
遗传发育所等在优质牧草羊草基因组演化与育种方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/24691.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！

我国各类天然草原草地约占国土面积的41%，是耕地面积的三倍。草种业被认为是国家战略性新兴产业，也是确保草地生态与草牧业可持续发展的关键。随着国内经济水平的不断提高，我国对高质量蛋白质来源如肉、蛋、奶等的需求逐渐增加，对牧草的需求也相应增长。因此，研究和发展国内草地的乡土草种，对推动草种业的发展具有重要意义。

羊草，一种属于禾本科小麦族的优质牧草，被誉为“禾草之王”，也是我国重要的乡土草种和欧亚草原上的优势草种之一。羊草以发达的根状茎而著称，具备耐寒、耐旱、耐盐碱、防风固沙等特点。同时，羊草具有高营养价值和适口性而成为优质牧草，具有重要的生态价值和经济价值。然而，由于羊草基因组庞大且存在高度杂合性，导致羊草基因组学研究及其特性的解析颇具挑战性。

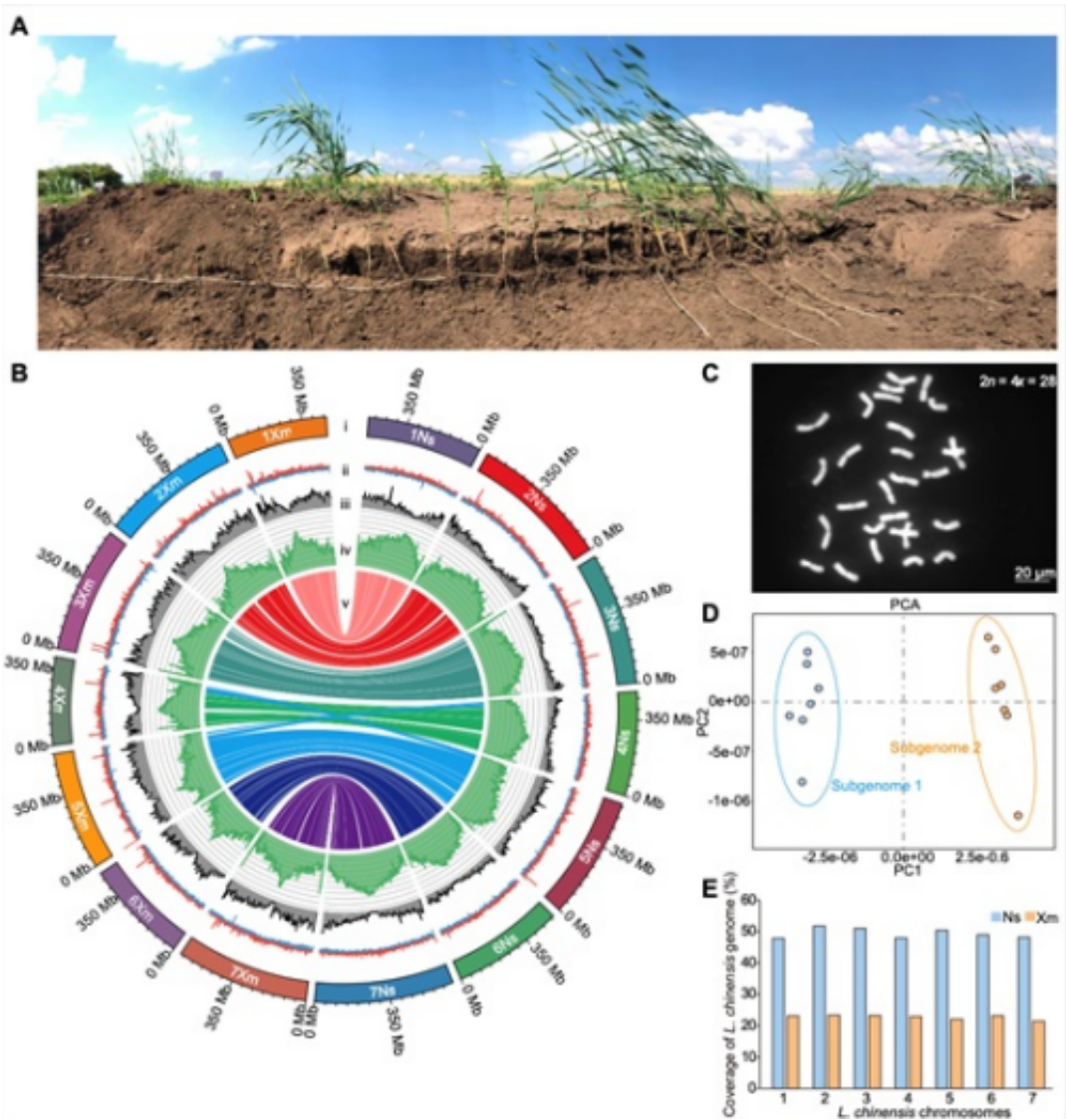
中国科学院遗传与发育生物学研究所曹晓风院士团队解析了羊草基因组，揭示了其演化规律，并通过羊草基因组编辑体系提高了羊草生物量相关性状，助力草种业进入以“大数据+生物技术”为特征的智慧育种新时代。10月24日，相关研究成果以Genome evolution and initial breeding of the Triticeae grass *Leymus chinensis* dominating the Eurasian Steppe为题，发表在《美国国家科学院院刊》（PNAS，DOI：10.1073/pnas.2308984120）上。

该研究选取了东北羊草草场（125°42′-130°10′E，44°04′-46°40′N）中具有较强根状茎的单株进行基因组组装（被命名为Lc6-5）。研究利用最新测序技术和方法组装获得了羊草基因组。它的大小约8 Gb，搭载染色体的contig N50超过300 Mb，重复序列占全基因组87.76%。由于羊草基因组的高杂合性，该工作进行了单倍型水平的组装。上述成果为更深入的研究提供了基因组资源。

基于精准的基因组信息及small RNA数据，科研人员鉴定出禾本科特异的microRNA，并通过表达图谱确定MIR528在叶片具有很高的表达丰度。该研究进一步利用实验室建立的羊草Lc6-5的CRISPR/Cas9编辑体系，对MIR528进行敲除。结果发现，羊草的分蘖数目及生长速率均有明显升高。该团队组装的羊草基因组以及创建的适用于羊草的基因组编辑体系，为提升羊草产量与品质提供了可能，并为羊草的快速改良和基因组育种创立了先例。

研究工作得到内蒙古自治区科技重大专项、中国科学院战略性先导科技专项（A类）、国家自然

科学基金、中国科学院青年创新促进会等的支持。该研究由遗传发育所和河北大学合作完成。黑龙江省农科院草业所羊草研究团队、中国农业科学院、南方科技大学的科研人员参与研究。



禾本科小麦族优质牧草羊草基因组图谱。(A) 草原上生长羊草具有强壮的根状茎；(B) 羊草基因组图谱；(C) 羊草核型分析；(D) 亚基因组主成分分析；(E) 新麦草的重测序数据在羊草基因组的覆盖度。

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发