“金色纤维”如何炼成

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14483.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！

“金色纤维”如何炼成。



黄麻 张立武供图

作为世界上最重要的长纤维作物之一，黄麻在全世界的产量和种植面积仅次于棉花，享有金色纤维之称，在麻纺工业中发挥了重要作用。中国是世界上最古老的黄麻生产国和起源地之一。

6月25日，福建农林大学麻类研究室联合该校基因组与生物技术中心在《植物生物技术杂志》（Plant Biotechnology Journal）率先发表了染色体级别的黄麻参考基因组图谱。他们在此基础上解析了黄麻纤维品质的关键遗传位点，为黄麻的功能基因验证和分子设计育种奠定了基础。

率先公布染色体水平的黄麻基因组

黄麻，又称络麻、绿麻，一年生草本韧皮纤维作物。黄麻属有100多个种，其中具有栽培价值的有两个种，即圆果种黄麻和长果种黄麻，主要分布于热带及亚热带地区，我国、印度和孟加拉国都是黄麻的主要产地。在我国，黄麻最早记载于公元1061年的《图经本草》，其种植历史已有近千年。

根据联合国粮农组织的数据，目前全球黄麻纤维年产量为3422876吨，产值23亿美元。论文通讯作者、福建农林大学教授张立武说，黄麻具有纤维产量高、纤维质地柔软的特点。作为麻纺工业的重要原料，我国生产的黄麻纤维主要用于纺织麻袋、麻布、麻绳等包装用品。

近年来，由于黄麻纺织技术取得较大进展，黄麻纤维已能纯纺或混纺成高档布料，或可纺织成贴墙布、桌布、窗帘布等装饰布料。除了利用麻纤维，黄麻多功能用途还拓展到菜用、盐碱地修复

用、茶用、重金属吸附用等。黄麻纤维细胞呈五角形或六角形，中空结构，具有良好的吸湿性和透气性。作为天然的植物纤维材料，黄麻可抑菌、可降解、抗静电、易染色，具有广阔的推广前景。

论文第一作者、福建农林大学博士研究生张力岚介绍，他们分别以圆果种黄麻优良品种黄麻179和长果种黄麻优良品种宽叶长果为材料，采用二代、三代测序策略，同时结合Hi-C染色体构象捕获技术，首次完成了黄麻染色体水平全基因组测序和组装工作。

该研究获得的圆果种黄麻和长果种黄麻的基因组大小分别约为336 Mbp和361 Mbp，contig N50分别为46 Mb和50 Mb，分别鉴定到25874个和28479个蛋白编码基因。

由于黄麻和雷蒙德氏棉都属于锦葵科，且均为二倍体的纤维作物，他们还比较了两个物种的形成时间。结果发现，黄麻属和雷蒙德氏棉之间的物种分化发生在3800万年前。

虽然圆果种黄麻和长果种黄麻表现出良好的共线性，但长果种黄麻基因组比圆果种多出25 Mbp，包含13个假定的倒位。张力岚告诉《中国科学报》，染色体倒位是染色体畸变的一种类型，推测这13个倒位可能是造成两种黄麻表型差异的重要原因。

黄麻的起源与驯化

为了从基因组水平剖析黄麻起源与驯化，他们对来自世界各地的242份圆果种黄麻、57份长果种黄麻和1份近缘种假黄麻，共300份不同的黄麻属材料进行了重测序。结果发现了黄麻驯化史上的一次种群瓶颈事件。

种群瓶颈又称种群瓶颈效应或人口瓶颈，是指某个种群的数量在演化过程中由于死亡或不能生育造成减少50%以上或者数量级减少的事件。

论文第一作者、福建农林大学马晓开博士说，种群瓶颈发生后，可能造成种群的灭绝，或种群恢复但仅存有限的遗传多样性。历史上种群规模的变化研究，可以通过黄麻基因组测序数据，利用经典遗传算法，开展种群历史有效群体大小的分析。黄麻在20000年前开始出现瓶颈事件。种群规模持续下降，说明此时黄麻种群受到了较大的自然选择或人工选择。

论文作者伊利诺伊大学香槟校区Ray Ming教授说，在末次盛冰期（Last Glacial Maximum, LGM）时，圆果种黄麻仅存在于亚洲南部，而长果种黄麻存在于非洲东部和亚洲南部。随着时间的推移，非洲的黄麻分布越来越少，而亚洲则越来越多。为证明长果种黄麻为起源于非洲东部并在亚洲东部经历第二次驯化的提供了依据。

论文第一作者、福建农林大学博士研究生徐益解释说，黄麻是一年生短日照作物，喜温暖湿润的气候。随着非洲气温升高和干旱加剧，而亚洲温度适宜、雨量充沛，非洲黄麻资源日趋匮乏，亚洲转而成为黄麻的主要生产国。黄麻的分布情况受到亚非两地气候变化、人类文化交流以及人工选择的影响。

黄麻纤维品质重要遗传位点的挖掘

因为黄麻是韧皮部纤维作物，其最重要的经济产物就是韧皮纤维，所以我们期望挖掘与韧皮部纤维形成相关的重要基因，可为黄麻纤维改良提供理论基础和基因资源。张立武说。

他们利用转录组测序技术，挖掘了黄麻韧皮部纤维形成相关基因，包括木质素和纤维素的合成途径参与调控的基因，以及影响纤维起始伸长的调控基因，并绘制了这些基因的表达谱。

全基因组关联分析GWAS分析，他们确定了数百个控制纤维细度、纤维素含量和木质素含量的纤维品质性状的重要位点。结合选择性清除分析发现，纤维细度QTL的微丝酶家族蛋白CcSFP1、蛋白质精氨酸甲基转移酶CcPRMT7等候选基因位于选择性清除区域，推测这些基因受到了驯化选择。利用竞争性等位基因特异性PCR（KASP）和转基因技术验证了控制黄麻纤维品质的候选基因CcCOBRA1和CcC4H1的功能。

COBRA基因能控制纤维素微纤丝在细胞壁中的正确位置和植物细胞的定向伸长。在水稻中，COBRA基因的突变会导致细胞壁厚度和纤维素含量降低，具有调控水稻茎秆机械强度的功能，被称为脆杆基因。在黄麻中，他们发现CcCOBRA1的表达水平随着纤维发育而增加，表明该基因是控制黄麻纤维品质、影响纤维积累的一个重要位点。C4H基因介导肉桂酸转化为对香豆酸，是调控植物木质素合成最重要的基因之一，其转录丰度可直接影响植物中黄酮类化合物和芳香族化合物的生物合成量。这些基因的挖掘，为黄麻纤维品质的遗传改良提供了基因资源。

中国农业科学院麻类研究所研究员粟建光说，该研究成果率先完成了黄麻染色体精确测序及基因结构分析，开展了基于全基因组测序分析的黄麻复杂性状全基因组关联分析，解析了黄麻纤维品质的关键遗传位点，系统鉴定了黄麻全基因组驯化选择位点，证明了长果种黄麻为起源于非洲东部并在亚洲东部经历第二次驯化，解开了黄麻驯化和起源之谜，为黄麻的功能基因验证和分子设计育种提供手段。

据了解，在全世界范围内首次破译黄麻2个栽培种的全基因组，标志着我国在麻类作物基因组与分子育种研究方面处于国际领先水平。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/pbi.13652

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：张立武等 来源：《植物生物技术杂志》

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