
遗传发育所揭示DNA甲基化在大豆驯化改良中的变异机制

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/2032.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！

作物驯化是农业发展中最重要的事件之一。通过对野生作物的不断驯化改良，人类才得以获得符合生产生活需要的现代作物。驯化改良过程就是对作物群体基因组多样性进行选择的过程。目前对作物驯化改良的研究主要集中在对遗传变异的选择，在水平鉴定到了大量的驯化选择区间。然而，除了遗传变异，表观遗传也在植物的生长发育过程中起到非常重要的作用。迄今，关于表观遗传变异在作物驯化改良中的作用还鲜有报道。

中国科学院遗传与发育生物学研究所田志喜研究组等之前对302份大豆品种进行过重测序分析，对大豆驯化改良过程中的DNA选择区间(DNA selection region, DSR)进行了精细研究(Zhou et al., 2015 Nature Biotechnology)。在此基础上，为了探索表观变异在作物驯化改良过程中的作用，研究组成员以表观遗传信号中研究最广泛的DNA甲基化为研究对象，对包括9个野生种、12个农家种和24个栽培种在内的45个大豆品种进行了全基因组甲基化测序及分析。

通过亚群之间的甲基化水平比较，研究人员在从野生种到农家种的驯化过程和从农家种到栽培种的改良过程中分别鉴定到4248个和1164个DNA甲基化水平发生变化的差异甲基化区间(Differentially Methylated Regions, DMRs)。通过与DNA水平选择区间DSR的各项比较，发现DMR和DSR是两类完全不同的选择区间，它们长度差异显著、极少重叠、染色体分布没有相关性、基因组结构组成差异大，并且DMR含有明显高的核苷酸多态性。该结果提示大豆驯化改良过程在表观遗传水平的选择和DNA水平的选择似乎是独立进行的。进一步地，为了明确DNA甲基化的选择是否确实独立于DNA水平的选择，研究人员对DMR与其周围的遗传变异(siRNA、TE变异和SNP)进行了关联分析，发现只有22.54%的DMR能够被遗传变异所解释，说明大豆驯化改良过程中的大部分DMR确实是DNA甲基化被独立选择的结果，它们并不是遗传变异选择的副产物。对这些不与遗传变异关联的“独立”DMR的功能进行分析时发现，与“独立”DMR特别是驯化过程中的“独立”CG-DMR重叠的基因在碳水化合物通路中显著富集，并且编码通路中的所有关键调控酶。该发现为DNA甲基化在大豆驯化过程中的生物学作用提供了重要的证据。

该研究首次在群体水平对表观遗传在作物驯化中的作用进行了解析，证明DNA甲基化可以独立于DNA变异在作物驯化过程中发挥作用，提示表观遗传变异确实可以作为一种新的遗传资源，为培育更优良的作物提供新的思路。

相关论文于9月10日在线发表于Genome Biology杂志(DOI:10.1186/s13059-018-1516-z)。田志喜研究组博士申妍婷为该文章的第一作者，田志喜为文章的通讯作者。该研究得到国家自然科学基金和中科院A类战略性先导科技专项的资助。

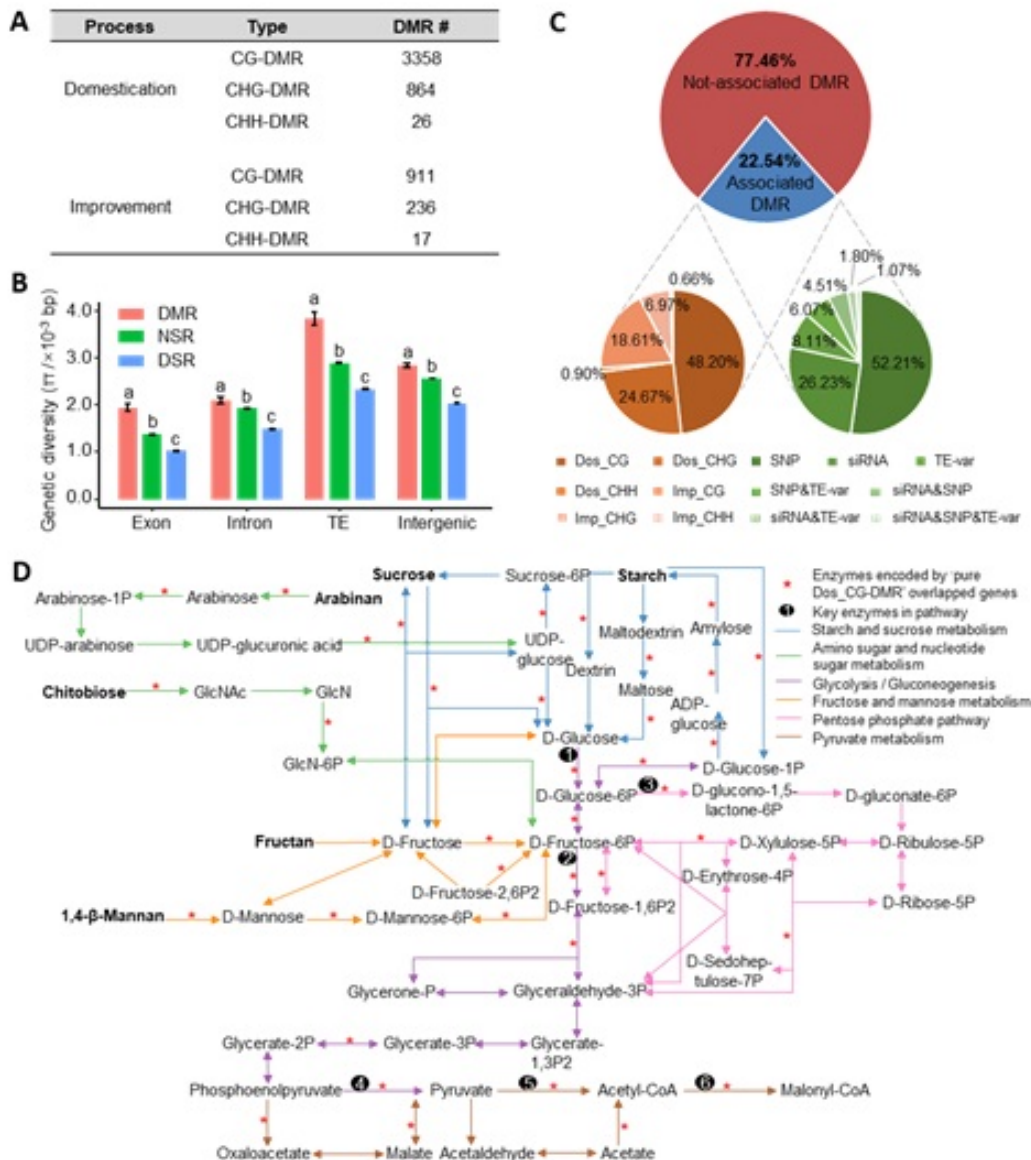


图:大豆驯化改良中的DNA甲基化变异。A:大豆驯化和改良过程中的DNA差异甲基化区间(DMR)鉴定;B:DMR具有高的遗传多样性;C:DMR与遗传变异的关联;D:与驯化过程中的“独立”CG-DMR重叠的基因在碳水化合物代谢中富集。

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