迄今最大规模莲基因组重测序完成

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/12158.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

迄今最大规模莲基因组重测序完成。莲属于莲科莲属，是被子植物中起源最早的植物之一。目前幸存的2个种分别是莲与美洲黄莲，莲主要分布于亚洲，美洲黄莲主要分布于北美洲及南美洲等地。自然界野莲经过长期驯化，部分分化为藕莲、子莲、花莲等多种栽培类型。通过对莲基因组多样性和遗传机制的研究，可以更好地指导优良品种培育，提升经济价值。

近日，武汉市农业科学院蔬菜研究所研究员柯卫东团队联合华大基因副研究员简建波团队在《植物杂志》在线发表了研究论文。该研究利用短读长测序技术对296份莲种质资源进行了重测序，涵盖了来自广泛地理分布的不同种、生态型及栽培莲类型，通过生物信息学分析获得遗传变异信息、群体结构等群体遗传学数据对莲起源与进化、栽培莲驯化研究提供了重要基因组学资源，也为莲育种提供了新线索。

该研究对武汉市农业科学院国家水生蔬菜种质资源库中收集到全世界范围代表性的莲样本进行研究，包括4份美洲黄莲、58份野莲、163份藕莲、32份子莲和39份花莲。研究发现亚洲莲的比对率和覆盖度都相对比较高，而美洲黄莲相比要明显低，比对率只有 92.21%，覆盖基因组率仅有 81.34%。

经过phylogenetic tree、PCA、structure和LDdecay分析，证实美洲黄莲与莲具有较远的遗传距离，可划分为两个种。野莲群体分析表明东北区域野莲与长江流域野莲基因组差异小；东南亚野莲分化为两个类群，分别与东北野莲、云南野莲聚在一起，表明东南亚野莲群体结构较为复杂。遗传多样性分析表明，野莲的多样性从南到北呈下降趋势，东南亚和云南地区野莲多样性高于长江流域和东北地区野莲，表明云南和东南亚地区可能为亚洲野莲的起源中心。同时发现栽培莲中的子莲和藕莲亲缘关系较远且起源于不同区域的野莲。

通过对栽培莲进行驯化选择分析，子莲驯化相关区域富集到的候选基因包括核糖体、内质网的蛋白质加工、果糖和甘露糖代谢和泛素介导的蛋白水解等。藕莲中主要富集在代谢途径和次级代谢产物的生物合成相关基因。藕莲驯化选择相关区域中包含13个壁相关的激酶基因，其中8个基因在2号染色体19.48 – 20.65 Mb 区间，可能与植物营养生长和细胞伸长的过程相关。

该研究关注莲的遗传多样性特征，深入解析了莲的起源、进化和驯化历史，鉴定了其优良性状的遗传基础。研究中得到了大量的莲基因组多样性SNP标记，对莲分子育种具有重要指导意义。（来源：中国科学报 张晴丹）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/tpj.15029

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：柯卫东等 来源：《植物杂志》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发