
破解百年遗传学难题，助力玉米分子育种

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21870.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！

破解百年遗传学难题，助力玉米分子育种。

作物的杂交后代比它的双亲表现出更大的生物量、更强的抗逆性、更高的产量，这就是杂种优势。百余年来，遗传学家一直在苦苦探寻其背后的遗传学机理，寻找能让后代比双亲更杰出的基因位点，却难以揭开其神秘的面纱。

近日，《自然—遗传》在线发表了由我国育种科学家和遗传学家组成的团队联合完成的研究成果，在构建玉米核心自交系泛基因组、解析玉米杂种优势形成机理方面取得重大进展。

论文评审专家认为，该研究所组装的玉米基因组非常重要、有用和翔实，将会对玉米这个世界重要农作物的研究和育种效率的提高产生关键推动作用。

神秘的杂种优势机理

杂种优势是生物界的普遍现象，杂种优势利用是作物育种的主要方法之一。论文共同通讯作者、华南农业大学教授王海洋告诉《中国科学报》，目前，植物杂种优势的遗传机理研究整体上还比较滞后，尽管科学家们已经开展了杂种优势位点挖掘及遗传机理分析相关的研究，但尚未将杂种优势的机理完全解释清楚。

论文共同通讯作者、北京市农林科学院研究员赵久然说，玉米是目前全球，也是我国总产最高的第一大粮食作物，占全球谷物生产量36%左右。同时，玉米也是农作物中杂种优势最强、应用最成功的作物之一，目前我国生产上所用的玉米品种几乎都是基于杂种优势的杂交种。

作为育种科学家，赵久然自称玉米团长，他也是研究的共同发起人。他带领团队培育并规模化推广了100多个国家审定的优良玉米品种。两个玉米自交系光自身优良还不行，还得找好配对。赵久然告诉《中国科学报》，育种中真正碰到强的杂种优势的概率还是不高。

在育种实践中，赵久然这样的科学家已经可以凭借大量的表型观察和育种实践经验积累挑选合适的亲本群体做杂交实验，但其过程需要耗费大量精力和时间，一个一个植株测配，再去测试杂交种的性状。赵久然向记者强调，对育种的实践经验必须上升到理论水平，再借助理论去指导育种实践。

然而，玉米为何具有较强的杂种优势，这一问题尚未得到解决。这是做遗传学研究的科研人员都想回答的一个问题。王海洋说，这个现象本身非常复杂，其原因可能是多种多样的。目前的一些假设可能只是从某一侧面或者角度来尝试回答这个问题。杂种优势的机理到底是什么，这可能是遗传学上最难回答的一个问题。

杂交种是由两个纯合材料通过杂交产生的F1代，其中的纯合材料就是所谓的自交系亲本。育种过程往往根据经验推测把哪两个亲本相配可以产生较好的优势，但是并不知道两个具体的亲本植株的杂交后代到底会产生多强的优势。王海洋说，假如事先知道哪两株亲本杂交可以产生很强的杂种优势，可能就不用做那么大规模、高成本的杂交配种过程。

论文第一作者、中国农科院生物技术研究所研究员王宝宝在接受《中国科学报》采访时说，尽管学界普遍认为玉米杂种优势与双亲的遗传差异相关，但是因为不同类群的玉米自交系之间遗传差异很大，传统上用一个公共的玉米材料作为参考基因组进行遗传分析，往往容易漏掉许多玉米类群特异的遗传信息。

王宝宝说，由于玉米核心种质精准基因组信息的缺乏，玉米杂种优势的研究难以深入，大多研究仅停留在假说的推测和粗略的数量性状位点估计阶段。这使得目前玉米杂交种的选育还是主要依赖于经验，育种周期长，效率低下，突破性新品种匮乏。

首次从基因组水平验证遗传互补假说

当下一流行的假说认为，玉米杂种优势的产生是因为两个亲本原有的优缺点正好互补，杂交后代保留了双方的优点。要想验证这一假说，不了解玉米类群之间遗传信息的差异性是做不到的。

鉴于此，王海洋团队联合了华南农业大学、中国农业科学院生物技术研究所、中国农业大学、北京市农林科学院、河南农业大学等玉米研究优势单位的科研团队，通过三代测序等技术组装了世界范围内广泛使用的12个骨干自交系亲本的高质量基因组，并结合已发表的玉米基因组，构建了温带玉米核心育种种质的泛基因组。该泛基因组几乎代表了当前生产应用的所有玉米杂种优势群。

之前研究表明，玉米自交系之间的遗传差异比人类与大猩猩之间的差异还要大，而我们的分析进一步表明，自交系间的差异可能比我们预估的还要大。王宝宝说，他们发现两两玉米自交系之间平均只有56.3%高度相似的DNA序列，也就是说玉米自交系之间平均有40%以上的序列是不一样的。

通过遗传工具分析表明，玉米自交系间存在着广泛的遗传变异。王海洋说，这些玉米自交系不但遗传差异明显，外表看起来也大相径庭。

进一步研究发现，玉米杂种优势与双亲基因组间结构变异的数量呈显著正相关，而与双亲基因组间共线性程度呈显著负相关。这说明玉米杂种优势与双亲在全基因组水平的遗传互补性密切相关，为杂种优势的遗传互补模型提供了强有力的支持。

也就是说，玉米基因组之间相似性越高，杂种优势越小，而且大片段DNA序列差异(结构变异)越多，杂种优势越强。王宝宝解释说，大片段DNA序列差异一般是指某个大的DNA片段在一个自交系中有，在另一个自交系中没有，或以另外的序列形式存在，或发生了颠倒或位置变化。

具有这类差异的两个自交系杂交后就产生了互补性。我们发现，两两自交系基因组间大片段DNA序列互补的越多，其杂交产生的F1杂交种的杂种优势就越强。所以，双亲在全基因组水平的遗传互补性可能是玉米杂种优势形成的最重要原因。王宝宝说。

王海洋说，这项工作第一次从基因组水平上为遗传互补性导致玉米杂种优势的假说提供了强有力的证据。

首次找到玉米的杂种优势基因

除了全基因组水平上的互补性，我们还很幸运的找到了两个显性超亲玉米杂种优势位点。王宝宝说，显性超亲杂种优势位点是指，基因组中某个位点的杂合基因型会对某种性状产生优于双亲的效应。这也是学界流行的另一种杂种优势机理假说。

经过大量的工作，结合遗传和分子生物学证据，他们挖掘到了ZmACO2(编码一个乙烯合成酶)和ZAR1(编码一个乙烯信号传导相关蛋白)2个关键的产量杂种优势基因。证明了杂交种中这两个位点不同的基因型组合能够产生优于双亲纯合基因型表现的杂种优势效应。

王海洋说，由于玉米群体之间差异较大，两两基因组之间有上百万个位点不一样。要在这么庞大的差异位点中找到某一个点，证明它比别的位点产生的杂种优势更强、更突出，是一个很困难的挑战。

赵久然说，这项作为玉米杂种优势的单位点超显性效应假说提供了明确的分子和遗传数据的支持，首次证明了遗传互补性和特殊位点的超显性效应都对玉米杂种优势产生了贡献。这种杂种优

势关键位点也是育种科学家所寻找和追求的。

玉米的第一个参考基因组是2009年发表的B73基因组，其大大促进了玉米功能基因挖掘、重要性状形成的遗传机理解析等工作的推进。王海洋认为，该研究组装的核心自交系完整基因组也将大大促进世界范围内玉米功能基因组研究的推进。赵久然指出，利用这项成果去指导玉米亲本的选育过程，可以找到更多具有强杂种优势的组合。

论文共同通讯作者、中国农业大学教授赖锦盛告诉《中国科学报》，这项工作对玉米泛基因组进行了比较好的解析，一定程度上为杂种优势机理提纲了基因组学维度的一个解释。有关杂种优势机理的多个假说并不一定互相排斥，而是在一定程度上可以兼容，但是全面解释杂种优势机理还有很长的路要走，还面临很大挑战。

王海洋强调，不管哪个作物都拥有上万个基因，科学家穷其一生的力量也不可能把一个作物所有的基因研究清楚。而作物的优良性状都是多基因聚合的结果，我们不可能把每个基因都搞清楚了再去聚合育种。将来我们想做的工作就是从全基因组层面来解释基因的聚合效应，开发数字化育种技术来指导强优势玉米杂交种的培育。(来源：中国科学报 李晨)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-022-01283-w>

作者：王海洋等 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](https://www.iikx.com)转发