栽培、野生和杂草萝卜之间的遗传变异和基因渐渗

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15181.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！

栽培、野生和杂草萝卜之间的遗传变异和基因渐渗。近日，中国农业科学院蔬菜花卉研究所（以下简称蔬菜花卉所）种质资源创新团队领衔解码了萝卜属11个具有广泛种、亚种和变种代表性的基因组，构建了属级多层次的泛基因组，研究揭示了栽培萝卜、野生萝卜和杂草萝卜之间的全基因组遗传变异和基因交流，以及基因组演化特点和机制。该研究对萝卜属乃至整个十字花科植物的起源演化研究和基因资源挖掘、现代生物育种、种质资源保护、杂草防控具有重要意义。相关研究成果在《分子植物》上。

虽然已有利用二代和三代测序技术构建萝卜基因组图谱的报道，但单个基因组不能代表萝卜属中不同种、亚种和变种的全部遗传信息。萝卜属和同科的芸薹属都经历了多祖先基因组多倍化过程，但在多倍化后的降倍过程中，促进物种形成、遗传多样性产生及重塑基因组特征的基因组进化机制尚不清楚。

鉴于此，研究人员采用PacBio、Illumina、Bionano和Hi-C技术对覆盖萝卜属的11份典型种质材料进行了高质量基因组组装。系统进化分析表明，萝卜属野生萝卜和栽培萝卜在1.8百万年（（Mya））前分化，之后野生和栽培萝卜分别在欧洲、南亚和东亚经历了独立分化或驯化。分化时间和冰川作用的共同发生表明气候变化可能影响了这个属的进化。

基因渗透分析显示不同亚种变种参与基因交流的程度可能是导致欧洲和东亚萝卜品种分化的原因。野生萝卜仅与欧洲栽培萝卜存在明显的基因渐渗，印度长角果萝卜与欧洲型萝卜存在明显的基因渐渗，日本与中国地方品种间存在基因交流。值得注意的是，加州杂草萝卜基因组由野生和驯化基因组组成，显示驯化作物的基因通过天然远缘杂交侵入野生近缘物种的基因组。

团队进一步基于11个基因组的基因座位、基因家族、图形化方法构建了萝卜属的泛基因组。分析发现栽培萝卜和野萝卜两个种分化以后，非核心基因和特有基因的获得和丢失比核心基因更快。栽培萝卜中更多的保留了光合作用和能量代谢相关的基因，野萝卜中普遍保留了种子快速成熟和角果脱落相关的基因。基于图的泛基因组将作为SVs水平的全基因组关联研究的有用参考。

总之，该研究不仅为萝卜属全基因组基因挖掘和遗传改良提供了新的基因资源和新见解，而且提出了在全球日益广泛的交流中，必须深入了解植物基因组演化机制，从进化的角度统筹作物育种、种质资源保护和草害绿色防控的新观点。

蔬菜花卉所研究员李锡香为该论文通讯作者，副研究员张晓辉为第一作者。

该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、中国农业科学院创新工程项目的资助。（来

源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.molp.2021.08.005

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：李锡香等 来源：《分子植物》

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