

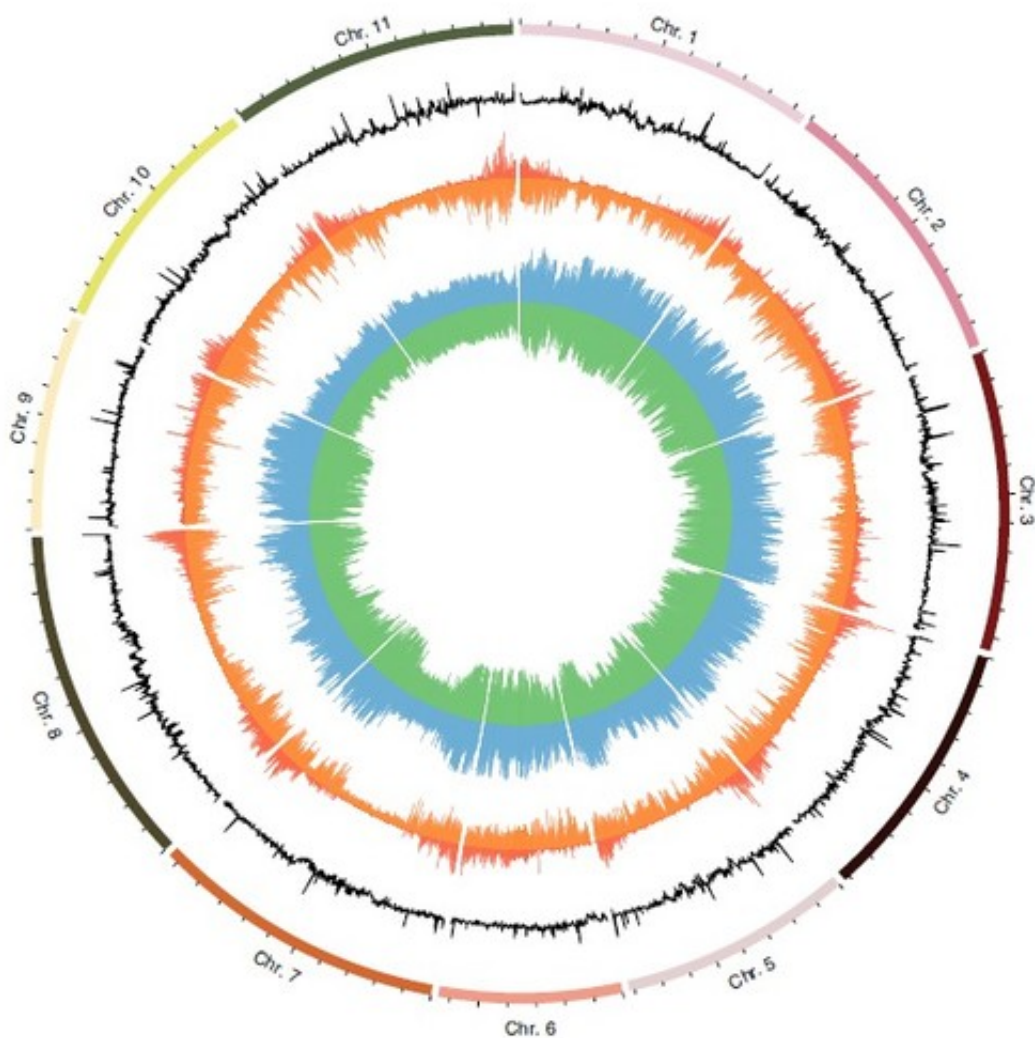
683份核心种质绘制普通菜豆高精度图谱

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/7756.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！

683份核心种质绘制普通菜豆高精度图谱。



基于683份普通菜豆种质资源重测序而获得的单倍型图谱。武晶供图



几种普通菜豆种质资源。李晨摄



普通菜豆。武晶供图

普通菜豆是全球种植范围最广、栽培面积最大、食用人群最多的食用豆类。12月23日,《自然—遗传学》以长文形式发表了683份普通菜豆资源全基因组重测序结果分析,以及普通菜豆最大规模的主要农艺性状表型鉴定结果。该项工作由中国农业科学院作物科学研究所(以下简称作科所)特色农作物优异种质资源发掘与创新利用团队联合国内外6家科研单位共同完成。

论文通讯作者、作科所研究员王述民告诉《中国科学报》:我们团队利用现代测序技术系统阐释了普通菜豆种质资源的遗传多样性,构建了规模最大、表型数据最完整、基因信息量最多的表型和基因型变异数据库,为培育高产与抗病的普通菜豆提供了宝贵的遗传资源。然后,我们通过全基因组关联分析鉴定到一系列可靠的关联位点/基因,为普通菜豆的分子育种提供了大量关键性状的准确标记选择依据,加速普通菜豆分子育种进程。

可以当粮食的豆科作物

根据联合国粮农组织统计,普通菜豆全世界年种植面积约为3.65千万公顷,总产约3.14千万吨,

约占食用豆类总产量的50%，仅次于豆科作物大豆。

论文第一作者、作科所副研究员武晶介绍，普通菜豆是豆科作物，具有高蛋白、中淀粉、低脂肪、营养元素丰富等特点，是人类十分重要的植物蛋白质来源。

普通菜豆每100克籽粒蛋白质含量为20~30克，是小麦含量的2倍，玉米含量的4倍；脂肪含量却很低，是大豆的含量的1/20，玉米含量的1/5，是小麦含量的一半，人体易于吸收，可大量食用，且可当主食；淀粉含量中等，略低于小麦、玉米等。同时，普通菜豆富含丰富的矿物质元素，每100克含钾1406毫克，是小麦含量的3.5倍、玉米含量的4.5倍；叶酸394毫克，是小麦含量的9倍，玉米含量的16倍。

论文共同通讯作者、美国田纳西州立大学教授Matthew Blair介绍，普通菜豆是发达国家和地区调节膳食结构的重要食品，在欧美等众多国家普遍食用，同时也能为解决贫困地区营养匮乏和人类生存繁衍发挥巨大作用。

在我国，根据食用器官的不同，把普通菜豆划分为两大类。论文共同第一作者、作科所副研究员王兰芬介绍，以食用籽粒为主的称之为芸豆或干菜豆，以食用嫩荚为主的称之为荚用菜豆或四季豆。而他们这项工作的研究对象主要是以食用籽粒作粮食用途的普通菜豆。

籽粒用普通菜豆在我国主要分布于黑龙江西北部、云南大部、贵州大部、四川凉山、陕西北部、山西北部、新疆北部、内蒙古凉城等地区。据联合国粮农组织统计，我国年播种面积约80.7万公顷，年平均产量为133万吨，居世界第五，是世界普通菜豆主要出口国之一。普通菜豆也是我国主要的出口创汇商品之一。

本底不清限制普通菜豆育种

我们这个团队长期从事普通菜豆种质资源的收集、引进、鉴定等工作，已收集保存有6500余份种质资源。王述民介绍，这些资源来源于安第斯基因库和中美基因库，包括野生种、地方种和现代育成品种。由于我国对普通菜豆种质资源的遗传研究起步较晚，对现有种质资源研究不足，鉴定不够，导致这些宝贵资源的遗传本底不清、难以被育种家有效利用，在一定程度上限制了我国普通菜豆的育种和产业发展。

武晶在接受《中国科学报》采访时说，随着植物基因组学的快速发展，普通菜豆两个基因库的代表性材料也于2014和2016年先后完成全基因组序列的测定，这为利用基因组学了解我国普通菜豆种质资源的遗传基础提供了新的契机。

在这种背景下，项目组从2012年开始在现存种质资源中依据已有数据进行筛选，构建核心种质，开展表型和基因型鉴定，拟在全基因组层面对我国库存种质资源的遗传背景进行深度剖析，以提升种质资源利用效率，促进普通菜豆产业提质增效提供科技支撑。

四地三年683份资源精准表型鉴定

我们拥有很多种质资源，但怎么样深入研究这些资源？能不能为育种家提供一些有用的科研基础？这是王述民团队多年来思考的问题。

目前，我国种质库保存有6500余份普通菜豆种质资源。如何从中选取能够代表群体多样性的资源

开展深入研究？

首先，通过对资源的地理来源、已有表型等数据的分析，他们精挑细选了1000份种质资源，分别在黑龙江省哈尔滨市、河南省南阳市、贵州省毕节市和海南省三亚市试种。武晶说，这四个地方北至北纬45度，南至北纬18度，光周期时间长短差异明显。有些南美品种的菜豆无法适应东北的气候，不能开花、结果。

随后，他们再依据各地80%的资源能够获得表型数据的标准，遴选出683份普通菜豆种质资源，以此构建核心种质。2014年~2016年，连续三年，分别在上述四个地点开展基本农艺性状、产量性状、病虫害、籽粒特性等20余个表型的精准鉴定。

王述民说，这个核心种质代表了75%的现有普通菜豆种质资源的遗传多样性，包括地方种529个、现代育成种154个，来源于我国20个省、市、自治区，以及阿根廷、巴西、厄瓜多尔、墨西哥等18个国家。

重测序鉴定大量基因位点

在获取连续三年不同光热条件下的683份核心种质的表型精准鉴定数据的同时，王述民还带领团队进行大规模的针对普通菜豆个体的基因组重测序工作。

单核苷酸多态性（SNP）反映的是DNA水平上的碱基变化，这些变化决定着物种个体的差异。论文共同第一作者、作科所研究员付俊杰解释到，利用第二代高通量基因组测序技术，他们对包含683份种质资源的核心种质进行了全基因组重测序，分析了普通菜豆种质资源的基因组变异，构建了首张包含480万个单核苷酸多态性的高密度、精确的单倍型图谱。

可以说普通菜豆的大部分基因型变异都包含在这个基因图谱里了。付俊杰说。

值得注意的是，由于这些普通菜豆个体来源于不同纬度的种植环境，而且历经三年试验，所以他们还获得了目前为止普通菜豆最大规模的表型数据，为育种家提供了丰富的种质资源表型数据信息，提升了种质资源的利用效率。

基于此，他们发现了一些重要结论。例如，通过比较分析地方种和现代育成种的多样性，他们共鉴定出171个人工改良选择区域。候选基因包括转录因子和抗病蛋白等，其中已有基因被验证是与籽粒特性相关的基因，暗示了在人工改良过程中，籽粒性状相关基因受到选择。

这也正是不同国家、地区的民众对不同籽粒的喜好与需求不同所导致，揭示了人类在普通菜豆籽粒大小形成进化中的重要作用。武晶说，全基因组关联分析发现，与籽粒性状和生育期等性状相关的位点，恰好位于人工改良驯化的区间之内，成功揭示了人工选择对基因组的影响。

此外，通过全基因组关联分析，他们共鉴定到505个涉及开花期、生长习性、籽粒特性、病虫害等性状的位点，特别是籽粒性状、开花期等性状在较大环境差异下遗传稳定性好。而1号染色体末端是一个多性状基因富集区域。农艺性状的全基因组关联分析为进一步开展高产、抗逆育种提供了大量的基因位点信息。王述民说。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-019-0546-0>

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：王述民等 来源：《自然—遗传学》

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](http://www.iikx.com)转发