
罂粟植物新药研发获重要数据

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12292.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

罂粟植物新药研发获重要数据。



罂粟又名鸦片罂粟，是全球重要的药用植物之一。罂粟植株所含生物碱种类达100多种，其中五大主要成分吗啡、可待因、蒂巴因、那可丁和罂粟碱是医药工业中用于合成麻醉品、止痛药、安眠药和镇定药物的重要生物碱。此外，它还产生其他一些苄基异喹啉生物碱（BIAs），具有强有力的药理学特性。

目前，罂粟已经成为研究BIAs生物合成的模式植物。但因罂粟中的吗啡具有极易成瘾性，是制备阿片类毒品的主要原材料。因此，在一些国家，尤其在我国，罂粟的种植和运输受到严格管控。

但另一方面，我国在麻醉剂、止痛药方面的需求缺口较大，例如吗啡当量需求缺口高达84%。因此，通过分子标记辅助育种开发不产吗啡而生产具有其他重要药用成分的罂粟品种，或高产吗啡的罂粟新品种是罂粟遗传育种的重要研究方向。

可喜的是，近日，河北医科大学、中国工程院院士丛斌，公安部物证鉴定中心裴黎、王白石博士课题组通过综合利用二代Illumina测序和Hi-C技术，获得了一个2.62 Gb中国本土罂粟（CHM）参考基因组。并基于已发表的高那可丁罂粟品种（HN1）三代测序基因组数据将获得基因组挂载到了11条拟染色体上，最长scaffold为287.96Mb，superscaffolds N50为227.38Mb，重复序列占基因组的比例约为65.79%。通过BUSCO评估，该研究获得CHM基因组组装结果（96.4%）较HN1更为完整（93.1%）。该研究注释得到了79,668个蛋白编码基因，功能注释率为88.9%，而HN1为68.8%。研究应用获得的CHM基因组更新了HN1基因组数据并进行了共线性分析。相关研究发表在《园艺研究》上。

Pei et al. *Horticulture Research* (2021)8:5
<https://doi.org/10.1038/s41438-020-00435-5>

Horticulture Research
www.nature.com/hortres

ARTICLE

Open Access

Genome and transcriptome of *Papaver somniferum* Chinese landrace CHM indicates that massive genome expansion contributes to high benzyloisoquinoline alkaloid biosynthesis

Li Pei¹, Baishi Wang^{1,2}, Jian Ye¹, Xiaodi Hu³, Lihong Fu², Kui Li³, Zhiyu Ni^{2,4}, Zhenlong Wang⁵, Yujie Wei⁶, Luye Shi⁵, Ying Zhang¹, Xue Bai¹, Mengwan Jiang⁵, Shuhui Wang⁷, Chunling Ma², Shujin Li², Kaihui Liu¹, Wanshui Li¹ and Bin Cong²

Abstract

Opium poppy (*Papaver somniferum*) is a source of morphine, codeine, and semisynthetic derivatives, including oxycodone and naltrexone. Here, we report the de novo assembly and genomic analysis of *P. somniferum* traditional landrace 'Chinese Herbal Medicine'. Variations between the 2.62 Gb CHM genome and that of the previously sequenced high noscapine 1 (HN1) variety were also explored. Among 79,668 protein-coding genes, we functionally annotated 88.9%, compared to 68.8% reported in the HN1 genome. Gene family and 4DTv comparative analyses with three other Papaveraceae species revealed that opium poppy underwent two whole-genome duplication (WGD) events. The first of these, in ancestral Ranunculales, expanded gene families related to characteristic secondary metabolite production and disease resistance. The more recent species-specific WGD mediated by transposable elements resulted in massive genome expansion. Genes carrying structural variations and large-effect variants associated with agronomically different phenotypes between CHM and HN1 that were identified through our transcriptomic comparison of multiple organs and developmental stages can enable the development of new varieties. These genomic and transcriptomic analyses will provide a valuable resource that informs future basic and agricultural studies of the opium poppy.

研究人员对罂粟科植物的基因家族和4DTv比较分析表明，罂粟共经历了两次全基因组复制（WGD）事件。远期的WGD为远古毛茛目植物共有，与特征性次级代谢产物产生和抗病性相关的基因家族得到了扩张，而近期由转座因子介导的物种特有WGD导致了罂粟基因组的大规模扩张，这可能是罂粟自身较大基因组以及BIAs生物碱含量大量生成和积累的主要原因。

此外，研究人员还通过对CHM和HN1的多部位和发育阶段的转录组比较，发现两者间存在着与农艺性状相关的基因结构变异，揭示了罂粟新品种形成的遗传学机制。

业内人士表示，该研究为今后罂粟的新品种构建，罂粟植物源性新药研发提供重要基础数据，具

有很高的科学价值。

据悉，该研究得到了国家自然科学基金和中央级公益性科研院所基本科研业务费基金的资助。（来源：中国科学报张思玮）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41438-020-00435-5>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：裴黎等 来源：《园艺研究》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发