亮点

陆地棉基因组测序——开辟棉花育种新篇章

王莉^①, 杨维才^{②*}^① 北京大学生命科学院, 北京 100871;^② 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 北京 100101

* 联系人, E-mail: wcyang@genetics.ac.cn

收稿日期: 2015-04-25; 接受日期: 2015-04-28; 网络版发表日期: 2015-04-29

doi: 10.1360/N052015-00126

来自中国农业科学院棉花研究所的棉花基因组测序团队, 联合北京大学、武汉大学、华大基因、美国农业部南方平原研究中心以及河北农业大学等研究单位, 综合利用第二代高通量测序技术并结合 BAC 末端大片段测序方法, 完成了世界上最重要的棉种陆地棉(*AtDt* 基因组)的全序列测定和组装, 结束了棉花没有参考基因组图谱的历史. 研究结果已于 2015 年 4 月 20 日在线发表在 *Nature Biotechnology*^[1] 上, 这是该团队继 2012 年发表二倍体雷蒙德氏棉基因组^[2]和 2014 年发表二倍体亚洲棉基因组^[3]之后, 在棉花基因组学领域的又一重要突破, 开启了棉花基因组学研究的新篇章. 棉花基因组的解析, 对棉花产量和品质形成生物学机制的深入研究、优异基因的选择和利用、高通量基因分型及建立更加有效的育种策略奠定了坚实基础.

我国是世界上最大的纺织品生产国和消费国, 棉花作为我国最重要的经济作物之一, 在国民经济中具有十分重要的地位. 目前, 我国原棉生产面临总量严重不足、品质偏差和生产成本上升等问题, 尤其是适纺高档棉纱的优质原棉, 几乎全部依赖进口. 同时, 我国人口众多, 耕地资源十分有限, 粮食生产压力很大. 因此, 通过分子育种和栽培手段提高棉花的单产和品质, 实现我国棉花产量、品质和机采性的同步提高, 对我国纺织业持续健康发展, 具有非常重要的意义.

棉花也是研究细胞伸长、多倍体化和细胞壁合成机制极好的模式系统. 纤维的长度决定着棉花的质量, 每个胚珠表面的纤维细胞的数量又决定着棉花的产量^[4]. 与大多数作物一样, 棉花的产量和品质性状为多基因控制的数量性状, 利用传统育种技术改良棉花品种产量和品质的潜力已十分有限. 近年来, 基因组学和遗传学研究促进了对作物基因组结构和功能的认识, 将基因组学研究中获得的新知识与传统育种方法相结合已成为打破传统育种瓶颈的有效手段. 水稻基因组的解析加速了水稻分子育种进程, 一直以来, 由于棉花没有参考基因组图谱, 这方面的研究进展缓慢.

我国科学家在棉纤维发育调控机理方面有很好的基础, 发现乙烯、赤霉素等植物激素调控了棉花纤维的起始和伸长^[5-7]. 通过比较两个二倍体棉花和四倍体棉花不同纤维发育时期乙烯代谢通路的基因组差异和其他详细的实验证据, 证实乙烯在调控纤维伸长的双向调节假说——纤维伸长发育过程中, 过多乙烯和乙烯不足都会抑制棉纤维的伸长. 陆地棉基因组的解析和比较基因组学研究, 首次从全基因组水平揭示了四倍体棉花是由 A 基因组的祖先和 D 基因组的祖先通过染色体融合而形成的进化规律. 该成果为棉花重要农艺性状分子机制的解析、基因资源挖掘与利用、异源多倍体的形成及演化规律等多个研究领域提供良好的依据, 无疑将进一步促进我国

引用格式: 王莉, 杨维才. 陆地棉基因组测序——开辟棉花育种新篇章. 中国科学: 生命科学, 2015, 45: 517–518

Wang L, Yang W C. Genome sequencing of *Gossypium hirsutum*: the beginning of cotton molecular breeding. SCIENTIA SINICA Vitae, 2015, 45: 517–518, doi: 10.1360/N052015-00126

科学家在棉纤维发育和重要农艺性状等方面的基础研究。

高质量的棉花基因组参考序列的完成, 将推动快速 DNA 序列测定的基因分型技术和全基因组关联研究的发展, 进而显著促进棉花遗传学研究的发展。对目标性状基因型或基因的鉴定, 是作物改良中应用遗传学和功能基因组学的一大挑战。通过遗传学和分子标记方法, 获得决定棉花品质和产量的功能分子标记, 育种家可以利用功能标记在系谱和群体中追踪特定等位基因, 用于对亲本的选择和对难以鉴定表型选择性状位点的加速选择。在前期的研究中, 由于棉花核心种质的遗传范围比较窄, 可供利用的分子标记非常有限, 因此, 这方面的进展一直缓慢。

随着这 3 个重要棉种全基因组测序的完成, 大量的全基因组分子标记已经被开发出来, 可以十分有效地解决这一难题。分子标记因其数量巨大, 且不受基因表达时间、显隐性关系和环境条件的影响, 会大大提高育种选择的准确性, 缩短育种周期, 提高选择效率。相信在不远的将来, 将会有大量的棉花功能分子标记被育种家所采用。建立在基因组学研究基础上的分子标记辅助设计育种和常规育种相结合, 也将是未来作物育种研究的必然发展方向。随着棉花基因组学、转录组学、蛋白质组学等方面知识的快速积累, 这些知识与棉花育种学的交叉和结合将会逐步加快、最终必然使棉花基因组学辅助育种从理论走向实践。

参考文献

- 1 Li F G, Fan G Y, Lu C R, et al. Genome sequence of cultivated Upland cotton (*Gossypium hirsutum* TM-1) provides insights into genome evolution. Nat Biotechnol, 2015, doi: 10.1038/nbt.3208
- 2 Wang K B, Wang Z W, Li F G, et al. The draft genome of a diploid cotton *Gossypium raimondii*. Nat Genet, 2012, 44: 1098–1103
- 3 Li F G, Fan G Y, Wang K B, et al. Genome sequence of the cultivated cotton *Gossypium arboreum*. Nat Genet, 2014, 46: 567–572
- 4 Zhu Y X, Li F G. The *Gossypium raimondii* genome, a huge leap forward in cotton genomics. J Intergr Plant Bio, 2013, 55: 570–571
- 5 Shi Y H, Zhu S W, Mao X Z, et al. Transcriptome profiling, molecular biological, and physiological studies reveal a major role for ethylene in cotton fiber cell elongation. Plant Cell, 2006, 18: 651–664
- 6 Shan C M, Shanguan X X, Zhao B, et al. Control of cotton fiber elongation by a homeodomain transcription factor GhHOX3. Nat Commun, 2014, 5: 5519
- 7 Pei Y. The homeodomain-containing transcription factor, GhHOX3, is a key regulator of cotton fiber elongation. Sci China Life Sci, 2015, 58: 309–310