

作者: 李晨 郭翠华 来源: 中国科学报 发布时间: 2021/5/7 14:40:40

选择字号: 小 中 大

科学家高清“解码”基因资源“多面手”芒草



山东农大试验基地芒草 陈翠霞供图

长在荒地里的芒草是一种高大的野草，你可能没有注意过它们。这种看起来平平无奇的禾本科植物却是世界上最具开发潜力和广泛用途的重要木质纤维素原料作物，可以用来生产生物质燃料酒精。

5月6日，《自然—植物》在线发表了山东农业大学农学院教授陈翠霞课题组破译的染色体级别的五节芒参考基因组图谱。他们还解析了芒属植物基因进化历史，揭示了芒草中纤维素或半纤维素含量高的分子机制，为种质利用和新品种创制提供了理论支撑。

半年三篇高水平论文聚焦芒属

从《自然—通讯》发表芒、南荻基因组，到《自然—植物》发表五节芒基因组，2020年10月底至今，半年时间里，《自然》子刊先后发表三种芒属植物基因组研究成果。科学家为何如此关注芒属植物？

“芒属植物是最有潜力的生物能源作物。”破译五节芒基因组论文的通讯作者陈翠霞告诉《中国科学报》，这类植物含有高比例的木质纤维素，生长速度快、生物产量高、易繁殖、抗逆性强，可在荒草地、盐碱地、沼泽滩涂等边际土地上种植生长。

不仅如此，它用途广泛，可以固土保水、改良土壤、改善生态环境；更重要的是作为可再生生物质原料，可转化为热能、电能、液体燃料等；还可用作畜禽饲草。

陈翠霞说，十余年前，受石油价格上涨的影响，欧美发达国家纷纷投入大量资金研究可再生能源，木质纤维素作物，如芒草、柳枝稷等成为科学家的研究重点。近期木质纤维素作物基因组成果频出，就是十多年来不间断研究的成效。

International Science Editing
25年英语母语润色专家

发明专利 5个月授权
提高授权率 提高授权数量 免费润色评估

1200+ 专业资深 英文母语编辑 涵盖420+热门 研究领域
AJE.
促进优秀科技成果的交流与传播 助中国科研学者提升国际影响力

云集苏州 创赢未来
GATHER IN SUZHOU CREATE A FUTURE

SCI英文论文润色翻译服务
SCI不录用不收费，不收定金

- 相关新闻 相关论文
- 1 张钹院士：产业变革新需求推动智能化应用
 - 2 四种机会性病原菌对溃疡性结肠炎具潜在治疗意义
 - 3 基于5G的低轨宽带卫星技术试验取得重要进展
 - 4 “雪龙2”返沪 中国第37次南极考察圆满完成
 - 5 腾飞背后——西昌航天人助力长二丙火箭升空
 - 6 高秀梅任天津中医药大学校长，张伯礼任名誉校长
 - 7 著名自然地理学家刘兴土院士逝世
 - 8 北京：以首善标准推进高质量发展

图片新闻

>>更多

- 一周新闻排行
- 1 苏州大学：一毕业生因学术不端，被撤销博士学位
 - 2 未来已来！合成生物学将掀“定量”热潮
 - 3 暗访论文工厂：代发1-2分SCI收费7万
 - 4 科研团队如何高质高产？这位顶尖科学家如是说
 - 5 分析2万篇论文发现，高被引“秘诀”这么简单
 - 6 疑似北大教师涉嫌学术不端？北大通报
 - 7 国家重点研发计划特设“揭榜挂帅”项目
 - 8 银河为何“荡漾”？新研究找到答案
 - 9 浙江大学举办生命科学前沿论坛
 - 10 靠成果转化，能否评教授？

实际上，芒属植物起源于东南亚，中国是其重要的起源地之一。在中国，芒属植物分布广泛，并具有丰富的遗传多样性。陈翠霞说，正是我国丰富的种质资源为他们的研究工作奠定了坚实的基础。

不过，“芒属植物自交不亲和，基因组庞大，高度杂合。这给其遗传学研究带来了极大的困难和挑战。”陈翠霞说，由于芒属植物基本都是野草，其生物学、细胞学和遗传学特征的知识几乎为零。十多年来，他们对芒属的研究是从头开始的。这也是他们历时多年才被译五节芒基因组密码的原因。

“在基因组学高度发达的今天，揭示芒属植物基因组密码，解析其进化历程，对于了解其遗传学基础、快速有效利用和创制新种质具有重要的理论意义和应用价值。”论文作者、山东农业大学教授张宪省说。

高粱、芒草、甘蔗来自同一个祖先

在物种进化过程中，基因组多倍化是植物进化和新物种产生的最重要方式之一。“这一现象在高粱、芒草和甘蔗这三种禾本科甘蔗亚族植物中得到了充分体现。”陈翠霞说。

近年来的研究发现，芒属植物、高粱属植物和甘蔗属植物的基因组之间存在很密切的关系。芒属、甘蔗的共同祖先与高粱的祖先分化后，分别经历了单次和两次基因组加倍和染色体重排，演变成了现在的芒属和甘蔗属植物。

目前，高粱和甘蔗野生种“割手密”的基因组已被破译，但芒属植物一直缺乏高质量染色体级别的参考基因组。

论文第一作者、山东农业大学副教授张国斌告诉《中国科学报》，经过十余年研究，他们对芒属植物代表性物种五节芒的基因组高深度测序数据进行分析，计算出其基因组大小为2462.35 Mb，杂合度为1.89%，重复序列比例为73.42%。

考虑到五节芒基因组的复杂度，他们综合利用了二代、三代、10x Genomics等测序方式，并通过Hi-C技术挂载到五节芒的19条染色体上，先后用遗传图谱和BioNano数据等进行修正和验证，并进行了基因注释和转座子注释等。

结果表明，他们组装得到的五节芒基因组是染色体级别的高质量参考基因组。

进一步，陈翠霞课题组推断出三个物种之间的具体进化关系和时间。芒草、甘蔗祖先种与高粱祖先种在约550至610万年前发生了分化，而后在约430至460万年前芒草祖先种与甘蔗属祖先种又发生了分化。

一方面，芒属植物在随后的400万年间发生了基因组的多倍化和染色体重排。其中，“我们发现，五节芒的8号染色体是由高粱祖先种4号和7号染色体融合而来的，并找到了新融合染色体的着丝粒位置。”张国斌说，这解释了芒属植物基因组经过一次加倍之后为什么是19条染色体，而不是20条染色体。

另一方面，甘蔗属植物维持其基本染色体条数为10的状态长达300年左右，随后经过一次染色体重排使得 $2n=16$ 。在大约100万年前，甘蔗野生种的祖先连续经过两次全基因组加倍，辅以轻微的染色体重排，成为今天的甘蔗野生种（ $2n=8x=64$ ）。

基因资源“多面手”

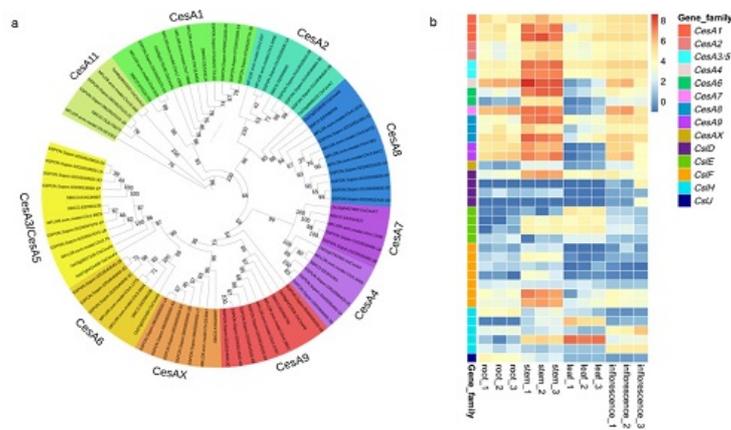
有专家认为，除了作为能源植物，芒草的高抗性还有可能给同为禾本科的粮食作物，如水稻和小麦等，带来丰富的基因资源。五节芒就好像一个基因资源的“多面手”。

“我们鉴定了高粱、甘蔗和五节芒中纤维素合酶CesA/Cs1家族基因。”陈翠霞说，作为能源植物，人们利用的主要是芒草的木质纤维素，因此，研究纤维素合酶是非常必要的。

编辑部推荐博文

- 在线访谈：“我们应该如何读博？”问题征集集中
- 充满活力的研究团队有利于优秀研究生的成长
- 博物馆的秘密-阅读笔记
- 学者不顾及面子才可能当一名合格的评委
- 植物学结课感想（五）——实践和思考
- 心理学论文中的不当表述：X负向预测Y

[更多>>](#)



五节芒、甘蔗和高粱中纤维素合酶基因鉴定及五节芒纤维素合酶成员表达量热图 陈翠霞供图

通过比较不同生长期的五节芒，他们发现，正在伸长的茎秆组织中纤维素合酶表达水平很高。而与芒属植物所有基因的表达量相比，大部分CesA和部分CsI基因表达水平最高，这与芒属植物极高的纤维素或半纤维素含量相吻合。

长期以来，陈翠霞课题组搜集了芒、荻、南荻、五节芒等国内多个芒属代表性物种及巨芒等国外杂交种共75个种质资源，对它们进行二代全基因组重测序后发现，芒属植物之间存在着广泛的种间杂交。

“芒草和甘蔗可以杂交成功。”陈翠霞说，因为芒草是自交不亲和的，所以芒草属内可以实现种间杂交，甚至可以和亲缘关系近的作物发生跨属杂交。这为通过杂交培育出更优异的芒属、高粱属或甘蔗属植物品种提供了理论支持。

陈翠霞解释说，与芒草同属甘蔗亚族的高粱是国际上重要的粮食作物，而甘蔗是全球重要的经济作物，芒草能与之杂交，就意味着其抗病、抗旱、抗涝、耐盐碱、耐贫瘠的特性很有可能成为高粱和甘蔗育种的基因资源，甚至有可能为水稻、小麦等同科粮食作物提供借鉴。

目前，他们在黄河三角洲盐碱地已开展了近八年的种植试验。共种植20多亩芒草试验材料，适应性良好，表现出优异的耐盐性。“这对于盐碱地的脆弱生态恢复、土壤改良和开发利用，乃至粮食安全和生态安全意义深远。”陈翠霞说。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-021-00908-y>

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。

打印 发E-mail给:

关于我们 | 网站声明 | 服务条款 | 联系方式 | 中国科学报社 京ICP备07017567号-12 京公网安备 11010802032783

Copyright © 2007-2021 中国科学报社 All Rights Reserved

地址：北京市海淀区中关村南一条乙三号

电话：010-62580783