

# 全基因组关联分析揭示新的棉花抗蚜 SNPs 和基因

## Genome-wide association study reveals novel SNPs and genes in *Gossypium hirsutum* underlying *Aphis gossypii* resistance

杨君,张慧敏,陈昊楠,孙正文,柯会锋,王国宁,孟成生,吴立强,张艳,王省芬,马峙英\*

(华北作物改良与调控国家重点实验室/河北省棉花产业协同创新中心/河北农业大学,河北保定 071001)

**摘要:**棉蚜(*Aphis gossypii*)是一种刺吸式口器害虫,广泛分布于全球棉花种植区。棉花抗蚜基因型鉴定和抗性改良品种培育对可持续农业发展具有重要意义。本研究采用非选择性取食法对 200 份陆地棉(*Gossypium hirsutum*)种质的抗蚜性进行了测定。研究结果表明棉蚜在不同棉花种质上的繁殖规模差异较大,据此构建了以相对蚜虫繁殖指数(relative aphid reproduction index, RARI)为指标的棉花抗蚜性评测体系,将所测陆地棉种质的抗蚜性水平划分为 6 个等级,其中 19 份被定义为高抗种质。进一步分析发现,棉花抗蚜性与棉花地理分区之间没有明显的相关性,也与棉纤维品质指标之间没有显著相关性。然而,对棉蚜中感水平以上(中抗、抗、高抗)的棉花种质,其棉蚜抗性水平与黄萎病抗性之间呈显著正相关关系。以农大棉 8 号为参考基因组,通过全基因组关联分析(genome-wide association study, GWAS),在 3 次重复试验中共鉴定到 176 个与 RARI 显著相关的 SNPs,分布于 17 条染色体上,包括 A01、A02、A03、A05、A06、A07、A08、A10、A11、A13、D02、D04、D05、D06、D08、D12 和 D13。其中 A08 染色体关联到大量的 SNPs,可能由较高的连锁不平衡导致。SNP1(A08:63757562)具有最高的关联期望值 $[-\log_{10}(p\text{-value})]$ ,被开发成 CAPS(cleaved amplified polymorphic sequence)标记用于棉花抗蚜性鉴定的基因分型。在 SNP1 上下游 325 kb 区域内鉴定到 4 个与棉花抗蚜性相关的基因,包括 *GhRem*(remorin-like)、*GhLAF1*(long after far-red light 1)、*GhCFIm25*(pre-mRNA cleavage factor Im 25 kDa subunit)和 *GhPMEI*(plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein)。它们受蚜虫侵染诱导表达,且表达量在抗感棉花品种间差异显著。沉默 *GhRem*、*GhLAF1* 或 *GhCFIm25* 均能显著增加棉苗上蚜虫的繁殖数量。特别是沉默 *GhRem* 能显著降低胼胝质在棉花叶片中的沉积,表明其介导的棉花抗蚜功能与调控胼胝质沉积相关。本研究结果为了了解棉花抗蚜的遗传调控提供了新的思路,并为棉花品种抗蚜改良和选育提供了候选种质、SNPs 和基因。

**关键词:**陆地棉;棉蚜;抗蚜;全基因组关联分析

---

\* 通信作者:mzhy@hebau.edu.cn