

重庆绘就全球首张家蚕超级泛基因组图谱

率先创建“数字家蚕”基因库,开启家蚕分子育种新纪元

本报讯 (重庆日报记者 李志峰)重庆在家蚕基因组研究方面再获重大突破。10月9日,西南大学家蚕基因组生物学国家重点实验室主任、国家蚕桑产业技术体系首席科学家代方银教授团队发布消息称,该团队已完成家蚕大规模种质资源基因组解析,成功绘就全球首张家蚕超级泛基因组图谱,并率先创建“数字家蚕”基因库,开启家蚕分子育种的新纪元。

代方银表示,超级泛基因组是一个物种所有基因组信息的总和,它比单一参考基因组涵盖更多的遗传多样性。因此,绘就家蚕超级泛基因组图谱,对深化功能基因组研究、种质创新等意义重大。

为了全面反映桑蚕的所有基因组信息,从2019年开始,该研究团队对1078份各类蚕种质资源进行了深度二代测序,并对其中545份代表性资源进行了三代测序,鉴定4300余万个SNP(单核苷酸多态性)、930余万个Indel(插入缺失标记)、340余万个结构变异和7308个新基因(家族),由此绘制了一个高精度家蚕泛基因组图谱。

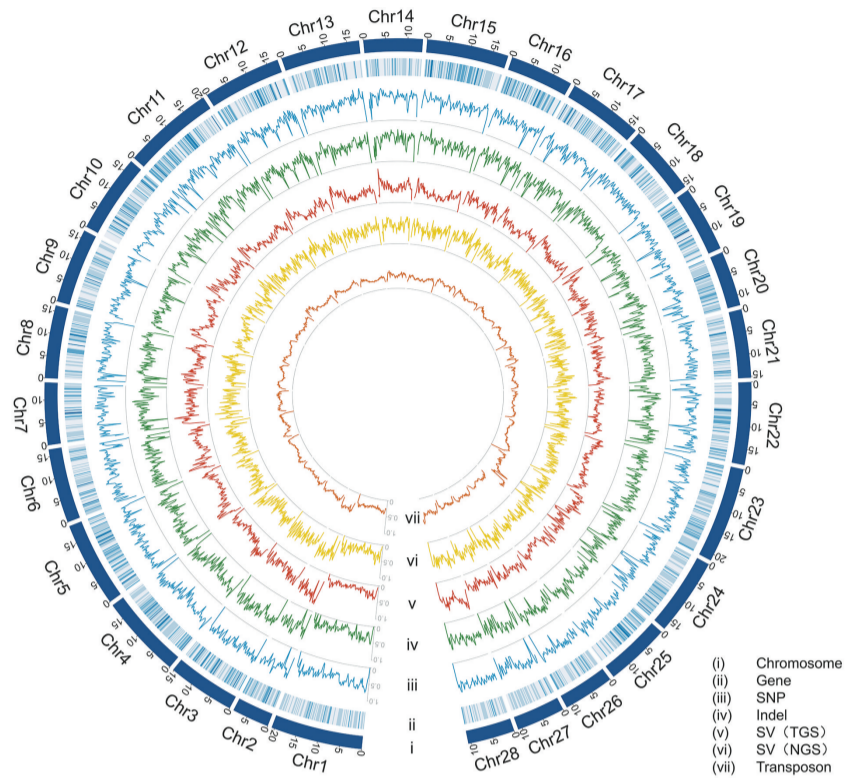
“团队完成基因组测序的家蚕材

料,涵盖全世界90%以上的家蚕代表性种质资源。”著名蚕遗传育种专家、中国工程院院士向仲怀表示,这些材料含有丰富的表型多样性,包括不同蚕丝产量质量、生长发育、抗病抗逆、体型体色等。

因此,“数字家蚕”基因库就像一本完整的参考书。以前,科学家们鉴定家蚕特定性状的基因或研究其因果变异时,犹如“大海捞针”。现在,“数字家蚕”基因库里的超级泛基因组为他们提供了“精细网格化”的“坐标”指导。科学家要揭秘家蚕的特征特性,就像是“查字典”,可以快速、精准地找到负责表型的基因组序列。

业内人士称,家蚕含有大量具有重要经济价值的素材,具有广食性、抗病抗逆、高转化率等特性,应用家蚕超级泛基因组可规模化挖掘家蚕重要经济性状相关序列,对家蚕设计育种具有强有力的支撑作用。

据悉,该研究成果的相关论文于今年9月24日在国际名刊《自然通讯》在线发表。论文评审专家认为,该超级泛基因组囊括了目前最全面的家蚕和野桑蚕基因组信息,是迄今为止全球动植物领域最大的长读长泛基因组。



家蚕超级泛基因组图谱。

重庆日报记者 郑宇 摄

家蚕起源于黄河中下游地区

——西南大学研究团队详解家蚕超级泛基因组图谱

重庆日报记者 李志峰



10月9日,西南大学,家蚕超级泛基因组项目成员正在检测基因表达情况。
重庆日报记者 郑宇 摄

家蚕的起源地,到底是单起源中心还是多起源中心?

长期以来,家蚕起源于中国野桑蚕的观点在学界早已达成共识,但是家蚕起源于我国什么地方依然存在争议。

10月9日,西南大学家蚕基因组生物学国家重点实验室主任、国家蚕桑产业技术体系首席科学家代方银教授,在详细介绍该团队绘就的全球首张家蚕超级泛基因组图谱时表示,该项研究比较了千余个蚕的基因组信息,最终论证得出了家蚕起源于黄河中下游地区这一结论。这与山西夏县出土的半颗蚕茧、石雕蚕蛹等考古学发现不谋而合,在考古论证的基础上,完善了生物学的论证。

研究的家蚕品种涵盖四大地理系统,并在西藏发现野桑蚕

业界早有定论,家蚕起源于我国,由古野桑蚕驯化而来,具有5000多年的驯养历史。但其驯化起源地却长期悬而未决,特别是缺乏有力的生物学证据。

“在这张家蚕超级泛基因组图谱中,我们公布的样本有1078个,包括47个野桑蚕、205个家蚕地方种、194

个实用种和632个突变体。”代方银表示,以前的家蚕群体基因组学研究样本,样本数目都只有几十个或100多个,而且都是基于二代测序技术,获得的信息有限。而本项目的测序样本数超过了1000份,且全部进行了深度二代测序,从而获得了最广泛的家蚕遗传变异信息。

据了解,本次公布数据的材料主要包括家蚕和野桑蚕。“野桑蚕是家蚕的祖先,主要分布在中国及中国以外的东亚和南亚部分地区。而家蚕在长期的驯化和饲养过程中,也形成了具有各种地理特性的地方品种。”西南大学家蚕基因组生物学国家重点实验室童晓玲教授介绍,本项目研究的野桑蚕来源广泛,包括西藏自治区、辽宁省、云南省,以及日本的冲绳、坂户地区,涵盖了四大地理系统种:中国系统种、欧洲系统种、热带系统种和日本系统种,此外,还包括大量蕴含巨大科学研究价值的突变体资源。

“在这当中,亚洲、欧洲系统种占了主导地位,但热带系统种由于独特的气候条件,也对我们研究家蚕生态适应性性状提供了极大的参考意义。”童晓玲透露,特别值得一提的是,2019年,她还在西藏专门搜集到了此前从未被发现过的西藏野桑蚕,丰富了野桑蚕样本。

“研究发现,黄河中下游地区的地方种分布在进化树上家蚕分支的基部,表明家蚕最早起源于黄河中下游地区。”代方银表示,1926年在山西夏县西阴村出土的半颗蚕茧、2019年在夏县师村出土的石雕蚕蛹等考古证据,都为此结论提供了重要的佐证。

构建“数字家蚕”基因库,可快速精准找到性状的关键控制基因

泛基因组是指一个物种内所有基因组信息的总和,它比单一参考基因组涵盖了更多的遗传多样性。在著名蚕遗传育种专家、中国工程院院士向仲怀看来,这个高精度家蚕泛基因组图谱构建了“数字家蚕”基因库,实现了家蚕这个物种遗传信息的数字化——“数字家蚕”。

“数字家蚕”有什么用?“通过这张图,我们可以直接对接表型和基因组密码。”代方银打了一个比方,以前鉴定特定性状的基因或其因果变异犹如“大海捞针”,现在则可谓“瓮中捉鳖”,因为超级泛基因组为此提供了“精细网格化”的“坐标”指导,对于行家里手来说就像是“查字典”。

代方银进一步解释说,长期以来,家蚕育种选择的主要目标经济性状是蚕丝相关性状,如蚕丝产量和品质性状。然而,迄今为止对这类属于数量遗传性状的控制基因和位点知之甚少。而泛基因组则相当于连接表型特别是复杂性状和序列之间“最近的桥”。在这项研究中有一个案例——转录因子BmE2F1可调控家蚕蚕丝产量。通过敲除该转录因子后,蚕的丝腺细胞数减少了7.68%,产丝量减少22%。而如果增加该转录因子的表达量,丝腺细胞数则增加了23%,产丝量增加16%。

代方银进一步解释,“数字家蚕”类似于一部家蚕遗传多样性字典,可帮助我们快速、精准地找到控制家蚕产丝

量、丝纤度、胚胎滞育、昆虫警戒色代表模式等重要性状的控制基因或关键基因。

超级泛基因组将推动家蚕育种优良基因挖掘进入快车道

西南大学该项研究团队专家介绍,早在20世纪初就开展了遗传学理论指导下的家蚕育种研究和应用,但直到现在,家蚕的一些关键经济性状,尤其是蚕丝产量,已进入了改良的平台期。“从世界范围来看,自20世纪八九十年代以来,蚕丝产量已经没有明显提升,高产超高产新品种培育也陷入了停滞,这极大限制了蚕桑产业效益的进一步提升。”代方银表示。

对于此次发布的家蚕超级泛基因组图谱,国际名刊《自然通讯》论文评审专家认为,该超级泛基因组一方面囊括了目前最全面的家蚕和野桑蚕基因组信息,是迄今全球动植物领域最大的长读长泛基因组;另一方面,其检出了家蚕这一物种的几乎全部的变异信息,将推动家蚕育种优良基因挖掘进入快车道,并真正开启家蚕分子育种的新时代。

“我们前期研究揭示的大量驯化和改良相关的基因和基因组结构变异以及蚕丝产量和丝纤度的控制基因,对家蚕现代分子育种具有重要价值。”代方银称,此外,家蚕含有大量具有重要经济价值的素材,如广食性、抗病抗逆、高转化率、快生长、天然彩色茧家蚕等,应用家蚕超级泛基因组可规模化挖掘家蚕重要经济性状相关序列,对家蚕设计育种具有强力支撑和推动作用。