
大豆“走失”的基因“回家”了

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/17683.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！

大豆“走失”的基因“回家”了。



左上为栽培大豆种子，其余为多年生野生大豆种子。 山东农大供图



多年生野生大豆植株 山东农大供图

从又黑又小的野生大豆，到又黄又大的栽培大豆，3月15日《自然—植物》在线发表的论文证实，在这个过程中丢失了约70%的基因位点。现在，科学家让这些丰富的遗传资源回家了。

论文通讯作者、山东农业大学教授张大健告诉《中国科学报》，人们日常食用的大豆一年一种一收，然而它的野生种却可以多年生长。该团队首次获得了多年生野生大豆（即大豆Glycine亚属）的高精度基因组图谱，填补了大豆属泛基因组的空白，解析了大豆进化历程，高效准确挖掘了大豆基因组的结构变异，拓宽了大豆分子育种可利用的基因资源，为大豆遗传基础解析、驯化性状调控基因挖掘及种质创新提供了重要的理论支撑。

丢失的基因与遗传瓶颈效应

大豆是重要的粮油饲兼用作物，在国民经济发展中具有重要的战略地位。张大健在接受《中国科学报》采访时说，近年来，我国大豆产量徘徊不前，进口量持续增长，对外依存度超过80%，严重威胁我国粮食安全，其种质育种和改良工作迫在眉睫。

然而，要想利用先进的育种手段改良大豆品种，必须搞清楚大豆的基因组。

大豆在分类学上属于豆科大豆属，该属分为Glycine和Soja两个亚属。Soja亚属分为一年生野生大豆和一年生栽培大豆；而Glycine亚属为多年生野生大豆。

截至目前，该研究领域已经发表了多个大豆Soja亚属中代表性大豆种质资源参考基因组，并构建了高质量的基于图形结构的泛基因组（一个物种全部的基因组成）图谱，为深入研究大豆功能基因组学提供极为重要的资源和平台。

但随着大豆育种工作的快速发展，大豆种质资源显得相对匮乏。栽培大豆原产于中国，由祖先野生大豆长期定向选择、改良驯化而成。张大健说，在长期驯化和改良过程中，仅有少量基因资源被选择，大部分基因资源丢失了。因而在栽培大豆中产生了严重的遗传瓶颈效应（生产上所用品种失去了遗传上的多样性，导致一定程度的遗传单一化，成为作物育种研究可持续发展的限制因素），极大限制了栽培大豆产量提高与品质改良。



野生大豆



栽培大豆

山东农大供图

野生大豆是栽培大豆进行性状改良的重要遗传资源。论文第一作者、山东农业大学副教授庄永斌说，如今的多年生野生大豆主要生活在热带亚热带地区，其遗传多样性丰富，具有较强的抗逆、抗盐碱、抗虫、耐旱、耐热等特性。

其丰富的遗传变异为重要农艺性状的挖掘和育种提供了宝贵的资源。张大健说，但由于多年生大豆基因组庞大、重复序列多和高度杂合等特性，一直缺乏高质量染色体级别的参考基因组，更没有泛基因组图谱。

填补大豆属泛基因组空白

野生大豆的种子又黑又小，而栽培大豆的种子又黄又大。张大健说，从野生大豆到栽培大豆，驯化过程中到底发生了什么变化，此前科学家并不知道。

庄永斌介绍，他们选取了5个具有代表性的二倍体和1个异源四倍体（拥有四套来源于不同祖先的染色体）野生大豆进行全基因组测序。其中，5个二倍体野生大豆分别为Glycine亚属中A、B、C、D、F基因组型的代表，而1个自然形成的异源四倍体基因组型为AADD。

综合利用二代、三代、Hi-C等测序技术，他们组装得到了染色体级别的高质量参考基因组，首次构建了Glycine亚属大豆泛基因组。



多年生野生大豆基因组解析 山东农大供图

由于之前已经有科学家完成了Soja亚属的大豆泛基因组，加上我们这次完成的Glycine亚属大豆泛基因组，可以说整个大豆属的泛基因组已经全部完成了。填补了这项空白。张大健说。

通过建立两个亚属基因组的共线性关系，即两个亚属间染色体上对应位置的基因类型和相对顺序的保守性，他们鉴定出109827个多年生大豆非冗余的基因位点，并发现其中约70%的位点在Soja亚属中丢失。庄永斌说，这一庞大的遗传资源将为大豆育种提供丰富的遗传多样性基础。

进一步分析发现，与栽培大豆同属Soja亚属的一年生野生大豆的基因较为保守，而Glycine亚属的多年生野生大豆的基因最为保守。

该团队还鉴定出183个大片段基因组结构变异，这些变异影响着大豆开花时间、抗病性、抗逆性等重要的表型特征。

张大健说，结构变异是指基因在染色体空间结构上出现倒位、异位等现象，例如某个基因从一号染色体上移到了8号染色体，而这种结构变异可能对其内部的基因的表达或功能产生影响。

近年来，随着分子生物学技术的不断发展进步，越来越多的证据显示，大片段的结构变异广泛存在于作物基因组内，且影响着许多重要的农艺性状。准确解析这些结构变异对于显著提高大豆产量、改良大豆品质等农艺性状具有重要意义。张大健说。

大豆遗传改良还在路上

我们这次在大量基因位点中筛选出两个基因——PHP和D14，它们可能在调控大豆一年生或多年生习性中起重要作用。张大健说，PHP通过影响开花基因的表达来调控，而D14通过影响独脚金内酯来影响植株的表型。这两个基因突变后，有可能将一年生大豆变成多年生大豆。

他们发现，除了大片段的结构变异，大豆基因组中还有很多驯化基因仅仅是由于一两个碱基的变化而产生的。庄永斌认为，要改变现有品种的表型，或者在栽培大豆中恢复野生大豆的优良抗性等，可能只需要改变这些驯化基因就能实现。

不过，野生大豆的遗传资源非常丰富，拥有很高的多样性，要从中找到合适的基因用于大豆品质的提升和改良还需要进行大量工作。

经过多年科研攻关，张大健团队围绕大豆重要农艺性状驯化基因及其分子机制开展系统研究。结合前期研究内容，针对已发掘的品质和产量重要基因，该团队利用分子标记辅助技术，已选育出适宜黄淮海地区种植的高产高油大豆品种。目前该品种已参加山东省大豆区域试验，表现良好。

论文评审人认为，该论文是对可利用植物的基因组学的重要贡献，为多年生和一年生植物的不同遗传学机制提供了更多更深入的信息。

评审人说，在这篇论文中，作者鉴定了多年生和一年生大豆中复杂的基因组变异和进化特征，并利用大豆已知基因组信息结合新的组装方法构建了一个超级泛基因组，这为大豆的遗传改良和进化研究提供了更加全面的基因组信息。

不仅如此，作者还提出了多年生向一年生大豆转变的机理和异源多倍体中亚基因组分离的偏向性。数据质量很高，研究思路新颖，引用文献得当。总之，这项研究全面解析了大豆属的进化，创新性强，逻辑严谨。评审人说。（来源：中国科学报 李晨 王静）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-022-01102-4>

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：张大健等 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](http://iikx.com)转发