## 城市人要找回“微生物”老朋友



成熟的谷子。河南伊川吕店谷子品种展示基地供图

1万多年前北京门头沟的先民们吃的主食是什么？4000多年前的青海人用什么做面条？6000年前中原人口第一次大幅增长是因为什么作物？

考古证明，答案都是谷子，也就是人们俗称的小米。

近日，《自然-遗传学》在线发表了中国农科院作物科学研究所研究员刁现民团队在全球首次完成的谷子高质量图泛基因组图谱。该研究不仅从基因组水平证明了中国是谷子唯一起源地，而且创制了谷子图基因组精准高效育种方法，为培育突破性品种打下了理论基础、提供了技术路径。

中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员、中国科学院院士李家洋指出，这是杂粮领域第一个高质量图泛基因组，对未来育种应用有特殊的重要性。这一成果不仅是谷子研究的又一个里程碑，也是对“小作物，大作为”的最好诠释，并将给其他作物研究带来重要推动作用。

**谷子的身份变化**

谷子隶属禾本科狗尾草属，是世界上最古老的驯化作物，也是亚洲/中华农耕文明形成的主体作物。

考古发现最早的谷子出现在北京市门头沟区的东胡林遗址，距今1.15万年。而欧洲的谷子没有早于3500年前的。

论文通讯作者刁现民告诉《中国科学报》，在高投入（水利、化肥、农药）农业生产系统到来之前，谷子在农耕文化中长期占据主粮地位。

夏商到魏晋南北朝，谷子在粮食中一直占据首要地位。特别是魏晋南北朝时期，南方谷子得到空前发展，达到历史繁盛顶点。隋唐时期，谷子进入第一次衰退期，稻麦地位上升，取代了谷子的传统地位，形成南稻北麦的格局，但谷子仍是当时的核心农作物。

近代以来，随着小麦、水稻等作物绿色革命的突破，谷子作为主粮的优势被逐步削弱。“实际上谷子由一种大作物变成小作物仅仅是近40年的事。”刁现民说，黑龙江在新中国成立初期是全国最大的谷子种植省。1978年，黑龙江省的谷子种植面积已达2000万亩，而现在全国谷子种植面积总共才2000万亩。

不过，谷子的籽粒——小米营养价值高，这使它成为深受人们喜爱的杂粮。

近年来，随着气候变化、农业可持续性及粮食安全问题的日益显著，科学家对具有耐旱、耐瘠薄、环境适应性强、易转化和易实验室操作等特点的谷子，寄予了新的希望。

刁现民从1987年开始从事谷子研究，至今已收集了20多个种1500多份狗尾草属材料。“我国的谷子农家品种和育成品种是世界上最丰富的。农家品种大概有2.7万多份，育成种水平在国际上是最领先的。”

刁现民说，要想更好地利用这些材料，必须对谷子基因型和表型进行精准鉴定。“现在谷子和其他大作物相比，产量水平仍然很低。谷子在不浇水、不施肥的情况下一般亩产为250公斤~300公斤；典型的高产田块有水、有肥的，最高产量达700公斤。这主要是因为我们对谷子的野生种、农家种、育成种的群体结构、演化关系以及历史没有清楚的认识。”

这些问题包括谷子基因组变异水平不是很清楚，特别是在结构变异上没有什么信息；资源表型鉴定记录信息不完整；在谷子的驯化和育种过程中，究竟哪些基因、哪些区段、哪些位点经过了选择，也不清楚。“这都需要我们更深入地研究。”

**绘制第一部杂粮“天书”**

“现在发表的这项研究其实是上述大工程的一部分，是副产品，并不是短时间内决定去做的，而是随着研究的深入、技术的进步，与育种和生产需要整合起来、长期积累得到的研究成果。”作为国家谷子高粱产业技术体系首席科学家，刁现民希望彻头彻尾地搞清楚谷子这种作物，并在此基础上培育出更好的品种，让谷子在粮食系统中发挥应有的作用。

正因如此，谷子成为了杂粮里第一个拥有图泛基因组的作物。

所谓泛基因组是指一个物种全部的基因信息，而图基因组则包含了一个物种基因组中所有的结构变异。也就是说，图泛基因组是利用目前科学技术所能绘制的一个物种最清晰、最详细、最全面的基因组信息，相当于物种基因组的“天书”。

刁现民团队对谷子野生种、农家品种和现代育成品种等1844份核心种质资源群体进行解析，从头组装了110个谷子和狗尾草高质量基因组，绘制了首个狗尾草属基因组变异图谱，认识了谷子资源变异的基本情况，系统解析了谷子驯化和改良过程中的基因组变异。

论文共同第一作者、中国农科院作物科学研究所博士后贺强介绍，利用核心种质——1844份谷子、狗尾草的高倍重测序，可将狗尾草属的物种清晰地聚类。其中，狗尾草分为4个亚群。而狗尾草驯化成谷子，形成春、夏谷子亚群之前，还有一个更为古老的亚群C3，该亚群地理分布更广、环境适宜性更强，对未来谷子环境适宜性改良具有重要意义。

中国农科院作物科学研究所研究员、中国工程院院士刘旭说，这从遗传学上肯定了谷子单起源中心，即中国起源中心的理论，是利用新技术进行资源研究的典型代表。

不仅如此，他们还研究了谷子是如何驯化改良的。贺强介绍，他们总共鉴定出4582个和谷子驯化有关的结构变异、152个和谷子育种改良相关的结构变异，并鉴定出680个在驯化改良中持续被选择的结构变异相关基因，其主要富集在生殖、光周期、色素及氮利用等代谢途径上。

2023年是国际小米年。联合国粮食及农业组织认为小米理应获得重视，并在人们的膳食结构中拥有一席之地，因为小米能为其他作物所不能为，可以在恶劣的气候条件下生长，促进解决粮食短缺问题；有助于健康膳食；具有气候韧性；在增进小农生计上大有可为；小米贸易可以增进全球粮食体系的多样性；在治疗和制药等领域的创新用途众多。

刁现民认为，发表谷子的图泛基因组图谱，是中国科学家对国际小米年最好的支持。

**建立育种大数据库**

仅绘制图泛基因组，就已经是一项庞大的工作。然而，刁现民团队并没有止步于此。

“与别的工作做得不一样的地方是，我们进行了大量的表型鉴定。”刁现民说，他们依靠17家单位在全国13个地方进行了680个材料10年22个环境的基本农艺性状的调查，是真正的多年、多点实验数据。

“我们不仅调查了株高、穗长、分蘖数、穗粒重这些常见的性状，还研究了萌芽期、苗期、全生命周期的抗旱性，落粒性、米色、籽粒的品质性状等，形成了68个性状、226组表型数据，实际上就是个表型组。”刁现民说，他们重点做了与育种有关的、更实用的性状鉴定。例如，他们在新疆做了3年全生育周期的抗旱性调查，在山西做了3年萌芽期的抗旱性调查，在河北衡水做了苗期的抗旱性调查。

更重要的是，他们还把图泛基因组和表型组这两个大数据进行了对接，一共发掘了1084个表型相关的位点，其中结构变异占到了5.8%。

论文共同第一作者、中国农科院作物科学研究所副研究员汤沙告诉记者，在没有图基因组之前，是看不到基因组里的结构变异的。然而，谷子的一些重要农艺性状，如淀粉、开花期和穗重等，却是结构变异基因决定的。

“有了这些基因及其信息，我们就可以建立一个分子育种模块。这些信息给基因型、表型相互估算以及靠基因型估算表型提供了一个方法，这就是全基因组选择育种。”刁现民说，这是一个数据库，可以从中知道某一个性状的最优基因是什么。有了这个家底，以后在育种中就可以把好的基因聚拢在一起，为未来的育种提供分子和表型基础。

“这让我们更清晰地看到了基因组结构变异对发掘基因功能的重要性。”中国农业科学院作物科学研究所研究员、中国科学院院士钱前说。

中国科学院分子植物科学卓越创新中心主任、中国科学院院士韩斌说：“该研究中全基因组选择的表型预测准确度超过90%，使我们看到了全基因组选择在谷子育种中的应用潜力。我认为该研究不仅是谷子也是作物领域中‘泛基因组-数量遗传-育种’的经典之作，对未来作物遗传改良具有重要指导意义。”