

二倍体棉花-亚洲棉（A组）基因组图谱绘制完成

文章来源：中国农业科学院棉花研究所

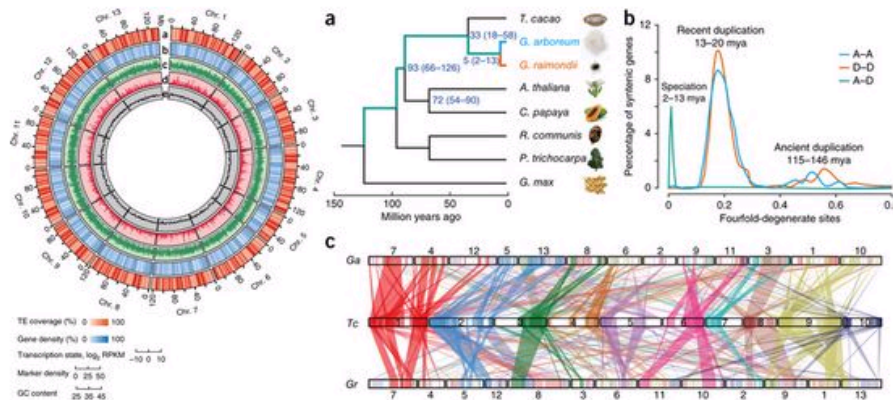
作者：冯文娟 彭军 陆才瑞

点击数： 次

发布时间：2014-05-21

【字体：大 中 小】

近日，由中国农业科学院棉花研究所主导的二倍体棉花-亚洲棉（*Gossypium arboreum*）全基因组测序及图谱绘制完成。相关研究论文已于5月18日在国际权威学术期刊《自然-遗传学（Nature Genetics）》上发表。这是我国继二倍体棉花雷蒙德氏棉基因组图谱绘制完成后，在棉花基因组学研究领域取得的又一项突破性成果。



据介绍，棉花所于2007年12月联合美国农业部南方平原农业研究中心等优势单位，率先在国际牵头启动了棉花基因组计划（Cotton Genome Project, CGP）。2012年8月完成了二倍体雷蒙德氏棉（D基因组）全基因组图谱的绘制，2014年4月，完成了二倍体亚洲棉（A基因组）全基因组测序工作，两个供体种测序的完成为四倍体棉花基因组的测序组装及进化功能分析奠定了重要基础。

在本研究中，科研人员对高纯系的亚洲棉品种-石系亚1号进行了全基因组测序，绘制出的亚洲棉基因组约为1,694Mb，利用高分辨率的遗传图谱，将90.4%的亚洲棉序列定位到13条染色体上。注释结果显示，亚洲棉含有41330个编码基因，68.5%的基因组序列是由重复序列组成的，其中95.12%为长末端重复序列（LTR）。进化分析显示，亚洲棉和雷蒙德氏棉在距今约5百万年前由同一祖先分化而来，二者的基因组在染色体水平上保留了高度的共线性，其基因数目和序列也极为相近。研究还发现，相对于雷蒙德氏棉来说，亚洲棉基因组进化过程中发生了更大规模的反转座子插入，这也是其基因组膨胀超过雷蒙德氏棉基因组（近2倍）的主要原因。上述研究结果将对人类认识棉花基因组的复杂性和棉属种间遗传多样性的产生深远影响。

此外，黄萎病是危害棉花生产的主要病害。抗病基因家族分析结果显示，相对于近缘种可可，抗病相关基因在雷蒙德氏棉基因组中发生了显著扩张，而在亚洲棉中却未发生明显变化，这可能是两个棉种黄萎病抗性存在巨大差异的重要原因，而雷蒙德氏棉中抗病基因的扩增主要是通过串联重复产生的。该发现为抗黄萎病的分子机制研究及抗病性分子育种提供了重要的遗传信息。

乙烯在促进纤维伸长方面具有重要作用。分析发现，雷蒙德氏棉和亚洲棉在纤维发育上的巨大差别可能主要缘于乙烯生物合成关键基因启动子序列的差异。雷蒙德氏棉中乙烯的过量合成和亚洲棉中乙烯合成不足都会抑制棉花纤维的正常发育。

二倍体棉花-亚洲棉（A组）基因组图谱绘制完成，对于提升我国棉花科研水平，促进高产、优质、抗逆等重要性状形成的分子机制解析和棉花新品种的分子育种选育具有重要意义。同时也为阐明棉花的起源、进化、揭示四倍体棉种及其他多倍体物种形成过程奠定了坚实的基础。

该研究是棉花所与深圳华大基因研究院、北京大学、河北农业大学、美国农业部南方平原研究中心等单位合作完成的。

相关文章

- > 棉花所3个品种入选2014年农业主导品种
- > 为了解决中国人自己的穿衣问题
- > 麻类所构建苧麻首张分子标记遗传图谱
- > 棉花所两项科研成果喜获河南省科技进步二等奖
- > 黄瓜全基因组遗传变异图谱构建完成

[网站地图](#) | [设为首页](#) | [加入收藏](#) | [联系我们](#)

主办：中国农业科学院 承办：中国农业科学院农业信息研究所 京ICP备05083737

