



面向世界科技前沿，面向国家重大需求，面向国民经济主战场，率先实现科学技术跨越发展，率先建成国家创新人才高地，率先建成国家高水平科技智库，率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针

- 首页
- 组织机构
- 科学研究
- 成果转化
- 人才教育
- 学部与院士
- 科学普及
- 党建与科学文化
- 信息公开

首页 > 传媒扫描

## 【中国科学报】全基因组测序重现小麦“家世”

2020-10-27 来源：中国科学报 韩扬眉

【字体：大 中 小】

语音播报

小麦是世界上最古老的，也是最重要的粮食作物之一。在短短几千年里，小麦便从起源地西亚的“肥沃新月地带”扩展到全球不同的生长环境中，成为世界上种植范围最广泛的作物之一。

小麦是如何成功适应不同生长环境的？“祖先”小麦又是如何进化为现代小麦的？小麦遗传学家不断探索，试图揭示小麦的“家世”。

10月26日，中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员鲁非和焦雨铃团队合作，对共计414种有代表性的普通小麦和近缘麦类物种进行全基因组的重测序，并结合群体遗传学分析重现了小麦演化历史。该研究同时挖掘了小麦的基因组多态性，为跨物种转移适应性成功以进行作物改良奠定了基础并提供了新视角。相关成果在线发表于《自然—遗传学》。

### “复杂”的小麦

小麦的栽培历史与人类开化和生存密切相关。距今约1万年前，人类便成功地栽培小麦以进行粮食生产。如今，小麦已成为全世界1/3以上人口的主粮，提供了人类饮食中约20%的热量和蛋白质，而我国更是全世界最大的小麦生产国和消费国。

“然而，小麦的研究和遗传育种改良严重落后于水稻、玉米等其他主粮作物。”论文通讯作者之一焦雨铃告诉《中国科学报》，原因在于小麦基因组异常庞大和复杂。一方面，小麦基因组的数量有17Gb，是水稻基因组的40余倍、玉米基因组的5倍多。另一方面，小麦的基因组包含3套高度相似的亚基因组，来自于3种原本独立的麦类植物，这些复杂性严重制约了小麦遗传和育种研究。

事实上，今天人们食用的普通小麦源自距今8000年前的中东地区，古人农田里种植的四倍体栽培硬粒小麦（又称二粒小麦）与二倍体山羊草发生了天然杂交，形成了今天的六倍体普通小麦。



异源多倍体化使小麦能广泛地适应不同种植环境。当前小麦种植跨度可从北纬67度的北欧延伸到南纬45度的阿根廷南部，纵深可从低于海平面150米的吐鲁番盆地到海拔4100米的青藏高原。

那么，在选择和人类驯化过程中，小麦基因组是如何被转化的？小麦又是怎么长成不同地区人们都喜欢样子的？

焦雨铃介绍，近年来，随着测序技术的不断进步，人们已初步获得了小麦模式品种的基因组序列。但是，小麦在长期选育中具有高度多态性，即进化出不同的形态，找到导致多态性形成的基因对于育种意义重大，亟须挖掘并解析。此外，普通栽培小麦和其他与之有倍性差异的亲缘麦类物种间的亲缘关系也有待阐释。

“从普通小麦的进化史可以发现，它并没有直接的野生祖先，那么其多态性从何而来？”焦雨铃说，解析小麦适应性遗传机制，是破解未来在气候变化情况下，小麦高产、稳产难题的关键。

### 绘制“图谱”找到关键基因

过去多年来，焦雨铃团队致力于小麦关键农艺性状和分子设计相关研究，与鲁非团队合作，收集了有代表性的普通小麦和近缘麦类物种共计414种，进行了全基因组的重测序。他们通过对重测序结果获得的序列多态性进行群体遗传学分析，以此“重现”了小麦的演化历史。

同时，在重测序基础上，研究人员寻找了多态性位点基因。

“多态性位点基因也就是基因组上有变异的地方，一般来说，相同变异具有共同来源。”焦雨铃解释说。六倍体普通小麦在形成后仍与四倍体硬粒小麦存在长期的基因交流，从而获得了多态性。随后，普通小麦向东、西两个方向传播，形成了我国和欧洲的农家种。而我国近代的栽培种培育过程中大量借鉴了欧洲小麦品种，出现了又一次基因交流。

基于以上假设，研究人员推断了小麦各品系基因组的亲缘关系。有些位点能够提供优异的农艺性状，一旦出现后即被保留。

“我们找到了受选择的位点，特别是发现有些位点在不同的麦类物种中均受到选择。”焦雨铃说，“通过对这些复杂组合的解码，我们就能够追溯小麦基因组的演化历程，找出人类选育过程中被着重选择的基因。有了这些信息，选育品种就有的放矢，而不再是在基因组的‘茫茫大海’中碰运气。”

### 推动小麦研究进入“快车道”

审稿人认为，该研究选择材料覆盖面广，选取了起源地和当今主要种质区域的代表性品种，从而更为可信地“描绘”出了小麦的“家世”。

此外，该研究通过对小麦全基因组测序分析，还发现了小麦的遗传瓶颈是多倍体化造成的；由于普通小麦与其遗传供体之间立即发生了高度的生殖隔离，“基因渗入”很可能是在短时间内提高普通小麦品种多样性的唯一途径。



当前，气候变化和不断增加的人口数量正使全球粮食供应面临风险，仅凭常规的方法来进行农艺性状的选择育种，难以满足人类对粮食的需求。

“如何让小麦高产，如何让一个穗子结出更多麦粒，这是我们最关注的。而该研究为针对产量性状的研究提供了宝贵数据，让我们能缩小重要基因的筛选范围，显著提高成功率。全基因组重测序是小麦研究的最新热点。世界主要小麦生产国都在开展此类研究，包括中国农科院作物所、西北农林科技大学、美国堪萨斯大学等国内外机构。众人拾柴火焰高，大家的共同努力将促使小麦研究进入‘快车道’。”焦雨铃说。

鲁非也表示，进一步利用群体遗传学，扩大研究群体，在基因型的基础上对群体进行表型分析，将各种有益性状综合起来，能推动小麦遗传研究和改良育种。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1038/s41588-020-00722-w>

(原载于《中国科学报》2020-10-27 第1版 要闻)

责任编辑：侯茜

打印 

更多分享

上一篇：【科技日报】中国天眼：在射电天文领域领先世界20年

下一篇：【新华网】“科技助力东北振兴杯”中青年科技人才创新创业大赛完成初赛



扫一扫在手机打开当前页

© 1996 - 2021 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号-1 京公网安备110402500047号 网站标识码bm48000002

地址：北京市三里河路52号 邮编：100864

电话：86 10 68597114 (总机) 86 10 68597289 (值班室)

编辑部邮箱：casweb@cashq.ac.cn

