

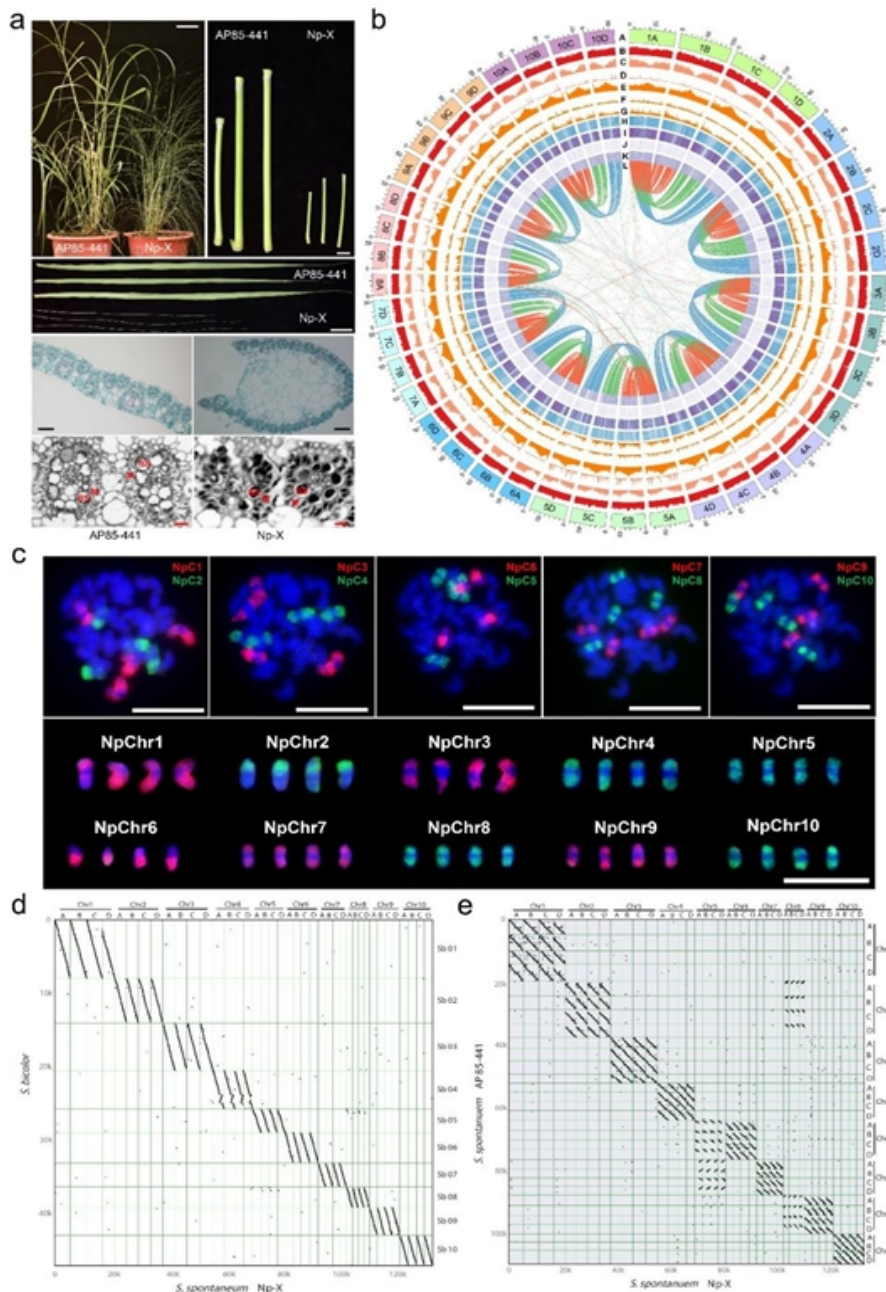
科学家破译甘蔗细茎野生种基因组

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18666.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！

科学家破译甘蔗细茎野生种基因组。



细茎野生种Np-X与AP85-441的表型、核型和基因组特征的比较 福建农林大学供图

6月3日，福建农林大学海峡联合研究院基因组中心教授张积森团队以《同源多倍体甘蔗细茎野生种的近期基因组演化》为题，相关研究发表在《自然—遗传学》上。

该研究解析了细茎野生种天然同源四倍体Np-X基因组，并利用基因组学手段系统阐明了甘蔗细茎野生种（又称割手密）的起源、染色体基数、基因组倍体、关键性状相关基因的演化，为甘蔗的基因组辅助育种奠定了重要的理论基础，对于推动甘蔗种质资源的应用具有里程碑式的意义。

现代栽培甘蔗是100多年前高贵种与细茎野生种人工杂交后产生，高贵种是同源八倍体，种内的材料拥有稳定的核型（ $2n=8x=80$ ），而细茎野生种为现代甘蔗栽培种贡献了抗逆、分蘖等优良性状，也实现了甘蔗在育种史上最大的突破。但细茎野生种分布区域广（从地中海到太平洋），并且其具有宽泛的倍性变异（从四倍到十六倍）和基础染色体数变异（8, 9, 10），其中，十六倍体的细茎野生种是甘蔗属已知的倍性最高的材料，由于细茎野生种遗传背景的高度复杂，其起源和演化是研究界百余年来悬而未决的重要科学问题，这极大地限制了现代甘蔗育种的进程。

为了研究细茎野生种群体的遗传多样性，研究人员基于高质量的细茎野生种Np-X基因组，对分布在世界范围内的102份割手密材料进行了遗传多样性分析，系统进化树和群体结构分析表明细茎野生种起源于印度北部，细茎野生种群体可以分为4个亚群，其中，亚群1与亚群2之间存在较弱的基因交流，这4个亚群之间独立演化。

研究人员开发了一种基于5号和8号染色体着丝粒区域reads覆盖度的方法来鉴定细茎野生种的染色体基数，该方法快捷、简易、准确、高效，为甘蔗遗传背景的鉴定提供了重要的策略。此外，研究人员通过对染色体基数为 $x=8$ ， $x=9$ 和 $x=10$ 的细茎野生种群体进行遗传多样性分析揭示了细茎野生种的倍性是独立演化的，并且 $x=8$ 的群体没有经历人工选择。

通过对细茎野生种有效群体大小分析表明，细茎野生种群体在12~14万年前的有效群体大小达到了最大值，而在0.8~1.4万年前经历了群体瓶颈效应，可能与当时全球气候经历新仙女木事件有关。最后，该研究系统总结了细茎野生种群体的演化规律，并提供了细茎野生种遗传背景的演化模型。

据悉，福建农林大学海峡联合研究院基因组中心张积森课题组博士生张清（目前在中国农科院深圳农业基因组研究所工作）、齐滢颖、硕士生潘浩然和基因组中心教授唐海宝为论文共同第一作者，张积森为通讯作者。（来源：中国科学报温才妃）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-022-01084-1>

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：张积森等 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](http://www.iikx.com)转发