
首个玉蜀黍属超级泛基因组助力玉米遗传改良

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19794.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！

首个玉蜀黍属超级泛基因组助力玉米遗传改良。



玉蜀黍属超级泛基因组特征 受访者供图

8月24日，《基因组生物学》（Genome Biology）在线发表华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室和洪山实验室玉米团队最新研究成果。该团队利用721份玉蜀黍属材料的基因组数据，构建了首个玉蜀黍属超级泛基因组（super pan-genome）图谱，解析了玉蜀黍属基因组特征，并探究了其对玉米表型变异的贡献。该研究结果不仅有助于进一步理解玉米的驯化历史，也将促进玉米功能基因挖掘和遗传改良。

论文通讯作者、华中农大教授严建兵告诉《中国科学报》，泛基因组是一个物种中所有个体的基因组信息总和，能有效解决单一参考基因组带来的分析偏差，近年来越来越受到重视。超级泛基因组则代表一个属内所有物种的基因组信息，是对泛基因组的进一步扩展。

该团队利用玉米团队此前发表的和其它公开数据，共收集整合了721份玉蜀黍属材料的全基因组测序数据，包括507份现代玉米材料、31份玉米农家种材料以及183份玉米野生近缘种大刍草材料，覆盖了玉蜀黍属全部亚种，具有广泛的代表性。

论文第一作者、华中农大博士后桂松涛介绍，通过进一步研究构建得到了总计6.71 Gb的玉蜀黍属泛基因组，是单个玉米基因组的3倍，其中有约37%序列是玉米基因组所没有的。结合参考基因组注释、群体水平转录组、同源蛋白等证据，在玉蜀黍属泛基因组中注释了58944个基因，并对每个基因在群体水平的存在/缺失变异进行了鉴定，发现其中约44%的基因是非必须基因。

严建兵强调，非必须基因是沿用一般说法，并不表示这些基因没有功能。该超级泛基因组囊括了

目前最全面的玉蜀黍属基因组序列信息，极大地扩展了玉米遗传改良的基因池。

基于超级泛基因组，研究团队在玉米群体中共鉴定到274649个结构变异。分析发现，相比于常用的单核苷酸多态性和插入缺失等遗传变异，结构变异能解释更多的表型变异，更有可能是功能变异位点，而且有37%的结构变异是不能被之前的高密度单核苷酸多态性或者插入缺失标记所代替的。

研究团队还发现一个结构变异特有的数量性状位点与植物响应干旱胁迫相关。桂松涛说，分析表明，该结构变异是一个转座子插入，其插入位置刚好落在目标基因上游的脱落酸调控元件内，推测其可能通过破坏该基因上游转录因子的结合，从而抑制该基因在叶片中的表达，影响植株的干旱胁迫响应。

作物驯化过程中基因丢失等信息通常难以被准确鉴定。严建兵说，基于超级泛基因组，他们鉴定了群体中每个植株中基因存在和缺失的信息，揭示了玉蜀黍属中易丢失基因的模式，并发现大刍草向玉米的驯化过程中可能同时发生了老基因的主动丢失和新基因获得，有助于进一步深入理解玉米的驯化过程，也为精准育种和从头驯化等提供新信息。同时，这项工作表明，合理利用该超级泛基因组可帮助基因定位和功能位点挖掘。

该工作得到了国家重点研发计划和国家自然科学基金项目的资助。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-022-02742-7>

作者：严建兵等 来源：《基因组生物学》

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