
重拾“记忆”：突破小麦D基因组改良瓶颈

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/16782.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！

重拾“记忆”：突破小麦D基因组改良瓶颈。

节节麦 受访者供图

在小麦驯化过程中，人们曾因过度追求某些性状（如产量、面粉品质等）而弄丢了另一些重要基因。同时，育种过程中长期使用骨干亲本，多倍化和进化的瓶颈导致其遗传基础日益狭窄，与A、B亚基因组相比，小麦D亚基因组的遗传多样性尤其匮乏。

为找回小麦D基因组里那些拥有优良性状的美好记忆，河南大学省部共建作物逆境适应与改良国家重点实验室教授宋纯鹏团队对小麦‘祖先物种’——节节麦进行了系统研究，完成了代表性节节麦高质量参考基因组图谱，构建了节节麦基因组和表型组数据库，结合远缘杂交和快速渐渗方法，实现了节节麦99%以上遗传多样性向普通小麦的转移，创制了节节麦—小麦的人工合成八倍

体和渐渗系库，为实现小麦D基因组从头驯化奠定了系统的方法学和遗传材料基础。相关研究已在《自然—植物》《遗传学报》等杂志发表。

起底恶草

这就是节节麦。河南大学周云博士指着几盆不起眼的杂草对《中国科学报》说，它既被人们视为恶性杂草，同时也是小麦D基因组遗传改良的基因‘宝库’。

节节麦是禾本科山羊草属一年生草本植物，起源于亚洲西部里海沿岸，在中国分布于陕西、河南、山东等地。因为有着超强的繁殖和适应能力，它很快就能称霸田间地头。尽管在普通人眼里，节节麦是种顽劣难除的杂草，但它却成为植物学家实验室的常客。

周云解释说，在普通小麦起源过程中，涉及3个二倍体祖先种。大约50万年前，乌拉尔图小麦（AA）与拟斯卑尔托山羊草（SS BB）杂交，形成四倍体小麦（AABB）。随后在大约1万年前，四倍体小麦与节节麦（DD）第二次杂交，形成了现在的六倍体小麦，为AABBDD基因组。

节节麦是六倍体小麦D亚基因组的野生祖先种，但只有极少数节节麦品系参与了早期六倍体小麦形成。河南大学作物逆境适应与改良国家重点实验室李浩博士告诉《中国科学报》。

借助简化基因组测序技术，研究人员将全球208个节节麦群体（包含104个中国节节麦）分为两个大类、6个亚群。明确了中国分布的节节麦含有4个亚群，并推测至少有3种传播路线或事件发生。研究人员还建立了基于SNP（单核苷酸多态性）、染色体核型和节节麦穗型的综合分类标准，构建了包含1245份非冗余节节麦种质的数据库。

这些研究为全球节节麦种质资源的有效和合理挖掘利用提供重要启示。宋纯鹏对《中国科学报》说，同时，我们也提出一个问题，既然极少数节节麦品系参与了现代小麦的起源，那么野生节节麦庞大的基因库是不是对于现代小麦改良具有价值？

打开宝库

小麦的基因非常‘抱团’。周云说，这种特性让小麦在驯化过程中，丢失了一些其他优良品性，比如，抗病、抗虫、抗逆性。

上世纪五六十年代，小麦条锈病肆虐，当时药物防治基本无效，我国西北小麦产区减产30%。中科院院士、小麦远缘杂交奠基人李振声用小麦和偃麦草杂交，培育出抗锈病菌的八倍体小偃系列。

偃麦草是小麦近缘物种，而节节麦是小麦的祖先物种，就像器官移植一样，小麦不‘排斥’节节麦基因组，进行杂交育种的难度相对较小，成功的几率也更大。

另一方面，节节麦被视为难以清除的恶草，说明其生存能力、适应能力超强，其携带的基因很可能有某种抗逆性状。

野生节节麦群体是小麦D亚基因组改良的种质资源库。找回小麦驯化过程中丢掉的基因，可以用来培育抗逆品种，或者获得一些现代小麦原来没有的品性。李浩说，现在带有原始D基因组的野生六倍体小麦已经找不到了，只能在祖先种节节麦中寻找。

确定了节节麦的重要价值，团队就开始进行节节麦的基因组和比较基因组研究。先后组装了4个新参考基因组，重新测序了278个节节麦品系，结合普通小麦和节节麦的代表性基因组进行比较基因组分析，鉴定出了代表性节节麦中蕴含着非常丰富的基因变异，并且发现大多表现与抗逆相关的基因功能。因而，这些基因变异和结构变异都可能引起小麦品性的变化，是将来潜在用于小麦遗传改良的重要遗传资源。

基于全基因组的分析结果，科研人员构建了节节麦的核心种质，涵盖了该物种整体99%以上的遗传变异。同时，为加速节节麦优良基因资源在现代小麦D基因组改良中的应用过程，建立了快速基因渗入平台，他们把世界范围内的节节麦和现代小麦品种进行远缘杂交，创制了一百多套节节麦—小麦合成八倍体库，将节节麦的整体遗传变异转移到优势小麦上，丰富小麦D基因组改良的种质资源库。

建成八倍体库是实现小麦D基因再驯化的第一步，也是最关键的一步。完成这一步，将节节麦的优良基因带入小麦就成为可能。宋纯鹏说，我们为利用全球节节麦基因资源提供了一种方法学、材料基础和基因资源库。海内外研究人员如果想利用节节麦种质资源进行研究都可以来跟我们合作。

重新出发

中国是小麦种植面积最大的国家，祖先种节节麦种质品系也很多，想弄清其D基因的价值，就要从基因组层面去分析。宋纯鹏说，我们现在重点做两件事，一是让节节麦带有的丰富D基因资源引入到现代小麦中，丰富现代小麦品种的基因多样性。二是把小麦驯化过程中丢掉的一些基因‘捡回来’，让小麦的D基因组回到原始状态，实现小麦D基因的从头驯化。

完成小麦的参考基因组图谱，该团队对全球节节麦进行测序、组装，通过比较基因组学研究，看它是否具有价值。

节节麦具有丰富的基因组水平的遗传多样性，理论上有着非常重要的应用价值。周云说。

建成八倍体基因库后，团队利用快速渐渗技术，不断进行回交和自交，创制节节麦和小麦的渐渗系，一套完整的渐渗系（一种节节麦和一个小麦）将形成近1万个基因组合的株系库。目前，该团队正在陆续创制全球范围内100多种节节麦全基因组的小麦渐渗系库。

在河南大学抗逆改良中心高通量作物表型平台高大的人工气候室内，一排排挺拔的小麦和低矮的节节麦相映成趣。

尽管我们已经通过创制起来的快速渐渗和加代等技术，改进了传统的节节麦优良基因深入到现代小麦的路线，但是把丢掉的东西‘捡回来’路程依然漫长。宋纯鹏边走边介绍，现在分子育种、人工智能育种，包括基因编辑方面的技术都比较成熟，我们有信心未来在小麦D从头驯化和遗传改良上取得重要进展，希望很快能实现选育高抗、稳产、高产的‘超级品种’，为我国小麦品种的原始创新做出重要的贡献，切实解决卡脖子问题。（来源：中国科学报张双虎）

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.jgg.2021.11.004>

<https://doi.org/10.1038/s41477-021-00934-w>

作者：宋纯鹏等 来源：《自然—植物》

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