破译复杂基因组 解码裸燕麦“中国芯”

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/19286.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！

破译复杂基因组 解码裸燕麦“中国芯”。



裸燕麦（莜麦） 受访者供图

作为一个分布于五大洲42个国家和地区的世界性栽培作物，燕麦分为皮燕麦和裸燕麦两种。其中，裸燕麦独立起源于我国并广泛种植，被国人亲切地称为莜麦。

7月18日，《自然—遗传》在线发表了六倍体裸燕麦高质量基因组图谱，打开了裸燕麦基因组大门。

这项研究全部由中国人自己完成。深入研究中国特有的燕麦种质资源就是希望牢牢把种质资源握

在我们自己手里，让燕麦品种装上更多‘中国芯’。国家燕麦荞麦产业技术体系首席科学家，领衔该项研究的吉林省白城市农科院研究员任长忠说。

论文审稿人认为，该基因组是迄今为止测序的所有物种中最复杂的基因组之一，代表了植物基因组学特别是谷物基因组学的重大进展。

与全世界同行赛跑

燕麦作为谷物中最好的全价营养食品，因其富含蛋白质、不饱和脂肪酸以及可溶性膳食纤维，能同时满足人们对膳食营养与保健两方面的要求。

皮燕麦籽粒是带稃型，稃革与种子紧密地连在一起，成熟后也很难脱离；而裸燕麦籽粒为裸粒型，稃革特别软，成熟后与种子自然分离。相比于皮燕麦，裸燕麦加工工艺更加简单，具有更高的蛋白和粗脂肪含量，且氨基酸组成更加平衡，极具研究价值。

目前，世界各国的栽培种以皮燕麦为主。而我国主要种植裸燕麦，主产区集中在内蒙古、河北、山西、青海、甘肃、吉林、陕西、宁夏和新疆等地，云、贵、川、藏也有小面积种植。其中内蒙古种植面积最大，达400多万亩。近年来，中国燕麦产业正以年产值20%以上的增速快速发展。

燕麦籽粒的皮裸性状是重要的驯化性状之一。论文第一作者、四川农业大学教授彭远英告诉《中国科学报》，燕麦作为六倍体作物，它在生物量、活力和对环境变化的适应性方面均具有显著优势，在应对粮食安全挑战中可以发挥其独特作用。

论文通讯作者任长忠认为：中国作为裸燕麦的起源和种植中心，具有独特的种质芯片竞争优势。源于中国的裸燕麦基因组测序工作应该由中国人率先完成，这对提升国内燕麦产业竞争力、保障粮食安全等方面都具有重要意义。

但燕麦是六倍体作物，具有基因组大、重复序列含量高等特点，导致其基因组测序组装成为世界难题。

十年前，国外同行就开始做皮燕麦的基因组测序研究，但由于难度较大迟迟没有结果。后来，包括英国、德国、美国、澳大利亚、瑞典、加拿大等国外所有研究燕麦的同行联合起来与已经破译大麦、小麦基因组图谱的科学家一起攻克燕麦基因组难题。彭远英说。

在我国，以任长忠领衔的燕麦研究团队长期从事燕麦研究，积累了丰富的经验。尤其近20年来，彭远英等团队一直专注于燕麦属物种的起源与进化，为进行六倍体燕麦的基因组测序奠定了良好的基础。

2018年，在国家燕麦荞麦产业技术体系和国家自然科学基金等项目的支持下，四川农业大学—吉林省白城市农业科学院燕麦联合研究团队与中国科学院遗传与发育研究所、四川大学、西昌学院、中国农业科学院和武汉希望组生物科技有限公司等合作，正式启动裸燕麦基因组测序工作。

这支完全由中国科学家组成的燕麦研究团队，面对的竞争对手是其他国家的燕麦研究者组成的联合团队。这给我们进行裸燕麦的相关工作增加了紧迫感。彭远英说。

破译复杂基因组

现有的栽培燕麦已经在漫长进化过程自然杂交和加倍，从二倍体形成四倍体，最终多倍化为含有A、C和D三个基因组的六倍体。因此，裸燕麦基因组由约110亿个碱基对组成，分布在细胞核3个亚基因组的21对染色体中。其基因组庞大而复杂，体量约为水稻基因组的40倍，且有大约87%的基因组DNA为重复序列，致使其基因组测序组装研究非常困难。

那么，如何另辟蹊径，赶超已经汇聚了全球最强科研力量的国外团队？

彭远英告诉记者，针对六倍体燕麦亚基因组构成及其高重复序列含量导致的组装难题，他们选用了高精确度的超长测序技术，并利用近20年的燕麦属物种研究经验积累，选择了栽培燕麦最可能的四倍体和二倍体祖先一起构建其基因组作为参照，这样六倍体栽培燕麦的基因组组装得以成功完成。

此次发表的成果正是以我国裸燕麦起源中心的地方燕麦品种三分三为材料。通过对三分三的研究，绘制出了燕麦基因组21对染色体的分子图谱，注释出了12万个蛋白编码基因，获得了裸燕麦的高质量参考基因组。

论文投稿到《自然》杂志后，获得了高度评价。一位审稿人说，该基因组的组装和注释，以及伴随而来的基因组和重测序资源都有具有很高的质量。三分三基因组具有足够的新颖性，因为这个基因组在遗传地位上相当独特。

另一位审稿人则说，这项工作提供的数据和分析具有高度新颖性，为大型多倍体基因组的基因组进化提供了新的见解。

一个月后，国外同行联合完成的皮燕麦基因组图谱也投稿到了《自然》。

任长忠说：我们中国团队顶住压力，抢先完成了这项研究成果。

燕麦研究迈入基因组时代

获得了高质量基因组图谱，彭远英最想知道的就是燕麦的进化历程。燕麦从何进化而来，这一直是科学上的一个谜。这也是她多年来研究的主题之一。

他们选择了能代表燕麦属现存所有基因组类型的物种，结合水稻、小麦等其它近缘属种，从全基因组层面解析了燕麦在主要禾谷类作物中的进化地位，以及栽培燕麦的起源和多倍化历史。

结果发现，燕麦族和小麦族之间的分化发生在稻族形成之后，且燕麦族与多花黑麦草的亲缘关系比燕麦族与小麦族的关系更近。燕麦属物种约在800万年前产生。而在约50万年前，也就是人类旧石器时代，六倍体栽培燕麦通过AA基因组二倍体和CCDD基因组四倍体杂交加倍形成。

深入了解燕麦的进化历史将极大地促进渗透育种，并将有益性状从燕麦最接近的现存野生亲缘种转移到栽培燕麦，有力推动优质燕麦优良品种的选育工作。彭远英说，有了基因组图谱，我国裸燕麦的育种和遗传研究就会进入快车道。

就像破解其他作物的基因密码一样，我们以后就能根据基因信息来定向培育具有特定性状、功能的裸燕麦，比如提升品种抗病性；控制种子大小，增加产量；或者让其中β-葡聚糖含量更高，帮助食用者通过摄入膳食纤维有效控制胆固醇和糖尿病。任长忠说。

燕麦在生长中受到病害的威胁，其中最严重的是冠锈病。该团队在六倍体燕麦的三个亚基因组中鉴定了1269个抗性基因。大多数抗性基因在染色体端部成簇出现，且与燕麦已知的冠锈病基因区段共定位，表明该研究构建的燕麦参考基因组可以为燕麦抗病基因的定位和克隆提供有效的参考。

他们还对659份不同来源地的栽培燕麦进行了全基因组关联分析，发现了一个控制燕麦籽粒皮裸性状的候选基因。

研究团队认为，燕麦参考基因组的构建作为燕麦研究迈入基因组时代的第一步，将使燕麦的全基因组选择育种和精准育种成为可能。我们现在可以开始考虑如何使用现代育种策略，如基因组编辑等方法，进一步改进和开发特定的燕麦品种，以满足全球对这种健康食品和优质饲草日益增长的需求。

接下来，该团队还将结合原有研究优势，在已有基础上进一步深入开展燕麦起源、驯化和优异基因资源发掘与利用等研究工作，期望研究结果能进一步推动燕麦的应用基础研究和育种。（来源：中国科学报 李晨 张晴丹 杨雯）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41588-022-01127-7

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：任长忠等 来源：《自然—遗传》

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转发