子等。在水稻中，已经鉴定的miRNA靶基因中属于转录因子的有，miR156的靶基因SBP家族，miR159的靶基因MYB家族和TCP家族，miR172的靶基因AP2家族，miR167的靶基因ARF家族，miR164的靶基因NAC家族，miR396的靶基因GRF家族和miR165/166的靶基因HD-ZIP家族等。

### miRNA的保守性

根据miRNA在其它物种中的保守性(conservation)，可以将它们分成两类，一类是保守miRNA，一类则是非保守miRNA，两者之间有不少的差异。首先大部分的保守miRNA家族都是有很多成员的，其中每个miRNA位点都编码完全相同或者高度相似的成熟miRNA序列，而几乎所有非保守miRNA的只有一个位点；其次，平均来说，保守miRNA比非保守miRNA的表达水平更高，然而也有一些例外，比如一些保守miRNA在正常生长状况下表达水平很低，例如miR395，因为它是由低水平的硫酸盐刺激下才会表达更多，同时一些保守性比较低的miRNA却由比较高的表达量，比如miR161；最后，几乎所有的保守miRNA都在靶基因上有可识别的结合位点，而且这些靶基因在植物物种中有广泛地保守性，而且这些保守miRNA倾向于调控那些可以编码转录因子的靶基因，或者其它的调控基因比如DCL1, Argonaute和生长素受体TIR1。

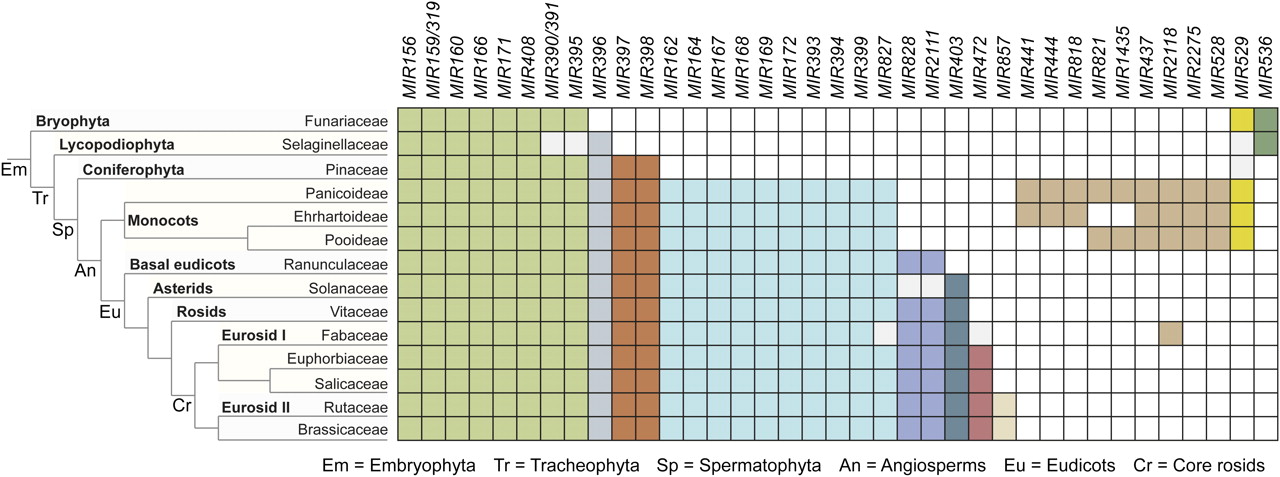


图1-2 植物中中保守miRNA家族[[20]](#endnote-21)

Fig.1-2 Deeply conserved miRNA families

## miRNA介导的基因沉默中相关的SNP

由于miRNA在植物生长发育以及抗逆性的很多方面都扮演非常重要的角色，所以当SNP出现在miRNA相关的区域的时候，就可能会让miRNA的调控发生改变而影响到植物的正常生理过程，甚至导致严重的表型变化。在人体中，就曾有报道pre-miR146a上的G⬄C SNP和口腔鳞状细胞癌的发生有密切的关系[[21]](#endnote-22)；而在植物中，已经有研究报导在miRNA介导基因沉默中相关的SNP会引起农艺性状变异, 在水稻中，osa-miR156调控的OsSPL14 (SOUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE 14)的结合位点中出现一个SNP干扰了miRNA的调控，进而导致了一个分孽数减少、抗倒伏能力增强并且产量提升的“理想”植株[[22]](#endnote-23)。而在大麦中，SNP干扰了miR172和其靶基因HvAP2的相互作用从而引进了大麦花序中穗状花序密度的变异[[23]](#endnote-24)。

## 研究内容及意义

在本次研究中，结合最近发布的3K水稻基因组测序项目[[24]](#endnote-25)所得到的大量SNP对水稻全基因组的miRNA及其靶基因进行分析，进一步了解在miRNA及其靶基因中SNP的分布，以及筛选出其中对于miRNA的调控作用甚至水稻表型可能会产生影响的相关SNP。主要包括了以下几个方面的研究：

1. 通过miRBase提供的水稻miRNA及其注释，搜索其中的位于pre-miRNA和成熟miRNA上的SNP，并且比较pre-miRNA上和水稻基因组其它地方（包括外显子和基因间隔区）的SNP分布情况，并且比较其中保守miRNA和非保守miRNA的SNP分布情况；
2. 分析在pre-miRNA上的SNP对于pre-miRNA的二级结构稳定性带来的影响；
3. 用生物信息方式对miRNA的靶基因进行预测，并且收集经过验证的miRNA靶基因，对其中的预测结果进行表达量相关性验证，尝试筛选掉一些假阳性结果；
4. 拓展单倍型分析以适用于miRNA和靶基因结合位点两条序列的研究，并且分析在miRNA:target互补模式中SNP带来的影响，结合3K水稻基因组测序项目所提供的水稻表型，针对其中可能给miRNA调控带来重大影响的SNP位点发生突变的水稻表型进行比较；

近年来也有不少针对水稻miRNA上SNP的研究，比如Liu et al. (2013)利用了水稻单倍型图谱项目数据库 (RiceHap, Rice Haplotype Map Project Database)10和BGI的水稻数据库11对水稻全基因组的miRNA上SNP进行了分析，主要分析了SNP对pre-miRNA二级结构和稳定性的影响，出现在成熟miRNA上SNP对其可以调控的靶基因谱的改变，和水稻驯化过程相关miRNA上SNP的密度。而本实验关注的焦点是SNP对成熟miRNA和其靶基因相互作用中可能产生的影响以及随之而来在表型上的改变，因而给之后研究miRNA和靶基因相互作用在群体之间的关系提供了新的思路。

# 材料和方法

## 测序数据

水稻miRNA数据，包括序列数据和前体miRNA (pre-miRNA)以及成熟miRNA的基因组位置信息都是从miRBase数据库 (release 21, in June 2014)获得。其中一小部分的pre-miRNA的基因组位置信息并没有提供，所以本研究中使用其序列信息用BLASTN程序以10-10作为E值的阈值在MSU7.0的水稻基因组上进行搜索，而且只有能够完全映射到参考基因组的miRNA才记录下来。其中osa-miR1882bl 在比对的时候发现有一段序列只有一个碱基对不同也包含到本研究中。最后总共有585个pre-miRNA和703个成熟miRNA收集起来作进一步研究使用。SNP数据则是从 SNP-Seek Database (http://snp-seek.irri.org/) 下载下来并且导入到本地MySQL数据库中。之后用miRNA的基因组位置信息来搜索落在其间的SNP，我们最后得到在pre-miRNA上有7193个SNP，而成熟miRNA中则有1270个SNP。

## miRNA靶基因鉴定

因为在本研究中，我们主要专注在保守miRNA的分析。所以首先根据miRBase提供的miRNA家族分类表，将miRNA根据其保守性，如果是所在的miRNA家族中有其他物种的成员则算作保守miRNA否则就算是非保守。 PsRNATarget网页服务器则被用来进行靶基因预测，使用的是默认参数。另外一些靶标基因是从 Li Q. et al., 2014 的文章中收集而得。最后，总共得到823个靶基因，并且记录下其miRNA结合位点的信息。将这些靶基因的结合位点信息在本地SNP数据库中搜索的到1169个SNP落在其中。

## 鉴定和分析miRNA介导的调节相关SNP

为了比较pre-miRNA和外显子区域以及基因间隔区的SNP频率，我们用本地python脚本在水稻全部基因组中随机选择了600条长度为150 nt的外显子片段以及相应数量和长度的基因间隔区的片段。其SNP频率计算出来后，用R语言 “ggplot” 包进行画图。然后SNP频率也被计算出来，并且用R语言 “ggplot” 包进行画图展示其频率分布。

## 表达相关性分析

miRNA和用降解组实验验证的靶基因的表达数据都是从 EMBL-EBI 数据库，检索号为 E-GEOD-21396的数据下载而得 (压缩的数据来自于RiceFREND)。Pre-miRNA和相应的靶基因的表达水平都是用Pearson相关性测试，以27天大的幼苗作为样本进行相关性分析的，选择的组织是叶片和叶鞘。

## 联合互补模式分析

CCPA的具体操作方法在第五章有具体介绍，我们的研究主要集中在结合位点上有SNP的情况。最终得到了7个靶基因，其结合位点上面存在SNP。而相关的表型数据则是从 SNP-Seek database下载而得。水稻品系的名称都是从本地MySQL数据库提取出来。然后对不同的单倍体模式的水稻品系的表型进行了比较。在本研究中，用以检测是否在miRNA结合位点上有SNP的miRNA家族有：osa-miR156, 159, 160, 164, 166, 167, 169, 171, 172, 390, 395, 396, 399, 444。

# 水稻miRNA信息整理和相应靶基因的预测和整理

## 水稻miRNA整理和相应信息收集

miRBase中收集和整理了目前所有已发表的miRNA的序列以及相关的注释，包括miRNA描述、所在基因家族、“茎环”结构 (stem-loop)、深度测序结果、基因组内容(genome context)等[[25]](#endnote-26)，其中也包含了所有已发表的水稻miRNA的序列和注释，而水稻miRNA是以MSU7.0作为参考基因组。 所以，我们首先从miRBase中将所有的水稻miRNA及其相关注释信息下载下来，主要是包括pre-miRNA序列、成熟产物 (mature miRNA)、基因组内容。在此总共收集得592个pre-miRNA和相应的713个成熟miRNA。

但是，其中有14个pre-miRNA以及相应的24个成熟miRNA的基因组坐标信息并没有提供，其中包括著名的调节MADS-box基因的osa-miR444家族，但由于随后的SNP分析需要miRNA的基因组坐标。所以，我们用本地BLAST，将MSU7.0的水稻基因组序列创建成本地的BLAST数据库，并且用这些pre-miRNA的序列作为信息进行比对。对于BLAST结果的筛选标准是所有的序列完全匹配，其中发现osa-miR444家族的所有pre-miRNA以及osa-miR810a在参照基因组上比对的匹配结果中基因组坐标是间断的，说明它们基因的转录本经过了剪切和拼接。另外在线的BLAST也得出相同的结果，更加有意思的是发现osa-miR444的基因组位置正处在MADS-box基因的反义链上，这正是之前有报道过的天然反义miRNA (nat-miRNA) [[26]](#endnote-27)。通过运用BLAST，最终我们得到了585个pre-miRNA和703个成熟miRNA的所需信息，可以供本实验进一步研究使用。

miRBase中成熟miRNA的基因组位置是其在pre-miRNA上的相对坐标，使用Python脚本将相对坐标结合pre-miRNA的基因组坐标而得到所有相应的成熟miRNA的基因组绝对坐标。

### miRNA根据保守性分类

水稻miRNA可以根据其在不同的植物物种中的保守性分成两类：一类是保守miRNA (conserved miRNA)，也就是在其它的物种中有相应的同源miRNA；另一类则是非保守miRNA (non-conserved miRNA)，通常也称为水稻特异miRNA (rice-specific miRNAs)。两者之间有一些明显的差别，首先就其定义而言，它们的保守性不同；其次，一般说来，多数的保守miRNA的表达量都比非保守miRNA的表达量高；最后，最关键的差别是，保守miRNA几乎都有可辨认的靶基因，而且这些靶基因往往也在植物物种中有保守性，甚至是一些调控因子或其它的调控基因，比如DCL1，ARGONAUTE和生长素受体TIR1，但是非保守miRNA却鲜有可辨认的靶基因[[27]](#endnote-28)。由此可以看出，保守miRNA在植物生长发育等过程中会比非保守miRNA扮演更重要的角色，并且两者之间因其进化过程和靶基因的结合模式不同所以作用机理也可能略有差异，所以在分析研究中将两者分别进行研究和比较非常有必要。

使用miRBase提供的miRNA家族分类标准对pre-miRNA进行保守性分类，分类标准是：该pre-miRNA所在的家族如果还有其它的植物物种的miRNA，就认定其为保守miRNA，否则就认为非保守miRNA。最后的分类结果是，191个pre-miRNA归类为保守miRNA，401个pre-miRNA归类为非保守miRNA；同时，220个成熟miRNA归类为保守成熟miRNA，另外493个归类为非保守成熟miRNA。

## miRNA靶基因预测和整理

鉴于保守miRNA拥有更多重要的靶基因，并且针对这些miRNA的研究更加充分，本实验只针对保守miRNA的靶基因进行研究。而现有的miRNA靶基因的预测方法主要是生物信息方法，比如在线植物小RNA靶基因预测服务器 (psRNATarget, http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/)；而实验中鉴定靶基因的方法有miRNA过表达或抗miRNA靶基因 (miRNA-resistant target)，RNA连接酶催化的5’-RACE，降解组测序等[[28]](#endnote-29)。

本实验采用生物信息预测方法结合降解组测试的结果获得miRNA靶基因。使用生物预测在线软件psRNATarget，采用默认的参数进行预测[[29]](#endnote-30)。另外 Li et.al 2010对水稻进行了全转录组的miRNA靶基因鉴定[[30]](#endnote-31)，我们收集了其鉴定的结果。但是这些鉴定出来的靶基因缺乏更加具体的miRNA结合位点的信息，我们使用psRNATarget用这些靶基因反向搜索其对应的miRNA，从而获得相应的结合位点的信息。最终，结合两者的结果，我们得到了823个靶基因，相对应的有2113个miRNA靶基因对。

## 本章小节

本章详细叙述了如何获得所有的miRNA，以及研究所必需其在的水稻基因组的坐标信息，并且使用BLAST得到了一些miRNA所缺失的基因组坐标。进而，根据miRBase的miRNA家族分类，将miRNA分成保守和非保守的miRNA。最后，结合生物信息预测和降解组的数据，得到保守miRNA的靶基因823个，形成miRNA和靶基因的作用对总共2113对。

# 水稻miRNA靶基因的生物相关性筛选

所得到的823个靶基因中，46个靶基因是降解组测序所证实的，另外777个靶基因是基于植物miRNA和其靶基因具有高度互补性(complementarity)的特征而预测出来的。但是用这种生物信息方式得出的预测结果，其生物相关性(biological relevancy)并不能得到保证，也就是这些预测的靶基因并不能确定真的能够被该miRNA调控，并且能够造成植物生理上的影响。因为除了miRNA和靶基因结合位点的序列互补性之外，还有其它因素会影响到miRNA和靶基因的相互结合4：

1. 靶基因的可接近性，这个是由靶基因mRNA的二级结构决定，如果靶基因的结合位点部分需要很高的能量来释放从而可以和成熟miRNA结合的话，miRNA和靶基因的结合能力就相应下降[[31]](#endnote-32)；
2. miRNA和靶基因结合位点序列的整理互补性模式，即使当互补程度相同时，错配出现的地方不同，也会非常影响到miRNA对靶基因的调节[[32]](#endnote-33)；
3. RNA结合蛋白等。

除了上述列举的因素之外，即便是实验的方法也并不能完全保证所鉴定的靶基因的生物相关性，比如miRNA过表达，虽然可以通过过表达的转基因植株表现出的表型来判断潜在的靶基因，但这种人工的过量表达和原本miRNA在植物中的表达水平不同，在原本的植物组织中可能并不具有调节能力的miRNA因此却被鉴定出可以调节某靶基因。

鉴于此，我们需要对所预测出的靶基因生物相关性筛选。由于植物miRNA介导的基因沉默主要是通过靶基因转录子的剪切这种方式，在通常的假设下，也就是，互补性是基因沉默的唯一决定因子和任何给定的装载miRNA的RNA介导的沉默复合体(miRNA-loaded RNA-induced silencing complex, miRISC)都能够独立运作[[33]](#endnote-34),[[34]](#endnote-35)，靶基因mRNA的表达量会被相应的miRNA下调，因此植物miRNA的表达量和其靶基因的表达量就呈现负相关。并且也有实验表明过表达miR319时，五个编码TCP转录因子的基因下调，呈现负相关[[35]](#endnote-36)。因此，我们考虑以miRNA和靶基因的表达量负相关性来筛选具有生物相关性的靶基因。

从RiceFrend[[36]](#endnote-37)的水稻整个生长期间各种组织/器官的基因表达实验中得到表达量的数据，该表达量数据现存于EMBL-EBI数据库，编号为E-GEOD-21396。其中有48个样本以代表生长发育不同阶段的组织／器官，而其中包含了169个miRNA的探针以检测在样本中的miRNA表达量。

## miRNA的表达热图(heatmap)

在所得到的表达量数据中，每个miRNA都有相对应的六个探针的数据，分别是pre-miRNA在3’端、5’端和成熟miRNA序列各有两个探针，所以这些探针中3’端和5’端的探针数据看作是表示pre-miRNA的表达量，而成熟miRNA序列中的探针看作是成熟miRNA的表达量。分别对pre-miRNA的四个探针数据和成熟miRNA的两个探针数据取平均值，就得到相应的pre-miRNA和成熟miRNA的表达量。

利用Genesis软件[[37]](#endnote-38)分别绘制了pre-miRNA和成熟miRNA的表达热图。

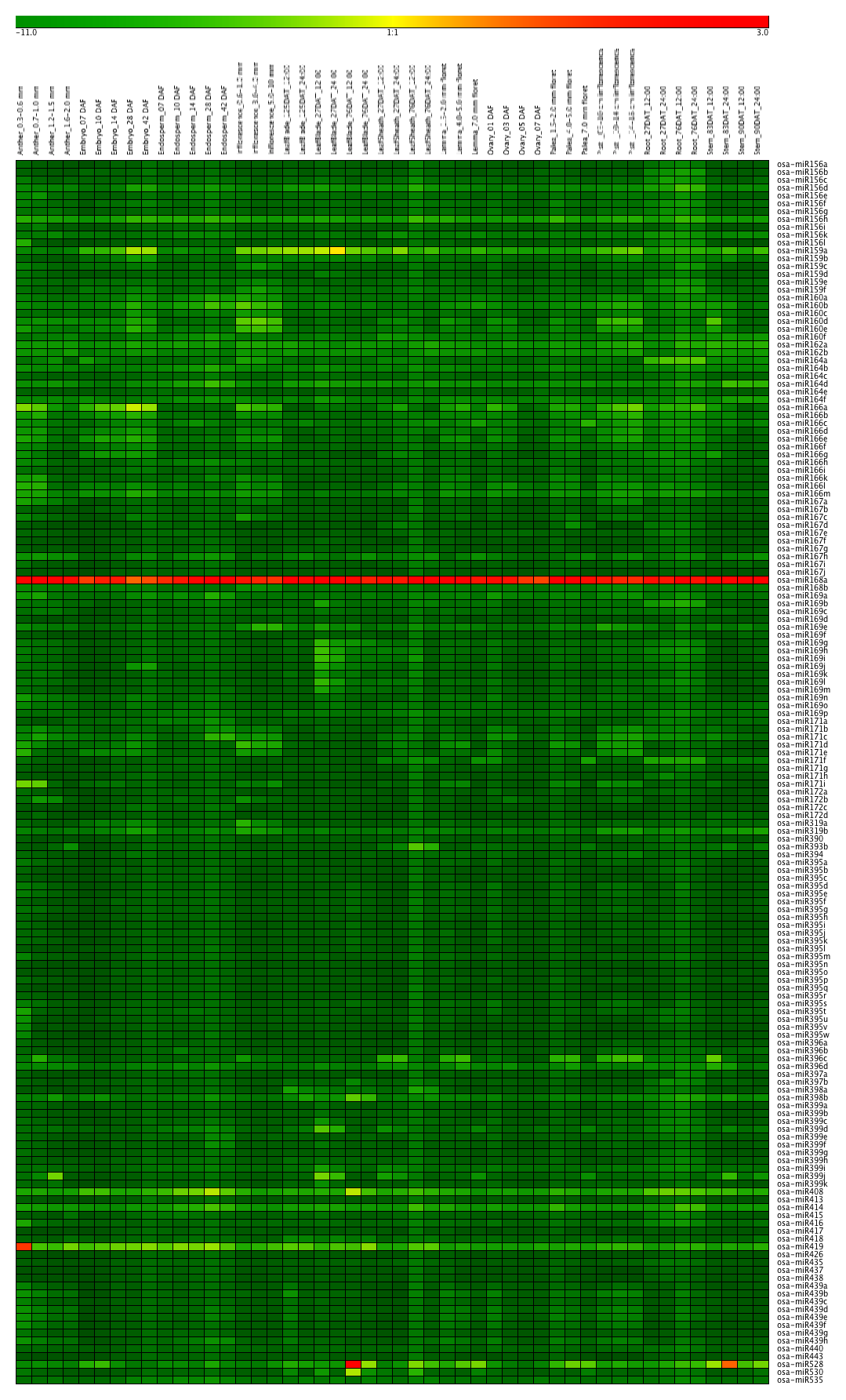


图4-1 pre-miRNA在水稻各个不同时期的组织／器官中的表达热图

Fig.4-1 Heatmap of expression levels of pre-miRNAs in various tissues/organs at various stages

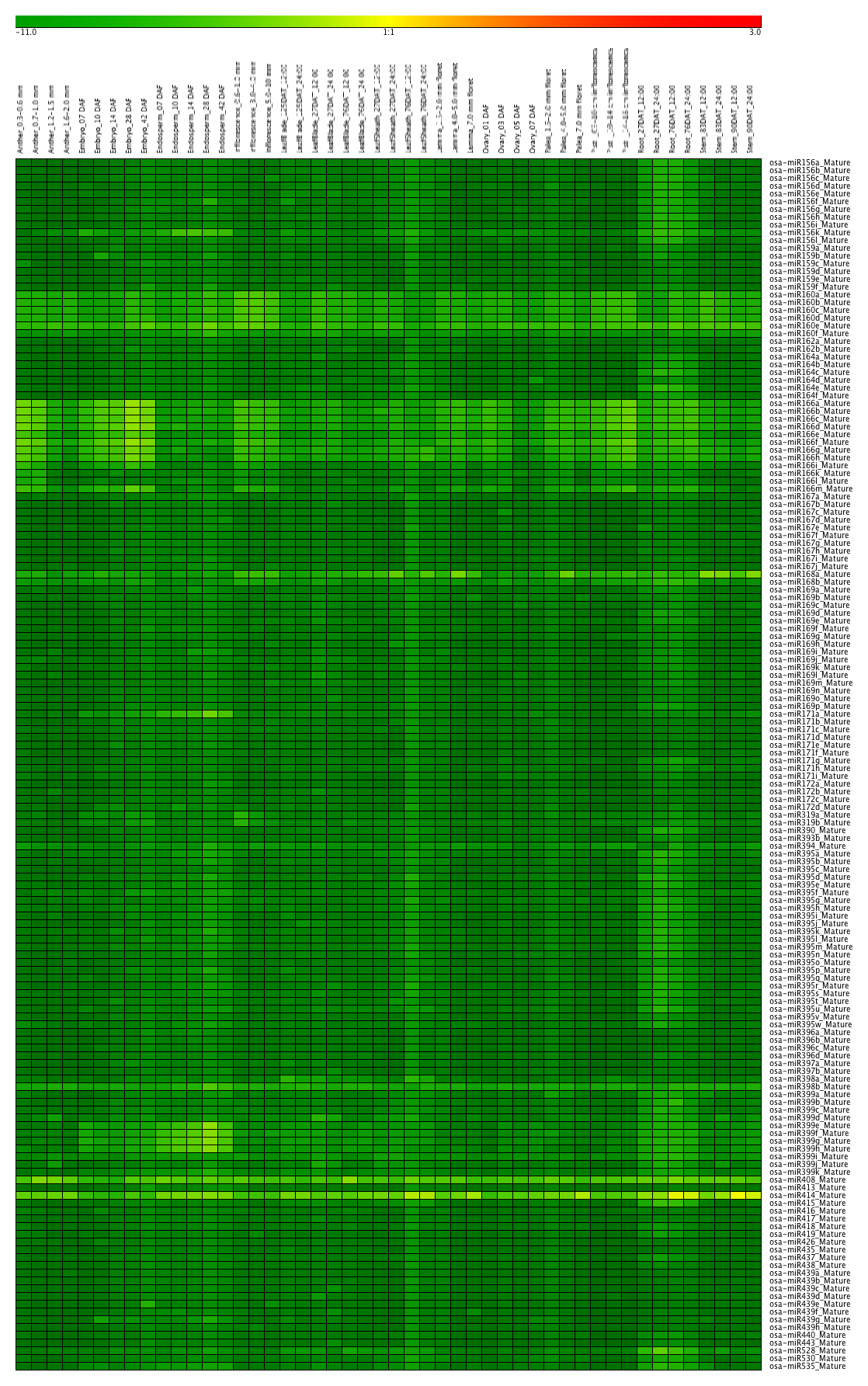


图4-2 成熟miRNA在水稻各个不同时期的组织／器官中的表达热图

Fig.4-2 Heatmap of expression levels of mature miRNAs in various tissues/organs at various stages

以上的图4-1和图4-2中，显示了同一个miRNA在不同阶段的组织和器官中的表达量存在差别，也说明miRNA在不同的组织和器官中的调节强度有差异。另外图4-1中，同一个家族的miRNA表达存在差异，也暗示了miRNA存在的亚功能化 (subfunctionalization)，但是图4-2中，同一个家族的miRNA之间的差异较小，因为同一个家族的成熟miRNA序列非常相似，所以其探针所得到的表达量也很相似。图4-1显示，osa-miR168a是所有检测的pre-miRNA中表达量最高的，图4-2则显示，osa-miR414是所有检测的成熟miRNA中表达量最高的。

## 降解组验证miRNA和靶基因作用对(miRNA:target interaction pair)的表达量相关性检验

收集的靶基因所包含的46个靶基因是用降解组测序验证的，可以作为真正的靶基因。而根据传统的理论，在以上提到的两个前提下，它们和其相应的miRNA之间应该总是有表达量负相关的关联。上节的图4-2结果显示，两者同一个miRNA家族的成熟miRNA表达量几乎相同，源自于探针几乎相同，而真正有区别的是pre-miRNA的表达量，所以此处我们对pre-miRNA和靶基因的表达量进行皮尔森相关性检验 (Pearson correlation coefficient test)。

因为降解组测序实验所采用的样本是3周大的水稻幼苗，所以在进行相关性检验时我们选择其中27天大的水稻幼苗样本，选择的组织时叶片和叶鞘。

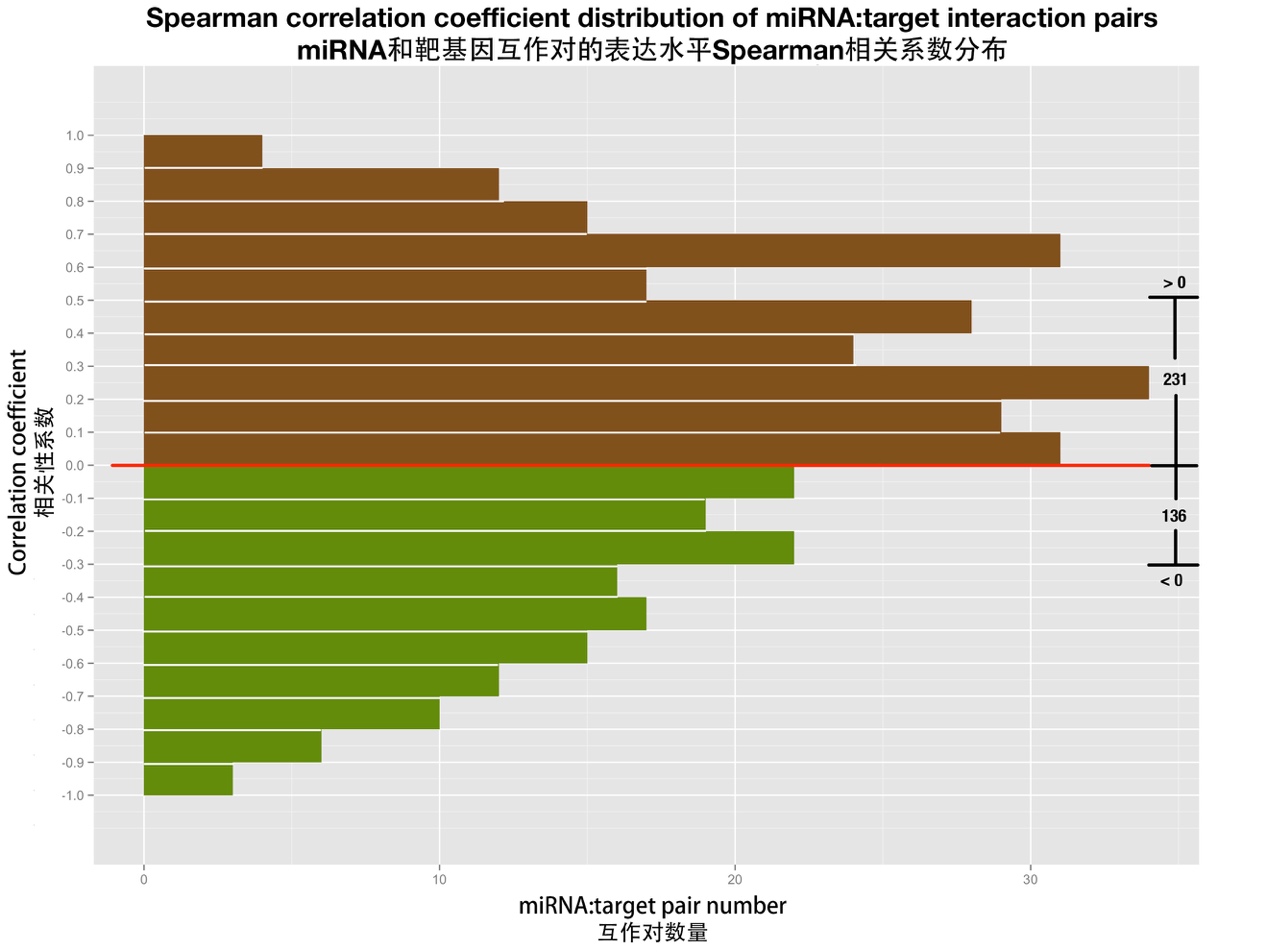


图4-3由降解组验证的miRNA:靶基因作用对之间Spearman相关性系数图

注：X坐标是落在特定相关系数区间的作用对数量，其中下方负相关的作用对的条形图用绿色标出，而上方正相关的作用对则用棕色标出。

Fig. 4-3 Heatmap of expression levels of mature miRNAs in various tissues/organs at various stages

Note: X-axis is the number of pairs that fall on the specified range of correlation coefficient; so bars with green color in the lower part denote the negatively correlated miRNA:target pairs, by contrast, bars with brown color in the upper part denote the positively correlated miRNA:target pairs.

从图4-3可以看出，367个miRNA和靶基因对中，只有136个呈现负相关，而原定的假设是真正的靶基因和其miRNA在相互作用的组织中总是呈现负相关，所得的结果并不支持原定的假设。不但如此，超过一半(197 / 367)的作用对之间是弱相关(-0.4 ~ 0.4)，这暗示在这些miRNA和靶基因对的表达量之间可能根本就不存在直接的相关性。

Wen et al., 2016也发现了类似的现象，在他们的研究中正相关的miRNA和靶基因作用对也是比负相关的要多。而这种现象可能是由更加复杂的作用机理比如负反馈环路 (negative feedback loops, FBLs) 和不合理正反馈环路 (incoherent feedforward loops, FFLs) 导致[[38]](#endnote-39)。

以上的结果也再次强调了植物miRNA介导的基因沉默还有很多位置的复杂因素未被研究清楚。同时也说明，表达量负相关的方法不能用以筛选具有生物相关性的miRNA和靶基因相互作用对。

## miRNA家族内不同miRNA和靶基因表达量相关性比较

水稻中，很多保守miRNA家族都有不止一个成员，成员之间的成熟miRNA的序列有很高的相似性，同时它们会有重叠度非常高的靶基因集合，而且通常都是来自于同一个基因家族。比如osa-miR156家族有12个成员，它们的靶基因则都是集中在SBP基因家族。对比osa-miR156家族中miRNA和SBP中靶基因的表达量相关性（仍然采用皮尔森相关性系数）。

图4-4中，可以看出对比osa-miR156家族成员和同一个基因的表达量相关性系数，发现它们各自不相同，而且相差很大，这再次暗示了miRNA家族中有亚功能化(subfunctionalization)。；但是值得注意的是，对于每个基因，都有miRNA与之有表达量负相关关系，这暗示着osa-miR156家族中的确有miRNA在调控这个基因。

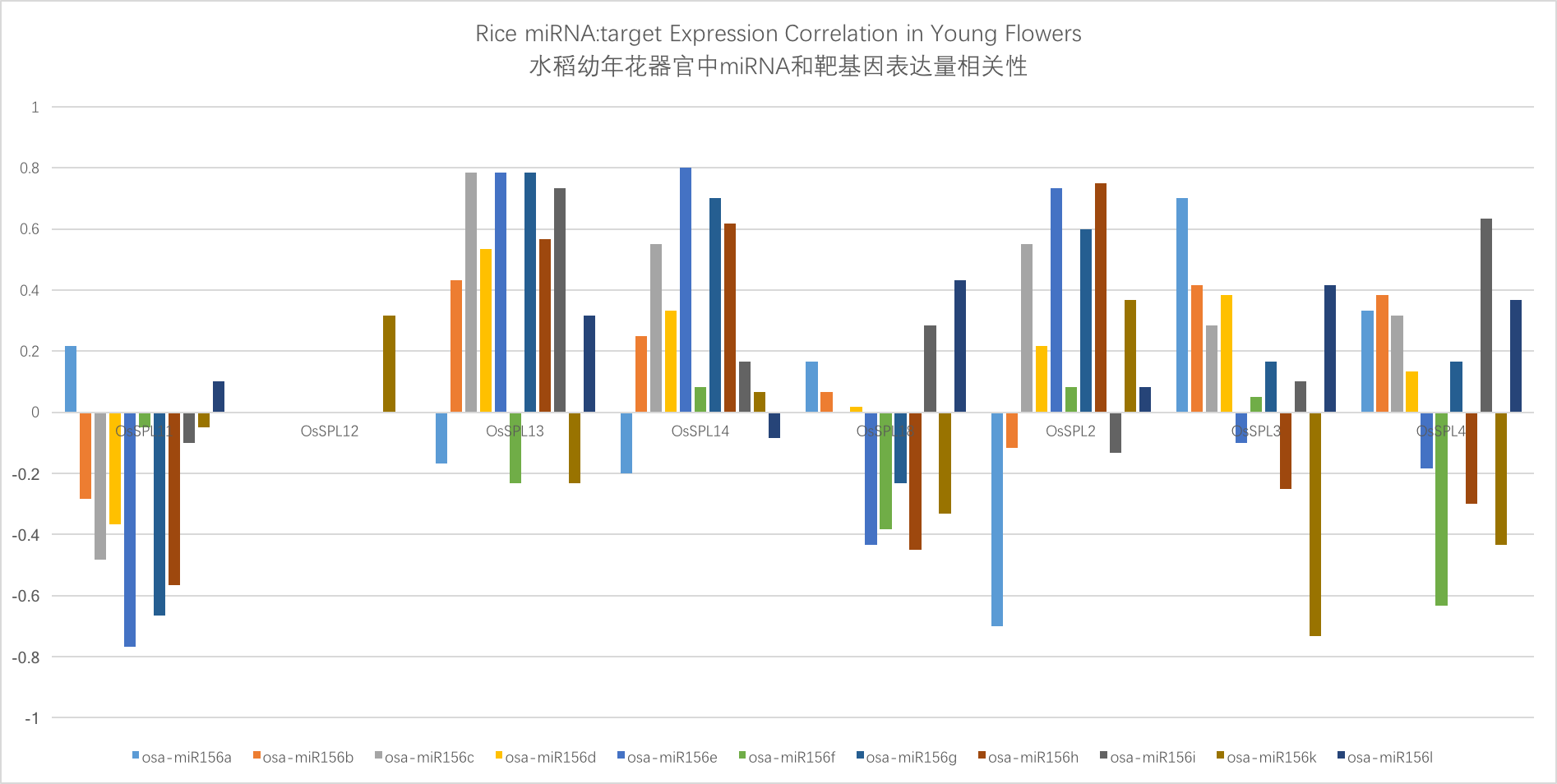


图4-4 osa-miR156家族和SBP基因家族之间表达量的皮尔森相关性系数\*

Fig. 4-4 Pearson correlation coefficient of expression levels of osa-miR156 family and its target gene family SBP

\*幼年花器官包括：0.6-1.0mm花序、3.0-4.0mm花序和5.0-10mm花序

## 本章小节

本章尝试用miRNA和靶基因的表达量水平相关性来筛选出其中具有生物相关性的miRNA和靶基因作用对。但是在对经降解组验证的miRNA和靶基因对进行表达量水平相关性检验时，我们却发现它们之间并没有绝对的负相关性。因此，我们也不能用这种方法对miRNA和靶基因的生物相关性进行筛选，同时也对普遍所认为的miRNA和真正的靶基因之间的表达量具有负相关的观点提出质疑。

另外，对比miRNA家族的表达量和它们与相同靶基因之间的表达量相关性系数，可以发现miRNA家族成员的调节作用并不总是一样，反而呈现亚功能化。

# miRNA及其靶基因上结合位点的SNP获得和分析

## 本地SNP数据库的建立

最近的3K水稻基因组测序项目产生了23M SNP，如此大量的数据可以给水稻中的SNP研究提供很多帮助，而本研究中的所有的SNP都是来源于此(SNP-Seek database, http://snp-seek.irri.org/)。为了方便研究使用，我们将在线的SNP数据下载到本地，并且使用MySQL建立起本地的SNP数据库。

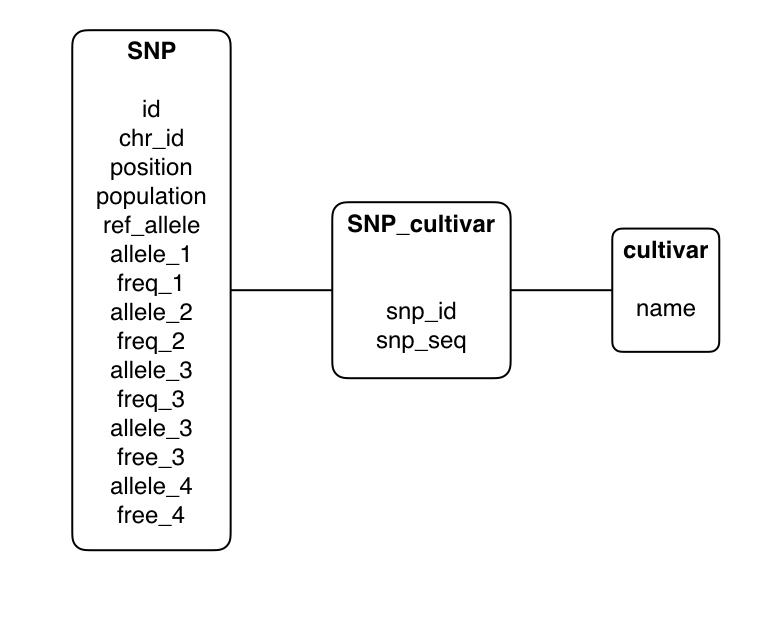


图5-1本地SNP数据库模式图

注：图中三个框内分别代表在本地数据库中的三个表，粗体的是表名，而下面的则是列名称

Fig.5-1 Basic schema of local SNP database

Note: The three frames are three tables created in local MySQL database, table names are in bold, while the lower ones are column names

使用本地Python脚本，搜索在上述的pre-miRNA、成熟miRNA和靶基因上miRNA结合位点的SNP以及靶基因上结合位点的侧翼区间（上下游各100bp），我们得到大量的SNP数据。从表4-1中，保守miRNA上的平均SNP数量为0.85个，成熟miRNA上的平均SNP数量为1.60个，而在结合位点上的平均SNP数量为1.42个，可以看出保守miRNA的平均SNP数量相较于两者更低；另外在靶基因上miRNA结合位点侧翼的平均SNP数量为9.78个，高于miRNA结合位点的SNP平均数量，但是考虑到其长度是200bp，其上的密度是0.0489 个/ bp，而结合位点上的则是0.0676个/ bp，所以相比之下，结合位点侧翼的SNP密度反倒要比结合位点要低。因为靶基因的可达型(target accessibility)也对于miRNA对靶基因的识别有影响7，而靶基因可达型则是由靶基因mRNA的二级结构决定，特别是结合位点侧翼区段，这可能导致结合位点侧翼SNP密度较小的现象。

表5-1 miRNA和靶基因上的SNP数量统计

Table 5-1 Summary of SNPs on miRNAs and targets

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Fragment type 基因组片段类型 | Number 总数 | Number of SNPs SNP的数量 |
| pre-miRNAs | 585 | 7193 |
| 成熟miRNA | 793 | 1270 |
| 保守miRNA | 220 | 188 |
| 靶基因上miRNA结合位点 | 823 | 1169 |
| 结合位点侧翼 (~100bp上下游) | 823 | 8048 |

### SNP数据库之间的比较

RiceVarMap (Rice Variation Map, <http://ricevarmap.ncpgr.cn)>[[39]](#endnote-40)是在3K水稻基因测序项目之前的水稻基因组突变数据库，其中包括了从1479个水稻品系测序数据而得的6,551,358个SNP以及1,214,627个INDEL (insertions/deletions)。本实验初期也曾使用RiceVarMap进行分析。由于该数据库所采用的水稻参照基因组是Nipponbare, MSU 6.1，在SNP搜索中就需要进行参照基因组转换 (genome lift)。我们成功转换了560个pre-miRNA和665个成熟miRNA的基因组坐标，并且使用RiceVarMap进行SNP搜索。在pre-miRNA上总共得到1724个SNP，而其中323个SNP落在成熟miRNA上。

对比RiceVarMap和SNP-seek database的SNP结果，发现两者之间1670个SNP是共有的，而只有54个SNP是RiceVarMap所特有的，两者的重合率达到96.9%，所以可以看出SNP-seek database的SNP是具有很高的可信度。

另外，在本实验研究过程中，SNP-seek database经历过版本更新，水稻品系总数量从3,000增加到3,024，同时所得到的SNP总数量也增加了。旧版本中pre-miRNA上SNP数量是4617，成熟miRNA上SNP数量则是798。比较可以发现，新版本SNP-seek database的数据拥有更丰富的SNP数据，而三个数据来源共同包括了1617个SNP，重合率是93.8%，表明了数据库具有很高的可信度。

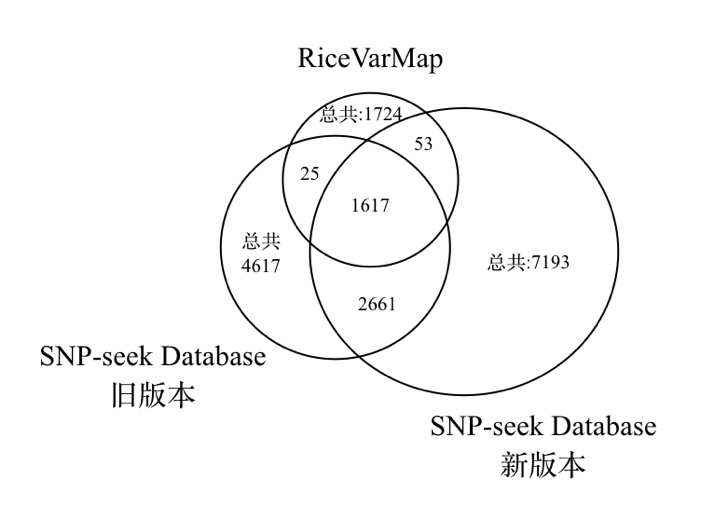


图5-2 RiceVarMap和SNP-seek database新旧版本中pre-miRNA上SNP数量

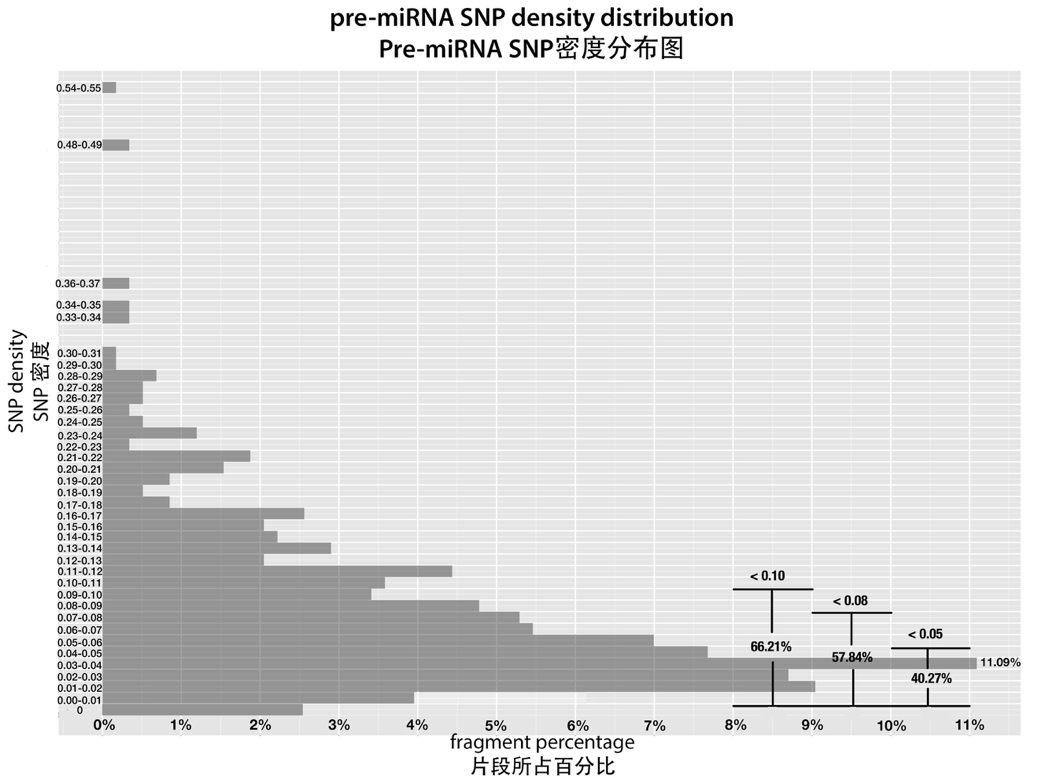
Fig.5-2 Number of SNPs on pre-miRNAs in RiceVarMap, and in both versions of SNP-seek database

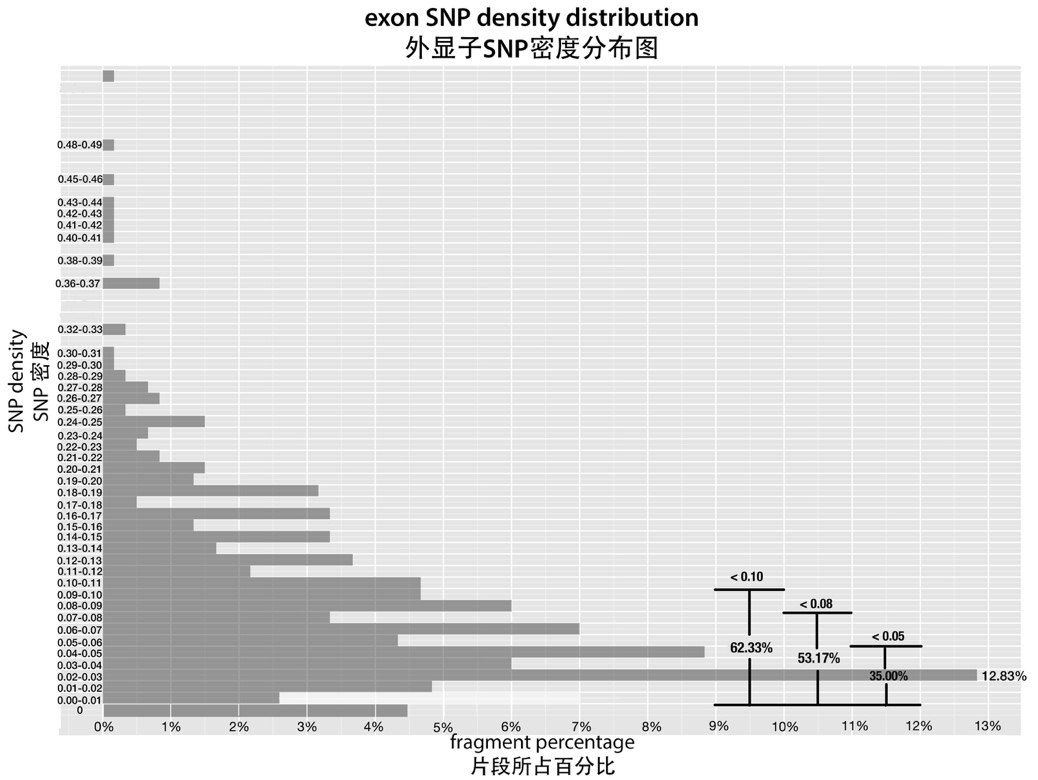
## 水稻全部miRNA的SNP密度分析

SNP密度，也就是SNP数量除以相应基因组区段长度，能够反应该基因组区间的选择压力。其选择压力越大，则其上的SNP密度越低[[40]](#endnote-41)，反之亦然。因为miRNA是功能基因组元件并且是主要调节物，相比于基因间隔区和外显子，它们会经历不同的选择压力[[41]](#endnote-42)。为了研究这个问题，我们在水稻基因组中随机选择了长度为150碱基对长度的基因间隔区 (intergenic region)片段和外显子 (exon)片段作为对照，总共分别选择了600个片段，并且在本地的SNP数据库中对这些片段进行SNP搜索。

正如所预期的，pre-miRNA和外显子上的SNP密度比基因间隔区的更低。对于pre-miRNA，在SNP密度达到0.03-0.04范围之前，基因组片段的百分比随着SNP密度的增加而增加，而在超过0.04之后逐渐下降 (图5-2)。在本研究所取样的外显子也显示了类似的趋势，只是相应的基因组片段百分比最高值是在SNP密度为0.02-0.03区间达到，为12.83% (图5-2)。然而，基因间隔区中则没有展现出类似的趋势 (图5-2)，而是随着SNP密度的增加，不断的“震动”变化，在0.02 – 0.03区间达到最大值，为10.17%。通过分别比较三图中落在0-0.10、 0-0.08 和 0-0.05区间片段的百分比，可以很明显看出落在相应区间的pre-miRNA比例多余外显子，而外显子的比例则多余基因间隔区。这显示了相较于外显子和基因间隔区，pre-miRNA经过了更加严格的进化选择，而这结果也和miRNA在很多调节通路中扮演主要调节因子的角色一致。

其它的研究中也有得到的结果和本实验很类似，在这些研究中，功能性区段比如pre-miRNA特别在种子区域和miRNA结合位点上的SNP非常稀少甚至比3’ 非编码区(UTR)其他保守序列的SNP都少16,17。





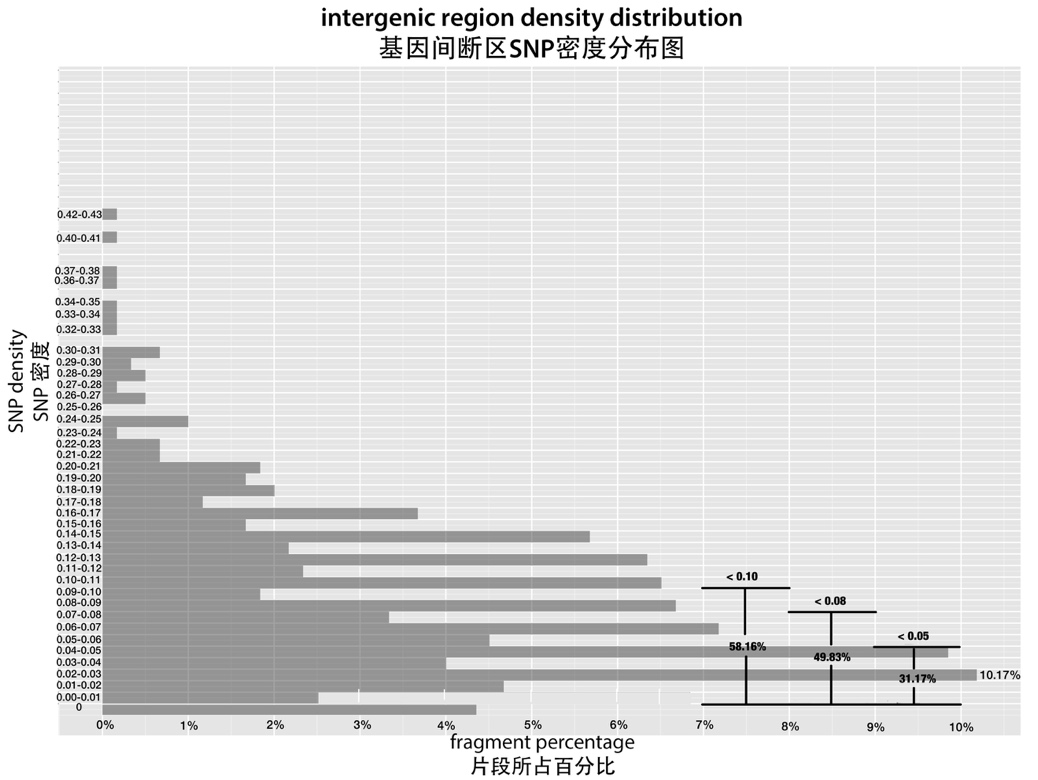


图5-3水稻pre-miRNA、外显子和基因间隔区的SNP密度

注: 其中，SNP密度是SNP的数量除以相应基因组区段的长度。而X坐标则是SNP密度落在相应区间的基因片段百分比，右下方的条形图是SNP密度分别低于0 ~ 0.10, 0 ~ 0.08 和0 ~ 0.05的miRNA比例。

Fig. 5-3 SNP density of pre-miRNAs, exon regions and intergenic regions in rice.

Note: SNP density is the division of SNP number by the length of the genetic region. And x-axis corresponds to the percentage of fragments that have SNP density at the given range. Bar plot on the bottom right shows the percentage of miRNAs whose SNP densities are below 0.10, 0.08 and 0.05, for conserved and non-conserved miRNAs respectively.

由于进化上的保守性不同3,[[42]](#endnote-43),[[43]](#endnote-44)，水稻中保守的miRNA上的SNP密度应该会比非保守的miRNA上的更低。在图5-3中，保守miRNA和非保守miRNA的百分比都是随着SNP密度的增加而上升，两者都在0.03-0.04区间达到最大值，分别是15.1%和8.9%；非保守miRNA最高SNP密度在0.53-0.54，远远高过保守miRNA最高密度。而我们通过分别比较落在0-0.10, 0-0.08 和0-0.05区间的比例，我们可以发现相较于非保守的miRNA，大部分的保守miRNA都聚集在比较低的SNP密度区间中。结果和预期的一样。而保守miRNA和非保守miRNA上SNP密度的差异，甚至比pre-miRNA和基因间断区SNP密度的差异还要大，说明保守miRNA和非保守miRNA上的选择压力相差很大。

之前Liu et al., 2013的研究发现排除一些保守性较差的miRNA，所统计的pre-miRNA上的SNP显著减少，如此也表明在保守miRNA上有更加严格的纯化选择[[44]](#endnote-45)。

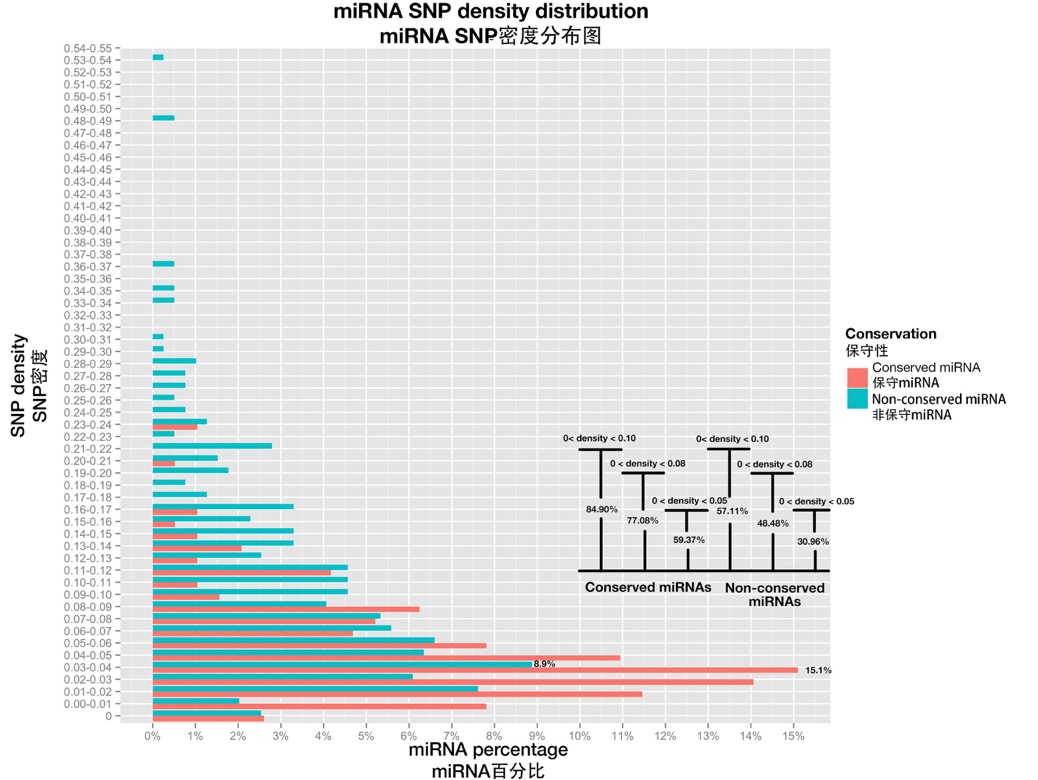


图5-4 pre-miRNA的SNP密度分布图，其中保守miRNA以红色标明，非保守miRNA则以蓝色标明

注: 右下方的条形图是SNP密度分别低于0 ~ 0.10, 0 ~ 0.08 和0 ~ 0.05的miRNA比例。

Fig. 5-4 miRNA SNP density distribution of pre-miRNAs, both conserved miRNAs (in red color) and non-conserved miRNAs (blue color).

Note: Bar plot on the bottom right shows the percentage of miRNAs whose SNP densities are below 0.10, 0.08 and 0.05, for conserved and non-conserved miRNAs respectively.

## 成熟的保守miRNA和非保守miRNA上各位点SNP频率

植物miRNA对不同的靶标基因其调节效率有差异，而这差异归因于它们的互补模式的不同，当然这互补模式是由成熟miRNA和所对应的靶标位点共同决定的。此外，已有证据指明成熟miRNA的21个碱基位点在基因识别和沉默中所起的作用是有差别的8，因为在一些位点上的突变会导致基因沉默调节实效而其它位点上的则不会有明显的影响 17,[[45]](#endnote-46),[[46]](#endnote-47)。这种差异也可以用每个位点的SNP频率的差异性来反应出来（本研究中某位点的SNP频率定义为在该位点出现SNP的miRNA占总的miRNA数量的比例）。更低的SNP频率暗示此位点经受了更大的选择压力。因此，对于成熟miRNA每一个位点进行全体的SNP频率分析可能进一步揭示它们在沉默中所起到的差异性作用。

因为大多数的miRNA都是21 nt的长度，所以本研究主要关注1-21位点上的分析。通过分别计算和比较保守miRNA和非保守miRNA每个位点的SNP频率，我们发现，结果如同预期：保守miRNA上的每一个位点的SNP频率都比非保守的要低。尽管如此，在理论上假如保守miRNA和非保守miRNA都处在相似的进化压力的话，两者在不同位点的SNP频率应该会有相似的秩 (ranking)，并且这相似的秩会导致保守miRNA和非保守miRNA各位点的SNP频率具有线性或者近似线性的关系，这线性关系可以用皮尔森相关性进行检验。然而结果并非和预期相同。位点20是非保守miRNA上SNP频率最高的位点，但在保守miRNA中却是SNP频率第四低的位点，位点12在保守miRNA上是SNP频率最低的位点，但在非保守miRNA上却是频率第二高的位点。同时，皮尔森相关性检验发现两者的各位点SNP频率之间并没有显著的相关性(r=-0.163, p-value=0.4473)。唯一的例外是，两者都在位点一有最低的SNP频率，而这个可能是由位点一在miRNA载入AGO蛋白起到重要作用导致[[47]](#endnote-48),[[48]](#endnote-49)。总结来说，保守miRNA和非保守miRNA上位点SNP频率的不同的秩揭示了两者在各位点经历了不同的选择压力，暗示它们可能使用不同的沉默组份 (silencing component) 来调节靶基因。

通常认为在位点10和11的配对对于植物miRNA的mRNA剪切有非常重要的作用[[49]](#endnote-50),[[50]](#endnote-51),[[51]](#endnote-52)，而这个也对这两个位点在进化上加了一层的限制，并且可能导致它们的SNP频率比其它的位点都要低。然而，我们的结果显示这两个位点在保守miRNA和非保守miRNA中都不是SNP频率最低的位点，这和经验结论并不相符，进而对中心位点（10位和11位）完美配对对植物miRNA介导的沉默必要性的观点提出质疑。

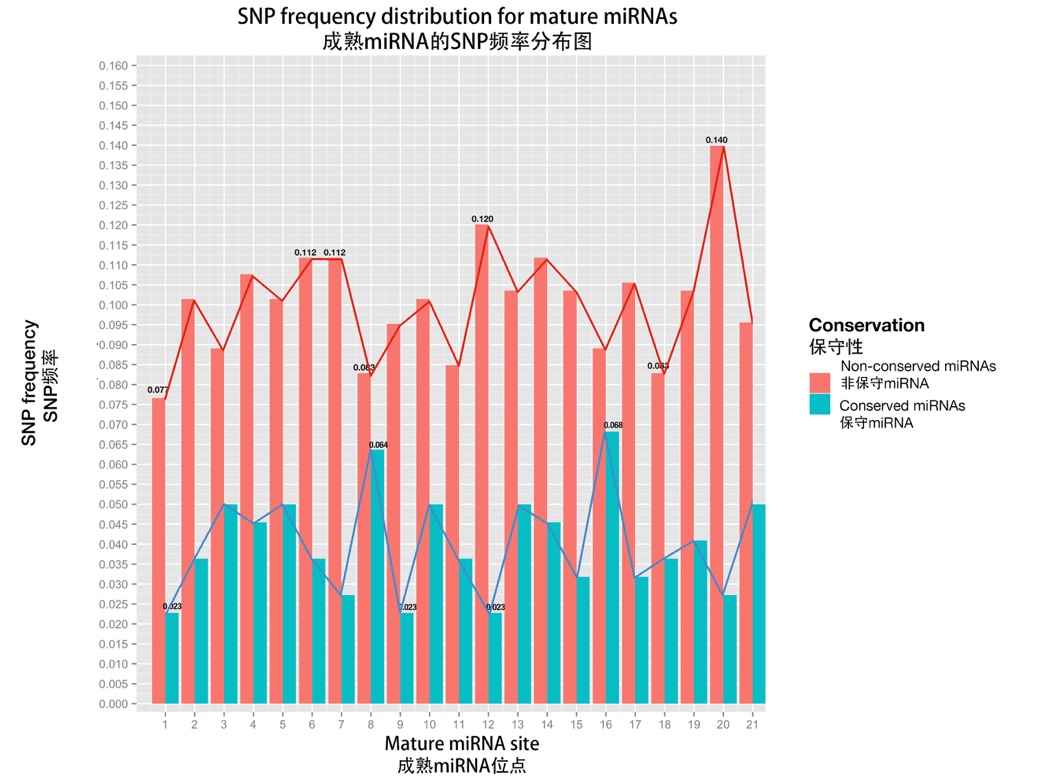


图5-5成熟miRNA每个位点的SNP频率，其中保守miRNA是蓝色而非保守的则是红色

注: X坐标是以成熟miRNA 5’到3’的顺序排列，而Y坐标则是SNP频率。其中标上数字的是SNP频率最高和最低的几个位点

Fig. 5-5 Positional SNP distribution of conserved miRNAs (blue) and non-conserved miRNAs (red).

Note: X-axis is the sites in mature miRNA from 5’end - 3’end, and y-axis is SNP frequency which is calculated as number of SNPs at this site divided by number of miRNAs; the bars marked with digital numbers are those positions that ranks the highest or lowest SNP frequency sites

## 保守miRNA和其靶基因保守位点上SNP频率

下一步，我们尝试分析靶基因上miRNA结合位点上的SNP频率。由于miRNA和靶基因表达量相关性检验发现，它们之间并没有存在必然的负相关，我们就不能使用这种负相关对靶基因进行生物相关性筛选。为此，所有收集而得的823个保守miRNA靶基因都保留进行统计和研究。经过统计和计算在miRNA结合位点上，每个位点的SNP频率，我们得到图5-5。图5-5显示，成熟miRNA的所有位点SNP频率都比miRNA结合位点上的要低，可能由以下因素导致，首先植物保守miRNA通常会调控多个靶基因，从而给成熟miRNA增加更多的约束因而导致SNP频率降低；其次，通过生物信息方法得到的靶基因很可能会有假阳性结果，而这会导致所预测的靶基因不会经历miRNA介导的调节，因而不会有相应的进化压力。

已有研究报导过miRNA和其结合位点存在共同进化23,[[52]](#endnote-53)。两者之间在自然选择的过程中互相影响，不但如此，两者的序列对miRNA的调节作用效率都起到重要的影响。所以，我们推测成熟miRNA和结合位点上各位点的选择压力相似。而这种选择压力的相似性可以表现在两者各位点SNP频率的相关性上。图5-5显示成熟miRNA和结合位点之间SNP频率分布之间的确有相似性，位点1在miRNA结合位点上是SNP频率第二低的位点，同时在成熟miRNA上是频率最低的位点；而位点13在miRNA结合位点上是频率最高的位点，在成熟miRNA上则是频率第三高的位点。通过皮尔森相关性检验，也发现两者之间有显著的正相关 (r=0.5891, p-value=2.455e-3) 。所得的结果也支持了关于成熟miRNA和miRNA结合位点之间有共同进化关系的假设。

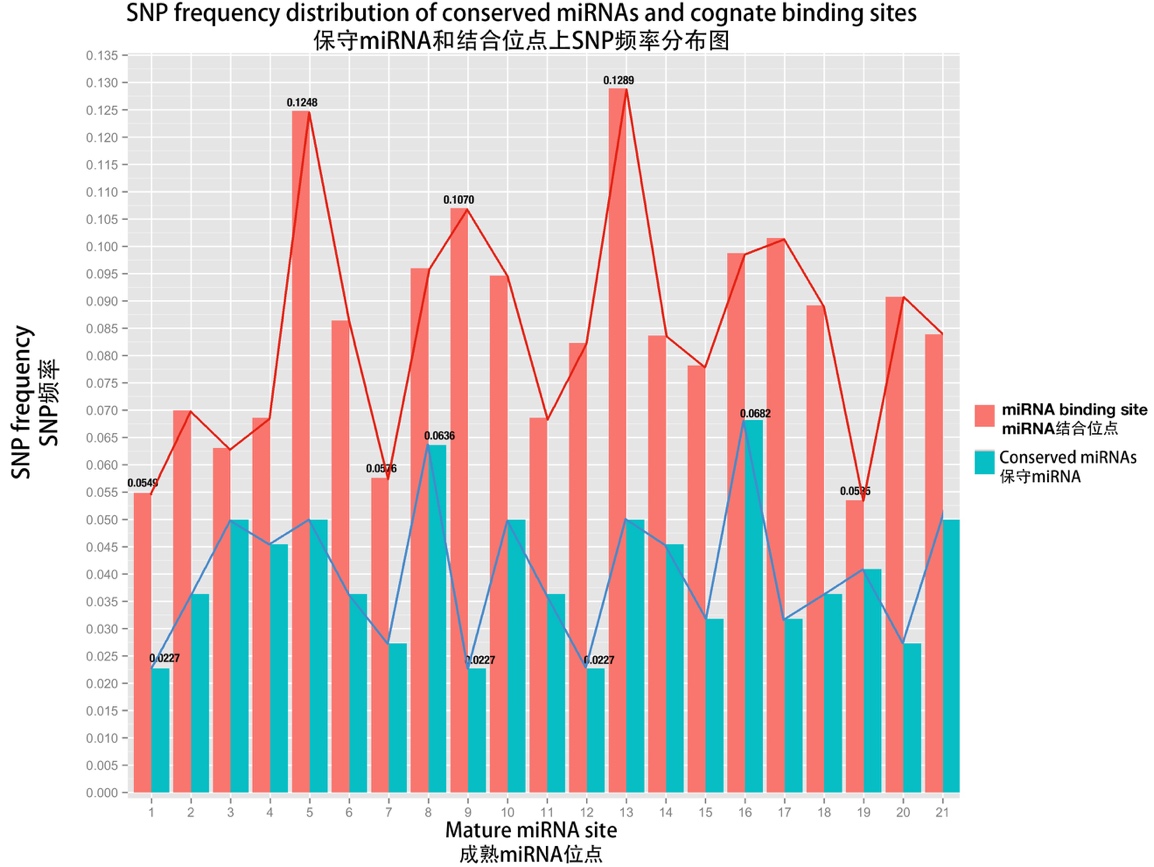


图5-6成熟miRNA和其结合位点上每一个位置的SNP频率分布

注: 结合位点上位置的排列顺序和成熟miRNA的顺序相同，都是按照成熟miRNA 5’到3’的顺序排列，红色表示的是miRNA结合位点，而蓝色表示的则是保守的成熟miRNA

Fig. 5-6 The sites of miRNA binding site are placed in the same order as mature miRNAs Note: The sites of miRNA binding site are placed in the same order as mature miRNAs (from 5’end to 3’end in the miRNA); the blue bars stand for the miRNA binding sites, while red bars stand for conserved mature miRNAs

## 本章小节

本章对实验过程中所得到的SNP进行统计上的分析。首先比较了不同的SNP数据库，并且发现三者之间有很多的SNP是重叠的，这说明这些测序工作所得到的SNP可信度是很高的。对比pre-miRNA、基因间断区和外显子片段上SNP的密度，就会发现pre-miRNA的SNP密度比这两者都要低，再次说明miRNA作为很多调节通路中的主要调节因子受到很大的选择压力。另外，分别对比保守miRNA和非保守miRNA，以及保守miRNA和miRNA结合位点上的SNP频率的相关性，发现保守miRNA和miRNA结合位点上各位点SNP频率有显著的相关性，但是和非保守miRNA却不具有显著的相关性。

# 联合互补模式分析

## 水稻miRNA单倍型分析

单倍型(haplotype, haploid genotype)，也就是一段基因片段上特定突变的集合，经常被用在疾病相关研究中，是其中强大的辨别病例组和对照组的工具。因此，单倍型可以在研究某一段基因片段功能室，帮助将群体根据其基因型不同区分成不同组别。Zhao et al. 就展示了应用单倍型分析的例子15：针对水稻的杂种不育性，粳稻 (*japonica*) 和籼稻 (*indica*) 之间存在杂交不育。而*S5*位点是被鉴定和两者之间杂交不育有很紧密的关系，其中编码了3个连锁基因；他们用其中的一个基因，LOC\_Os06g11010，也就是配子“杀手”，进行单倍型分析。在这个基因中找到14个SNP，其中5个SNP是非同义突变 (non-synonymous mutation)。将这5个SNP放在一起，分析其单倍型，并且根据在这些SNP位点上的碱基类型将水稻品系分成了5个组别。最后发现，几乎所有*aus*品系都集中在一个组别，而*aus*品系是可以克服杂交不育的品系。

而如图6-1所示，通常的利用SNP作分子标记的单倍型分析的过程，是先得到某一片段上所有SNP，每个SNP都有核苷酸多态性，例如在图中SNP1有TC的多态性，SNP2有GA的多态性，SNP3有AT的多态性；然后将群体分成不同组别，每个组别在这些SNP位点的碱基类型相同但是组间是不同的，例如在图中分成三个单倍型，分别是TAA、CGA和CGT，其中TAA是参考基因组模式(reference pattern)，通过归纳不同的水稻品系在这些SNP位点的核苷酸类型会发现Cultivar1, Cultivar2属于参考基因组模式，而Cultivar3属于CGA，Cultivar4属于CGT；最后，比较不同组别，也就是这三个单倍型对应的组别，的待研究特性，从而得出这些特性和相应的SNP是否有关联。具体的定义和操作流程请见附录1。



图6-1 单倍型分析流程图解

Fig. 6-1 Illustration of operation procedures of haplotype analysis

全部585个pre-miRNA中570个上面有SNP，而另外15个没有SNP的pre-miRNA中，osa-MIR156f, osa-MIR156h, osa-MIR396e, osa-MIR397b和osa-MIR528都是属于保守miRNA。图6-1显示的是所有pre-miRNA上SNP数量的情况，其变化趋势是：当SNP数量从0增加到5时，相应pre-miRNA数目不断增加；当SNP数量达到5时，pre-miRNA数目达到最高值，也就是47个；而超过5之后，则呈现下降的趋势。所有pre-miRNA中，SNP数量最多的是osa-miR7695。Pre-miRNA主要集中在0-10个SNP的区域，达到总数的57.95%，另外有部分pre-miRNA上发现了大量的SNP，其中甚至有10个pre-miRNA发现有50个及以上的SNP，而因此pre-miRNA上的SNP平均密度相对很大，平均每个pre-miRNA上有12.3个SNP。以上的数据表明，我们使用SNP-seek database的数据，发现了远远超过Liu Q.P. et al. 研究中的SNP。在他们的研究中，pre-miRNA上平均SNP数量是5.8，并且拥有最多SNP的pre-miRNA是osa-miR2124b，其数量是37。因此表明了，3K水稻基因组测序的确得到了极其丰富的SNP数据。

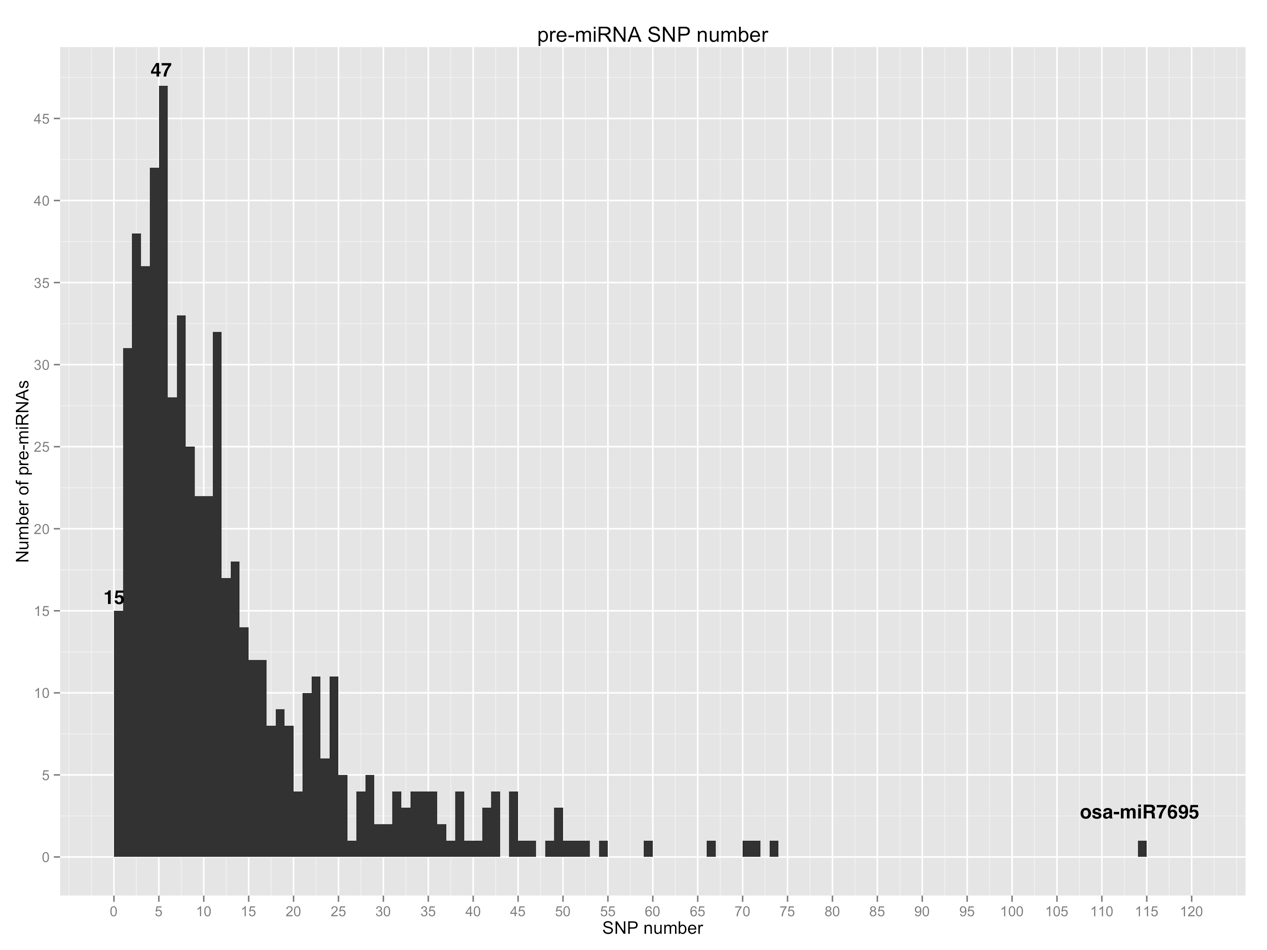


图6-2 所有pre-miRNA上的SNP数量分布图

注：X坐标是pre-miRNA上SNP的数量，而Y坐标是拥有相应SNP数量的pre-miRNA总数

Fig. 6-2 Distribution of SNP numbers of all pre-miRNAs

Note: X axis corresponds to the number of SNPs, while Y axis corresponds to the number of pre-miRNAs that have the given SNP number

将单倍型分析分别应用在这570个含有SNP的pre-miRNA，我们得到了21549个针对不同miRNA的单倍型，平均每个pre-miRNA有37.8个单倍型。导致每个单倍型数量超过SNP数量的原因是，每个pre-miRNA上所有SNP位点不同的等位碱基(alleles)在各种水稻品系中有不同的组合。

## pre-miRNA二级结构稳定性分析

植物miRNA在生成和成熟的过程中，会经历两步剪切的阶段：首先是从初级转录本 pri-miRNA (primary miRNA)会被DCL1剪切成pre-miRNA而形成“发夹结构”(hair-pin structure)，然后再次被DCL1剪切从而形成miRNA:miRNA\*二聚体。这两个剪切过程对于成熟miRNA的形成至关重要，不但会影响到成熟miRNA的产量，还可能会影响到最终产物的序列。其中DCL1的精确剪切和pre-miRNA的二级结构，也就是“发夹结构”有密切关系，如果发夹结构比较稳定，则能产生更多的成熟miRNA。有研究报导，当发夹结构的能量变化达到0.3 kcal/mol时，就会影响到成熟miRNA的形成[[53]](#endnote-54)。所以，我们对得到的单倍型进行分析，观察这些单倍型的突变对pre-miRNA的发夹结构能量产生的影响。我们使用RNAfold程序[[54]](#endnote-55)来预测pre-miRNA的发夹结构并且计算了不同的单倍型相对于参考基因组模式（reference pattern, 也就是和参考基因组基因型一样的单倍体模式）的能量变化(∆∆G)。

我们发现，54.7% (11795 / 21549)的单倍型其发夹结构从稳定状态变成不稳定状态，其能量改变范围(∆∆G)是0.3 ~ 39.3kcal/mol，其中能量变化最大的是osa-miR1880 (∆∆G = 39.3kcal/mol)，它上面总共有10个突变，对应1个水稻品系(B227, 闷加高1，源自中国)；另外1215个单倍型并未造成明显的发夹结构能量的变化它们的能量变化是-0.2 ~ 0.2 kcal/mol，其中有583个单倍型，虽然pre-miRNA上面有突变，却没有引起发夹结构能量的变化，其中甚至在osa-miR2872上面发现28个突变，但是能量变化为0 kcal/mol，这个单倍体对应一个水稻品系（IRIS 313-10522, SUKAMANDI 1005，源自印度尼西亚）；最后，有36.8% (7921 / 21549)的单倍型其发夹结构变得更加稳定，能量变化范围是-27.5 ~ -0.3 kcal/mol，其中能量变化最大的是osa-miR5542，其上总共有16个突变，能量变化为∆∆G = -27.5 kcal/mol，这个单倍型对应的水稻品系有三个：CX141, Padi Siam Kuning，源自马来西亚；IRIS 313-10786, KETAN URANG，源自印度尼西亚；IRIS 313-9188，TUMBA，源自印度尼西亚。

图6-2中，(a) osa-miR1880上的10个SNP将该pre-miRNA发夹结构中原本互补性很强的茎部破坏，产生了很多的凸出(bulge)，甚至已经不再是简单的发夹结构（茎环结构, stem），所以很可能会阻碍DCL1的识别和剪切，从而降低成熟miRNA的产量；(b) osa-miR2872上28个SNP， 一部分出现在环部 (loop)，出现在环部的SNP对发夹结构的能量影响不大，而其茎部的SNP则既有形成配对增加其稳定性的，也有产生小的凸出降低稳定性，两者有互相抵消的作用；(c) osa-miR5542上16个SNP，其中很多在茎部促进碱基互补，使pre-miRNA的稳定性大幅增加。

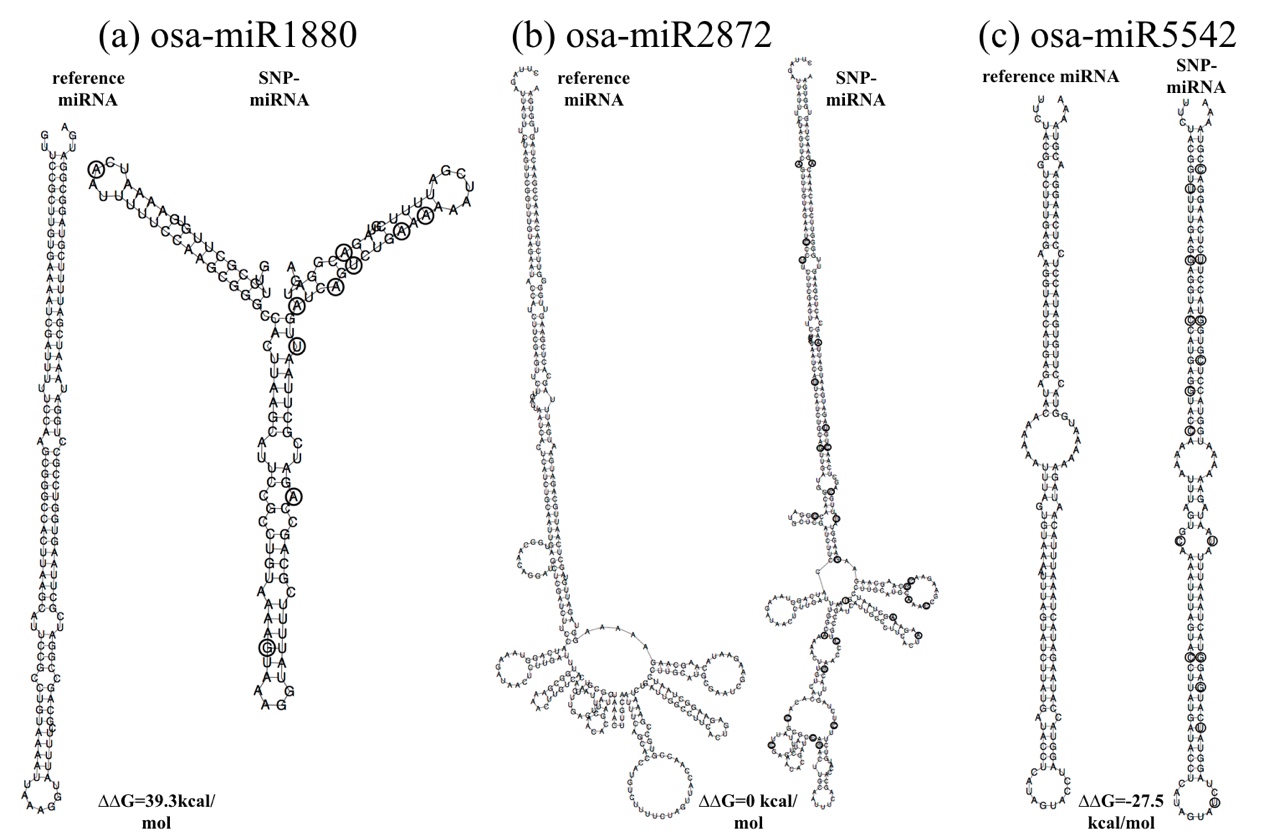


图6-3 osa-miR1880 (a), osa-miR2872 (b), osa-miR5542 (c)的参考基因组模式和单倍体模式的二级结构预测图

注：其中用圆圈圈住的是SNP的位置，这三个miRNA是展示发夹结构因为其上的SNP稳定性下降（∆∆G = 39.3 kcal/mol），稳定性保持不变（∆∆G = 0 kcal/mol）和稳定性增加（∆∆G = -27.5 kcal/mol）的范例。

Fig. 6-3 Illustration of predicted secondary structures for reference and SNP- osa-miR1880 (a), osa-miR2872 (b), and osa-miR5542(c)

Note: The circle marks the SNP position. The three miRNAs are shown as typical examples for displaying the decreased (∆∆G = 39.3 kcal/mol), unchangeable (∆∆G = 0.00 kcal/mol), and increased stability of hairpin structures (∆∆G = -27.5 kcal/mol) by SNP variations.

其中，保守miRNA的二级结构的变化则相对较小，能量变化范围是-8.1 ~ 11.2 kcal/mol，但仍然有73.4% (799 / 1088)的单倍型能量变化绝对值|∆∆G|超过0.3，其中osa-miR399h的一个单倍型的pre-miRNA发夹结构变得不稳定，∆∆G = 11.2 kcal/mol，其相对应的水稻品系是IRIS 313-11415，KAUSHI，源自尼日利亚；而osa-miR156g的一个单倍型的发夹结构变得更加稳定，∆∆G = -8.1 kcal/mol，其对应的水稻品系是IRIS 313-8502，M 102，源自美国。

从图6-3的预测二级结构可以看出SNP对这两个miRNA的影响。(a) osa-miR399h上的三个SNP，都落在茎部，分别是：将茎部配对的UA变成CA造成凸出(bulge)结构变大，将原本配对的GC变成AC导致了一个凸出结构产生以及将GC变成GU使得两者的结合程度降低。以上的SNP带来的影响都是降低发夹结构的稳定性。(b) osa-miR156g上的两个SNP也都是出现在茎部，将原本没有配对的AC变成GC去掉了一个凸出结构，另一个则是GG变成CG将所在的凸出结构减小，因此两者都起到增加茎部互补性的作用，从而增强了发夹结构的稳定性。



图6-4 保守miRNA中，osa-miR399h (a), osa-miR156 (b) 的参考基因组模式和单倍体模式的二级结构预测图

注：其中用圆圈圈住的是SNP的位置，这两个保守miRNA是展示发夹结构因为其上的SNP稳定性下降（∆∆G = 11.2 kcal/mol）， 和稳定性增加（∆∆G = -8.1 kcal/mol）的范例。

Fig. 6-4 Illustration of predicted secondary structures for reference and SNP- osa-miR399h (a), osa-miR156 (b)

Note: The circle marks the SNP position. The two conserved miRNAs are shown as typical examples for displaying the decreased (∆∆G = 11.2 kcal/mol), and increased stability of hairpin structures (∆∆G = -8.1 kcal/mol) by SNP variations.

对比Liu Q.P. et al.的研究，他们分别计算了单个SNP对于所在pre-miRNA发夹结构稳定性的影响，因而能量变化范围较小 (-10.0 ~ 10.1 kcal/mol)。在本研究中，则是通过单倍体分析，找到在3024种水稻品系中真实发生的突变对pre-miRNA的影响，其中83.0%（17878 / 21549）的单倍型都是两个以上的突变，这也是导致所预测的能量变化范围增大的原因。

## miRNA和靶基因结合位点互补模式(complementarity pattern)研究

植物miRNA对靶基因的识别机制很复杂，不但对互补性(complementarity)有很高的要求，而且其中错配(mismatch)出现的位置对于靶基因的识别和结合也有很大的影响。虽然经验结论告诉我们，植物miRNA和靶基因有很高的互补性，但是实验研究中，也发现植物miRNA也能调控一些错配数量很多的靶基因，比如osa-miR319a能够以*TCP*家族的5个成员作为靶基因，但是它们和osa-miR319a之间却有5个错配，如果将G:U算为0.5个的话，也有4个错配11。为此，在2005年就有研究人员用表达谱在拟南芥中25，对miRNA的识别机制进行研究，发现的经验参数是：

1. 在位点十和位点十一位，不能有错配；
2. 在位点2 ~ 12位之间不能有超过一个的错配；
3. 在位点13及下游，不能有超过两个的连续错配 (consecutive mismatches)；
4. 至少有完全匹配的靶基因自由能的72%；

而2014年，Liu Q.K. et al.则通过研究烟草（Nicotiana benthamiana）的定量过渡相试验，发现在5’区段 (位点2 ~ 12)发生的错配会导致植物miRNA调节效率降低；相反，在3’ (位点13 ~ 21)区段发生的错配甚至可能比完全匹配的调节效率还要高8。

考虑到非保守miRNA并没有很多经验证的靶基因，而保守miRNA则有较多的经验证的靶基因。为了研究在水稻中，miRNA对靶基因的识别机制，我们对所得到的水稻保守miRNA和相应的靶基因的互补模式进行分析。我们收集了193个保守miRNA和对应的616个靶基因，总共有1464个miRNA和靶基因作用对。将其中的经降解组验证(Degradome Validated, DV)的和未经降解(Predicted but Not Degradome Validated, PNDV)组验证的区分，并且分别将其成熟miRNA和结合位点的序列排列在一起，并且统计两组在各位点的匹配情况。其中，DV组有427对，而PNDV组则有1037对，见表5-1。

DV组是经过降解组验证的miRNA和靶基因作用对，所以是真正具有识别和调节的作用对，然而PNDV则未经降解组验证作为参照组。图6-1中，可以看出DV组在第三位是没有错配的，相比之下，在PNDV组有11.62%的错配率；另外DV组在第一，十四和二十位分别有38.06%，49.88%，40.63%的错配率，远远大于PNDV组相应位点的错配率。以上说明了第三位在靶基因识别中对于错配的容忍率很低；而在14位和20位处在13位的下游区段，根据Liu Q.K. et al.的结论，在3’区段的错配甚至会对miRNA的调节效率有积极作用，所以这结果也部分支持了这个结论；至于位点一的高错配率则说明了位点一的匹配对于miRNA的识别并没有起到很大的影响。让人惊讶的是，DV组在10位和11位上存在错配的现象，这可能是miRNA家族中一些并不具有调节能力的成员带来的错配。

表6-1 包含全部成员的DV组和PNDV组在1 ~ 21位点的错配率

注：其中G:U算作0.5个错配，错配率是在该位点错配的miRNA和靶基因作用对占所有作用对的百分比

Table 6-1 Mismatches rate at Position 1 ~ 21 of both DV and PNDV groups, all miRNA family members included

Note: G:U is counted as 0.5 mismatches, and mismatch rate is the percentage of miRNA:target interaction pairs that are mismatched at the particular position

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 位点 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 |
| DV组错配率(%) | 38.06 | 8.43 | 0.00 | 0.94 | 0.70 | 1.05 | 5.74 | 0.47 | 5.04 | 0.70 | 1.06 |
| PNDV组错配率(%) | 8.73 | 9.26 | 11.62 | 7.43 | 13.41 | 11.72 | 6.61 | 6.89 | 12.97 | 8.44 | 7.96 |
| 位点 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 | 21 |  |
| DV组错配率(%) | 5.16 | 2.46 | 49.88 | 7.84 | 2.34 | 12.88 | 4.22 | 6.80 | 40.63 | 5.39 |  |
| PNDV组错配率(%) | 11.15 | 6.37 | 20.16 | 12.40 | 9.84 | 10.61 | 14.28 | 6.42 | 13.45 | 9.98 |  |

考虑到即使在同一个miRNA家族，也不是所有的成员都能够对靶基因起到调控作用，我们另外对每一个miRNA家族分别取其中的正规成熟miRNA (canonical miRNA)，计算每个位点的错配率，如图6-2，这次DV组总共有54对，而PNDV组则有420对。首先，在这次的实验中，我们发现在位点三、四、十、十一、十六上，错配率都是0，当然同时位点一、十四和二十的错配率仍然维持在较高的水平。所以对比表5-1和表5-2，可以发现，正规成熟miRNA中在位点十和位点十一中并没有出现错配，说明错配很可能是miRNA家族中不能调控该靶基因的成员导致的。

表6-2 每个家族只使用正规成熟miRNA (canonical miRNA)作为代表的DV组和PNDV组在1 ~ 21位点的错配率

注：其中G:U算作0.5个错配，错配率是在该位点错配的miRNA和靶基因作用对占所有作用对的百分比

Table 6-2 Percentage of mismatches at Position 1 ~ 21 of both DV and PNDV groups, only canonical mature miRNAs included

Note: G:U is counted as 0.5 mismatches, and mismatch rate is the percentage of miRNA:target interaction pairs that are mismatched at the particular position

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 位点 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 |
| DV组错配率(%) | 30.55 | 13.89 | 0.00 | 0.00 | 1.85 | 1.85 | 7.41 | 0.93 | 3.70 | 0.00 | 0.00 |
| PNDV组错配率(%) | 9.65 | 13.45 | 10.12 | 9.05 | 8.70 | 17.50 | 7.98 | 9.29 | 15.13 | 14.05 | 6.31 |
| 位点 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 | 21 |  |
| DV组错配率(%) | 3.70 | 3.70 | 42.59 | 9.26 | 0.00 | 9.27 | 6.49 | 11.11 | 28.70 | 12.04 |  |
| PNDV组错配率(%) | 10.96 | 7.15 | 23.93 | 9.05 | 6.19 | 8.33 | 10.36 | 6.91 | 13.81 | 5.83 |  |

同时在这两次实验中，对比3’区段和5’区段，发现3’区段的错配率比5’区段的错配率要高，说明3’区段对错配的容忍度高于5’区段，这也再次支持了Liu Q.K. et al.的结论，也就是5’区段 (位点2 ~ 12)发生的错配会导致植物miRNA调节效率降低；相反，在3’ (位点13 ~ 21)区段发生的错配甚至可能比完全匹配的调节效率还要高。

## 联合互补模式分析

### 联合互补模式分析方法介绍

单倍型分析适用于分析单个基因组片段上的SNP从而将群体分成具有不同单倍型的类型，因此很适合分析pre-miRNA上的突变。但是当研究SNP对成熟miRNA和靶基因结合位点的相互作用，则需要同时考虑两段序列上的SNP，并且还需要考虑单倍型中的突变对互补模式(complementarity pattern)的影响。所以，我们在本研究中，将单倍型分析拓展成联合互补模式分析(Combined Complementarity Pattern Analysis, CCPA)。

图6-5具体展示了联合互补模式分析的操作流程。首先得到成熟miRNA和靶基因结合位点上的SNP，将两个序列上的SNP按照顺序排列在一起，然后进行上述的单倍型分析，就如同图6-5中miR1和gene1两个序列合成一个序列进行分析。经过单倍型分析后，我们可以根据水稻品系在所有的SNP位点上的核苷酸类型分成不同的单倍型类别，从而得到如图的参考基因组模式和单倍体模式1。在此之后，根据单倍体模式1中和参考基因组模式不同的SNP，也就是所谓的突变，找到SNP在原序列中所在位置并且进行突变，最后将突变后的两条序列（成熟miRNA序列和结合位点序列）比对在一起称为突变后的互补模式。至此，我们可以得到不同的互补模式以及其所对应的水稻品系，然后比较该单倍型的互补模式和参考基因组单倍体的互补模式，我们就可以很明显看出这些SNP对于miRNA和结合位点相互作用的影响。并且比较各中水稻品系待研究特性，从而得出这些特性和相应的SNP是否有关联。

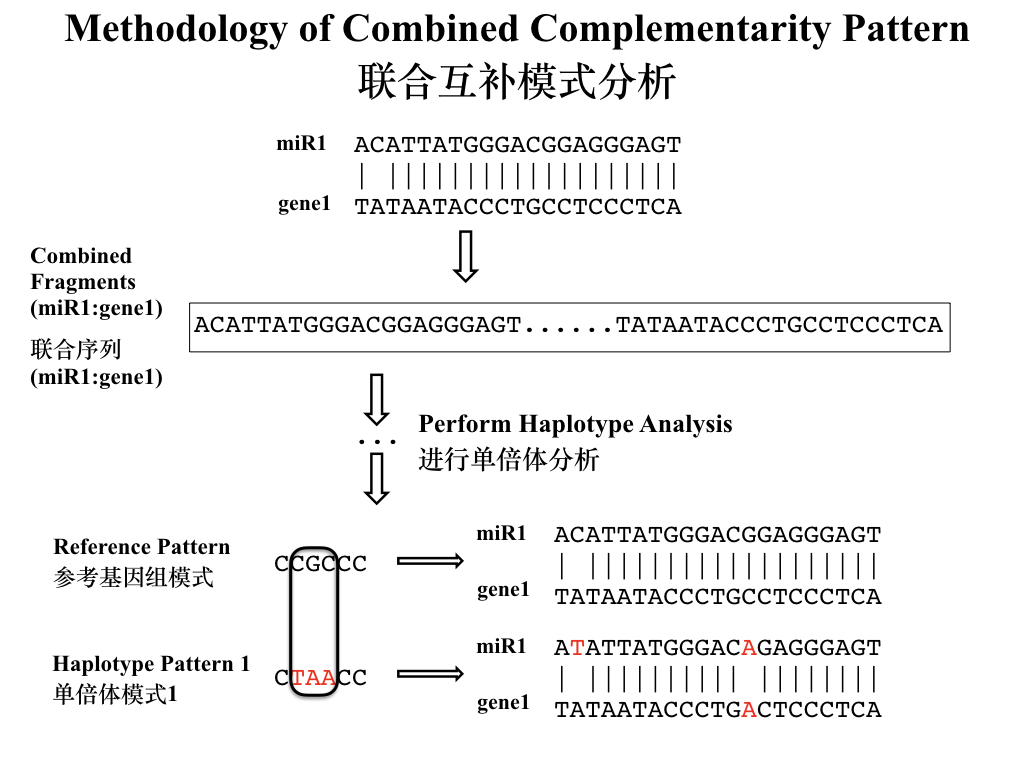


图6-5 联合互补模式分析的流程图解

Fig. 6-5 Illustrations of operation procedures for Combined Complementarity Pattern Analysis (CCPA)

将联合互补模式分析应用在所有220个保守miRNA和823个相应靶基因的结合位点上，也就是2113个miRNA和靶基因作用对，我们总共得到了16867个不同的单倍型，所以平均每一对都有7.98个单倍型。

更深入分析所得到的单倍型产生的突变互补模式，可以发现miRNA和靶基因的互补模式中的位点在SNP的影响下会发生四种改变，分别是：类别1，从配对变成错配；类别2，从错配变成配对；类别3，从配对变成配对(保持配对)和类别4，从错配变成错配（依旧错配）。类别3和类别4并不改变miRNA和结合位点的互补性，所以相对于另外两种类别对miRNA调控的影响相对较小。而类别1会引入新的错配，一般而言会减弱miRNA的调控，类别2则相反，会增强miRNA的调控。将CCPA应用在这823个靶基因和相应的miRNA上，发现74.62%的突变位点是类别1突变，16.67%是类别2突变，0.68%是类别3突变，8.03%是类别4突变。如图6-6所示，左上方是类别4的例子，在osa-miR444b.1和LOC\_Os02g13420作用对中，miRNA序列上第19位发生突变，从G变成A，但是原来在该位点依旧保持错配；右上方则是类别2的例子，在osa-miR396e-5p和LOC\_Os04g24190作用对中，靶基因上结合位点第19位发生突变，从U变成G，结果使原来的错配变成了配对；左下方的是类别1的例子，在osa-miR156c-5p和LOC\_Os05g48800作用对中，miRNA序列中的第13位发生突变，从G变成A，导致该位点原本的配对变成错配；最后右下方的是类别3的例子，在osa-miR1436和LOC\_Os11g31450作用对中，miRNA序列中的第二位从C变成U，同时在靶基因上结合位点的第2位也发生突变从G变成A，两次突变的结果是在该位点的配对状况并没有被破坏，依旧保留了配对。

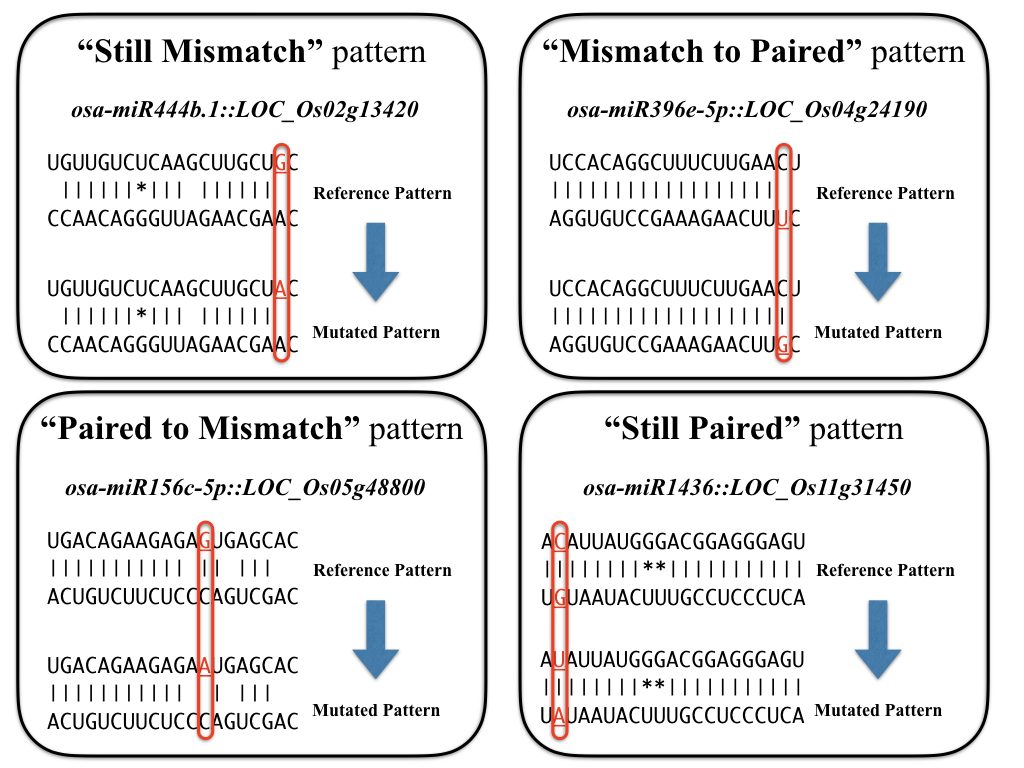


图6-6 互补模式在SNP影响下可能产生的四种互补性变化图例

注：左上方的是类别4（从错配到错配）、右上方的是类别2（从错配到配对）、左下方的是类别1（从配对到错配）、右下方的是类别3（从配对到配对）；每个范例中，上面的互补模式是参考基因组模式，而下面的互补模式则是突变之后的单倍体基因组模式；其中每个互补模式中，上面的序列是miRNA的序列，而下面的序列是靶基因上miRNA结合位点的序列；

Fig. 6-6 Examples of the four classes of changes to the complementarity caused by SNPs

Note: Upper left stands for class 4 (from mismatch to mismatch, still mismatch), upper right stands for class 2 (from mismatch to paired), lower left stands for class 1 (from paired to mismatch) and lower right stands for class 3 (from paired to paired, still paired); in each case, the upper complementarity pattern corresponds to the reference pattern, while the lower one corresponds to mutated haplotype pattern; for each complementarity pattern, the upper sequence corresponds to the sequence of mature miRNA and the lower sequence corresponds to the sequence of miRNA binding site of the cognate target

### 互补性恢复现象和osa-miR818家族

类别3的变化是在引入突变之后，相应位点的互补性仍然保持配对。这种突变发生的概率很低，正如统计的结果看出只有0.68%，其原因是发生这种现象一般需要在成熟miRNA和结合位点两条序列上相对原本是配对的位点分别引入一个SNP，而且突变之后仍旧是配对，这导致发生的概率变的很低。在本研究中，这类突变被称为互补性恢复现象(complementarity recovery phenomenon)。这种现象发生可能经过较复杂的进化过程。在以下的miRNA上我们发现了这种现象：osa-miR1436、osa-miR1439、osa-miR1442、osa-miR1862b、osa-miR2275c、osa-miR444a-3p.1、osa-miR444a-3p.2、osa-miR444b.1、osa-miR444b.2、osa-miR444d.1、osa-miR818a-e。

更深入的研究发现，在osa-miR444家族发现互补性恢复现象，因为这个miRNA家族属于一种特殊的miRNA，也就是天然反义miRNA (natural antisense miRNA, nat-miRNA)。这类miRNA能产生和其靶基因完全配对的成熟miRNA，因为miRNA基因和靶基因在同一段DNA相反的链上2，所以这种互补性恢复现象可以由两者在相反链的特性来解释。其中osa-miR444a-3p.1、osa-miR444a-3p.2在其靶基因*OsMADs23*的相反的链上，而osa-miR444b.1、osa-miR444b.2则是在其靶基因*OsMADs27*的相反的链上，osa-miR444d.1是在起靶基因*OsMADs57*的相反的链上。图6-7的(a)和(c)是其中两个例子，对于(a)中，miRNA和其结合位点的第二位都发生了突变从G:C变成U:A，而在(c)中，miRNA和其结合位点在第五位和第十一位分别发生了突变，分别从U:A变成C:G和从A:U变成G:C。但是实际研究中发现(a)中miRNA和其结合位点两的突变其实只是由SNP 10222300448造成的，(c)中，位点五和位点十二则只是由SNP 10822300429，10822300449造成。

然而，对于其余的osa-miR818a-e、osa-miR1436、osa-miR1439、osa-miR1442和osa-miR1862b上，我们也发现了互补性恢复现象，然而它们发生这种现象则需要在miRNA和其靶基因上就需要引入两个SNP在特定的位置才能造成互补性恢复的现象。并且根据miRBase的miRNA家族分类，这些miRNA由于发夹结构系列相似而归类为同一个miRNA家族，也就是miR818家族。如图6-7中的(b)和(d)，两个例子中互补性恢复现象都发生在位点五，并且都是从C:G变成U:A，但是它们是分别在miRNA上和miRNA结合位点上的SNP（总共两个SNP）同时突变导致的。

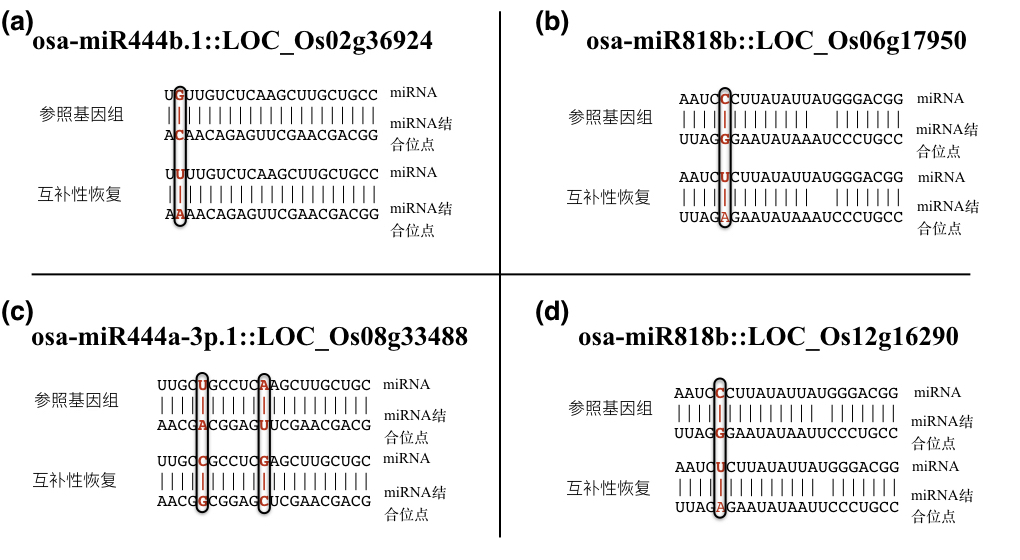


图6-7 互补性恢复模式图

注：图中，竖线代表配对，空格代表错配，互补模式的排列顺序是miRNA的5’到3’方向

Fig. 6-7 Examples of complementarity recovery patterns

Note: In the complementarity pattern, a vertical bar would be placed denoting a match, a blank for a mismatch, the order of both sequences corresponds to the direction from 5’ to 3’ end in mature miRNA

对osa-miR818家族的研究，迄今为止并不充分。不过之前有研究报道了在感染了齿叶矮缩病的粳米中检测到osa-miR818的表达量发生变化[[55]](#endnote-56)以及L. Y. Li et al. 报导了osa-miR818的两个未知功能的靶基因[[56]](#endnote-57)。 miRBase对于miRNA家族的分类是基于序列相似性，使用混合了基于BLAST单链接聚类算法和利用HMMer的档案搜索方法 (a mixture of a BLAST-based single-linkage clustering algorithm, and profile searches using HMMer) 。图6-8则是这个家族中发生互补性恢复现象的pre-miRNA二级结构预测图，从图中看出除了osa-miR818c, e之外，其它的pre-miRNA二级结构都是比较典型的 “发夹结构” 。而关于它们的成熟miRNA序列，我们发现osa-miR818a-e的序列是完全相同，然而另外4个miRNA的成熟序列则相差较大。



图6-8 osa-miR818家族，包括osa-miR818a-e, osa-miR1436, osa-miR1439, osa-miR1442和osa-miR1862b的二级结构预测图

注：其中粉红色阴影标注的是成熟miRNA序列

Fig. 6-8 Illustration of the predicted secondary structures for osa-miR818 family, including osa-miR818a-e, osa-miR1436, osa-miR1439, osa-miR1442, and osa-miR1862b

Note: The mature miRNA sequences are shaded in pink

在这些互补性恢复的现象中，发生的具体位点有：位点二、四、五、七、八、九、十一、十三、十六、十七、十八、十九、二十、二十一。其中出现次数最多的是位点二。而在本研究中，针对所有miRNA和靶基因互作对的SNP分析发现，在互作对中携带SNP数量超过5个的有313对，其中290对都出现在osa-miR818家族。如此大数量的SNP暗示了该家族以及其所预测的靶基因所处的选择压力较小。在所有的发现互补性保持不变的案例中，有两个是在成熟miRNA和结合位点序列上总共只带有4个SNP，经过计算，其出现互补性恢复的概率大约0.37%（其中水稻基因组中，SNP的概率为0.055，因为3K水稻基因组项目中总共发现有23M SNP）。在这两个案例中，互补性恢复都发生在位点5并且都是从C:G变成UA，如图6-7 b和图6-7 d所示。更进一步的研究发现，在两个案例中，都存在着其他的水稻品系只有单独一个突变从C:G变成C:A和C:G变成U:G。另外一个特殊案例是osa-miR1442和LOC\_Os09g27140，它们发生互补性恢复现象的位点在第十一位（C:G变成U:A），而且也存在着其他的水稻品系只有单个的突变而造成该位点错配的，包括C:G变成C:A和C:G变成U:G。

所以对于这种现象的一个可能的解释是在水稻miRNA和其靶基因的进化过程中，对于一些水稻品系而言，在这个位点的互补性限制变弱因而允许该位点出现错配。但是之后，该位点的互补性限制再次出现从而要求它们再次突变达到配对状态，其中一部分又变回原来的基因型，而另一部分则成为互补性恢复类型。在osa-miR1442和LOC\_Os09g27140的例子中，允许在位点十一出现错配的原因可能是对这些水稻品系而言，不再需要osa-miR1442对LOC\_Os09g27140的调控。

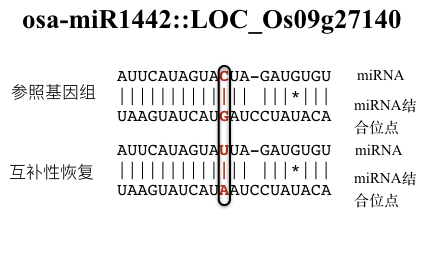


图6-9 在位点十一发生互补性恢复的模式图

注：图中，竖线代表配对，空格代表错配，星号代表G:U，互补模式的排列顺序是miRNA的5’到3’方向

Fig. 6-9 Examples of complementarity recovery pattern at position 11

Note: In the complementarity pattern, a vertical bar would be placed denoting a match, a blank for a mismatch, an asterisk for a G:U pair, the order of both sequences corresponds to the direction from 5’ to 3’ end in mature miRNA

## 本章小节

在本章中，我们采用了单倍型分析方法对水稻所有的pre-miRNA进行分析，发现在SNP对于pre-miRNA二级结构可能造成非常剧烈的影响，特别是在这些品系中，SNP并不是以单个的形式形成突变，而往往是几个SNP一起，其所造成的影响远远大过单个SNP的影响。相比于Li Q.P. et al.的研究结果就可以看出，我们研究中，多个SNP所造成二级结构能量的改变范围 (-27.5 ~ 39.3 kcal/mol) 远高于单个SNP所造成二级结构能量的改变范围 (-10.0 ~ 10.1 kcal/mol)。甚至在保守miRNA中，能量改变都达到-8.2 ~ 11.2 kcal/mol，这超过了最小能够影响成熟miRNA形成的能量变化±0.3 kcal/mol (minimum energy change required for affecting the generation of mature miRNAs)，因此这些单倍体所对应的水稻品系中，这些能量变化剧烈的miRNA的成熟过程很可能被突变所影响。

另外，为了使单倍型分析适用于miRNA和靶基因的相互作用，我们拓展成联合互补模式分析，并且应用在保守miRNA和其靶基因结合位点上，发现了非常罕见的互补模式恢复现象，出了osa-miR444家族外，这种需要两个SNP引入在互补模式的同一位点上的现象都发生在osa-miR818家族成员和其相应靶基因结合位点上，进一步的研究则显示这可能由进化过程中选择的变化而导致的。

# 单倍体表型分析和对比

## 寻找结合位点上带有SNP的靶基因

据报导，SNP所导致的miRNA介导调控的变异对植物的农艺性状可能造成很大的影响。例如Jiao et al.在研究理想株型(ideal plant architecture)时，发现理想株型所涉及的分孽数少的水稻植株是由于在osa-miR156在其靶基因*OsSPL14* (SOUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE 14)上结合位点发生突变，影响了osa-miR156对该基因的调控，使得该基因的表达量变化，从而形成理想株型；而另一个例子是Houston et al. 在研究大麦 (barley)的产量问题时，发现大麦中miR172调控*HvAP2* (APELATA2-like transcription factor)，而*HvAP2*的miR172结合位点上的SNP导致了大麦麦穗的形状和大小很显著的变化。所以在用联合互补模式对水稻保守miRNA和其靶基因进行分析之后，我们想比较这些不同的单倍型对应水稻植株的表型之间的差异，观察是否和这些miRNA报导了的功能有相关性。

考虑到大部分的保守miRNA家族都有不止一个成员，而且成员之间的序列相似性极高，并且它们的靶基因有很大的重叠，所以会造成功能冗余性 (functional redundancy)，也可能是造成基因筛选中，小部分miRNA功能丢失的等位基因恢复的现象[[57]](#endnote-58)。因此，我们需要将miRNA家族所有能够调控某基因的成员放在一起研究，同时，我们研究中只考虑在靶基因结合位点上的SNP，因为单个miRNA家族的成员发生突变，所带来的靶基因调控效果的改变可能会被同一家族其它成员所掩盖。

我们研究了几乎所有的保守miRNA家族，包括osa-miR156, 159, 160, 164, 166, 167, 169, 171, 172, 390, 395, 396, 399, 444。最后我们发现七个靶基因，在其miRNA结合位点上带有SNP，而这七个靶基因的调控miRNA分别是osa-miR160, osa-miR164, osa-miR196和osa-miR444。图7-1展示了这七个靶基因的结合位点和相应miRNA的互补配对情况，可以从图中看出，每个靶基因都由同一个miRNA家族的多个成员调控，但是由于同一个miRNA家族的成员的序列之间有微小的差异，所以其成员和靶基因结合位点的互补情况并不是完全相同的。例如图7-1a中, osa-miR160f-5p在第15位(A)上和其它成员序列(U)不同，故在此位上和靶基因是配对的，但是其它的却是错配。

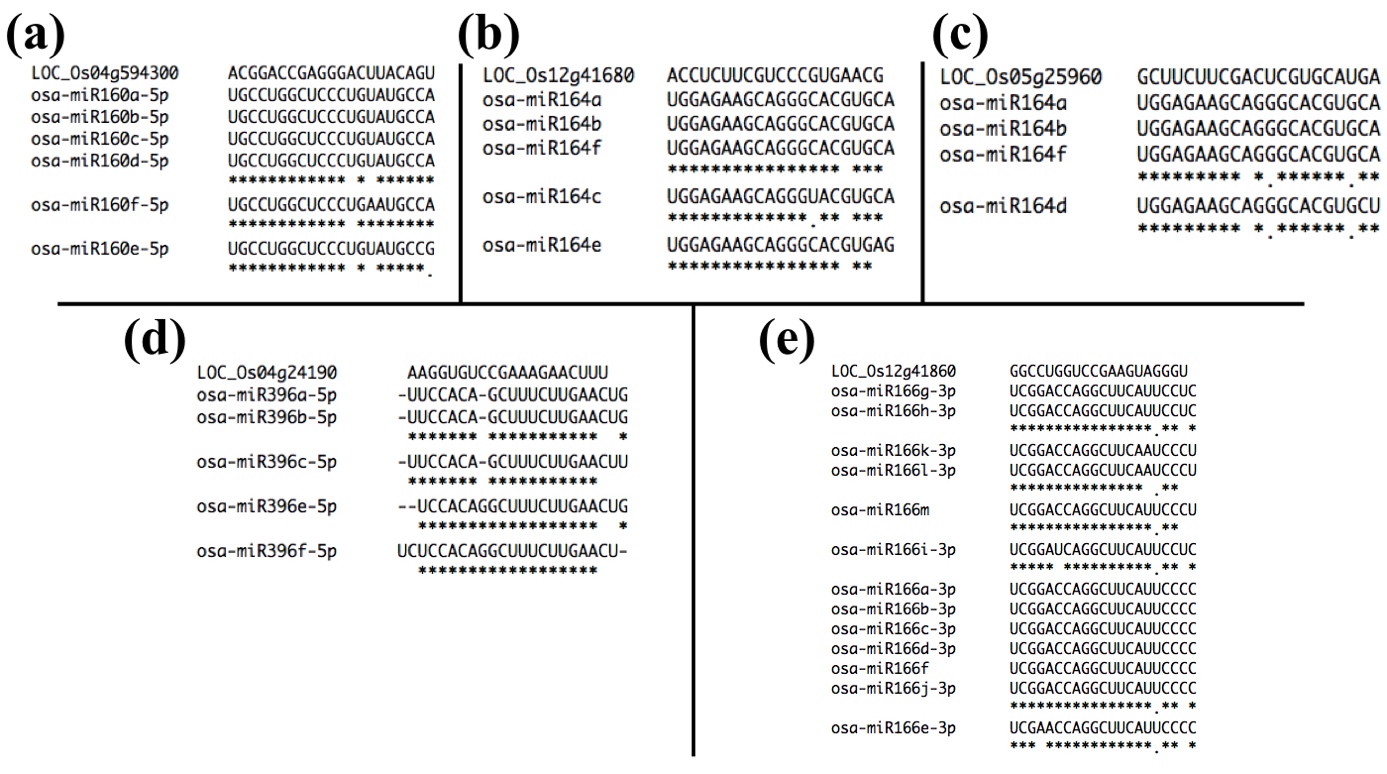


图7-1 七个结合位点上带有SNP的靶基因与所调控的miRNA家族互补模式图

注：图中，星号(\*)代表配对，空格代表错配，点(.)代表G:U，互补模式的排列顺序是miRNA的5’到3’方向

Fig. 7-1 Complementary pattern of the seven targets, with SNPs in their miRNA binding site, and the miRNA families that regulate them.

Note: In the complementarity pattern, an asterisk (\*) would be placed denoting a match, a blank for a mismatch, a dot (.) for a G:U pair, the order of both sequences corresponds to the direction from 5’ to 3’ end in mature miRNA

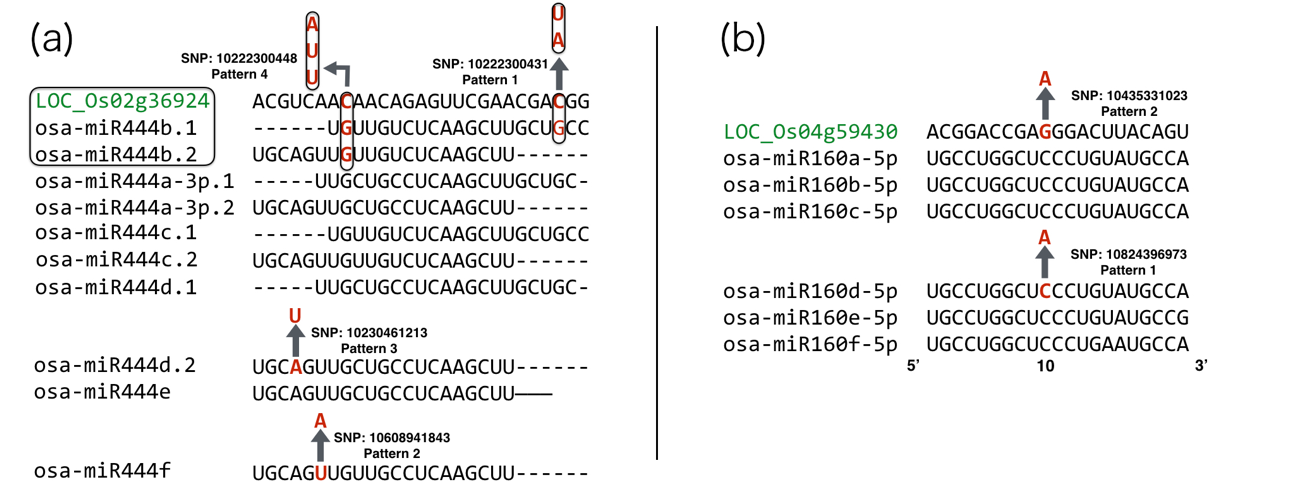


图7-2两个靶标基因和调控它们的miRNA家族的互补模式图

注：其中靶基因位点用绿色标出，每一个箭头都是由SNP产生的突变并且代表一个单独的单倍体模型。LOC\_Os02g36924 和osa-miR444b.1/b.2圈在一起表示它们处在同一个基因组区间只是在不同的链上，所以在其上的SNP能够同时导致成熟miRNA和miRNA结合位点的突变

Fig. 7-2 Complementarity pattern of 2 target genes with their targeting miRNA family

Note: Complementarity pattern of 2 target genes with their targeting miRNA family

Note: Gene loci are marked in green color; each arrow stands for a mutation caused by SNP and is denoted as a separate haplotype pattern. Enclosed frame of LOC\_Os02g36924 and osa-miR444b.1/b.2 means they are on the same genomic region except for the opposite strand and SNPs in this region would cause mutations on both mature miRNAs and miRNA binding site simultaneously.

考虑到除了除了互补性模式之外，靶基因的可达性 (target accessibility)也是影响靶标识别的非常重要的因素7，因为在靶基因的miRNA结合位点左右区域在形成二级结构时，特别是形成茎(stem)的结构，会阻碍miRNA和靶基因mRNA形成匹配，通过计算打开靶基因结合位点二级结构的自由能，我们可以评估靶基因的可达性，其中能量越低说明可达性越高，也就是说miRNA更加有机会可以和靶基因mRNA结合。所以， 为了评估SNP对miRNA调节可能带来的影响，我们将SNP映射到互补性模式中，同时也计算了SNP造成的总结合自由能的改变（表6-1）。其中结合自由能的改变平均值，是引入SNP后给每个miRNA家族成员与该靶基因结合自由能带来的改变的平均值，该值若大于零，则说明SNP使miRNA和结合位点的结合变得更加困难，反之，则说明SNP使miRNA和结合位点的结合变得更加容易。

结合以上的分析，总结得到表6-1，并且其中还包括了SNP对该基因所表达的蛋白质影响。可以发现，这七个靶基因上总共九个SNP中，大部分（七个）SNP都是都是使结合自由能升高，从而增加了miRNA和结合位点结合的难度；而在LOC\_Os02g36924上的SNP 10222300448使结合自由能改变了6.575 kcal/mol，在LOC\_Os05g25960上的SNP 10515090268则使结合自由能改变了4.782 kcal/mol。另外考虑到SNP对基因所表达的蛋白序列的影响，发现其中七个SNP都会造成蛋白质序列的改变，所以这些SNP也会在蛋白质水平对植物产生影响。在*OsARF13*(auxin response factor-13)的miRNA结合位点上的SNP 10435331023导致了位点10的错配，而位点10的错配是被报导可能对miRNA的沉默功能造成非常严重的削弱。所以综合所得的数据，我们找到了两个SNP，分别是OsARF13上的SNP 10435331023和OsMADS27上的SNP 10222300448，预计会导致miRNA对相应靶基因的调控能力大大降低。

表7-1结合位点有SNP的靶基因总结

注：miRNA结合位点上的位置顺序仍然是按照成熟miRNA 5’到3’的顺序，而总结合自由能是采用Vienna Package中的RNAup程序进行计算[[58]](#endnote-59)。

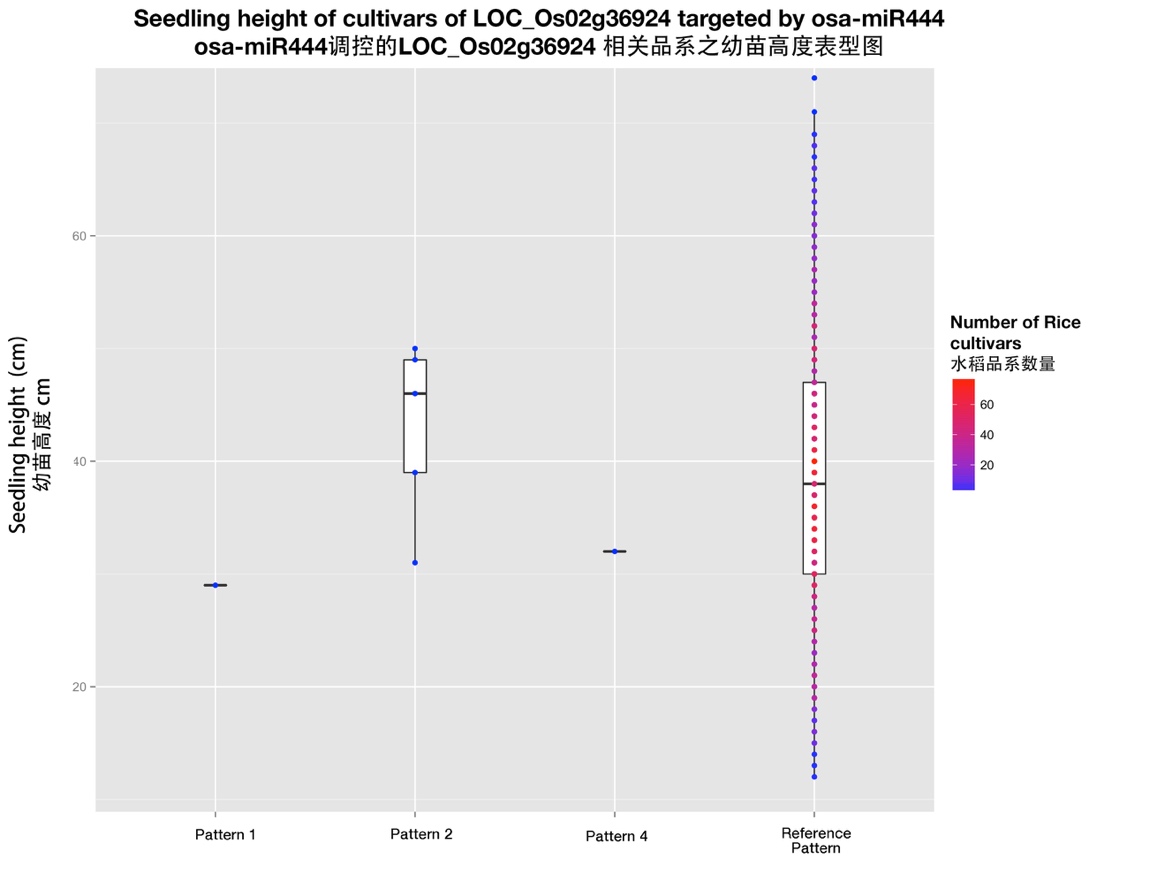
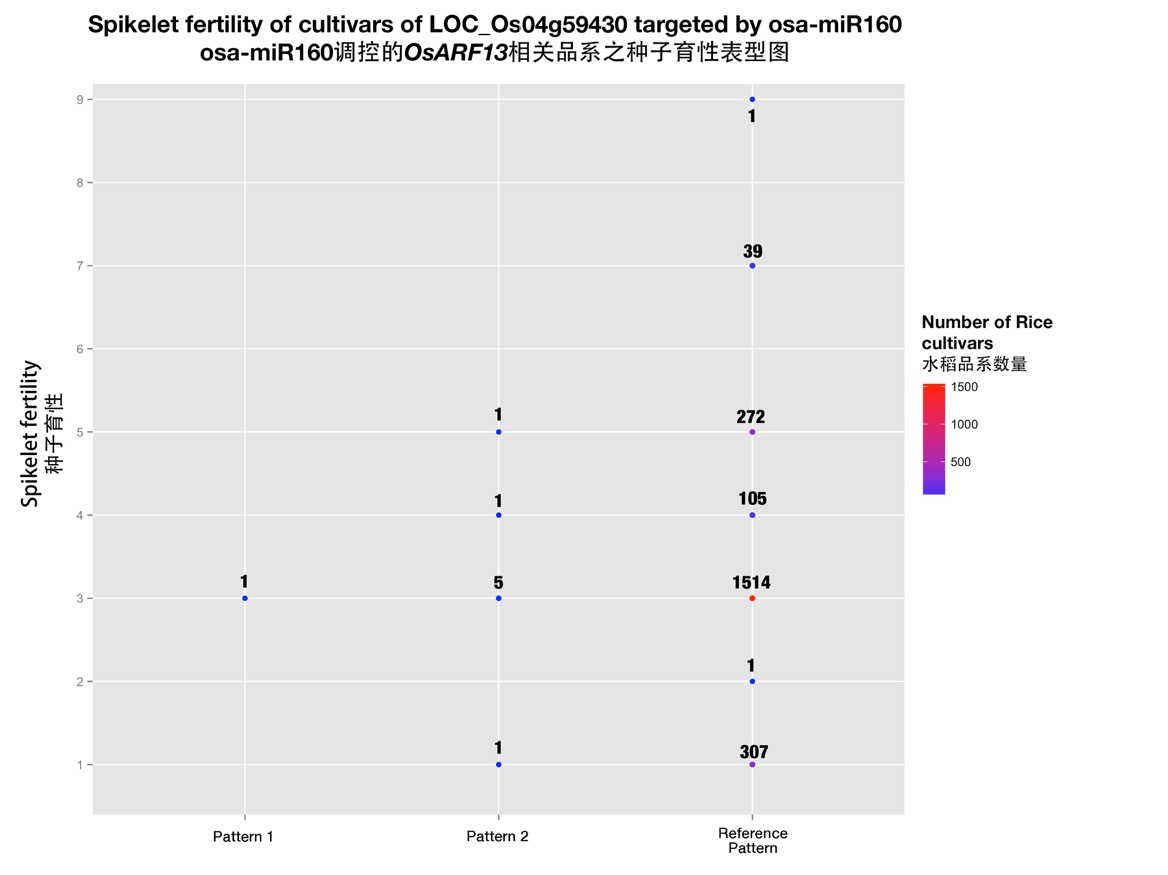
Table 7-1 Position on miRNA binding site is in the order of 5’ to 3’ on mature miRNA, and total free energy of binding was calculated using RNAup program in Vienna Package

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 基因座  Gene locus | SNP编号  SNP id | 调控的miRNA家族  Predicted targeting miRNA family | 结合位点上的位置  Position on miRNA binding site | 结合自由能的改变平均值  Average changes of free energy of binding (kcal/mol) | 基因名  Gene name | 在蛋白质上的作用  Effect on proteins |
| LOC\_Os12g41860 | 11225924993 | osa-miR166 | 1 | 2.116 | OSHB3 | Synonymous mutation |
| LOC\_Os12g41680 | 11225805945 | osa-miR164 | 8 | 1.902 | ONAC60 | Synonymous mutation |
| LOC\_Os05g25960 | 10515090268 | osa-miR164 | 5 | 4.782 |  | Missense, Phe128Leu |
| LOC\_Os04g59430 | 10435331023 | osa-miR160 | 10 | 2.58 | OsARF13 | Missense, Gly403Glu |
| LOC\_Os04g24190 | 10413845263 | osa-miR396 | 2 | 1.294 | OsGRF11 | Missense, Phe277Val |
| LOC\_Os02g49840 | 10230461213 | osa-miR444 | / | 1.16 | OsMADS57 | Missense, Leu99Gln |
| 10230461236 | -0.004 | Missense, Lys107Gln |
| LOC\_Os02g36924 | 10222300431 | osa-miR444 | / | -0.032 | OsMADS27 | Missense, Ala93Val |
| 10222300448 | 6.575 | Missense, Gln99Lys |

## 单倍型之间水稻品系表型比较

将联合互补模式分析应用在以上两对miRNA和靶基因上，我们得到各自的单倍型。其中osa-miR160::LOC\_Os04g59430有5个单倍型（包括参考基因组模式），而在osa-miR444:: LOC\_Os02g36924上，则找到了3个单倍型（包括参考基因组模式）。在水稻中，曾有报导生长素响应因子(OsARF)和育性、株高和产量相关[[59]](#endnote-60)而水稻的MADS-box基因则被报导和抽穗期以及株高有关[[60]](#endnote-61)。借助于Rice SNP-seek Database提供的水稻品系表型数据，水稻品系的性状的值根据单倍体模型的不同画在图7-3中。





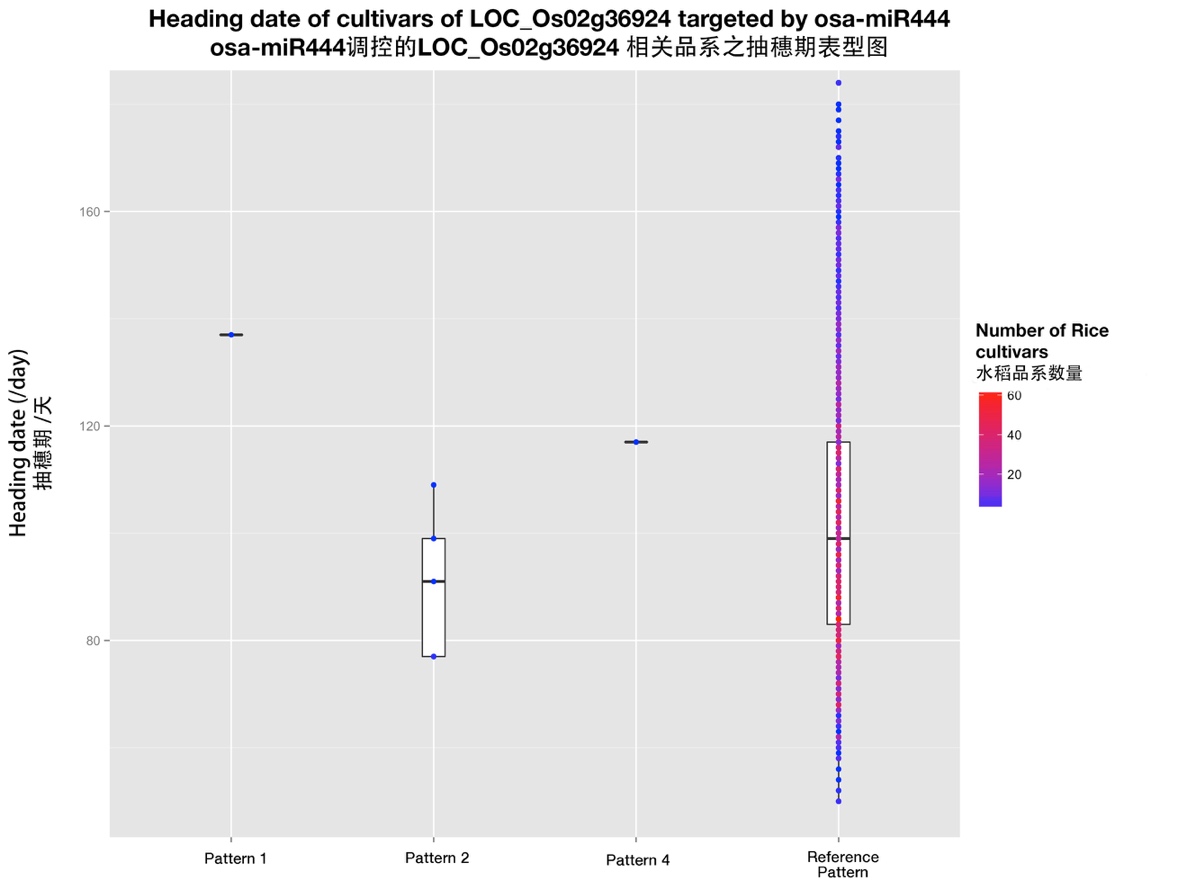


图7-3水稻品系表型根据其单倍体模型分类图

注：渐变的颜色用来表示该点的水稻品系数量

Fig. 7-3 Phenotypes of rice cultivars belonging to different haplotype patterns

Note: The color gradient stands for the number of rice cultivars at that dot.

图7-3的前两个图是LOC\_Os02g36924 (*OsARF13*)和osa-miR160家族的单倍体关于幼苗高度和种子育性图，而后两个图是LOC\_Os04g59430 (*OsMADS27*)和osa-miR444家族的单倍体关于幼苗高度和抽穗期长度图。其中LOC\_Os02g36924中SNP 10435331023发生突变的单倍体是pattern 2，而LOC\_Os02g36924中SNP 10222300448发生突变的单倍体是pattern 4 (详见图7-2a)。但是比较非参考基因组模式和参考基因组模式的相应表型，并没有明显的表型差异。

表型上没有显著差异，可能是因为植物表型由不止一个基因调控，所以miRNA调控的单个基因的改变并没有在表型上产生剧烈的影响。另外，在本研究中，还有其它的表型被报导和这两个基因的调节有关，只是没有相关的数据可供研究，这也可能是导致没有找到明显表型改变的原因。

## 本章小节

在本章中，考虑到miRNA调控的冗余性，我们主要筛选了在结合位点上有SNP的靶基因，并且应用联合互补模式分析得到该靶基因和整个调控它的miRNA家族之间的单倍型和相应的水稻品系。通过筛选几乎所有的保守miRNA，我们找到了两个靶基因上的SNP，分别是落在互补模式的第十位和能够大幅改变靶基因可达性，所以很可能对miRNA 的调控起到很大的影响。

但是在对比了这两个靶基因相关的表型数据，却发现这两个SNP位点发生突变了的水稻品系并没有表现出非常明显的表型变化，这可能是相应表型由多基因调控，以致当所研究的其中一个基因发生改变之后，并没有导致非常明显的表型变化。

# 总结和展望

## 总结

miRNA是植物生长发育过程中非常重要的调节物，而且调控很多本身就是调节因子的靶基因，而植物miRNA介导的基因沉默中的SNP很可能会给植物表型带来很大的影响。已经有不少的研究，针对水稻基因组上SNP对于其miRNA的影响而展开，而它们主要集中研究在miRNA相关的基因组区域的SNP密度的差异和比较，SNP带来的pre-miRNA二级结构的影响以及miRNA的进化过程。然而，SNP如何影响miRNA和其相应靶基因之间的互作，从而对农艺性状带来影响却并没有很具体的研究。

本论文则是结合最近发表的3K水稻基因组测序项目的SNP数据，对全基因中的miRNA以及其中保守miRNA和其靶基因之间相互作用进行研究，并且将单倍型分析拓展成联合互补模式分析以适用于成熟miRNA和其靶基因结合位点的联合分析，最后还将整个miRNA家族和靶基因结合位点联合一起分析，从而得到对某基因整体调控的单倍型，最后比较了不同的单倍型中水稻品系的表型差异。主要的结论如下：

1. 通过对经过降解组测序验证的miRNA和靶基因表达量相关性分析，结果表明：即使是真正具有调控关系的miRNA和靶基因在它们都表达并且相互作用的植物组织／器官中，也没有发现严格的表达量负相关的现象，甚至两者之间都没有明显的相关性，再次强调了植物miRNA介导的基因沉默中还有很多复杂的影响miRNA和靶基因相互作用的因素未被研究；
2. 通过比较水稻中全部pre-miRNA和随机选择的外显子与基因间隔区片段上的SNP密度，结果表明：pre-miRNA上的SNP密度比后两者的SNP密度都要低，说明在pre-miRNA上的选择压力很大，这也和miRNA在植物中扮演关键的调控作用角色相符；
3. 通过分析保守的成熟miRNA和非保守的成熟miRNA上每个位点上的SNP频率之间的关系，以及保守的成熟miRNA和其靶基因结合位点上的每个位点的SNP频率之间的关系，结果表明：保守miRNA和非保守miRNA各位点的SNP频率分布不同，并且没有相关性，说明两者之间个位点选择压力不同，暗示了两者之间的作用机理的不同；而保守miRNA和其靶基因结合位点上各位点的SNP频率之间具有相关性，支持了miRNA和其靶基因的有共同进化关系的观点；
4. 通过分析和计算SNP对水稻pre-miRNA二级结构的自由能带来的改变，结果表明：在茎部的SNP对pre-miRNA二级结构的稳定性很可能产生很大的影响，并且单倍型中同时出现的多个SNP会对pre-miRNA二级结构产生比单个SNP更大的影响，这些SNP造成的变化很可能因为对pre-miRNA二级结构稳定性造成变化，从而影响到成熟miRNA的生成；
5. 通过本实验拓展的联合互补模式分析对所有预测到的miRNA和靶基因作用对进行分析，结果是：我们在miR818家族中发现非常罕见的互补性恢复现象，这可能是由于miRNA和靶基因共同进化过程，选择压力的改变而造成的；
6. 最后，我们将联合互补模式应用在靶基因和整个miRNA家族的联系分析中，结果是：我们找到了在osa-miR160的靶基因 *OsARF13*和osa-miR444的靶基因*OsMADS27*上分别找到了可能对miRNA调控产生很大影响的SNP，但是并没有发现很明显的表型改变，这可能是因为所研究的性状可能由多个基因调控，故而单个基因的变化并没有造成明显的表型改变；

本研究的创新点是，应用**最近发表的3K水稻基因组数据**对水稻全基因组miRNA进行分析，并且在常规的单倍型分析方法基础上进行拓展成为**联合互补模式分析**以适用于研究miRNA和其靶基因的相互作用，甚至应用在**一个靶基因和整个miRNA家族之间的相互作用**，并且创新性的研究SNP在3000种水稻中，**对miRNA和靶基因相互作用带来的影响以及对表型可能带来的改变**进行了分析。这些发现对于更好的理解和研究SNP如何影响到miRNA介导的调节以及这些变异如何进一步对miRNA调控的植物表型影响，具有很重要的意义。

## 展望

本研究最终的期望是，通过3K水稻基因组的数据，筛选出一些miRNA介导的基因沉默中对水稻农艺性状产生影响的SNP，并且应用携带有这些SNP的水稻品系，从而应用在水稻的培育过程中。本次论文对全基因组的miRNA以及保守miRNA靶基因进行了非常详尽的搜索和研究，而且也找到了一些可能对miRNA的调控产生很大影响的SNP，但是尚未发现对农艺性状有直接影响的现象。

由于3K水稻基因组对于水稻品系表型的数据提供有限，对于本次研究所得到的SNP以及相应的水稻品系的表型对比，可能有待更多的针对性的相关水稻品系的种植和表型观察得到更多miRNA相关的表型的数据；另外我们并没有对pre-miRNA上的SNP与水稻品系的表型进行关联分析，而且其中有不少的单倍型上的SNP对于pre-miRNA二级结构的稳定性是有很大影响的，所以这也是可以重点研究的方面。在基因组中更大范围的SNP研究，包括靶基因结合位点的侧翼区域中SNP对于靶基因的可达性(target accessibility)的影响，以及pre-miRNA的上游启动子(promoter)的SNP对于miRNA产生可能造成的影响，本实验也上位进行分析。相信这些分析将会对水稻miRNA的调控机制带来更加深刻的认识和理解，并且能够筛选出对农艺性状产生影响的SNP和发现农艺性状因为miRNA调控的改变而改变的水稻品系。

参 考 文 献

附录1 miRNA单倍型分析

* 名词和定义
  + miRNA单倍型 (miRNA haplotype)：使用SNP作为生物标记，对于每个pre-miRNA，将在其中找到的SNP按照上升的次序排列就得到miRNA单倍型；例如osa-miR156a的miRNA单倍型就是，10122524158, 10122524159, 10122524183, 10122524190, 10122524191, 10122524193, 10122524200, 10122524211, 10122524213, 10122524243；
  + 单倍型模式 (haplotype pattern)：每个SNP的位点都会有频率不同的核苷酸类型，而单倍型模式就是每个SNP位置都用一个具体的核苷酸来代替，因此每个水稻品系都有一个具体的单倍体模式。例如osa-miR156a一个单倍型模式是，GGCAGCTAAC，其中参照基因组的模式被称为参考基因组模式 (reference pattern)，而其它的都称为非参考基因组模式 (non-reference pattern)
* 操作流程
  + 将pre-miRNA上的SNP排列成上升的顺序；
  + 得到每个miRNA的参考基因组模式，以及其它的非参考基因组模式；
  + 根据每个水稻品系的基因型，将水稻品系和单倍型模式对应，也就是将水稻品系根据其单倍型模式分成不同的类型；
  + 最后，将每个单倍型模式转换成pre-miRNA的序列；

附表1 保守成熟miRNA上SNP信息

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| MaMiRNA\* | SNP id | Chr id | Position \*\* | Rela pos\*\*\* | Ref allele | allele1 | freq\_1 | allele2 | freq\_2 | allele3 | freq\_3 | Effect |
| osa-miR1430 | 11206825028 | chr12 | 6825028 | 18 | A | A | 99.75% | G | 0.25% | － | － | － |
| osa-miR1430 | 11206825033 | chr12 | 6825033 | 13 | G | T | 92.12% | G | 7.33% | A | 0.55% | － |
| osa-miR1436 | 10120316613 | chr01 | 20316613 | 14 | C | C | 99.64% | A | 0.36% | － | － | － |
| osa-miR1436 | 10120316614 | chr01 | 20316614 | 13 | C | C | 99.96% | T | 0.04% | － | － | － |
| osa-miR1436 | 10120316625 | chr01 | 20316625 | 2 | G | G | 93.22% | A | 6.78% | － | － | － |
| osa-miR1439 | 11210074246 | chr12 | 10074246 | 7 | A | A | 97.36% | G | 2.64% | － | － | － |
| osa-miR1439 | 11210074258 | chr12 | 10074258 | 19 | A | A | 98.12% | T | 1.88% | － | － | － |
| osa-miR1442 | 10727589080 | chr07 | 27589080 | 4 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR1442 | 10727589084 | chr07 | 27589084 | 8 | G | G | 99.57% | C | 0.43% | － | － | － |
| osa-miR1442 | 10727589087 | chr07 | 27589087 | 11 | C | C | 53.44% | T | 46.56% | － | － | － |
| osa-miR1442 | 10727589090 | chr07 | 27589090 | 14 | G | T | 52.79% | G | 47.21% | － | － | － |
| osa-miR1442 | 10727589091 | chr07 | 27589091 | 15 | A | A | 99.96% | T | 0.04% | － | － | － |
| osa-miR156b-5p | 10104666393 | chr01 | 4666393 | 11 | G | G | 99.90% | C | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR156b-5p | 10104666395 | chr01 | 4666395 | 13 | G | G | 99.95% | A | 0.05% | － | － | － |
| osa-miR156c-5p | 10104666015 | chr01 | 4666015 | 13 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR156l-5p | 10505230619 | chr05 | 5230619 | 1 | C | C | 99.96% | G | 0.04% | － | － | － |
| osa-miR156l-5p | 10505230623 | chr05 | 5230623 | 5 | A | A | 99.69% | G | 0.31% | － | － | － |
| osa-miR159a.2 | 10117682125 | chr01 | 17682125 | 3 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR159b | 10101215192 | chr01 | 1215192 | 6 | A | A | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR160d-5p | 10332455004 | chr03 | 32455004 | 10 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR160f-3p | 10824396973 | chr08 | 24396973 | 21 | G | G | 99.95% | T | 0.05% | － | － | － |
| osa-miR162b | 10424406022 | chr04 | 24406022 | 21 | G | G | 99.82% | T | 0.18% | － | － | － |
| osa-miR164e | 10310542179 | chr03 | 10542179 | 13 | G | G | 99.93% | A | 0.07% | － | － | － |
| osa-miR164f | 10523343944 | chr05 | 23343944 | 14 | C | C | 99.95% | T | 0.05% | － | － | － |
| osa-miR166b-3p | 10630327104 | chr06 | 30327104 | 19 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR166c-5p | 10303487811 | chr03 | 3487811 | 13 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR166c-5p | 10303487815 | chr03 | 3487815 | 17 | C | C | 99.90% | G | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR166d-3p | 10226130151 | chr02 | 26130151 | 3 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR166e-3p | 10300765834 | chr03 | 765834 | 4 | A | G | 67.95% | A | 32.05% | － | － | － |
| osa-miR166e-3p | 10300765845 | chr03 | 765845 | 15 | A | A | 99.98% | C | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR166e-3p | 10300765847 | chr03 | 765847 | 17 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR166e-3p | 10300765848 | chr03 | 765848 | 18 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR166e-5p | 10300765744 | chr03 | 765744 | 10 | T | T | 99.90% | C | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR166i-3p | 10325295068 | chr03 | 25295068 | 2 | C | C | 99.93% | T | 0.07% | － | － | － |
| osa-miR166l-5p | 10916951831 | chr09 | 16951831 | 3 | A | A | 99.95% | G | 0.05% | － | － | － |
| osa-miR166m | 10823045518 | chr08 | 23045518 | 17 | T | T | 99.64% | C | 0.36% | － | － | － |
| osa-miR167e-5p | 10203742499 | chr02 | 3742499 | 5 | C | C | 99.69% | T | 0.31% | － | － | － |
| osa-miR167g | 10303347699 | chr03 | 3347699 | 8 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR167h-5p | 11225480629 | chr12 | 25480629 | 2 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR169a | 10108729142 | chr01 | 8729142 | 2 | A | A | 99.97% | C | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR169f.1 | 10218558462 | chr02 | 18558462 | 20 | A | A | 98.67% | G | 1.33% | － | － | － |
| osa-miR169k | 10919792163 | chr09 | 19792163 | 21 | G | G | 99.98% | C | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR169n | 11106085402 | chr11 | 6085402 | 17 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR169r-5p | 10335782435 | chr03 | 35782435 | 7 | A | A | 99.97% | G | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR171f-3p | 10330027879 | chr03 | 30027879 | 10 | C | C | 99.93% | T | 0.07% | － | － | － |
| osa-miR171g | 10715636765 | chr07 | 15636765 | 10 | G | G | 99.98% | C | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR172c | 10713111497 | chr07 | 13111497 | 19 | G | G | 99.18% | A | 0.82% | － | － | － |
| osa-miR172c | 10713111498 | chr07 | 13111498 | 18 | C | C | 91.35% | T | 8.65% | － | － | － |
| osa-miR172c | 10713111510 | chr07 | 13111510 | 6 | G | G | 97.53% | A | 2.47% | － | － | － |
| osa-miR1859 | 10100673301 | chr01 | 673301 | 9 | C | C | 99.97% | G | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR1862b | 10808341247 | chr08 | 8341247 | 21 | C | C | 99.04% | T | 0.96% | － | － | － |
| osa-miR1862b | 10808341248 | chr08 | 8341248 | 20 | C | C | 94.36% | T | 5.64% | － | － | － |
| osa-miR1862b | 10808341249 | chr08 | 8341249 | 19 | C | C | 97.94% | T | 2.06% | － | － | － |
| osa-miR1862b | 10808341258 | chr08 | 8341258 | 10 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR1862b | 10808341259 | chr08 | 8341259 | 9 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR1862b | 10808341265 | chr08 | 8341265 | 3 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR1862b | 10808341266 | chr08 | 8341266 | 2 | G | G | 98.97% | A | 1.03% | － | － | － |
| osa-miR2118a | 10421642958 | chr04 | 21642958 | 14 | G | G | 99.90% | T | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR2118b | 10421645325 | chr04 | 21645325 | 20 | G | G | 99.88% | A | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR2118c | 10421647984 | chr04 | 21647984 | 6 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR2118e | 10421647467 | chr04 | 21647467 | 18 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR2118e | 10421647470 | chr04 | 21647470 | 15 | G | G | 99.90% | A | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR2118e | 10421647472 | chr04 | 21647472 | 13 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR2118e | 10421647480 | chr04 | 21647480 | 5 | G | G | 99.90% | T | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR2118g | 10421650346 | chr04 | 21650346 | 15 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR2118g | 10421650356 | chr04 | 21650356 | 5 | A | A | 99.97% | G | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR2118k | 10421656988 | chr04 | 21656988 | 16 | T | T | 99.88% | A | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR2118k | 10421656996 | chr04 | 21656996 | 8 | A | A | 99.97% | G | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR2118k | 10421656997 | chr04 | 21656997 | 7 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR2118l | 10421656754 | chr04 | 21656754 | 11 | A | A | 99.88% | G | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR2118l | 10421656761 | chr04 | 21656761 | 4 | G | G | 86.64% | A | 13.36% | － | － | － |
| osa-miR2118m | 10421658901 | chr04 | 21658901 | 13 | G | G | 98.76% | A | 1.24% | － | － | － |
| osa-miR2118n | 10421661547 | chr04 | 21661547 | 7 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR2118o | 10421661304 | chr04 | 21661304 | 17 | T | T | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR2118o | 10421661320 | chr04 | 21661320 | 1 | G | G | 82.79% | A | 17.21% | － | － | － |
| osa-miR2118p | 11107807474 | chr11 | 7807474 | 19 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR2118r | 11107810278 | chr11 | 7810278 | 5 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR2275b | 10801202576 | chr08 | 1202576 | 22 | A | A | 98.16% | G | 1.84% | － | － | － |
| osa-miR2275c | 10716719863 | chr07 | 16719863 | 8 | C | C | 77.45% | T | 22.55% | － | － | － |
| osa-miR2275c | 10716719869 | chr07 | 16719869 | 2 | C | C | 99.69% | G | 0.31% | － | － | － |
| osa-miR319a-5p | 10126823408 | chr01 | 26823408 | 10 | T | T | 99.97% | A | 0.02% | G | 0.02% | － |
| osa-miR395a | 10431805514 | chr04 | 31805514 | 11 | A | A | 99.90% | G | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR395a | 10431805517 | chr04 | 31805517 | 8 | C | C | 99.82% | G | 0.18% | － | － | － |
| osa-miR395a | 10431805522 | chr04 | 31805522 | 3 | C | C | 99.93% | T | 0.07% | － | － | － |
| osa-miR395c | 10431805205 | chr04 | 31805205 | 19 | G | G | 99.88% | A | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR395c | 10431805208 | chr04 | 31805208 | 16 | C | C | 99.49% | T | 0.51% | － | － | － |
| osa-miR395c | 10431805212 | chr04 | 31805212 | 12 | C | C | 99.29% | T | 0.71% | － | － | － |
| osa-miR395c | 10431805216 | chr04 | 31805216 | 8 | C | C | 99.90% | T | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR395d | 10431805073 | chr04 | 31805073 | 13 | C | C | 93.29% | T | 6.71% | － | － | － |
| osa-miR395d | 10431805077 | chr04 | 31805077 | 9 | A | A | 99.04% | T | 0.96% | － | － | － |
| osa-miR395d | 10431805080 | chr04 | 31805080 | 6 | C | C | 99.31% | T | 0.69% | － | － | － |
| osa-miR395e | 10431804930 | chr04 | 31804930 | 13 | C | C | 98.77% | T | 1.23% | － | － | － |
| osa-miR395e | 10431804934 | chr04 | 31804934 | 9 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR395e | 10431804935 | chr04 | 31804935 | 8 | C | C | 77.30% | T | 22.70% | － | － | － |
| osa-miR395e | 10431804942 | chr04 | 31804942 | 1 | C | C | 99.47% | T | 0.53% | － | － | － |
| osa-miR395f | 10431804786 | chr04 | 31804786 | 16 | C | C | 98.82% | T | 1.18% | － | － | － |
| osa-miR395f | 10431804787 | chr04 | 31804787 | 15 | C | C | 99.52% | T | 0.48% | － | － | － |
| osa-miR395f | 10431804794 | chr04 | 31804794 | 8 | C | C | 95.14% | T | 4.86% | － | － | － |
| osa-miR395f | 10431804796 | chr04 | 31804796 | 6 | A | C | 88.37% | A | 11.63% | － | － | － |
| osa-miR395f | 10431804799 | chr04 | 31804799 | 3 | C | C | 95.38% | T | 4.59% | A | 0.03% | － |
| osa-miR395g | 10431804648 | chr04 | 31804648 | 16 | C | C | 99.82% | T | 0.18% | － | － | － |
| osa-miR395g | 10431804652 | chr04 | 31804652 | 12 | C | C | 96.23% | A | 3.77% | － | － | － |
| osa-miR395h | 10803299227 | chr08 | 3299227 | 3 | G | G | 99.44% | A | 0.56% | － | － | － |
| osa-miR395h | 10803299238 | chr08 | 3299238 | 14 | G | G | 99.93% | T | 0.07% | － | － | － |
| osa-miR395h | 10803299239 | chr08 | 3299239 | 15 | G | G | 99.62% | A | 0.38% | － | － | － |
| osa-miR395h | 10803299240 | chr08 | 3299240 | 16 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR395i | 10803299396 | chr08 | 3299396 | 10 | T | T | 99.85% | A | 0.15% | － | － | － |
| osa-miR395m | 10432622105 | chr04 | 32622105 | 14 | G | G | 99.59% | A | 0.41% | － | － | － |
| osa-miR395m | 10432622107 | chr04 | 32622107 | 16 | G | G | 99.92% | A | 0.08% | － | － | － |
| osa-miR395n | 10432622295 | chr04 | 32622295 | 8 | G | G | 99.75% | A | 0.25% | － | － | － |
| osa-miR395o | 10432622444 | chr04 | 32622444 | 16 | G | G | 99.87% | A | 0.13% | － | － | － |
| osa-miR395q | 10432622735 | chr04 | 32622735 | 21 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR395s | 10432623010 | chr04 | 32623010 | 13 | G | G | 99.97% | C | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR395t | 10906607374 | chr09 | 6607374 | 10 | A | A | 99.95% | G | 0.05% | － | － | － |
| osa-miR395u | 10906606720 | chr09 | 6606720 | 12 | C | C | 99.88% | G | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR395u | 10906606724 | chr09 | 6606724 | 8 | C | C | 99.88% | T | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR395u | 10906606725 | chr09 | 6606725 | 7 | G | G | 96.16% | A | 3.84% | － | － | － |
| osa-miR395u | 10906606729 | chr09 | 6606729 | 3 | C | C | 95.72% | T | 4.28% | － | － | － |
| osa-miR395v | 10906606580 | chr09 | 6606580 | 16 | C | C | 99.88% | T | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR395v | 10906606581 | chr09 | 6606581 | 15 | C | C | 99.42% | T | 0.58% | － | － | － |
| osa-miR395v | 10906606582 | chr09 | 6606582 | 14 | G | T | 78.73% | G | 21.27% | － | － | － |
| osa-miR395v | 10906606593 | chr09 | 6606593 | 3 | C | C | 95.86% | T | 4.14% | － | － | － |
| osa-miR395w | 10906606302 | chr09 | 6606302 | 11 | A | A | 99.90% | T | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR395w | 10906606308 | chr09 | 6606308 | 5 | T | T | 96.98% | A | 3.02% | － | － | － |
| osa-miR395w | 10906606309 | chr09 | 6606309 | 4 | T | T | 99.80% | C | 0.20% | － | － | － |
| osa-miR395x | 10432623138 | chr04 | 32623138 | 12 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR395x | 10432623142 | chr04 | 32623142 | 16 | T | T | 99.85% | C | 0.15% | － | － | － |
| osa-miR395y | 10803299915 | chr08 | 3299915 | 21 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR396c-5p | 10234288003 | chr02 | 34288003 | 1 | A | A | 99.93% | G | 0.07% | － | － | － |
| osa-miR396f-3p | 10235636575 | chr02 | 35636575 | 3 | T | T | 99.95% | C | 0.05% | － | － | － |
| osa-miR398b | 10714598627 | chr07 | 14598627 | 21 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR398b | 10714598637 | chr07 | 14598637 | 11 | C | C | 99.67% | T | 0.33% | － | － | － |
| osa-miR399a | 10130478761 | chr01 | 30478761 | 8 | G | G | 92.64% | T | 7.36% | － | － | － |
| osa-miR399b | 10207664038 | chr02 | 7664038 | 19 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR399d | 10601562045 | chr06 | 1562045 | 2 | G | G | 99.57% | A | 0.43% | － | － | － |
| osa-miR399d | 10601562062 | chr06 | 1562062 | 19 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR399g | 10207675391 | chr02 | 7675391 | 20 | A | G | 62.07% | A | 37.93% | － | － | － |
| osa-miR399j | 10428873211 | chr04 | 28873211 | 16 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR408-3p | 10112301813 | chr01 | 12301813 | 1 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR408-3p | 10112301833 | chr01 | 12301833 | 21 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR408-5p | 10112301706 | chr01 | 12301706 | 16 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR437 | 10217050378 | chr02 | 17050378 | 17 | C | C | 99.92% | A | 0.08% | － | － | － |
| osa-miR437 | 10217050385 | chr02 | 17050385 | 10 | C | C | 99.98% | G | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR444a-3p.1 | 10820899277 | chr08 | 20899277 | 5 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | － | － | T->C, Missense variant LOC\_Os08g33488, Gln98Arg |
| osa-miR444a-3p.1 | 10820899283 | chr08 | 20899283 | 11 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | － | － | A->G, Missense variant LOC\_Os08g33488, Leu96Ser |
| osa-miR444a-3p.1 | 10820899289 | chr08 | 20899289 | 17 | G | G | 99.98% | C | 0.02% | － | － | G->C, Missense variant LOC\_Os08g33488, Ala94Gly |
| osa-miR444a-3p.2 | 10820899277 | chr08 | 20899277 | 10 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | － | － | T->C, Missense variant LOC\_Os08g33488, Gln98Arg |
| osa-miR444a-3p.2 | 10820899283 | chr08 | 20899283 | 16 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | － | － | A->G, Missense variant LOC\_Os08g33488, Leu96Ser |
| osa-miR444b.1 | 10222300431 | chr02 | 22300431 | 19 | C | C | 99.92% | T | 0.08% | － | － | C->T, Missense variant LOC\_Os02g36924, Ala93Val |
| osa-miR444b.1 | 10222300448 | chr02 | 22300448 | 2 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | － | － | C->A, MIssense variant LOC\_Os02g36924, Gln99Lys |
| osa-miR444b.2 | 10222300448 | chr02 | 22300448 | 8 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | － | － | C->A, MIssense variant LOC\_Os02g36924, Gln99Lys |
| osa-miR444d.1 | 10230461208 | chr02 | 30461208 | 4 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | G->A, Synonymous variant LOC\_Os02g49840, Gln97Gln |
| osa-miR444d.2 | 10230461208 | chr02 | 30461208 | 9 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | G->A, Synonymous variant LOC\_Os02g49840, Gln97Gln |
| osa-miR444d.2 | 10230461213 | chr02 | 30461213 | 4 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | － | － | T->A, Missense variant LOC\_Os02g49840, Leu99Gln |
| osa-miR444d.3 | 10230461236 | chr02 | 30461236 | 2 | A | A | 99.97% | C | 0.03% | － | － | A->C, Missense variant LOC\_Os02g49840, Lys107Gln |
| osa-miR444f | 10608941843 | chr06 | 8941843 | 6 | T | T | 99.83% | A | 0.17% | － | － | － |
| osa-miR529a | 10216227887 | chr02 | 16227887 | 4 | T | T | 99.98% | A | 0.02% | － | － | － |
| osa-miR530-5p | 10408303667 | chr04 | 8303667 | 18 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR535-5p | 11116290611 | chr11 | 16290611 | 8 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR535-5p | 11116290612 | chr11 | 16290612 | 7 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR818a | 10140415542 | chr01 | 40415542 | 5 | C | C | 98.04% | A | 1.83% | T | 0.12% | － |
| osa-miR818a | 10140415543 | chr01 | 40415543 | 6 | C | C | 99.91% | A | 0.09% | － | － | － |
| osa-miR818a | 10140415553 | chr01 | 40415553 | 16 | G | G | 99.37% | A | 0.63% | － | － | － |
| osa-miR818a | 10140415555 | chr01 | 40415555 | 18 | G | G | 98.27% | A | 1.73% | － | － | － |
| osa-miR818a | 10140415559 | chr01 | 40415559 | 22 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR818b | 10204007282 | chr02 | 4007282 | 5 | C | C | 98.91% | T | 1.09% | － | － | － |
| osa-miR818b | 10204007295 | chr02 | 4007295 | 18 | G | G | 94.84% | A | 5.16% | － | － | － |
| osa-miR818c | 10235928882 | chr02 | 35928882 | 4 | C | C | 91.36% | T | 8.64% | － | － | － |
| osa-miR818c | 10235928890 | chr02 | 35928890 | 12 | T | T | 99.97% | C | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR818c | 10235928898 | chr02 | 35928898 | 20 | C | C | 91.27% | T | 8.63% | G | 0.10% | － |
| osa-miR818c | 10235928899 | chr02 | 35928899 | 21 | G | G | 99.88% | A | 0.12% | － | － | － |
| osa-miR818c | 10235928900 | chr02 | 35928900 | 22 | G | G | 91.71% | A | 8.29% | － | － | － |
| osa-miR818d | 10434969183 | chr04 | 34969183 | 20 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR818d | 10434969187 | chr04 | 34969187 | 16 | C | C | 99.52% | T | 0.48% | － | － | － |
| osa-miR818d | 10434969194 | chr04 | 34969194 | 9 | T | T | 99.97% | C | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR818d | 10434969197 | chr04 | 34969197 | 6 | G | G | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR818d | 10434969198 | chr04 | 34969198 | 5 | G | T | 63.65% | G | 36.21% | A | 0.13% | － |
| osa-miR818d | 10434969199 | chr04 | 34969199 | 4 | G | G | 99.97% | T | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR818e | 10728154436 | chr07 | 28154436 | 21 | C | C | 99.90% | T | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR818e | 10728154441 | chr07 | 28154441 | 16 | C | C | 99.61% | T | 0.39% | － | － | － |
| osa-miR818e | 10728154449 | chr07 | 28154449 | 8 | A | A | 99.96% | C | 0.04% | － | － | － |
| osa-miR818e | 10728154453 | chr07 | 28154453 | 4 | G | G | 99.90% | A | 0.10% | － | － | － |
| osa-miR821a | 10322974252 | chr03 | 22974252 | 14 | A | A | 90.89% | T | 6.92% | C | 2.19% | － |
| osa-miR821b | 10716417258 | chr07 | 16417258 | 14 | A | A | 98.98% | C | 1.02% | － | － | － |
| osa-miR821c | 10819925367 | chr08 | 19925367 | 18 | C | C | 99.93% | T | 0.07% | － | － | － |
| osa-miR821c | 10819925371 | chr08 | 19925371 | 14 | T | G | 70.92% | T | 29.08% | － | － | － |
| osa-miR821c | 10819925374 | chr08 | 19925374 | 11 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － | － | － |
| osa-miR821c | 10819925381 | chr08 | 19925381 | 4 | A | A | 99.98% | T | 0.02% | － | － | － |

\* MaMiRNA: mature miRNA, 成熟miRNA

\*\*Position: SNP在参考基因组上的坐标

\*\*\*Rela pos: relative position，也就是SNP在成熟miRNA上的相对位置

附表2 保守miRNA的预测靶基因

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| miRNA | Target gene | miRNA | Target gene | miRNA | Target gene | miRNA | Target gene |
| osa-miR172a | LOC\_Os04g55560 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os04g18010 | osa-miR160a-5p | LOC\_Os10g33940 | osa-miR156a | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR172a | LOC\_Os05g03040 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os06g03830 | osa-miR160b-3p | LOC\_Os02g56000 | osa-miR156a | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR172a | LOC\_Os07g13170 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os06g46410 | osa-miR160b-3p | LOC\_Os07g37130 | osa-miR156a | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR172b | LOC\_Os04g36054 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os07g29820 | osa-miR160b-3p | LOC\_Os08g43570 | osa-miR156a | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR172b | LOC\_Os04g55560 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os07g33790 | osa-miR160b-3p | LOC\_Os11g38140 | osa-miR156a | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR172b | LOC\_Os05g03040 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os07g49320 | osa-miR160b-5p | LOC\_Os04g43910 | osa-miR156a | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR172c | LOC\_Os04g55560 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os09g37890 | osa-miR160b-5p | LOC\_Os04g59430 | osa-miR156a | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR172c | LOC\_Os05g03040 | osa-miR167f | LOC\_Os01g63290 | osa-miR160b-5p | LOC\_Os10g33940 | osa-miR156a | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR172c | LOC\_Os07g13170 | osa-miR167f | LOC\_Os02g06910 | osa-miR160c-5p | LOC\_Os04g43910 | osa-miR156a | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR172d-3p | LOC\_Os04g55560 | osa-miR167f | LOC\_Os04g18010 | osa-miR160c-5p | LOC\_Os04g59430 | osa-miR156a | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR172d-3p | LOC\_Os05g03040 | osa-miR167f | LOC\_Os06g03830 | osa-miR160c-5p | LOC\_Os10g33940 | osa-miR156a | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR172d-3p | LOC\_Os07g13170 | osa-miR167f | LOC\_Os06g46410 | osa-miR160d-5p | LOC\_Os04g43910 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR319b | LOC\_Os03g57190 | osa-miR167f | LOC\_Os07g29820 | osa-miR160d-5p | LOC\_Os04g59430 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR319b | LOC\_Os07g05720 | osa-miR167f | LOC\_Os07g33790 | osa-miR160d-5p | LOC\_Os10g33940 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR393a | LOC\_Os03g52320 | osa-miR167f | LOC\_Os07g49320 | osa-miR160e-5p | LOC\_Os04g43910 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR393a | LOC\_Os04g32460 | osa-miR167f | LOC\_Os09g37890 | osa-miR160e-5p | LOC\_Os04g59430 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR393a | LOC\_Os05g05800 | osa-miR167g | LOC\_Os01g63290 | osa-miR160e-5p | LOC\_Os10g33940 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR393b-5p | LOC\_Os03g52320 | osa-miR167g | LOC\_Os02g06910 | osa-miR160f-3p | LOC\_Os08g02996 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR393b-5p | LOC\_Os04g32460 | osa-miR167g | LOC\_Os04g18010 | osa-miR160f-3p | LOC\_Os08g03020 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR393b-5p | LOC\_Os05g05800 | osa-miR167g | LOC\_Os06g03830 | osa-miR160f-3p | LOC\_Os08g03150 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR394 | LOC\_Os01g69940 | osa-miR167g | LOC\_Os06g46410 | osa-miR160f-3p | LOC\_Os08g03160 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR396a-3p | LOC\_Os02g13270 | osa-miR167g | LOC\_Os07g29820 | osa-miR160f-3p | LOC\_Os08g07830 | osa-miR156b-5p | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR396a-3p | LOC\_Os08g27040 | osa-miR167g | LOC\_Os07g33790 | osa-miR160f-3p | LOC\_Os09g37040 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR396a-3p | LOC\_Os08g45210 | osa-miR167g | LOC\_Os07g49320 | osa-miR160f-3p | LOC\_Os11g35400 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR396a-3p | LOC\_Os11g47130 | osa-miR167g | LOC\_Os09g37890 | osa-miR160f-5p | LOC\_Os04g43910 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os02g53690 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os01g63290 | osa-miR160f-5p | LOC\_Os04g59430 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os03g47140 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os02g06910 | osa-miR160f-5p | LOC\_Os10g33940 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os03g51970 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os04g18010 | osa-miR162a | LOC\_Os03g01090 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os04g13100 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os06g03830 | osa-miR162a | LOC\_Os03g02970 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os04g24190 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os06g46410 | osa-miR162a | LOC\_Os03g15230 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os04g51190 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os07g29820 | osa-miR162b | LOC\_Os03g02970 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os09g03670 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os06g02560 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os07g33790 | osa-miR164a | LOC\_Os05g25960 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR396a-5p | LOC\_Os06g10310 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os07g49320 | osa-miR164a | LOC\_Os06g23650 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR396b-3p | LOC\_Os02g13270 | osa-miR167h-5p | LOC\_Os09g37890 | osa-miR164a | LOC\_Os06g46270 | osa-miR156c-5p | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR396b-3p | LOC\_Os08g27040 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os01g63290 | osa-miR164a | LOC\_Os12g05260 | osa-miR156d | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR396b-3p | LOC\_Os08g45210 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os02g06910 | osa-miR164a | LOC\_Os12g41680 | osa-miR156d | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR396b-3p | LOC\_Os11g47130 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os04g18010 | osa-miR164b | LOC\_Os05g25960 | osa-miR156d | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os02g53690 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os06g03830 | osa-miR164b | LOC\_Os06g23650 | osa-miR156d | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os03g47140 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os06g46410 | osa-miR164b | LOC\_Os06g46270 | osa-miR156d | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os03g51970 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os07g29820 | osa-miR164b | LOC\_Os12g41680 | osa-miR156d | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os04g24190 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os07g33790 | osa-miR164c | LOC\_Os06g23650 | osa-miR156d | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os04g51190 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os07g49320 | osa-miR164c | LOC\_Os06g46270 | osa-miR156d | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os06g02560 | osa-miR167i-5p | LOC\_Os09g37890 | osa-miR164c | LOC\_Os12g41680 | osa-miR156d | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os06g10310 | osa-miR167j | LOC\_Os01g63290 | osa-miR164d | LOC\_Os05g25960 | osa-miR156d | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os11g35030 | osa-miR167j | LOC\_Os02g06910 | osa-miR164d | LOC\_Os06g23650 | osa-miR156d | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR396b-5p | LOC\_Os12g29980 | osa-miR167j | LOC\_Os04g18010 | osa-miR164d | LOC\_Os06g46270 | osa-miR156e | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR396c-3p | LOC\_Os02g36520 | osa-miR167j | LOC\_Os06g03830 | osa-miR164e | LOC\_Os06g23650 | osa-miR156e | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR396c-3p | LOC\_Os03g30300 | osa-miR167j | LOC\_Os06g46410 | osa-miR164e | LOC\_Os06g46270 | osa-miR156e | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR396c-3p | LOC\_Os03g52630 | osa-miR167j | LOC\_Os07g29820 | osa-miR164e | LOC\_Os12g41680 | osa-miR156e | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR396c-3p | LOC\_Os12g41830 | osa-miR167j | LOC\_Os07g33790 | osa-miR164f | LOC\_Os05g25960 | osa-miR156e | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os02g53690 | osa-miR167j | LOC\_Os07g49320 | osa-miR164f | LOC\_Os06g23650 | osa-miR156e | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os03g47140 | osa-miR167j | LOC\_Os09g37890 | osa-miR164f | LOC\_Os06g46270 | osa-miR156e | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os03g51970 | osa-miR168a-5p | LOC\_Os01g53160 | osa-miR164f | LOC\_Os12g41680 | osa-miR156e | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os04g24190 | osa-miR168a-5p | LOC\_Os02g45070 | osa-miR166a-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156e | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os04g51190 | osa-miR168a-5p | LOC\_Os02g58490 | osa-miR166a-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156e | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os06g02560 | osa-miR168a-5p | LOC\_Os03g48180 | osa-miR166a-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156e | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os06g10310 | osa-miR168a-5p | LOC\_Os04g47870 | osa-miR166a-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os11g35030 | osa-miR168a-5p | LOC\_Os06g51310 | osa-miR166a-5p | LOC\_Os03g14260 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR396c-5p | LOC\_Os12g29980 | osa-miR168a-5p | LOC\_Os11g44860 | osa-miR166a-5p | LOC\_Os03g60820 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR396e-3p | LOC\_Os04g31390 | osa-miR169a | LOC\_Os01g41650 | osa-miR166a-5p | LOC\_Os05g12260 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR396e-3p | LOC\_Os04g44730 | osa-miR169a | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166a-5p | LOC\_Os06g01304 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR396e-3p | LOC\_Os09g25960 | osa-miR169a | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166a-5p | LOC\_Os07g07910 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR396e-3p | LOC\_Os09g25990 | osa-miR169a | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166a-5p | LOC\_Os08g14940 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR396e-3p | LOC\_Os09g26000 | osa-miR169a | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166a-5p | LOC\_Os09g08440 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os02g47280 | osa-miR169a | LOC\_Os10g20990 | osa-miR166b-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os02g53690 | osa-miR169a | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166b-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os03g47140 | osa-miR169b | LOC\_Os01g41650 | osa-miR166b-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156f-5p | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os03g51970 | osa-miR169b | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166b-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os04g24190 | osa-miR169b | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166b-5p | LOC\_Os03g03610 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os04g48510 | osa-miR169b | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166b-5p | LOC\_Os10g26730 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os04g51190 | osa-miR169b | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166c-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os06g02560 | osa-miR169b | LOC\_Os10g20990 | osa-miR166c-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os06g10310 | osa-miR169b | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166c-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os06g29430 | osa-miR169c | LOC\_Os01g41650 | osa-miR166c-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os11g35030 | osa-miR169c | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166c-5p | LOC\_Os03g14260 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR396e-5p | LOC\_Os12g29980 | osa-miR169c | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166c-5p | LOC\_Os03g60820 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR396f-3p | LOC\_Os03g29340 | osa-miR169c | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166c-5p | LOC\_Os07g07910 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR396f-3p | LOC\_Os08g16070 | osa-miR169c | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166d-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156g-5p | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR396f-5p | LOC\_Os02g53690 | osa-miR169c | LOC\_Os10g20990 | osa-miR166d-3p | LOC\_Os03g35380 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR396f-5p | LOC\_Os03g47140 | osa-miR169c | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166d-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR396f-5p | LOC\_Os04g24190 | osa-miR169d | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166d-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR396f-5p | LOC\_Os04g51190 | osa-miR169d | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166d-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR396f-5p | LOC\_Os06g02560 | osa-miR169d | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166d-5p | LOC\_Os10g26730 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR396f-5p | LOC\_Os06g10310 | osa-miR169d | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166e-3p | LOC\_Os02g34560 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR397a | LOC\_Os01g44330 | osa-miR169d | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166e-3p | LOC\_Os08g34740 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR397a | LOC\_Os01g62480 | osa-miR169d | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166e-5p | LOC\_Os03g14260 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR397a | LOC\_Os01g62490 | osa-miR169e | LOC\_Os02g19970 | osa-miR166e-5p | LOC\_Os03g60820 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR397a | LOC\_Os01g63200 | osa-miR169e | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166e-5p | LOC\_Os05g12260 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR397a | LOC\_Os03g16610 | osa-miR169e | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166e-5p | LOC\_Os06g01304 | osa-miR156h-5p | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR397a | LOC\_Os05g38390 | osa-miR169e | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166e-5p | LOC\_Os07g07910 | osa-miR156i | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR397a | LOC\_Os05g38410 | osa-miR169e | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166e-5p | LOC\_Os08g14940 | osa-miR156i | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR397a | LOC\_Os05g38420 | osa-miR169e | LOC\_Os10g20990 | osa-miR166e-5p | LOC\_Os09g08440 | osa-miR156i | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR397a | LOC\_Os11g48060 | osa-miR169e | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166f | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156i | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR397b | LOC\_Os01g44330 | osa-miR169f.1 | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166f | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156i | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR397b | LOC\_Os01g62490 | osa-miR169f.1 | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166f | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156i | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR397b | LOC\_Os01g63180 | osa-miR169f.1 | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166f | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156i | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR397b | LOC\_Os01g63200 | osa-miR169f.1 | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166g-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156i | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR397b | LOC\_Os05g38410 | osa-miR169f.1 | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166g-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156i | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR397b | LOC\_Os05g38420 | osa-miR169f.1 | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166g-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156i | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR397b | LOC\_Os11g48060 | osa-miR169g | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166g-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156i | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR397b | LOC\_Os12g15680 | osa-miR169g | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166g-5p | LOC\_Os01g55580 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR398a | LOC\_Os03g22810 | osa-miR169g | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166h-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR398a | LOC\_Os04g48410 | osa-miR169g | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166h-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR398b | LOC\_Os03g22810 | osa-miR169g | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166h-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR398b | LOC\_Os04g48410 | osa-miR169g | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166h-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR399a | LOC\_Os05g45350 | osa-miR169h | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166h-5p | LOC\_Os01g43330 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR399a | LOC\_Os05g48390 | osa-miR169h | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166h-5p | LOC\_Os04g58910 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR399a | LOC\_Os06g19470 | osa-miR169h | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166h-5p | LOC\_Os06g06760 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR399b | LOC\_Os05g45350 | osa-miR169h | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166h-5p | LOC\_Os10g26730 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR399b | LOC\_Os05g48390 | osa-miR169h | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166h-5p | LOC\_Os10g40100 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR399b | LOC\_Os06g19470 | osa-miR169h | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166i-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156j-5p | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR399c | LOC\_Os05g45350 | osa-miR169i-5p.1 | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166i-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156k | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR399c | LOC\_Os05g48390 | osa-miR169i-5p.1 | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166i-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156k | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR399c | LOC\_Os06g19470 | osa-miR169i-5p.1 | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166i-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156k | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR399d | LOC\_Os05g45350 | osa-miR169i-5p.1 | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166i-5p | LOC\_Os01g41270 | osa-miR156k | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR399d | LOC\_Os05g48390 | osa-miR169i-5p.1 | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166i-5p | LOC\_Os01g42294 | osa-miR156k | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR399e | LOC\_Os01g70260 | osa-miR169i-5p.1 | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166i-5p | LOC\_Os01g54100 | osa-miR156k | LOC\_Os06g49010 |
| osa-miR399e | LOC\_Os05g30220 | osa-miR169j | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166i-5p | LOC\_Os04g35560 | osa-miR156k | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR399e | LOC\_Os05g45350 | osa-miR169j | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166i-5p | LOC\_Os08g29200 | osa-miR156k | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR399e | LOC\_Os11g44960 | osa-miR169j | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166j-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156k | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR399e | LOC\_Os11g45050 | osa-miR169j | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166j-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156k | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR399h | LOC\_Os05g48390 | osa-miR169j | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166j-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156k | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR399i | LOC\_Os05g48390 | osa-miR169j | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166j-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156k | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR399j | LOC\_Os05g48390 | osa-miR169k | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166k-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os01g69830 |
| osa-miR444a-3p.1 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR169k | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166k-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os02g04680 |
| osa-miR444a-3p.1 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR169k | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166k-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os02g07780 |
| osa-miR444a-3p.1 | LOC\_Os08g33488 | osa-miR169k | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166k-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os05g48800 |
| osa-miR444a-3p.2 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR169k | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166k-5p | LOC\_Os06g49840 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os06g45310 |
| osa-miR444a-3p.2 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR169k | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166l-3p | LOC\_Os03g01890 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os07g32170 |
| osa-miR444a-3p.2 | LOC\_Os03g54084 | osa-miR169l | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166l-3p | LOC\_Os03g43930 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os08g39890 |
| osa-miR444a-3p.2 | LOC\_Os08g33488 | osa-miR169l | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166l-3p | LOC\_Os10g33960 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os08g41940 |
| osa-miR444b.1 | LOC\_Os02g13420 | osa-miR169l | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166l-3p | LOC\_Os12g41860 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os09g31438 |
| osa-miR444b.1 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR169l | LOC\_Os03g48970 | osa-miR166l-5p | LOC\_Os04g20680 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os09g32944 |
| osa-miR444b.1 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR169l | LOC\_Os07g41720 | osa-miR166l-5p | LOC\_Os04g39864 | osa-miR156l-5p | LOC\_Os11g30370 |
| osa-miR444b.1 | LOC\_Os08g33488 | osa-miR169l | LOC\_Os12g42400 | osa-miR166m | LOC\_Os03g01890 | osa-miR159a.1 | LOC\_Os01g12700 |
| osa-miR444b.2 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR169m | LOC\_Os02g53620 | osa-miR166m | LOC\_Os03g43930 | osa-miR159a.1 | LOC\_Os01g59660 |
| osa-miR444b.2 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR169m | LOC\_Os03g07880 | osa-miR166m | LOC\_Os10g33960 | osa-miR159a.1 | LOC\_Os05g41166 |
| osa-miR444b.2 | LOC\_Os03g54084 | osa-miR169m | LOC\_Os03g29760 | osa-miR166m | LOC\_Os12g41860 | osa-miR159a.1 | LOC\_Os06g40330 |
| osa-miR444b.2 | LOC\_Os03g63750 | osa-miR169m | LOC\_Os03g48970 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os01g63290 | osa-miR159a.2 | LOC\_Os02g05720 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os02g13420 | osa-miR169m | LOC\_Os07g41720 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os02g06910 | osa-miR159a.2 | LOC\_Os03g02240 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os02g17500 | osa-miR169m | LOC\_Os12g42400 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os04g18010 | osa-miR159a.2 | LOC\_Os03g28310 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR169n | LOC\_Os02g19970 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os06g03830 | osa-miR159a.2 | LOC\_Os10g40920 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os02g49090 | osa-miR169n | LOC\_Os02g53620 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os06g46410 | osa-miR159b | LOC\_Os01g12700 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR169n | LOC\_Os03g48970 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os07g29820 | osa-miR159b | LOC\_Os01g59660 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os02g53260 | osa-miR169n | LOC\_Os12g42400 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os07g33790 | osa-miR159b | LOC\_Os05g41166 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os03g47760 | osa-miR169o | LOC\_Os02g19970 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os07g49320 | osa-miR159b | LOC\_Os06g40330 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os04g38780 | osa-miR169o | LOC\_Os02g53620 | osa-miR167a-5p | LOC\_Os09g37890 | osa-miR159c | LOC\_Os01g12700 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os04g47590 | osa-miR169o | LOC\_Os03g48970 | osa-miR167b | LOC\_Os01g63290 | osa-miR159c | LOC\_Os01g59660 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os05g08410 | osa-miR169o | LOC\_Os12g42400 | osa-miR167b | LOC\_Os02g06910 | osa-miR159c | LOC\_Os03g38210 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os07g39470 | osa-miR169r-5p | LOC\_Os02g53620 | osa-miR167b | LOC\_Os04g18010 | osa-miR159c | LOC\_Os03g57190 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os08g33488 | osa-miR169r-5p | LOC\_Os03g07880 | osa-miR167b | LOC\_Os06g03830 | osa-miR159c | LOC\_Os05g41166 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os09g24200 | osa-miR169r-5p | LOC\_Os03g29760 | osa-miR167b | LOC\_Os06g46410 | osa-miR159c | LOC\_Os06g40330 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os10g36740 | osa-miR169r-5p | LOC\_Os03g48970 | osa-miR167b | LOC\_Os07g29820 | osa-miR159d | LOC\_Os01g12700 |
| osa-miR444c.1 | LOC\_Os11g42090 | osa-miR169r-5p | LOC\_Os07g41720 | osa-miR167b | LOC\_Os07g33790 | osa-miR159d | LOC\_Os01g59660 |
| osa-miR444c.2 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR169r-5p | LOC\_Os07g42250 | osa-miR167b | LOC\_Os07g49320 | osa-miR159d | LOC\_Os03g38210 |
| osa-miR444c.2 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR169r-5p | LOC\_Os12g42400 | osa-miR167b | LOC\_Os09g37890 | osa-miR159d | LOC\_Os03g57190 |
| osa-miR444c.2 | LOC\_Os03g54084 | osa-miR171a | LOC\_Os02g44360 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os01g63290 | osa-miR159d | LOC\_Os05g41166 |
| osa-miR444c.2 | LOC\_Os03g63750 | osa-miR171a | LOC\_Os06g01620 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os02g06910 | osa-miR159d | LOC\_Os06g40330 |
| osa-miR444c.2 | LOC\_Os08g33488 | osa-miR171b | LOC\_Os02g44360 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os04g18010 | osa-miR159d | LOC\_Os07g05720 |
| osa-miR444d.1 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR171b | LOC\_Os06g01620 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os06g03830 | osa-miR159e | LOC\_Os01g12700 |
| osa-miR444d.1 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR171c-3p | LOC\_Os02g44360 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os06g46410 | osa-miR159e | LOC\_Os01g59660 |
| osa-miR444d.1 | LOC\_Os08g33488 | osa-miR171c-3p | LOC\_Os06g01620 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os07g29820 | osa-miR159e | LOC\_Os03g38210 |
| osa-miR444d.2 | LOC\_Os02g36924 | osa-miR171d-3p | LOC\_Os02g44360 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os07g33790 | osa-miR159e | LOC\_Os03g57190 |
| osa-miR444d.2 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR171d-3p | LOC\_Os06g01620 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os07g49320 | osa-miR159e | LOC\_Os05g41166 |
| osa-miR444d.2 | LOC\_Os03g54084 | osa-miR171e-3p | LOC\_Os02g44360 | osa-miR167c-5p | LOC\_Os09g37890 | osa-miR159e | LOC\_Os06g40330 |
| osa-miR444d.2 | LOC\_Os08g33488 | osa-miR171e-3p | LOC\_Os06g01620 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os01g63290 | osa-miR159e | LOC\_Os07g05720 |
| osa-miR444d.3 | LOC\_Os02g49840 | osa-miR171f-3p | LOC\_Os02g44360 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os02g06910 | osa-miR159f | LOC\_Os01g12700 |
| osa-miR444e | LOC\_Os02g36924 | osa-miR171f-3p | LOC\_Os06g01620 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os04g18010 | osa-miR159f | LOC\_Os01g59660 |
| osa-miR444e | LOC\_Os02g49840 | osa-miR171g | LOC\_Os07g01020 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os06g03830 | osa-miR159f | LOC\_Os05g41166 |
| osa-miR444e | LOC\_Os03g54084 | osa-miR171h | LOC\_Os02g44370 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os06g46410 | osa-miR159f | LOC\_Os06g40330 |
| osa-miR444e | LOC\_Os08g33488 | osa-miR171h | LOC\_Os03g19070 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os07g29820 | osa-miR160a-3p | LOC\_Os02g56000 |
| osa-miR444f | LOC\_Os02g36924 | osa-miR171h | LOC\_Os04g46860 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os07g33790 | osa-miR160a-3p | LOC\_Os07g37130 |
| osa-miR444f | LOC\_Os02g49840 | osa-miR171h | LOC\_Os07g33630 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os07g49320 | osa-miR160a-3p | LOC\_Os08g43570 |
| osa-miR444f | LOC\_Os03g54084 | osa-miR171i-3p | LOC\_Os02g44360 | osa-miR167d-5p | LOC\_Os09g37890 | osa-miR160a-3p | LOC\_Os11g38140 |
| osa-miR444f | LOC\_Os03g63750 | osa-miR171i-3p | LOC\_Os06g01620 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os01g63290 | osa-miR160a-5p | LOC\_Os04g43910 |
| osa-miR444f | LOC\_Os08g33488 | osa-miR171i-3p | LOC\_Os12g18080 | osa-miR167e-5p | LOC\_Os02g06910 | osa-miR160a-5p | LOC\_Os04g59430 |

附表3 保守miRNA靶基因结合位点上的SNP信息

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| target gene | SNP id | chr id | position | rela pos\* | ref allele | allele1 | freq1 | allele2 | freq2 | Effect |
| LOC\_Os03g63750 | 10335991179 | chr03 | 35991179 | 9 | A | A | 99.93% | G | 0.05% | － |
| LOC\_Os06g29430 | 10616854997 | chr06 | 16854997 | 15 | A | A | 99.93% | C | 0.05% | － |
| LOC\_Os07g33630 | 10720089117 | chr07 | 20089117 | 7 | C | C | 99.90% | A | 0.08% | － |
| LOC\_Os08g27040 | 10816521998 | chr08 | 16521998 | 11 | G | G | 99.82% | C | 0.17% | － |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223744 | chr11 | 27223744 | 13 | A | A | 80.34% | C | 18.50% | － |
| LOC\_Os01g63200 | 10136635613 | chr01 | 36635613 | 1 | T | T | 99.95% | A | 0.03% | － |
| LOC\_Os03g48180 | 10327413861 | chr03 | 27413861 | 18 | T | T | 99.93% | A | 0.03% | － |
| LOC\_Os08g16070 | 10809795889 | chr08 | 9795889 | 20 | G | G | 48.18% | T | 44.09% | － |
| LOC\_Os01g41270 | 10123359499 | chr01 | 23359499 | 10 | A | A | 99.93% | G | 0.07% | － |
| LOC\_Os01g41650 | 10123581167 | chr01 | 23581167 | 19 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | － |
| LOC\_Os01g44330 | 10125440185 | chr01 | 25440185 | 6 | G | G | 99.92% | C | 0.08% | G>C, synonymous variant LOC\_Os01g44330, Val232Val |
| LOC\_Os01g44330 | 10125440188 | chr01 | 25440188 | 9 | T | T | 99.92% | C | 0.08% | T>C, synonymous variant LOC\_Os01g44330, Ala231Ala |
| LOC\_Os01g44330 | 10125440191 | chr01 | 25440191 | 12 | A | A | 99.95% | C | 0.05% | A>C, synonymous variant LOC\_Os01g44330, Ala230Ala |
| LOC\_Os01g53160 | 10130542976 | chr01 | 30542976 | 19 | C | C | 99.88% | T | 0.12% | C>T, synonymous variant LOC\_Os01g53160, Leu21Leu |
| LOC\_Os01g54100 | 10131111890 | chr01 | 31111890 | 18 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, synonymous variant LOC\_Os01g54100, Thr618Thr |
| LOC\_Os01g62480 | 10136167288 | chr01 | 36167288 | 1 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | T>C, missense variant LOC\_Os01g62480, Glu235Gly |
| LOC\_Os01g62480 | 10136167299 | chr01 | 36167299 | 12 | G | G | 99.97% | C | 0.03% | G>C, synonymous variant LOC\_Os01g62480, Ala231Ala |
| LOC\_Os01g62480 | 10136167302 | chr01 | 36167302 | 15 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, synonymous variant LOC\_Os01g62480, Asn230Asn |
| LOC\_Os01g62490 | 10136178879 | chr01 | 36178879 | 10 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, missense variant LOC\_Os01g62490, Ala231Val |
| LOC\_Os01g63180 | 10136619399 | chr01 | 36619399 | 12 | T | T | 99.92% | C | 0.08% | T>C, synonymous variant LOC\_Os01g63180, Ala131Ala |
| LOC\_Os01g63200 | 10136635612 | chr01 | 36635612 | 2 | G | G | 99.97% | C | 0.03% | G>C, missense variant LOC\_Os01g63200, Val229Leu |
| LOC\_Os01g63290 | 10136689402 | chr01 | 36689402 | 6 | C | C | 99.88% | G | 0.12% | C>G, missense variant LOC\_Os01g63290, Val374Leu |
| LOC\_Os01g63290 | 10136689412 | chr01 | 36689412 | 16 | G | G | 99.97% | C | 0.03% | G>C, synonymous variant LOC\_Os01g63290, Val370Val |
| LOC\_Os01g70260 | 10140683729 | chr01 | 40683729 | 12 | T | T | 99.98% | A | 0.02% | － |
| LOC\_Os02g05720 | 10202814407 | chr02 | 2814407 | 19 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | － |
| LOC\_Os02g05720 | 10202814408 | chr02 | 2814408 | 18 | T | T | 99.92% | A | 0.08% | － |
| LOC\_Os02g05720 | 10202814409 | chr02 | 2814409 | 17 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | C>T, synonymous variant LOC\_Os01g05870, Asp990Asp |
| LOC\_Os02g05720 | 10202814417 | chr02 | 2814417 | 9 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － |
| LOC\_Os02g17500 | 10210081042 | chr02 | 10081042 | 10 | T | T | 85.16% | C | 14.84% | － |
| LOC\_Os02g34560 | 10220718517 | chr02 | 20718517 | 2 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, synonymous variant LOC\_Os02g34560, Leu554Leu |
| LOC\_Os02g36924 | 10222300431 | chr02 | 22300431 | 19 | C | C | 99.92% | T | 0.08% | C>T, missense variant LOC\_Os02g36924, Ala93Val |
| LOC\_Os02g36924 | 10222300431 | chr02 | 22300431 | 20 | C | C | 99.92% | T | 0.08% | C>T, missense variant LOC\_Os02g36924, Ala93Val |
| LOC\_Os02g36924 | 10222300448 | chr02 | 22300448 | 2 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | C>A, missense variant LOC\_Os02g36924, Gln99Lys |
| LOC\_Os02g36924 | 10222300448 | chr02 | 22300448 | 3 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | C>A, missense variant LOC\_Os02g36924, Gln99Lys |
| LOC\_Os02g36924 | 10222300448 | chr02 | 22300448 | 8 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | C>A, missense variant LOC\_Os02g36924, Gln99Lys |
| LOC\_Os02g49090 | 10230017429 | chr02 | 30017429 | 3 | T | C | 66.53% | T | 33.47% | T>C, missense variant LOC\_Os02g49090, Thr1133Ala |
| LOC\_Os02g49090 | 10230017431 | chr02 | 30017431 | 5 | G | A | 65.45% | G | 34.55% | G>A, missense variant LOC\_Os02g49090, Ala1132Val |
| LOC\_Os02g49840 | 10230461208 | chr02 | 30461208 | 3 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | G>A, synonymous variant LOC\_Os02g49840, Gln97Gln |
| LOC\_Os02g49840 | 10230461208 | chr02 | 30461208 | 4 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | G>A, synonymous variant LOC\_Os02g49840, Gln97Gln |
| LOC\_Os02g49840 | 10230461208 | chr02 | 30461208 | 9 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | G>A, synonymous variant LOC\_Os02g49840, Gln97Gln |
| LOC\_Os02g49840 | 10230461213 | chr02 | 30461213 | 4 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | T>A, missense variant LOC\_Os02g49840, Leu99Gln |
| LOC\_Os02g49840 | 10230461236 | chr02 | 30461236 | 2 | A | A | 99.97% | C | 0.03% | A>C, missense variant&splice\_region variant LOC\_Os02g49840, Lys107Gln |
| LOC\_Os02g53260 | 10232600165 | chr02 | 32600165 | 5 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | － |
| LOC\_Os02g53690 | 10232841775 | chr02 | 32841775 | 5 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | C>A, missense variant LOC\_Os02g53690, Val132Leu |
| LOC\_Os02g53690 | 10232841775 | chr02 | 32841775 | 6 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | C>A, missense variant LOC\_Os02g53690, Val132Leu |
| LOC\_Os02g53690 | 10232841775 | chr02 | 32841775 | 7 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | C>A, missense variant LOC\_Os02g53690, Val132Leu |
| LOC\_Os02g58490 | 10235767812 | chr02 | 35767812 | 14 | C | C | 99.50% | A | 0.50% | C>A, missense variant LOC\_Os02g58490, Glu97Asp |
| LOC\_Os03g01090 | 10300065343 | chr03 | 65343 | 1 | A | A | 99.97% | T | 0.03% | A>T, synonymous variant LOC\_Os03g01090, Arg202Arg |
| LOC\_Os03g02240 | 10300753334 | chr03 | 753334 | 3 | G | G | 99.97% | T | 0.03% | G>T, missense variant LOC\_Os03g02240, Gln568Lys |
| LOC\_Os03g02240 | 10300753349 | chr03 | 753349 | 18 | T | A | 67.73% | T | 32.27% | T>A, missense variant LOC\_Os03g02240, Ser563Cys |
| LOC\_Os03g03610 | 10301599382 | chr03 | 1599382 | 18 | A | A | 99.97% | C | 0.03% | A>C, synonymous variant LOC\_Os03g03610, Pro211Pro |
| LOC\_Os03g14260 | 10307759279 | chr03 | 7759279 | 15 | T | T | 99.93% | C | 0.07% | T>C, synonymous variant LOC\_Os03g14260, Gly842Gly |
| LOC\_Os03g14260 | 10307759285 | chr03 | 7759285 | 21 | A | A | 99.93% | C | 0.07% | A>C, missense variant LOC\_Os03g14260, Ile840Met |
| LOC\_Os03g15230 | 10308330478 | chr03 | 8330478 | 9 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | C>T, synonymous variant LOC\_Os03g15230, Arg226Arg |
| LOC\_Os03g29340 | 10316696407 | chr03 | 16696407 | 21 | C | C | 99.88% | T | 0.12% | － |
| LOC\_Os03g29340 | 10316696424 | chr03 | 16696424 | 4 | C | C | 99.95% | T | 0.05% | － |
| LOC\_Os03g30300 | 10317292563 | chr03 | 17292563 | 11 | G | G | 99.82% | C | 0.18% | － |
| LOC\_Os03g30300 | 10317292565 | chr03 | 17292565 | 13 | T | T | 99.67% | G | 0.33% | － |
| LOC\_Os03g30300 | 10317292567 | chr03 | 17292567 | 15 | T | C | 66.05% | T | 33.95% | － |
| LOC\_Os03g30300 | 10317292570 | chr03 | 17292570 | 18 | A | A | 99.82% | T | 0.18% | － |
| LOC\_Os03g35380 | 10319619361 | chr03 | 19619361 | 8 | T | T | 93.58% | A | 6.42% | T>A, missense variant LOC\_Os03g35380, Trp673Arg |
| LOC\_Os03g35380 | 10319619364 | chr03 | 19619364 | 5 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | G>A, missense variant LOC\_Os03g35380, Ala674Thr |
| LOC\_Os03g35380 | 10319619366 | chr03 | 19619366 | 3 | C | C | 99.81% | T | 0.19% | C>T, synonymous variant LOC\_Os03g35380, Ala674Ala |
| LOC\_Os03g47760 | 10327100944 | chr03 | 27100944 | 21 | G | G | 99.95% | T | 0.05% | G>T, missense variant LOC\_Os03g47760, Gly112Cys |
| LOC\_Os03g47760 | 10327100946 | chr03 | 27100946 | 19 | T | T | 99.97% | G | 0.03% | T>G, synonymous variant LOC\_Os03g47760, Gly112Gly |
| LOC\_Os03g47760 | 10327100949 | chr03 | 27100949 | 16 | G | G | 99.95% | A | 0.05% | G>A, synonymous variant LOC\_Os03g47760, Arg113Arg |
| LOC\_Os03g47760 | 10327100951 | chr03 | 27100951 | 14 | A | A | 99.95% | G | 0.05% | G>A, synonymous variant LOC\_Os03g47760, Arg113Arg |
| LOC\_Os03g47760 | 10327100954 | chr03 | 27100954 | 11 | T | T | 99.93% | A | 0.07% | T>A, missense variant LOC\_Os03g47760, Leu115His |
| LOC\_Os03g48180 | 10327413847 | chr03 | 27413847 | 4 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | C>T, synonymous variant LOC\_Os03g48180, Lys577Lys |
| LOC\_Os03g48180 | 10327413848 | chr03 | 27413848 | 5 | T | T | 99.93% | C | 0.07% | T>C, missense variant LOC\_Os03g48180, Lys577Arg |
| LOC\_Os03g48180 | 10327413859 | chr03 | 27413859 | 16 | C | C | 99.93% | G | 0.07% | C>G, missense variant LOC\_Os03g48180, Met573Ile |
| LOC\_Os03g51970 | 10329824013 | chr03 | 29824013 | 21 | C | C | 99.88% | T | 0.12% | C>T, synonymous variant LOC\_Os03g51970, His112His |
| LOC\_Os03g51970 | 10329824013 | chr03 | 29824013 | 22 | C | C | 99.88% | T | 0.12% | C>T, synonymous variant LOC\_Os03g51970, His112His |
| LOC\_Os03g51970 | 10329824018 | chr03 | 29824018 | 16 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | C>A, stop\_gained LOC\_Os03g51970, Ser114\* |
| LOC\_Os03g51970 | 10329824018 | chr03 | 29824018 | 17 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | C>A, stop\_gained LOC\_Os03g51970, Ser114\* |
| LOC\_Os03g54084 | 10331006906 | chr03 | 31006906 | 16 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | T>A, synonymous variant LOC\_Os03g54084, Ile628Ile |
| LOC\_Os03g54084 | 10331006918 | chr03 | 31006918 | 4 | T | T | 99.45% | C | 0.55% | T>C, synonymous variant LOC\_Os03g54084, Thr632Thr |
| LOC\_Os03g54084 | 10331006921 | chr03 | 31006921 | 1 | G | G | 99.90% | C | 0.10% | G>C, synonymous variant LOC\_Os03g54084, Ala633Ala |
| LOC\_Os03g57190 | 10332615246 | chr03 | 32615246 | 15 | G | G | 99.93% | T | 0.07% | G>T, synonymous variant LOC\_Os03g57190, Gly284Gly |
| LOC\_Os03g57190 | 10332615246 | chr03 | 32615246 | 16 | G | G | 99.93% | T | 0.07% | G>T, synonymous variant LOC\_Os03g57190, Gly284Gly |
| LOC\_Os03g63750 | 10335991170 | chr03 | 35991170 | 18 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, synonymous variant LOC\_Os03g63750, Arg177Arg |
| LOC\_Os04g13100 | 10407230570 | chr04 | 7230570 | 16 | T | A | 85.68% | T | 14.32% | T>A, missense variant LOC\_Os04g13100, Asn675Lys |
| LOC\_Os04g13100 | 10407230573 | chr04 | 7230573 | 13 | G | G | 99.97% | T | 0.03% | G>T, missense variant LOC\_Os04g13100, Glu676Asp |
| LOC\_Os04g13100 | 10407230574 | chr04 | 7230574 | 12 | A | A | 76.72% | C | 23.28% | A>C, missense variant LOC\_Os04g13100, Lys677Gln |
| LOC\_Os04g13100 | 10407230579 | chr04 | 7230579 | 7 | T | T | 99.85% | C | 0.15% | T>C, synonymous variant LOC\_Os04g13100, Ala678Ala |
| LOC\_Os04g13100 | 10407230580 | chr04 | 7230580 | 6 | G | G | 96.87% | A | 3.13% | G>A, missense variant LOC\_Os04g13100, Val679Met |
| LOC\_Os04g18010 | 10409890596 | chr04 | 9890596 | 4 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | － |
| LOC\_Os04g18010 | 10409890603 | chr04 | 9890603 | 11 | T | T | 96.12% | G | 3.88% | － |
| LOC\_Os04g20680 | 10411570567 | chr04 | 11570567 | 13 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | G>A, missense variant LOC\_Os04g20680, Pro473Leu |
| LOC\_Os04g20680 | 10411570574 | chr04 | 11570574 | 20 | G | G | 99.97% | T | 0.03% | G>T, missense variant LOC\_Os04g20680, Leu471Ile |
| LOC\_Os04g24190 | 10413845263 | chr04 | 13845263 | 19 | T | T | 99.07% | G | 0.93% | T>G, missense variant LOC\_Os04g24190, Phe277Val |
| LOC\_Os04g24190 | 10413845263 | chr04 | 13845263 | 20 | T | T | 99.07% | G | 0.93% | T>G, missense variant LOC\_Os04g24190, Phe277Val |
| LOC\_Os04g24190 | 10413845283 | chr04 | 13845283 | 1 | A | A | 99.98% | T | 0.02% | A>T, missense variant LOC\_Os04g24190, Lys283Asn |
| LOC\_Os04g31390 | 10418773385 | chr04 | 18773385 | 20 | C | C | 99.92% | T | 0.08% | C>T, synonymous variant LOC\_Os04g31390, Thr391Thr |
| LOC\_Os04g31390 | 10418773391 | chr04 | 18773391 | 14 | C | C | 99.92% | T | 0.08% | C>T, synonymous variant LOC\_Os04g31390, Gly393Gly |
| LOC\_Os04g36054 | 10422011804 | chr04 | 22011804 | 12 | C | C | 91.08% | A | 8.93% | － |
| LOC\_Os04g39864 | 10423738048 | chr04 | 23738048 | 11 | C | C | 99.86% | T | 0.14% | C>T, synonymous variant LOC\_Os04g39864, Gln263Gln |
| LOC\_Os04g39864 | 10423738051 | chr04 | 23738051 | 14 | G | G | 99.86% | A | 0.14% | G>A, synonymous variant LOC\_Os04g39864, Asp262Asp |
| LOC\_Os04g44730 | 10426502424 | chr04 | 26502424 | 15 | A | A | 99.97% | G | 0.03% | A>G, synonymous variant LOC\_Os04g44730, Gly242Gly |
| LOC\_Os04g44730 | 10426502428 | chr04 | 26502428 | 11 | T | T | 99.97% | G | 0.03% | T>G, missense variant LOC\_Os04g44730, Ser244Ala |
| LOC\_Os04g44730 | 10426502430 | chr04 | 26502430 | 9 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | T>A, synonymous variant LOC\_Os04g44730, Ser244Ser |
| LOC\_Os04g44730 | 10426502436 | chr04 | 26502436 | 3 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | C>T, synonymous variant LOC\_Os04g44730, Ile246Ile |
| LOC\_Os04g47590 | 10428233763 | chr04 | 28233763 | 1 | T | T | 99.98% | A | 0.02% | T>A, synonymous variant LOC\_Os04g47590, Thr452Thr |
| LOC\_Os04g47590 | 10428233764 | chr04 | 28233764 | 2 | G | G | 99.87% | A | 0.13% | G>A, missense variant LOC\_Os04g47590, Thr452Ile |
| LOC\_Os04g47590 | 10428233769 | chr04 | 28233769 | 7 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, synonymous variant LOC\_Os04g47590, Glu450Glu |
| LOC\_Os04g58910 | 10435041390 | chr04 | 35041390 | 9 | T | T | 96.21% | A | 3.79% | T>A, synonymous variant LOC\_Os04g58910, Ala722Ala |
| LOC\_Os04g59430 | 10435331023 | chr04 | 35331023 | 10 | C | C | 99.72% | T | 0.28% | C>T, missense variant LOC\_Os04g59430, Gly403Glu |
| LOC\_Os05g08410 | 10504588370 | chr05 | 4588370 | 4 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | T>C, synonymous variant LOC\_Os05g08410, Thr77Thr |
| LOC\_Os05g08410 | 10504588371 | chr05 | 4588371 | 5 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | T>C, synonymous variant LOC\_Os05g08410, Thr77Thr |
| LOC\_Os05g25960 | 10515090268 | chr05 | 15090268 | 5 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | C>A, missense variant LOC\_Os05g25960, Phe128Leu |
| LOC\_Os05g30220 | 10517516104 | chr05 | 17516104 | 11 | G | G | 99.98% | C | 0.02% | G>C, missense variant LOC\_Os05g30220, Ser397Cys |
| LOC\_Os05g30220 | 10517516107 | chr05 | 17516107 | 14 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, missense variant LOC\_Os05g30220, Arg396Lys |
| LOC\_Os05g30220 | 10517516108 | chr05 | 17516108 | 15 | T | T | 99.98% | G | 0.02% | T>G, synonymous variant LOC\_Os05g30220, Arg396Arg |
| LOC\_Os05g41166 | 10524111678 | chr05 | 24111678 | 4 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | G>T, missense variant LOC\_Os05g41166, Gln276Lys |
| LOC\_Os06g01620 | 10600365764 | chr06 | 365764 | 13 | C | C | 99.75% | T | 0.25% | C>T, missense variant LOC\_Os06g01620, Ala150Val |
| LOC\_Os06g03830 | 10601541795 | chr06 | 1541795 | 20 | T | C | 62.86% | T | 37.14% | T>C, synonymous variant LOC\_Os06g03830, Ser331Ser |
| LOC\_Os06g03830 | 10601541805 | chr06 | 1541805 | 10 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | G>A, missense variant LOC\_Os06g03830, Gly335Ser |
| LOC\_Os06g06760 | 10603178043 | chr06 | 3178043 | 3 | A | A | 99.88% | G | 0.12% | A>G, synonymous variant LOC\_Os06g06760, Ile573Ile |
| LOC\_Os06g06760 | 10603178049 | chr06 | 3178049 | 9 | A | A | 99.88% | G | 0.12% | A>G, synonymous variant LOC\_Os06g06760, Ala571Ala |
| LOC\_Os06g06760 | 10603178058 | chr06 | 3178058 | 18 | G | G | 99.90% | C | 0.10% | G>C, synonymous variant LOC\_Os06g06760, Leu568Leu |
| LOC\_Os06g06760 | 10603178060 | chr06 | 3178060 | 20 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, missense variant LOC\_Os06g06760, Leu568Phe |
| LOC\_Os06g10310 | 10605300662 | chr06 | 5300662 | 1 | A | A | 99.98% | T | 0.02% | A>T, missense variant LOC\_Os06g10310, Met131Leu |
| LOC\_Os06g19470 | 10611087538 | chr06 | 11087538 | 8 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | － |
| LOC\_Os06g23650 | 10613805495 | chr06 | 13805495 | 13 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, missense variant LOC\_Os06g23650, Pro268Ser |
| LOC\_Os06g29430 | 10616854998 | chr06 | 16854998 | 14 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, missense variant LOC\_Os06g29430, Arg976Gly |
| LOC\_Os06g29430 | 10616855003 | chr06 | 16855003 | 9 | G | G | 99.95% | A | 0.05% | G>A, synonymous variant LOC\_Os06g29430, Gln977Gln |
| LOC\_Os06g29430 | 10616855004 | chr06 | 16855004 | 8 | C | C | 99.93% | T | 0.07% | C>T, missense variant LOC\_Os06g29430, Pro978Ser |
| LOC\_Os06g29430 | 10616855009 | chr06 | 16855009 | 3 | G | G | 99.95% | C | 0.05% | G>C, synonymous variant LOC\_Os06g29430, Val979Val |
| LOC\_Os06g51310 | 10631071211 | chr06 | 31071211 | 9 | T | T | 99.77% | G | 0.23% | T>G, missense variant LOC\_Os06g51310, Leu105Arg |
| LOC\_Os07g01020 | 10700011787 | chr07 | 11787 | 10 | C | C | 99.97% | A | 0.03% | － |
| LOC\_Os07g32170 | 10719100460 | chr07 | 19100460 | 14 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | － |
| LOC\_Os07g32170 | 10719100463 | chr07 | 19100463 | 17 | G | G | 99.55% | A | 0.45% | － |
| LOC\_Os07g33630 | 10720089114 | chr07 | 20089114 | 4 | A | A | 99.95% | G | 0.05% | A>G, synonymous variant LOC\_Os07g33630, Ala773Ala |
| LOC\_Os07g33630 | 10720089118 | chr07 | 20089118 | 8 | G | G | 99.93% | A | 0.07% | G>A, missense variant LOC\_Os07g33630, Ser772Leu |
| LOC\_Os07g33630 | 10720089120 | chr07 | 20089120 | 10 | A | A | 99.93% | G | 0.07% | A>G, synonymous variant LOC\_Os07g33630, Asp771Asp |
| LOC\_Os07g33630 | 10720089130 | chr07 | 20089130 | 20 | C | C | 99.95% | T | 0.05% | C>T, missense variant LOC\_Os07g33630, Gly768Asp |
| LOC\_Os07g42250 | 10725289763 | chr07 | 25289763 | 17 | A | G | 96.66% | A | 3.34% | A>G, synonymous variant LOC\_Os07g42250, Gly350Gly |
| LOC\_Os07g42250 | 10725289772 | chr07 | 25289772 | 8 | C | C | 53.29% | T | 46.71% | C>T, synonymous variant LOC\_Os07g42250, Ser353Ser |
| LOC\_Os07g42250 | 10725289773 | chr07 | 25289773 | 7 | C | C | 53.27% | T | 46.73% | C>T, synonymous variant LOC\_Os07g42250, Leu354Leu |
| LOC\_Os07g49320 | 10729538534 | chr07 | 29538534 | 17 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, synonymous variant LOC\_Os07g49320, Glu573Glu |
| LOC\_Os07g49320 | 10729538539 | chr07 | 29538539 | 12 | G | G | 99.98% | C | 0.02% | G>C, missense variant LOC\_Os07g49320, Gly575Ala |
| LOC\_Os07g49320 | 10729538541 | chr07 | 29538541 | 10 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, missense variant LOC\_Os07g49320, Gly576Ser |
| LOC\_Os07g49320 | 10729538542 | chr07 | 29538542 | 9 | G | G | 99.97% | A | 0.03% | G>A, missense variant LOC\_Os07g49320, Gly576Asp |
| LOC\_Os08g03020 | 10801341652 | chr08 | 1341652 | 9 | A | A | 64.52% | G | 35.48% | A>G, synonymous variant LOC\_Os08g03020, Ser491Ser |
| LOC\_Os08g03020 | 10801341661 | chr08 | 1341661 | 18 | C | C | 64.97% | T | 35.03% | C>T, synonymous variant LOC\_Os08g03020, Leu488Leu |
| LOC\_Os08g03150 | 10801448845 | chr08 | 1448845 | 1 | G | G | 97.93% | T | 2.07% | G>T, missense variant LOC\_Os08g03150, Ala519Glu |
| LOC\_Os08g03160 | 10801454717 | chr08 | 1454717 | 12 | T | T | 78.87% | C | 21.13% | T>C, synonymous variant LOC\_Os08g03160, Glu512Glu |
| LOC\_Os08g03160 | 10801454720 | chr08 | 1454720 | 15 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, synonymous variant LOC\_Os08g03160, Asp511Asp |
| LOC\_Os08g03160 | 10801454723 | chr08 | 1454723 | 18 | C | C | 74.35% | T | 25.65% | A>G, synonymous variant LOC\_Os08g03160, Asp511Asp |
| LOC\_Os08g07830 | 10804385872 | chr08 | 4385872 | 4 | T | T | 66.37% | C | 33.63% | － |
| LOC\_Os08g14940 | 10809004381 | chr08 | 9004381 | 15 | A | A | 97.08% | G | 2.92% | A>G, synonymous variant LOC\_Os08g14940, Lys807Lys |
| LOC\_Os08g14940 | 10809004385 | chr08 | 9004385 | 11 | G | A | 55.28% | G | 44.72% | G>A, missense variant LOC\_Os08g14940, Gly809Ser |
| LOC\_Os08g14940 | 10809004391 | chr08 | 9004391 | 5 | A | A | 97.92% | G | 2.08% | A>G, missense variant LOC\_Os08g14940, Ile811Val |
| LOC\_Os08g16070 | 10809795876 | chr08 | 9795876 | 7 | C | C | 99.98% | A | 0.02% | C>A, stop\_gained LOC\_Os08g16070, Glu770\* |
| LOC\_Os08g27040 | 10816521995 | chr08 | 16521995 | 8 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, synonymous variant LOC\_Os08g27040, Phe48Phe |
| LOC\_Os08g27040 | 10816522007 | chr08 | 16522007 | 20 | A | A | 99.95% | G | 0.05% | A>G, synonymous variant LOC\_Os08g27040, Pro44Pro |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899277 | chr08 | 20899277 | 10 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | T>C, missense variant LOC\_Os08g33488, Gln98Arg |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899277 | chr08 | 20899277 | 4 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | T>C, missense variant LOC\_Os08g33488, Gln98Arg |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899277 | chr08 | 20899277 | 5 | T | T | 99.98% | C | 0.02% | T>C, missense variant LOC\_Os08g33488, Gln98Arg |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899283 | chr08 | 20899283 | 10 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, missense variant LOC\_Os08g33488, Leu96Ser |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899283 | chr08 | 20899283 | 11 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, missense variant LOC\_Os08g33488, Leu96Ser |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899283 | chr08 | 20899283 | 16 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, missense variant LOC\_Os08g33488, Leu96Ser |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899289 | chr08 | 20899289 | 16 | G | G | 99.98% | C | 0.02% | G>C, missense variant LOC\_Os08g33488, Ala94Gly |
| LOC\_Os08g33488 | 10820899289 | chr08 | 20899289 | 17 | G | G | 99.98% | C | 0.02% | G>C, missense variant LOC\_Os08g33488, Ala94Gly |
| LOC\_Os08g34740 | 10821837113 | chr08 | 21837113 | 10 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | G>T, missense variant LOC\_Os08g34740, Ala536Asp |
| LOC\_Os08g34740 | 10821837123 | chr08 | 21837123 | 20 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, missense variant LOC\_Os08g34740, Gly533Ser |
| LOC\_Os08g43570 | 10827565083 | chr08 | 27565083 | 16 | T | T | 99.93% | C | 0.07% | － |
| LOC\_Os08g45210 | 10828390688 | chr08 | 28390688 | 8 | T | T | 99.93% | C | 0.07% | T>C, synonymous variant LOC\_Os08g45210, Phe164Phe |
| LOC\_Os08g45210 | 10828390691 | chr08 | 28390691 | 5 | T | T | 99.95% | C | 0.05% | T>C, synonymous variant LOC\_Os08g45210, Val165Val |
| LOC\_Os09g03670 | 10901845909 | chr09 | 1845909 | 4 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, missense variant LOC\_Os09g03670, Val114Ile |
| LOC\_Os09g03670 | 10901845913 | chr09 | 1845913 | 8 | A | A | 99.88% | C | 0.12% | A>C, synonymous variant LOC\_Os09g03670, Ser112Ser |
| LOC\_Os09g03670 | 10901845919 | chr09 | 1845919 | 14 | T | T | 99.90% | C | 0.10% | T>C, synonymous variant LOC\_Os09g03670, Ser110Ser |
| LOC\_Os09g03670 | 10901845925 | chr09 | 1845925 | 20 | G | G | 98.84% | A | 1.16% | G>A, synonymous variant LOC\_Os09g03670, Pro108Pro |
| LOC\_Os09g08440 | 10904407556 | chr09 | 4407556 | 13 | C | C | 96.76% | T | 3.24% | C>T, missense variant LOC\_Os09g08440, Ser358Leu |
| LOC\_Os09g08440 | 10904407560 | chr09 | 4407560 | 9 | C | C | 99.41% | T | 0.59% | C>T, synonymous variant LOC\_Os09g08440, Asp359Asp |
| LOC\_Os09g24200 | 10914365296 | chr09 | 14365296 | 12 | C | C | 92.74% | A | 7.26% | C>A, missense variant LOC\_Os09g24200, Leu159Ile |
| LOC\_Os09g24200 | 10914365301 | chr09 | 14365301 | 7 | G | G | 99.92% | A | 0.08% | G>A, synonymous variant LOC\_Os09g24200, Glu160Glu |
| LOC\_Os09g25960 | 10915590374 | chr09 | 15590374 | 12 | A | A | 98.95% | G | 1.05% | A>G, missense variant LOC\_Os09g25960, Phe581Ser |
| LOC\_Os09g32944 | 10919647853 | chr09 | 19647853 | 15 | C | C | 99.87% | T | 0.13% | C>T, missense variant LOC\_Os09g32944, Leu347Phe |
| LOC\_Os09g32944 | 10919647862 | chr09 | 19647862 | 6 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, synonymous variant LOC\_Os09g32944, Leu350Leu |
| LOC\_Os09g37040 | 10921370178 | chr09 | 21370178 | 9 | T | T | 99.97% | A | 0.03% | － |
| LOC\_Os10g20990 | 11010626498 | chr10 | 10626498 | 9 | G | G | 99.97% | C | 0.03% | G>C, missense variant LOC\_Os10g20990, Pro366Ala |
| LOC\_Os10g20990 | 11010626503 | chr10 | 10626503 | 14 | C | C | 99.87% | T | 0.13% | C>T, missense variant LOC\_Os10g20990, Arg364His |
| LOC\_Os10g20990 | 11010626504 | chr10 | 10626504 | 15 | G | G | 98.32% | A | 1.68% | G>A, missense variant LOC\_Os10g20990, Arg364Cys |
| LOC\_Os10g20990 | 11010626507 | chr10 | 10626507 | 18 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | C>T, missense variant LOC\_Os10g20990, Val363Ile |
| LOC\_Os10g26730 | 11013957224 | chr10 | 13957224 | 6 | C | C | 99.88% | T | 0.12% | C>T, synonymous variant LOC\_Os10g26730, Asp309Asp |
| LOC\_Os10g26730 | 11013957225 | chr10 | 13957225 | 5 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | G>T, missense variant LOC\_Os10g26730, Val310Phe |
| LOC\_Os10g36740 | 11019673384 | chr10 | 19673384 | 19 | C | T | 67.31% | C | 32.69% | C>T, synonymous variant LOC\_Os10g36740, Gly423Gly |
| LOC\_Os10g36740 | 11019673394 | chr10 | 19673394 | 9 | G | A | 59.59% | G | 40.41% | G>A, missense variant LOC\_Os10g36740, Glu427Lys |
| LOC\_Os10g40100 | 11021469327 | chr10 | 21469327 | 20 | G | G | 99.98% | A | 0.02% | G>A, missense variant LOC\_Os10g40100, Leu658Phe |
| LOC\_Os10g40920 | 11021986041 | chr10 | 21986041 | 18 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, synonymous variant LOC\_Os10g40920, Ala701Ala |
| LOC\_Os10g40920 | 11021986047 | chr10 | 21986047 | 12 | T | T | 99.93% | G | 0.07% | T>G, synonymous variant LOC\_Os10g40920, Leu703Leu |
| LOC\_Os10g40920 | 11021986048 | chr10 | 21986048 | 11 | A | A | 99.77% | C | 0.23% | A>C, synonymous variant LOC\_Os10g40920, Arg704Arg |
| LOC\_Os11g44860 | 11127153266 | chr11 | 27153266 | 6 | A | A | 99.98% | T | 0.02% | － |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223736 | chr11 | 27223736 | 21 | T | T | 99.83% | C | 0.17% | T>C, synonymous variant LOC\_Os11g44960, Leu628Leu |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223739 | chr11 | 27223739 | 18 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, missense variant LOC\_Os11g44960, Arg629Cys |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223740 | chr11 | 27223740 | 17 | G | G | 82.30% | A | 17.70% | G>A, missense variant LOC\_Os11g44960, Arg629His |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223741 | chr11 | 27223741 | 16 | C | C | 97.15% | T | 2.85% | C>T, synonymous variant LOC\_Os11g44960, Arg629Arg |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223742 | chr11 | 27223742 | 15 | A | A | 99.86% | C | 0.14% | A>C, synonymous variant LOC\_Os11g44960, Arg630Arg |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223743 | chr11 | 27223743 | 14 | G | G | 99.77% | A | 0.23% | G>A, missense variant LOC\_Os11g44960, Arg630Lys |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223750 | chr11 | 27223750 | 7 | T | T | 99.89% | A | 0.11% | T>A, synonymous variant LOC\_Os11g44960, Pro632Pro |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223754 | chr11 | 27223754 | 3 | G | G | 95.96% | C | 4.04% | G>C, missense variant LOC\_Os11g44960, Ala634Pro |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223755 | chr11 | 27223755 | 2 | C | C | 99.98% | T | 0.02% | C>T, missense variant LOC\_Os11g44960, Ala634Val |
| LOC\_Os11g44960 | 11127223756 | chr11 | 27223756 | 1 | A | A | 99.91% | G | 0.09% | A>G, synonymous variant LOC\_Os11g44960, Ala634Ala |
| LOC\_Os11g45050 | 11127262975 | chr11 | 27262975 | 17 | G | G | 96.80% | A | 3.20% | C>T, missense variant LOC\_Os11g45050, Arg628His |
| LOC\_Os11g45050 | 11127262976 | chr11 | 27262976 | 16 | C | C | 98.89% | T | 1.11% | C>T, synonymous variant LOC\_Os11g45050, Arg628Arg |
| LOC\_Os11g45050 | 11127262978 | chr11 | 27262978 | 14 | G | G | 97.16% | A | 2.84% | C>T, synonymous variant LOC\_Os11g45050, Arg628Arg |
| LOC\_Os11g45050 | 11127262979 | chr11 | 27262979 | 13 | A | A | 97.18% | T | 2.82% | A>T, missense variant LOC\_Os11g45050, Arg629Ser |
| LOC\_Os11g45050 | 11127262985 | chr11 | 27262985 | 7 | T | T | 99.55% | A | 0.45% | T>A, synonymous variant LOC\_Os11g45050, Pro631Pro |
| LOC\_Os11g47130 | 11128347801 | chr11 | 28347801 | 8 | T | T | 99.81% | C | 0.19% | － |
| LOC\_Os11g47130 | 11128347808 | chr11 | 28347808 | 1 | C | C | 99.71% | T | 0.29% | － |
| LOC\_Os12g05260 | 11202338277 | chr12 | 2338277 | 17 | C | C | 99.97% | G | 0.03% | C>G, missense variant LOC\_Os12g05260, Leu16Val |
| LOC\_Os12g05260 | 11202338282 | chr12 | 2338282 | 12 | C | C | 98.96% | T | 1.04% | C>T, synonymous variant LOC\_Os12g05260, Ala17Ala |
| LOC\_Os12g15680 | 11208962185 | chr12 | 8962185 | 9 | G | G | 99.82% | A | 0.18% | G>A, synonymous variant LOC\_Os12g15680, Ala249Ala |
| LOC\_Os12g29980 | 11217917719 | chr12 | 17917719 | 4 | T | T | 99.98% | A | 0.02% | T>A, missense variant LOC\_Os12g29980, Val169Glu |
| LOC\_Os12g29980 | 11217917719 | chr12 | 17917719 | 5 | T | T | 99.98% | A | 0.02% | T>A, missense variant LOC\_Os12g29980, Val169Glu |
| LOC\_Os12g41680 | 11225805936 | chr12 | 25805936 | 17 | A | A | 99.98% | G | 0.02% | A>G, synonymous variant LOC\_Os12g41680, Gln232Gln |
| LOC\_Os12g41680 | 11225805945 | chr12 | 25805945 | 8 | C | C | 99.97% | T | 0.03% | C>T, synonymous variant LOC\_Os12g41680, Cys235Cys |
| LOC\_Os12g41860 | 11225924993 | chr12 | 25924993 | 17 | C | C | 99.12% | A | 0.88% | C>A, synonymous variant LOC\_Os12g41860, Gly202Gly |
| LOC\_Os12g42400 | 11226347351 | chr12 | 26347351 | 14 | G | G | 99.98% | T | 0.02% | － |

\* rela pos: relative position, 表示在和成熟miRNA形成互补模式时，按照成熟miRNA 5’到3’的顺序的相对位置；

另外，其中加粗和斜体的SNP有第三个等位碱基，具体如下表：

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| SNP id | allele3 | freq3 |
| 10335991179 | T | 0.02% |
| 10616854997 | T | 0.02% |
| 10720089117 | T | 0.02% |
| 10816521998 | T | 0.02% |
| 11127223744 | T | 1.16% |
| 10136635613 | C | 0.02% |
| 10327413861 | C | 0.03% |
| 10809795889 | A | 7.72% |

致 谢

本文需要感谢……致谢内容：宋体，小四号（“论文正文”样式）。

攻读硕士学位期间已发表或录用的论文

[1] 张三，李四. 已经发表一篇学术论文. XXXXXXX学报 （已录用）

（采用“参考文献内容”样式）

1. Collins F.S., Brooks L.D., Chakravarti A., A DNA polymorphism discovery resource for research on human genetic variation., 1998, Genome Res. 8:1229–31 [↑](#endnote-ref-2)
2. Sachidanandam R., Weissman D., Schmidt S.C., et al., A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. Nature, 2001, 409:928–33 [↑](#endnote-ref-3)
3. Brookes A.J., The essence of SNPs. Gene, 1999, 234:177–86 [↑](#endnote-ref-4)
4. Castle J.C., SNPs occur in regions with less genomic sequence conservation. PLoS ONE, 2011, 6:e20660 [↑](#endnote-ref-5)
5. Yamamoto T., Nagasaki H., Yonemaru J.I., et al., Fine definition of the pedigree haplotypes of closely related rice cultivars by means of genome-wide discovery of single-nucleotide polymorphisms. BMC Genomics, 2010, 11:267. [↑](#endnote-ref-6)
6. Hunt R., Sauna Z.E., Ambudkar S.V., Silent (Synonymous) SNPs: Should We Care About Them?. Methods Mol Biol, 2009, 578:3–22 [↑](#endnote-ref-7)
7. Garg B., Lata C., Prasad M., A study of the role of gene TaMYB2 and an associated SNP in dehydration tolerance in common wheat. Mol Biol Rep, 2012, 39:10865–10871 [↑](#endnote-ref-8)
8. Konishi S., Izawa T., Lin S.Y., Ebana K., et al., An SNP caused loss of seed shattering during rice domestication, Science, 312 (2006), pp. 1392–1396 [↑](#endnote-ref-9)
9. Lee S.H., van der Werf J.H.J., Hayes B.J., et al., Predicting unobserved phenotypes for complex traits from whole-genome SNP data. PLoS Genet, 2008, 4, e1000231 [↑](#endnote-ref-10)
10. Huang X.H, Kurata N., Wei X.H., et al., A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. Nature, 2012, 490:497–501 [↑](#endnote-ref-11)
11. Xu X., Liu X., Ge S., et al., Resequencing 50 accessions of cultivated and wild rice yields markers for identifying agronomically important genes. Nat Biotechnol., 2012, 30:105–111 [↑](#endnote-ref-12)
12. Alexandrov N., Tai S.S., Wang W.S., et al., Mauleon R., Hamilton R.S., McNally K.L., SNP-Seek database of SNPs derived from 3000 rice genomes. Nucleic Acids Res., 2015, 43:1023–1027 [↑](#endnote-ref-13)
13. Chia J.M., Song C., Bradbury P.J., et al., Maize HapMap2 identifies extant variation from a genome in flux. Nat. Genet., 2012, 44:803–7 [↑](#endnote-ref-14)
14. Lai J.S., Li R.Q., Xu X., et al., Genome-wide patterns of genetic variation among elite maize inbred lines. Nat. Genet., 2010, 42:1027–30 [↑](#endnote-ref-15)
15. Lam H.M., Xu X., Liu X., et al., Resequencing of 31 wild and cultivated soybean genomes identifies patterns of genetic diversity and selection. Nat. Genet., 2010, 42:1053–59 [↑](#endnote-ref-16)
16. Atwell S., Huang Y.S., lmsson B.J.V., et al., Genome-wide association study of 107 phenotypes in Arabidopsis thaliana inbred lines. Nature, 2010, 465:627–631 [↑](#endnote-ref-17)
17. Li J, Yang Z, Yu B, et al., Methylation protects miRNAs and siRNAs from a 3′-end uridylation activity in Arabidopsis. Curr. Biol., 2005, 15:1501-7 [↑](#endnote-ref-18)
18. Kasschau K.D., Xie Z., Allen E., et al., P1/HC-Pro, a viral suppressor of RNA silencing, interferes with Arabidopsis development and miRNA unction. Dev Cell, 2003, 4(2):205–217 [↑](#endnote-ref-19)
19. Vaucheret H., Vazquez F., Crete P., The action of ARGONAUTE1 in the miRNA pathway and its regulation by the miRNA pathway are crucial for plant development. Genes Dev, 2004, 18(10):1187–1197 [↑](#endnote-ref-20)
20. Cuperus, J.T., Fahlgren, N., and Carrington, J.C. Evolution and Functional Diversification of MIRNA Genes. Plant Cell: 2011 tpc.110.082784. [↑](#endnote-ref-21)
21. Hung PS, Chang KW, Kao SY, et al., Association between the rs2910164 polymorphism in pre-mir-146a and oral carcinoma progression. Oral Oncol, 2012, 48:404–408 [↑](#endnote-ref-22)
22. Jiao Y.Q., Wang Y.H., Xue D.W., et al., Regulation of OsSPL14 by OsmiR156 defines ideal plant architecture in rice. Nat. Genet., 2010, 426: 541-544 [↑](#endnote-ref-23)
23. Houston K., McKimb S.M., Comadrana J., et al., Variation in the interaction between alleles of HvAPETALA2 and microRNA172 determines the density of grains on the barley inflorescence. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 2013, 110:16675–16680. [↑](#endnote-ref-24)
24. 3K R.G.P., The 3,000 rice genomes project. Gigascience, 2014, 3:7. [↑](#endnote-ref-25)
25. Kozomara A, Griffiths-Jones S., miRBase: annotating high confidence microRNAs using deep sequencing data. Nucleic Acids Res. 2014, 42:D68-D73 [↑](#endnote-ref-26)
26. Lu, C., et al. Genome-wide analysis for discovery of rice microRNAs reveals natural antisense microRNAs (nat-miRNAs). Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2008, 105: 4951–4956. [↑](#endnote-ref-27)
27. Jones-Rhoades M.W., Conservation and divergence in plant microRNAs. Plant Mol Biol. 2011, 80:3–16 [↑](#endnote-ref-28)
28. Li, J.Y. et al. 2014, The functional scope of plant microRNA-mediated silencing. Trends Plant Sci. 2014, 19:785-756. [↑](#endnote-ref-29)
29. Dai X., Zhao P.X., psRNATarget: a plant small RNA target analysis server. Nucleic Acids Res. 2011, 39:W155-W159 [↑](#endnote-ref-30)
30. Li Y.F., Zheng Y., Addo-Quaye C., et al., Transcriptome-wide identification of microRNA targets in rice. Plant J. 2010, 62:742-759 [↑](#endnote-ref-31)
31. Kertesz M., Iovino N., Unnerstall U., et al., The role of site accessibility in microRNA target recognition. Nat. Genet., 2007, 39:1278-1284. [↑](#endnote-ref-32)
32. Liu Q, Wang F, Axtell M.J., Analysis of complementarity requirements for plant microRNA targeting using a Nicotiana benthamiana quantitative transient assay. Plant Cell, 2014, 26: 741-753 [↑](#endnote-ref-33)
33. Iwakawa H., Tomari Y., Molecular insights into microRNA-mediated translational repression in plants. Mol. Cell, 2013, 52:591-601 [↑](#endnote-ref-34)
34. Tang G., Reinhart B.J., Bartel D.P., et al., A biochemical framework for RNA silencing in plants. Genes Dev. 2003, 17:49-63 [↑](#endnote-ref-35)
35. Palatnik J.F., Allen E., Wu X., Schommer C., et al., Control of leaf morphogenesis by microRNAs. Nature, 2003 425:257–63 [↑](#endnote-ref-36)
36. Sato Y., Namiki N., Takehisa H., et al., RiceFREND: a platform for retrieving coexpressed gene networks in rice. Nucleic Acids Research, 2013, 41:D1214-D1221 [↑](#endnote-ref-37)
37. Sturn A, Quackenbush J, Trajanoski Z. Genesis: Cluster analysis of microarray data., Bioinformatics. 2002,18(1):207-8. [↑](#endnote-ref-38)
38. Wen M., Xie M.N., He L., Wang Y.S., Shi S.H., Tang T., 2016, Expression Variations of miRNAs and mRNAs in Rice Oryza sativa. Genome Biology and Evolution 8:3529-3544 [↑](#endnote-ref-39)
39. Zhao H., Yao W., Ouyang Y., et al., RiceVarMap: a comprehensive database of rice genomic variations. Nucleic Acids Research, 2014, 43:D1018–D1022. [↑](#endnote-ref-40)
40. Chen K., Rajewsky N., Natural selection on human miRNA binding sites inferred from SNP data. Nature Genet., 2006, 38:1452–1456 [↑](#endnote-ref-41)
41. Saunders M. A., Liang H., Li, W. H., Human polymorphism at microRNAs and microRNA target sites. Proc. Natl Acad. Sci. USA, 2007 104, 3300–3305 [↑](#endnote-ref-42)
42. Fahlgren N., Jogdeo S., Kasschau K.D., et al., MicroRNA gene evolution in Arabidopsis lyrata and Arabidopsis thaliana. Plant Cell, 2010, 224:1074–1089 [↑](#endnote-ref-43)
43. Rajagopalan R., Vaucheret H., Trejo J., Bartel D.P., A diverse and evolutionarily fluid set of microRNAs in Arabidopsis thaliana. Genes Dev., 2006, 2024:3407–3425 [↑](#endnote-ref-44)
44. Liu Q., Wang H., Zhu L., et al., Genome-wide identification and analysis of miRNA-related single nucleotide polymorphisms SNPs in rice., 2013, Rice 6:10 [↑](#endnote-ref-45)
45. Mallory A.C., Reinhart B.J., Jones-Rhoades M.W., et al., MicroRNA control of PHABULOSA in leaf development: Importance of pairing to the microRNA 59 region. EMBO J., 2004, 23: 3356-3364. [↑](#endnote-ref-46)
46. Parizotto E.A., Dunoyer P., Rahm N., et al., In vivo investigation of the transcription, processing, endonucleolytic activity, and functional relevance of the spatial distribution of a plant miRNA. Genes Dev., 2004, 18: 2237-2242 [↑](#endnote-ref-47)
47. Mi S.J., Cai T., Hu Y.G., et al., Sorting of small RNAs into Arabidopsis argonaute complexes is directed by the 5’ terminal nucleotide. Cell, 2008, 133: 116-127 [↑](#endnote-ref-48)
48. Mallory A., Vaucheret H., Form, function, and regulation of ARGONAUTE proteins. Plant Cell, 2010, 22: 3879–3889 [↑](#endnote-ref-49)
49. Schwab R., Palatnik J.F., Riester M., et al., Specific effects of microRNAs on the plant transcriptome. Dev. Cell, 2005, 8: 517–527 [↑](#endnote-ref-50)
50. Franco-Zorrilla J.M., Valli A., Todesco M., et al., Target mimicry provides a new mechanism for regulation of microRNA activity. Nat. Genet., 2007, 39:1033-1037 [↑](#endnote-ref-51)
51. Todesco M., Rubio-Somoza I., Paz-Ares J., et al., A collection of target mimics for comprehensive analysis of microRNA function in Arabidopsis thaliana. PLoS Genet., 2010, 6: e1001031 [↑](#endnote-ref-52)
52. Arikit S., Zhai J., Meyers B.C., Biogenesis and function of rice small RNAs from non-coding RNA precursors. Curr. Opin. Plant Biol., 2013, 162:170–179. [↑](#endnote-ref-53)
53. Sun G., Yan J., Noltner K., et al., SNPs in human miRNA genes affect biogenesis and function. RNA, 2009, 15:1640–1651 [↑](#endnote-ref-54)
54. Hofacker I.L., Vienna RNA secondary structure server. Nucleic Acids Res., 2003,

    31:3429–3431 [↑](#endnote-ref-55)
55. Zhang Y., Chen X., Yang F., et al. miRNA: A Novel Link Between Rice Ragged Stunt Virus and Oryza sativa, Indian Journal of Microbiology, 2016, 56:219-224 [↑](#endnote-ref-56)
56. Li L.Y., Yang C., He Y., et al., Expression patterns of microRNAs in different organs and developmental stages of a superhybrid rice LYP9 and its parental lines, Plant Biol., 2014, 16:878-887 [↑](#endnote-ref-57)
57. Jones-Rhoades M.W., Bartel D.P., Bartel B. MicroRNAs and their regulatory roles in plants. Annu Rev Plant Biol, 2006, 57:19–53 [↑](#endnote-ref-58)
58. Muckstein U., Tafer H., Hackermuller J., et al., Thermodynamics of RNA-RNA binding, Bioinformatics, 2006, 22, 1177–1182. [↑](#endnote-ref-59)
59. Wang D., Pei K., Fu Y., et al., Genome-wide analysis of the auxin response factor ARF gene family in rice Oryza sativa Gene, 2007, 394 pp. 13-24 [↑](#endnote-ref-60)
60. Jeon J., Lee S., Jung K.H., et al., Production of transgenic rice plants showing reduced heading date and plant height by ectopic expression of rice MADS-box genes, 2000, Mol. Breed. 6:581-592 [↑](#endnote-ref-61)