
破译结构变异：陆海棉有望“联姻”育新种

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15082.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！

破译结构变异：陆海棉有望“联姻”育新种。





Pima90花朵（上）和农大棉8号花朵（下）。王省芬供图

棉花共有4个栽培种，其中经济价值较高的是2个四倍体栽培种——陆地棉和海岛棉。让陆地棉和海岛棉联手，将海岛棉的优质、抗性基因引入到高产陆地棉中，从而培育高产优质多抗的棉花新品种，一直是育种家孜孜以求的目标。

河北农业大学华北作物改良与调控国家重点实验室教授马峙英团队率先组装了陆地棉和海岛棉现代品种基因组，破译了海陆种间、陆陆种内基因组结构变异及其规律，揭示了陆地棉大规模种质材料结构变异的遗传效应，为作物重要性状改良提供了新的理论依据和资源。8月9日，相关论文在线发表于《自然—遗传学》。

首次组装陆海现代品种高质量基因组

陆地棉产量高、适应性强，占全球棉花总产量90%以上；海岛棉产量低、纤维品质优良、抗病性好，约占全球棉花产量10%。长期以来，育种家在获得多逆境抗性的同时，一直努力通过协同提高产量和品质来培育陆地棉新品种，将海岛棉的优异性状转育到陆地棉中，以进一步改良品质和抗性。

然而，论文第一作者、共同通讯作者马峙英告诉《中国科学报》，人们对棉花现代育成品种的基因组信息、现代育种过程中基因组的结构变异仍缺乏深入了解，有关棉花结构变异的遗传效应鲜为人知。

陆地棉和海岛棉都是由二倍体A基因组和D基因组共同组成的异源四倍体AADD基因组，是由A基

基因组和D基因组通过自然杂交和染色体加倍而形成。

马峙英介绍，他们率先组装了陆、海现代品种高质量基因组，并发现上千个棉属新基因。农大棉8号（NDM8）是我国自育陆地棉现代品种，优质高产多抗；Pima90是我国从Pima棉中系选获得的海岛棉新品系，抗病优质，长期用于棉花抗病遗传、QTL定位和基因克隆及分子育种。

该团队组装的农大棉8号和Pima90两个品种的基因组大小分别为2.29Gb和2.21Gb，基因组锚定率分别为99.57%和99.75%。他们在农大棉8号中鉴定出80124个基因，其中1499个为预测的新基因；在Pima90中鉴定到79613个基因，其中1267个为预测的新基因。

破译海陆棉基因组结构变异图谱

此前，科学家已经发现了很多基因组中的单核苷酸多态性对棉花性状产生的影响。马峙英告诉《中国科学报》，单核苷酸多态性是一个碱基发生变化，实际上，影响基因表达和功能的还有染色体结构变异，后者的影响更大。

染色体结构变异的类型有碱基的缺失、重复、倒位、易位等，往往是多个碱基同时发生变异。这些变异对基因的转录翻译产生了很大影响，对育种家关心的经济性状变化影响比较大。马峙英说，他们发现了一批影响基因表达的新变异。

论文共同通讯作者、河北农业大学教授王省芬告诉《中国科学报》，为了在陆地棉现代育种中潜在有效地利用海岛棉基因组变异，该团队比对分析了Pima90与农大棉8号基因组。

他们发现，海岛棉存在高度的基因组多样性：插入和缺失在D亚组上的密度明显高于A亚组；31296个变异—基因对在海岛棉组织中显著特异表达；5815个插入缺失位于5256个基因的外显子区，其中3178个变异影响了基因转录。

而且，Pima90中编码蔗糖合酶的基因存在小片段的缺失。该基因在纤维伸长期和次生壁加厚期高表达，对海岛棉纤维长度和强度的形成有重要作用。追踪利用Pima90育成的新材料农大373-9的基因组序列，发现该材料导入了Pima90中编码蔗糖合酶的基因。此外，该材料还获得了来自于Pima90的其他171个外显子区结构变异，表明了海岛棉对陆地棉改良的可行性。

为了探明陆地棉现代品种的基因组变化，他们又将农大棉8号基因组与早期品种TM-1基因组进行比较，发现农大棉8号存在76568个结构变异，其中28626个结构变异能够在10~1081个重测序种质材料中检测到。与海岛棉类似，农大棉8号基因组的插入和缺失在D亚组上的密度明显高于A亚组。然而，陆地棉基因组的插入和缺失在端粒附近具有偏好性，是染色体其他区域的3.71倍。

此外，编码肉桂酰辅酶A还原酶的基因在TM-1中存在1个缺失，影响了抗黄萎病功能。群体样本分析还发现，现代品种较早期品种获得了1128个NDM8型结构变异，反映了现代育种改良进程的选择效应。

探明陆地棉结构变异遗传效应

获得了海岛棉和陆地棉的结构变异图谱后，他们又将结构变异对棉花重要经济性状的遗传效应进行了分析。

论文共同通讯作者、河北农业大学教授张艳告诉《中国科学报》，为探明基因组结构变异对重要性状的遗传效应，他们对1081份世界各地的陆地棉种质资源深度重测序，以农大棉8号为参考基因组获得了304630个结构变异，结合大规模多环境评价获得的纤维长度、强度、铃重、衣分和黄萎病抗性数据分析，发现了446个与重要性状显著关联的结构变异。

研究发现，品质性状的结构变异主要位于D亚组，而产量性状的变异主要位于A亚组。在907个与纤维品质、产量相关的基因中，84.23%的基因在纤维不同发育时期表达。

纤维长度是棉花最重要的经济性状之一。据介绍，纤维长度增加1毫米（mm），每吨皮棉售价一般可增加300元左右。在陆地棉Dt11染色体上，有69个结构变异能够使纤维长度显著增加0.71~0.99mm，56个结构变异能够显著增加1.00~1.19mm。如此可使纤维长度从27mm或者28mm级别增至29mm级别。

此外，黄萎病是影响棉花产量和品质的重要病害。他们发现，在陆地棉Dt11染色体的3个结构变异能够使棉花黄萎病病情指数大大降低，让棉花从感病变为耐病。

在发现的60个抗黄萎病相关基因中，编码S—去甲乌药碱合成酶的基因GhNCS在抗黄萎病品种中的表达量显著低于感病品种，沉默该基因导致抗病性显著增强：可以使NDM8由耐病变为抗病，使棉花品种CCRI8从感病变为耐病。这证明GhNCS是控制黄萎病抗性的一个重要新基因。张艳说。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-021-00910-2>

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：马峙英等 来源：《自然—遗传学》

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](https://www.iikx.com)转发