
殊途同归：玉米和水稻趋同选择的奥秘

作者：writer 来源：爱科学

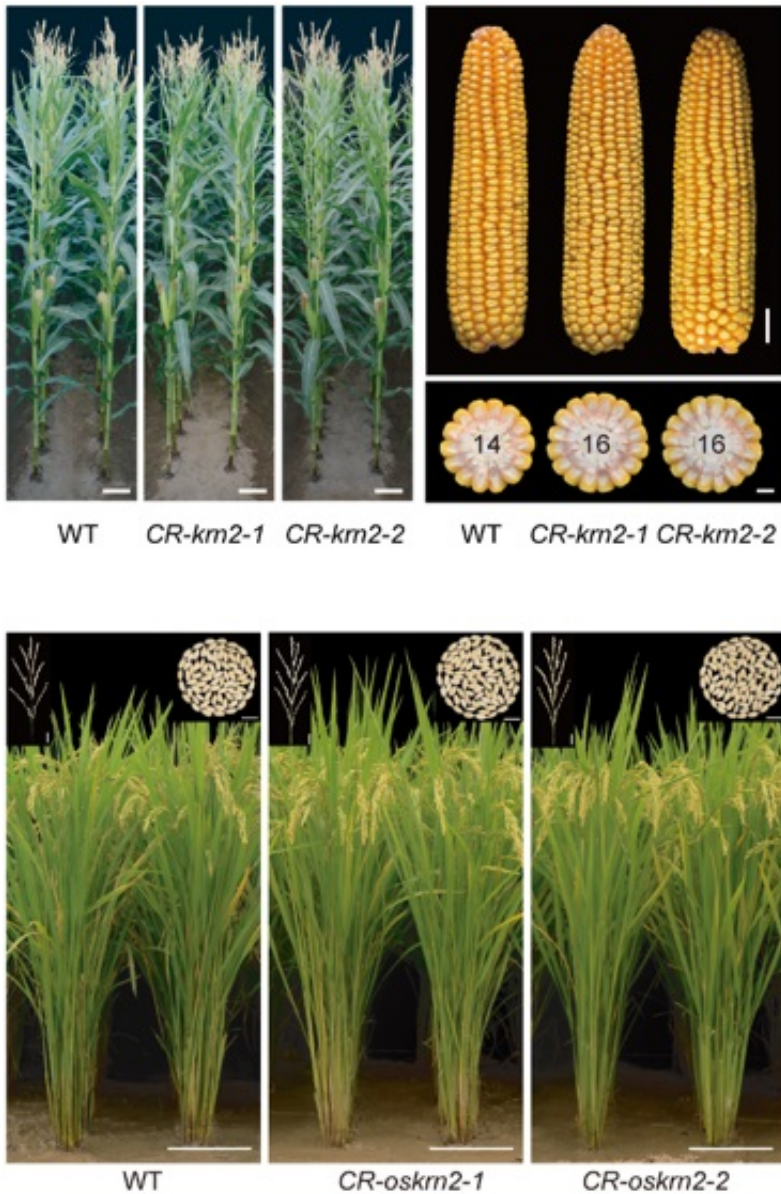
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/17780.html>

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！

殊途同归：玉米和水稻趋同选择的奥秘。



玉米和水稻趋同选择的分子机制 受访者供图



基因编辑KRN2可以同时提高玉米和水稻的产量 受访者供图

玉米、水稻和小麦是迄今驯化最为成功的三大农作物，为全人类提供了50%以上的能量摄入。它们的驯化发生在地球的不同地区，祖先各不相同，形态习性各异，那么驯化过程是否遵循了共同的遗传规律？这是一个长期存在争论的问题。

北京时间3月25日，《科学》杂志在线发表了中国农业大学教授杨小红/李建生与华中农业大学教授严建兵联合团队的研究论文。经过三代科学家18年研究发现，玉米基因KRN2和水稻基因OsKRN2受到趋同选择，并通过相似的途径调控玉米和水稻的产量。该团队进一步在全基因组层面阐

明了趋同进化的遗传规律。

中国科学院院士李家洋认为，这一成果不仅揭示了玉米与水稻的同源基因趋同进化从而增加玉米与水稻产量的机制，为育种提供了宝贵的遗传资源，而且将为农艺性状关键控制基因的解析与育种应用，以及对其它优异野生植物进行快速再驯化或从头驯化提供重要理论基础。

争论未定的趋同进化机制问题

珊瑚、藤壶和海百合的辐射对称躯体，海豚、鲸和鱼类的流线型身体，鸟类和蝙蝠的双翼……这些都是人们熟知的趋同进化现象。

趋同进化/选择是指亲缘关系较远的不同物种因长期生活在相同的选择压或相似环境下，为满足生存需要而演化出相似的表型。

性状的趋同变化是否由相同的遗传机制决定？李建生告诉《中国科学报》，大约一万年前的玉米、水稻等作物各自的祖先，分别经过五千多年的驯化形成了玉米、水稻等作物。在作物漫长的驯化过程中，不同作物间性状趋同选择的机理一直是科学界争论未定的问题。

严建兵在接受《中国科学报》采访时说，玉米和水稻都是典型的驯化作物，两者的现代栽培种与其野生祖先相比具有巨大的形态差异。虽然两者为独立的驯化事件，但由于人类的选择方向相同，两者表现为驯化综合征，包括落粒性的丢失、种子休眠的减弱、种子变大且数目变多等。

因此，作物的驯化可以理解为一场短期的趋同进化的人为实验，为回答这一争论提供了一个很好的系统。严建兵说。

杨小红解释道，前期研究已发现少数基因在同一科不同作物驯化中受到趋同选择，例如控制落粒性的Sh1、控制籽粒灌浆的Sweet4。此外，控制大豆种皮绿色的G基因在多个科作物均与种子休眠有关，且在多个科作物驯化过程中均受到平行选择。

然而，这种趋同选择在全基因组水平上是否普遍存在，目前仍处于争论阶段。杨小红说，玉米和水稻不仅是最重要的粮食作物，还是禾本科作物遗传学、基因组学等领域研究的模式作物。它们的基因组在染色体水平上的标记、基因排列顺序存在明显的共线性关系，同时在基因功能上也表现一定的保守性。这些特征为两大作物共有性状关键基因的克隆以及选择奠定了基因组学基础。

18年坚持换来的偶然性发现

这项研究的发现没有什么必然性，而是偶然性的。在我们做出结果之前，我们并不知道这个位点很重要，这个基因很重要。回忆起18年来的坚持，李建生说。

2004年，严建兵刚刚成为中国农业大学的青年教师。他所在团队的负责人李建生正在考虑一个问题：搜集到的野生玉米资源能用来做什么研究？

李建生和他的团队想到的是进行遗传学分析，就是将野生玉米和栽培玉米杂交，看杂交后代会不会出现产量、抗性性状变化。

他带领我们做这个研究时，中间有很多曲折的过程，有六年多的努力，就定到了几个数量性状位点。严建兵说，当时这几个位点的位置并不精确。

在严建兵看来，玉米基因组图谱就像一座大城市，基因就像城市里的宝库，尽管当时知道宝库存在，却不知道宝库在城市里的具体地点。

不过，当年选择野生玉米资源，而不是栽培材料做研究，为他们如今的偶然发现奠定了基础。因为这个位点在目前的栽培玉米之间几乎没有什么表型差别，而在栽培玉米和野生资源之间才有差别。只有把野生资源作为起点，才有可能发现这个位点。所以说材料的选择很重要。严建兵说。

首先，他们利用野生玉米资源创制了特异的6行玉米材料。在开始创造这个群体的时候，我们就经历了波折。严建兵说，当时用玉米野生资源跟最著名的玉米材料B73杂交，但它们的后代很难收到种子。从2004年到2010年，他们的研究一直处于寻找数量性状位点的阶段。

玉米穗行数直接影响穗粒数，对玉米产量的提高具有直接影响。在检测到一个影响玉米穗行数的主效数量性状位点之后，新的困难又出现了，那就是如何克隆控制该性状位点的基因。

2009年玉米参考基因组公布，这给他们的研究带来了转机，但要克隆基因还得经过不断的努力。

2011年入职中国农大并加入团队的杨小红，带领本论文的共同第一作者陈文康和张璇将该位点精细定位到32Kb，包含2个候选基因。尽管在美国冷泉港国家实验室教授David Jackson的帮助下明确了候选基因，但其真正的功能变异尚未清楚。

与此同时，严建兵在华中农大组建新的团队，带领本论文共同第一作者杨宁独辟蹊径，通过遗传设计创造性地获得野生玉米基因组，并试图利用基因组学大数据解析作物的起源与进化。

在多方数据的支持下，杨小红带领陈文康和张璇终于确定了一个调控玉米穗行数的基因KRN2。

进一步研究发现，在玉米驯化和改良过程中，该基因上游非编码区受到了明显的选择，导致基因表达量降低，进而增加了玉米的穗行数和穗粒数，最终增加产量。

过去的经验提醒我们，不同物种间的同源基因可能发挥同样的功能。杨小红说，他们于是在水稻中寻找同源基因。进化树分析发现，KRN2在禾本科作物中高度保守，在水稻中存在一个直系同源基因OsKRN2，且二者在基因组上存在较高的共线性。

随后，该团队发现，OsKRN2在水稻驯化过程中也受到了选择，该基因控制水稻的二次枝梗数，最终影响穗粒数和产量。

既然这一同源基因对在不同的物种中控制相似的表型，那它们的分子调控机制也有可能相似。杨小红说，他们继续研究发现，这对同源基因编码一种WD40蛋白，它与一个功能未知蛋白DUF1644相互作用，通过一条保守的途径调控玉米穗行数与水稻枝梗数。

田间实验表明，通过敲除玉米KRN2和水稻OsKRN2，可以分别提高玉米10%和水稻8%左右的产量，并且不引起其它农艺性状的显著变化，意味着该基因在分子育种应用中的巨大潜力。

解开奥秘缩短作物改良时长

中国农业大学博士后陈文康介绍，这对穗行数/枝梗数基因同落粒性基因（ZmSh1/OsSh1）、胚乳发育基因（ZmSWEET4c/OsSWEET4c）一样，是相同的遗传机制决定着水稻和玉米两个不同物种中趋同的表型变化。

然而，趋同进化的性状是否都由相同的遗传机制决定？这一规律是否在全基因组范围上普遍存在？这些问题当时仍处于争论阶段。

为全面挖掘更多玉米和水稻中的趋同选择基因，该团队充分借助组学大数据，并利用多年收集的具有广泛代表性的507份玉米自交系、70份野生玉米以及461份栽培稻、257份野生稻进行全基因组选择分析，分别在玉米和水稻里鉴定到3163和18755个受选择基因。

论文共同第一作者陈露说，比较两组受选择基因集发现，共有490对直系同源基因在玉米和水稻中经历了趋同选择，即在玉米和水稻中同时受到选择。

杨宁指出，这一数字显著高于同源基因对随机组合的概率，证明了趋同进化的性状虽然在全基因组范围内不完全由相同的遗传机制决定，但也受到部分约束，即倾向于由相同的遗传机制决定趋同性状的演化。

进一步分析发现，趋同选择基因对在玉米和水稻特定的代谢途径中显著富集，包括淀粉和蔗糖代谢途径、辅因子生物合成。在鉴定到的玉米25个和水稻93个参与淀粉代谢途径的选择基因中，11对直系同源基因受趋同选择。

李家洋指出，淀粉是谷物类植物在种子中存储能量的主要成分，也是水稻和玉米能够被驯化成主要粮食作物的重要原因，是影响籽粒产量的重要因素。在驯化的过程中，水稻和玉米的淀粉效率可能受到了强化。

KRN2及其他趋同选择基因的发现，不仅有助于作物驯化改良机制的深入理解，也有助于作物的再驯化和新作物的从头驯化。严建兵说，20年前要找到趋同进化的基因对，只能一个一个地做，效率和速度都很慢。今天技术进步了，思路也进步了，我们一下子可以找到很多。

杨宁已经带领团队选中了其中一些基因对，将进行高通量的测序鉴定，有希望挖掘出新的基因。

严建兵认为，这项成果将为玉米和水稻甚至其它禾本科作物的遗传改良提供很好的遗传资源，为保障国家粮食安全提供重要科技支撑，并为人类创造新的作物或者短时间内实现从头驯化提供理论基础。(来源：中国科学报 李晨 王方)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/science.abg7985>

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：杨小红等 来源：《科学》

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