研究基于质核基因组变异揭示杂交稻的五大母本材料类群及杂交育种轨迹

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15220.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！

8月10日，中国科学院院士、中科院分子植物科学卓越创新中心研究员韩斌研究组，在*Molecular Plant*在线发表了研究论文*Cytoplasmic and nuclear genome variations of rice hybrids and their parents inform trajectory and strategy of hybrid rice breeding*。该研究基于群体基因组学分析，系统描绘了杂交稻/不育系细胞器基因组图谱，整合细胞核与细胞质变异信息，对水稻不育系进行分类，精细描绘了不育系的多态性特征并讨论了不同类型不育系的育种轨迹和育种策略。该成果为水稻杂种优势的形成和利用提供了新见解，为未来的杂交稻设计育种，即为高效创制优良的杂交组合提供了重要的遗传资源。

自20世纪70年代，随着杂交水稻专家袁隆平、石明松相继发现天然败育水稻材料并创制三系和两系杂交水稻制种体系，杂种优势被用于水稻育种，提高了水稻的产量。三系和两系杂交制种体系分别基于细胞质雄性败育（cytoplasmic male sterility，CMS）系和环境敏感型雄性败育（environment sensitive genic male sterility，EGMS）系创制而成。目前，引起这两种败育类型的分子机制研究，较为清晰（Ding et al., 2012；Fan et al., 2016；Luo et al., 2013；Wang et al., 2006；Yi et al., 2002；Zhou et al., 2012; Zhou et al., 2014）。细胞质雄性不育系和环境敏感型不育系的核基因组特征以及对杂交育种的贡献也有报道（Huang et al., 2016；Lin et al., 2020；Lv et al., 2020）。然而，细胞器基因组作为细胞质雄性不育的重要参与者，却常在杂种优势研究中被忽视，基于群体水平的杂交稻细胞器基因组多态性分析鲜有报道，且质核互作限制三系不育系核基因组多态性拓展的程度也未见评估。

细胞器基因组由于其母系遗传特征，是系统发育和溯源分析的重要工具，可被用于材料精细分类和血统溯源。本研究以细胞器基因组为切入点，分析了1495份杂交稻的细胞器基因组，发现杂交稻/不育系拥有五种主要的细胞器类型，且细胞器基因组与不育系核基因组存在关联，分别属于五种生产上广泛使用的不育系：含败育基因*WA352c*的三系不育系（以野败型不育系为代表）、含*orf79*的三系不育系（以包台型不育系为代表）、含*orfH79*的三系不育系（以红莲型不育系为代表）、含粳型细胞器的两系不育系（如农垦58S）和含籼型细胞器的两系不育系（如株1S）。通过细胞器溯源和基于核基因组的Kinship分析，研究还发现，不育系细胞器携同核基因组分化的主要原因是：在不育系育种过程中，不同类型的核心不育系作为败育资源供体和底盘材料被广泛使用，改良产生一系列亲缘关系较近的衍生材料。基于此，可以将水稻不育系分为五种主要的类型（图1）。此外，该研究还利用二三代混合组装的方法，对5个代表性细胞器基因组（包括叶绿体和线粒体基因组）进行组装，鉴定并评估了类群特异性序列

变异。

后续分
析基于不同的
不育系类群探讨不育系基因
组特征和改良育种的分子印迹。该研究以*D2*
基因为例，揭示了不育系对育性相关基因的固定可带来遗传累赘效应，从而限制育种家对育种偏好基因的使用（图2）。XP-CLR分析和FST鉴定了不同类型不育系中趋同和分化选择的位点，并基于这些位点分析了不同类型不育系与对应恢复系的配组模式。在多数位点上，杂交稻双亲能够实现遗传互补，但有少量位点，如与稻瘟
病抗性相关的*Pi21*基因，与抽穗期和产量相关的*Hd3a*
基因以及与分蘖角度和株型相关的*TAC1*
基因，在含粳型细胞器的两系不育系和对应恢复系中均为育种劣势基因型（图3）。此外，有少量落于选
择信号内的基因，
其劣势基因型在不育系群体中受到选
择，如与结实率相关的*PTB1*基因，与柱头外露相关的*qSTL3*
基因。该研究推测的原因是：参与不育系育种的遗传资源较为狭窄，少量核心种质资源被作为育种底盘材料而广泛使用，其携带的育种劣势基因型便在不育系群体中广泛传播。因此，发展籼粳杂交稻、挖掘野生稻资源，或可成为打破杂交稻育种瓶颈的重要手段。

研究工作得到国家自然科学基金和中科院战略性先导科技专项的资助。

论文链接

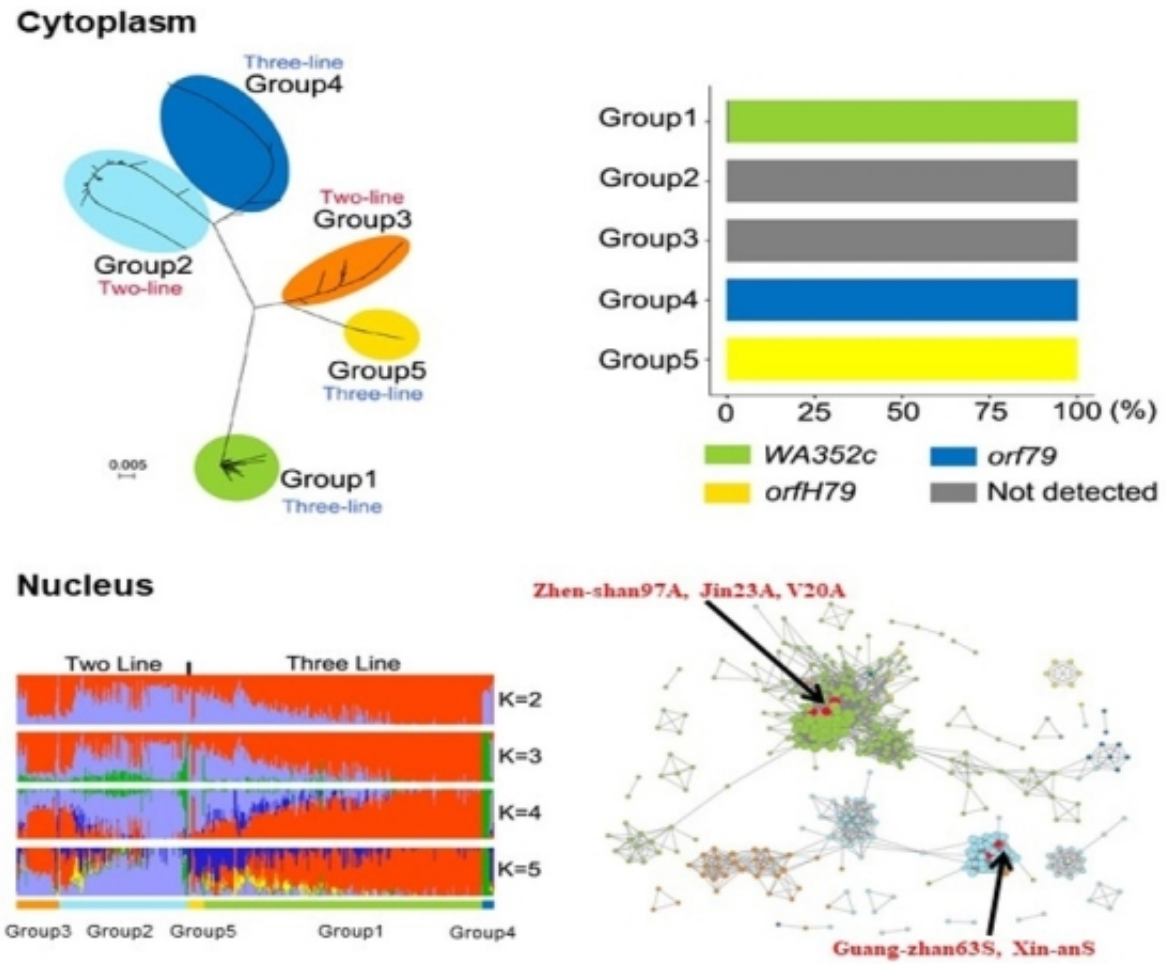


图1.杂交稻5种类型细胞器以及其与不育系核基因组的关联

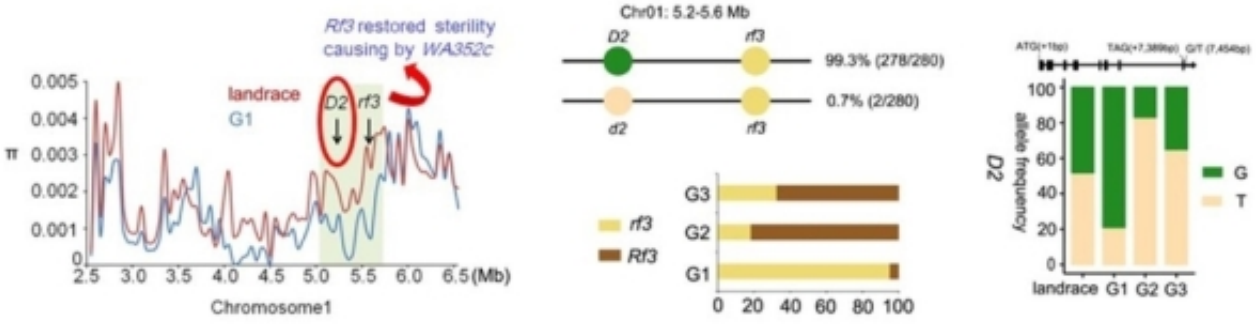


图2.株型相关基因*D2*与育性相关基因*Rf3*紧密连锁

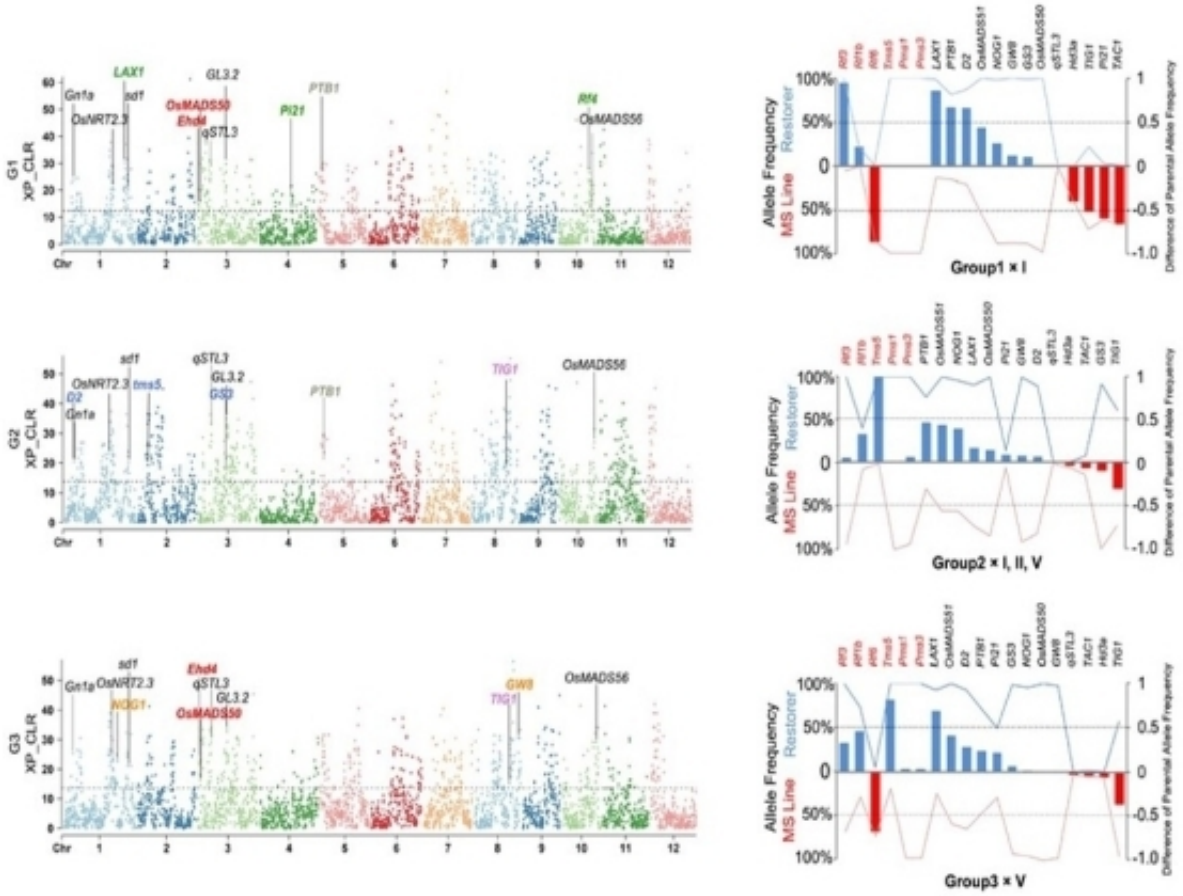


图3.三种类型不育系的XP-CLR分析以及在相关位点上与对应恢复系的配组模式

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

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