

转录组、sRNA 及降解组测序分析表明 miRNA 调节 CMS 棉花的花药发育

李永旗^{1,2}, 聂太礼², 张梦¹, 张学贤¹, Kashif Shahzad¹, 郭立平¹, 戚廷香¹, 唐会妮¹, 王海林¹, 乔秀琴¹, 冯娟娟¹, 吴建勇^{1*}, 邢朝柱^{1*}

(1. 中国农业科学院棉花研究所 / 棉花生物育种与综合利用全国重点实验室, 河南 安阳 455000;

2. 江西省经济作物研究所, 江西 九江 332105)

Integrated sequencing analysis of transcriptome, small RNA and degradome reveal that micro-RNAs regulate anther development in CMS cotton

Li Yongqi, Nie Taili, Zhang Meng, Zhang Xuexian, Kashif Shahzad, Guo Liping, Qi Tingxiang, Tang Huini, Wang Hailin, Qiao Xiuqin, Feng Juanjuan, Wu Jianyong*, Xing Chaozhu*

摘要: 细胞质雄性不育(CMS)是棉花杂种优势利用的重要表型性状,它的利用可以降低制种成本,提高制种纯度。miRNA 在植物花粉发育中起着至关重要的作用。为了阐明 miRNA- 靶基因在棉花不育系 ganmian15A 及其保持系 ganmian15B 中的作用,本研究对 2 个材料在花粉败育时期(3~4 mm 花蕾时期)的花药进行了转录组、sRNA 及降解组测序。结果显示, ganmian15A 与 ganmian15B 中共有 339 个已知的 miRNA 和 961 个保守的 miRNA,其中 124 个 miRNA 在 2 个材料间差异显著。通过多组学联合分析,鉴定了 11 对与花粉发育相关的 miRNA- 靶基因。其中,9 个 miRNA(4 个新的和 5 个已知的)首次被发现与棉花 CMS 的发生有关。miRNA38 和 miRNA23 的靶基因与花粉发育时期的细胞壁发育有关,它们可能通过延缓绒毡层细胞降解而在棉花的 CMS 中发挥重要作用。该发现揭示了 CMS 发生的遗传调控新机理,这将有助于棉花新不育系的选育。

关键词: 细胞质雄性不育系(CMS);棉花;降解组;miRNA

* 通信作者: 吴建勇, dr.wujianyong@live.cn; 邢朝柱, chaozhuxing@126.com.

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFD0101414)