
三维染色质结构与基因组功能及进化的关系获揭示

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18887.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！

三维染色质结构与基因组功能及进化的关系获揭示。辣椒是世界上种植最广泛的蔬菜之一，也是重要的调味料作物。近日，华南农业大学园艺学院辣椒课题组研究揭示了辣椒三维染色质结构与基因组功能及进化的关系。相关研究发表于Nature Communications。

我国辣椒生产和消费量居全球之首，种植面积超过3000万亩，产量4000多万吨，年逾700亿产值，是我国创收最大的蔬菜作物。辣椒的种质资源丰富，性状遗传多样，常规栽培种有5个，已报道的辣椒属野生种有30个以上。其基因组庞大（超过3G），结构复杂，开展辣椒基因组学研究有利于其种质资源利用以及分子设计育种。

研究人员以自主培育的优良辣椒自交系59号(Capsicum annum)为材料，首次报道了辣椒高质量染色体级别的三代拼接参考基因组，并通过整合高分辨率Hi-C图谱与表观组、转录组以及遗传变异数据，探索了其三维基因组结构的基本特征以及与基因组功能和进化的关系。

辣椒基因组虽然具有与哺乳动物类似拓扑结合域（Topologically associating domains, TADs），但其形成方式与功能并不完全一样。它们的边界是染色体重排的热点区，该区域的序列高度保守，说明它们的结构完整性对基因组功能有益。研究证实了虽然染色质构象能够广泛预测转录上的量化差异，但其并不能直接解释组织间基因差异表达。

综上所述，辣椒染色质三维结构主要由转录工厂模型介导的异染色质折叠驱动，并且这种结构是有潜在功能性，可能普遍适应于其他大型植物基因组。

据介绍，截至目前，园艺学院辣椒课题组已经收集和创制了1500余份辣椒种质资源，在本项研究工作中获得的高质量三代基因组组装和三维基因组结构解析，为辣椒重要农艺性状（辣椒素等）和杂种优势形成机理的研究以及分子设计育种提供了重要的理论和数据支撑，对后续植物三维基因组的计算建模以及基因工程技术的发展也具有重要的参考价值。

园艺学院为该论文第一完成单位，园艺学院教授陈日远课题组已毕业研究生廖毅（博士，现为美国加州大学尔湾分校岗位项目科学家）和园艺学院在读硕士研究生王钧涛（已被华南农业大学农学院录取为博士研究生）为共同第一作者，园艺学院陈长明副教授、曹必好教授和加州大学尔湾分校J. J. Emerson副教授为共同通讯作者。园艺学院雷建军教授和朱张生副教授对论文相关实验和材料给予了指导和支持。

该研究工作得到了国家自然科学基金、国家重点研发计划和广东省自然科学基金等项目的资助，也得到了加州大学尔湾分校教授Brandon S. Gaut、中国科学院动物研究所研究员陈金锋、中国农

业科学院深圳基因组所研究员周永锋、瑞士洛桑大学计算机学院刘远龙博士、加州大学伯克利分校汪鸿儒博士、约翰斯·霍普金斯大学欧树俊博士和湖南农业大学研究员刘峰的学术支持。（来源：中国科学报朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-022-31112-x>

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：曹必好等 来源：《自然—通讯》

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