

# 基于转录组、异位表达和遗传群体分析发掘棉花纤维品质改良候选基因

## Transcriptome, ectopic expression and genetic population analysis identify candidate genes for fiber quality improvement in cotton

刘正文, 孙正文, 柯会锋, 陈斌, 谷淇深, 张冬梅, 王国宁, 吴立强, 张桂寅, 张艳, 王省芬, 马峙英\*

(华北作物改良与调控国家重点实验室 / 教育部华北作物种质资源重点实验室 / 河北农业大学, 河北保定 071001)

**摘要:** 陆地棉 (*Gossypium hirsutum*) 和海岛棉 (*G. barbadense*) 是目前栽培范围最广的 2 个棉种, 陆地棉产量高但纤维品质不及海岛棉, 海岛棉纤维品质优异但产量低。分析比较海岛棉和陆地棉纤维转录组, 挖掘棉纤维发育相关基因, 有利于明确优质棉纤维形成的分子机理, 同时为分子育种提供候选基因, 以实现高产、优质性状的有效聚合。基于此, 本课题组采集海岛棉品种 Pima 90-53 和海 7124 开花当天 (0 DPA) 的胚珠以及开花后 5 d、10 d、15 d、20 d、25 d、30 d 的纤维构建文库进行 RNA-seq, 分析鉴定海岛棉纤维伸长和次生壁加厚优势表达基因, 解析优质棉纤维形成的分子机理; 以陆地棉品种邯优 405 和农大棉 13 号的胚珠 / 纤维转录组为对照, 筛选海岛棉纤维伸长和次生壁加厚优势表达基因中的海陆差异表达基因, 挖掘棉纤维品质改良候选基因。在海岛棉中鉴定到 759 个与 0 DPA 的胚珠相比在 5、10、15 DPA 的纤维中皆上调表达的差异基因, 分析其在棉纤维发育中的表达模式, 确定了 346 个仅在伸长期上调表达的“海岛棉纤维伸长优势表达基因”, 进一步鉴定到 42 个与陆地棉相比在海岛棉 5、10、15 DPA 的纤维中皆上调表达的差异基因, 可作为棉纤维长度改良的候选基因。42 个基因中包括多个众所周知的棉纤维发育相关基因, 在拟南芥中过表达 *GbAAR3* 和 *GbTWS1* 导致转基因拟南芥叶片表皮毛及暗生长的下胚轴细胞显著伸长, 进一步表明其重要性。在海岛棉中鉴定到 2 275 个与 0 DPA 的胚珠相比在 20、25、30 DPA 的纤维中皆上调表达的差异基因, 并通过分析其表达模式筛选出 647 个仅在次生壁加厚期上调表达的“海岛棉纤维次生壁加厚优势表达基因”, 进一步从 647 个基因中鉴定到 48 个与陆地棉相比在海岛棉 20、25、30 DPA 的纤维中皆上调表达的差异基因, 作为棉纤维次生壁加厚期品质改良的候选基因。基于海岛棉和陆地棉参考基因组序列差异, 成功开发其中 39 个基因的单核苷酸多态性 (SNP) 分子标记, 能够准确快速区分海岛棉和陆地棉直系同源基因。在此基础上使用 39 个分子标记对本课题组前期构建的海陆回交 BC<sub>3</sub>F<sub>5</sub> 群体进行基因分型, 分析表型数据发现本研究所鉴定的次生壁加厚期相关棉纤维品质改良候选基因对陆地棉的转移渐渗能够增强棉纤维断裂比强度。

**关键词:** 棉花; 纤维发育; 比较转录组学; 异位表达; 标记开发; 断裂比强度

\* 通信作者: mzhy@hebau.edu.cn

基金项目: 河北省自然科学基金 (C2022204205); 国家重点研发计划 (2022YFF1001403); 河北省重点研发计划 (21326314D)