科学家成功建立多倍体植物加速演化模型

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/21428.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！

科学家成功建立多倍体植物加速演化模型。2022年12月30日，《核酸研究》(Nucleic Acids Research)在线发表了中国农业科学院蔬菜花卉研究所种质资源团队最新研究成果。他们在人工合成的萝卜×甘蓝(RRCC)异源四倍体中建立了基因组加速演化的研究模型，揭示了异源多倍体植物基因组早期演化特征，通过基因编辑促进了同祖染色体重组和染色体剔除，首次诱导了能使配子迅速降倍的次级减数分裂。同时，在精细位点上实现了基因定点转换，创制了目标位点嵌合新基因。该研究创制的人工多倍体演化模型为遗传研究和育种提供了关键平台。研制的染色体重组技术、基因定点转换和新基因诱导技术为作物基因设计提供了重要工具。

据悉，远缘杂交与多倍化是被子植物物种大爆发的主要推动力。全球半数以上的农作物及其野生近缘种经历过远缘杂交及基因组加倍。在不同类群中，基因组的重排程度差异巨大。造成这一现象的分子机制一直是生物学中的重大科学问题。虽然通过对现有物种的基因组分析提出了一些基因组演化理论，但缺乏实验验证。因此，创建一个基因组加速演化的研究模型非常重要。

十字花科包含萝卜、白菜、甘蓝、油菜、芥菜等重要的蔬菜作物、油料作物和调料作物。远缘杂交被广泛的应用于十字花科作物的种质创新和遗传育种。萝卜属和芸薹属作物分别独立进化出对方稀缺的优良性状和抗性基因。但是，属间基因组的重组困难制约了优良基因的穿梭转育，使得远缘杂交育种难以取得实质性突破。

为了解决这一问题，研究团队前期创制和引进了大量远缘杂交新种质。该研究首先对一份自交8代以上的萝卜×甘蓝(RRCC)异源四倍体基因组测序，揭示了多倍体基因组的早期演化。

结果发现，人工合成的异缘多倍体中基因组的删除速度很快，而基因组重排速度要慢得多。核心基因和高频基因倾向于保留，而特有基因和低频基因倾向于丢失。大片段的染色体删除富集在异染色质区，可能是染色体断裂产生。基因组间的转座主要发生在同源片段之间，并以短片段为主，表明基因转换是远缘杂种基因组间遗传物质转移的主要途径。

为加速基因组重排，在萝卜×甘蓝上建立了高效的基因编辑技术。通过编辑FANCM基因，提高了部分同源(homoeologous，也翻译为同祖)染色体的重组效率，并首次诱导了能使配子基因组迅速降倍的次级减数分裂。基因组降倍在远缘杂交和倍性育种上具有重要应用价值。通过编辑FLIP基因，成功实现了基因定点转换，创制了目标位点嵌合新基因。

研究结果揭示了新合成的异源多倍体基因组演化规律，首次建立了基因组加速重组、高效剔除、快速降倍的研究模型，并创建了同源基因精准转换以创造新基因的技术。该结果在多倍体人工演化研究、种质资源创新和遗传育种领域具有广阔应用前景。

当前的育种面临严峻的资源限制和技术瓶颈。如果把每个基因比作一张牌，那么一个优良的品种或一份优异的骨干亲本则是育种家幸运地抓到的一副好牌，其形成和获得具有很强的偶然性。该研究成果赋予育种家洗牌、分牌和换牌的主动权。因而，这一革命性新技术将突破亲缘关系对种质资源可用性的制约，创制具有远缘优势的新品种、新材料和新基因。

该论文第一作者为中国农业科学院蔬菜花卉研究所副研究员张晓辉及其指导的硕士研究生张双双、刘中萍。通讯作者为张晓辉和研究员王海平。该研究得到国家自然科学基金、中国农业科学院创新工程及所级青年英才等项目的资助。(来源：中国科学报 李晨)

相关论文信息：https://doi.org/10.1093/nar/gkac1209

作者：张晓辉等 来源：《核酸研究》

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