

科研动态

科研动态

科研团队



科研动态

当前位置: 首页 >> 科学研究 >> 科研动态 >> 正文

海南大学夏志强课题组重磅成果，研发Hyper-seq技术助力大数据育种变革

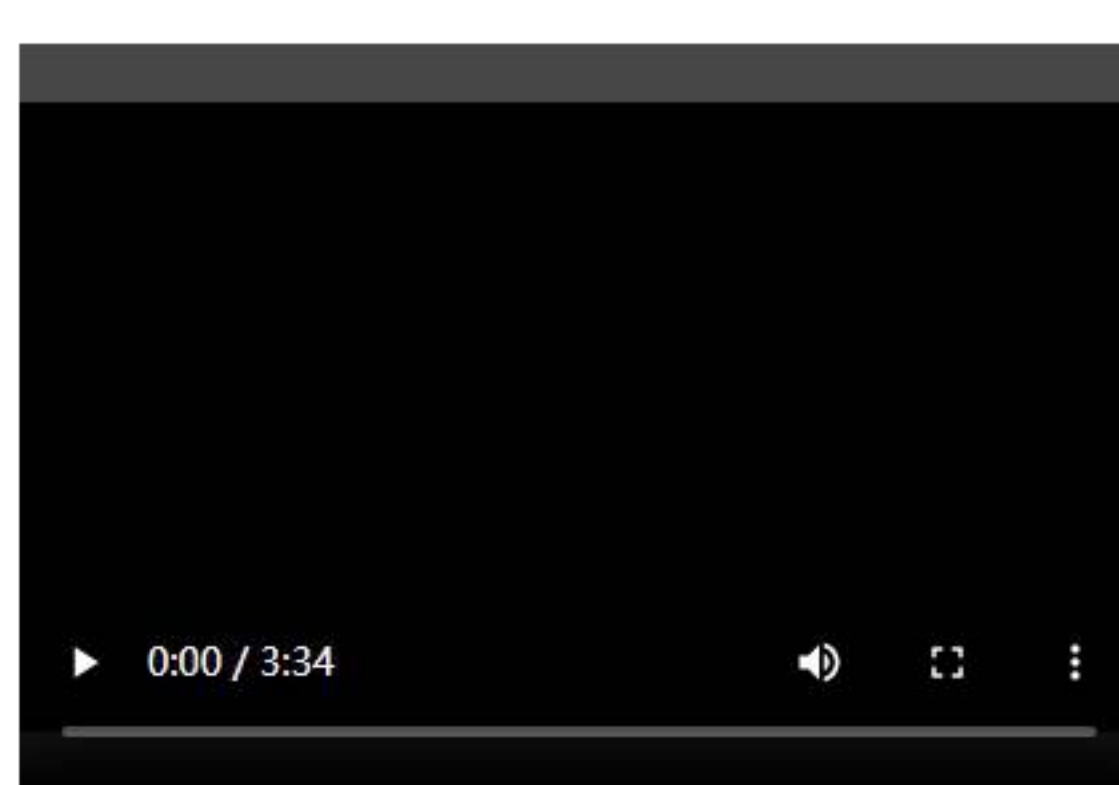
2022年05月24日 09:26



海南大学三亚南繁研究院、海南大学热带作物学院、基因组与大数据育种中心、崖州湾种子实验室

粮食是社稷之本，种业是粮食之基。习近平总书记在海南省三亚市崖州湾种子实验室考察调研时强调：“种源要做到自主可控，种业科技就要自立自强。只有用自己的手攥紧中国种子，才能端稳中国饭碗，才能实现粮食安全”。

目前，现代种业已进入常规育种+现代生物技术育种+信息化育种的“育种4.0”时代，而大群体测序成本居高不下，让“育种4.0”止步不前。为解决这一关键问题，海南大学三亚南繁研究院和热带作物学院的夏志强团队开发了一种低成本、高效、高通量的DNA测序文库制备和基因分型方法——Hyper-seq。



Hyper-seq技术具有广泛的适用性和可扩展性，同时具有一定的基因区域富集效应。可以根据不同的物种和项目的需求，通过使用不同的Hyper-seq引物，灵活地调节标记密度，通过特殊的PCR方式，不需要额外酶切和连接接头等，即可实现大量样品同时建库，产出海量基因型大数据，以低成本满足不同物种大规模分型测序的需求。对于1G基因组样本，Hyper-seq建库测序成本可以降低到每个样本不到10美元。

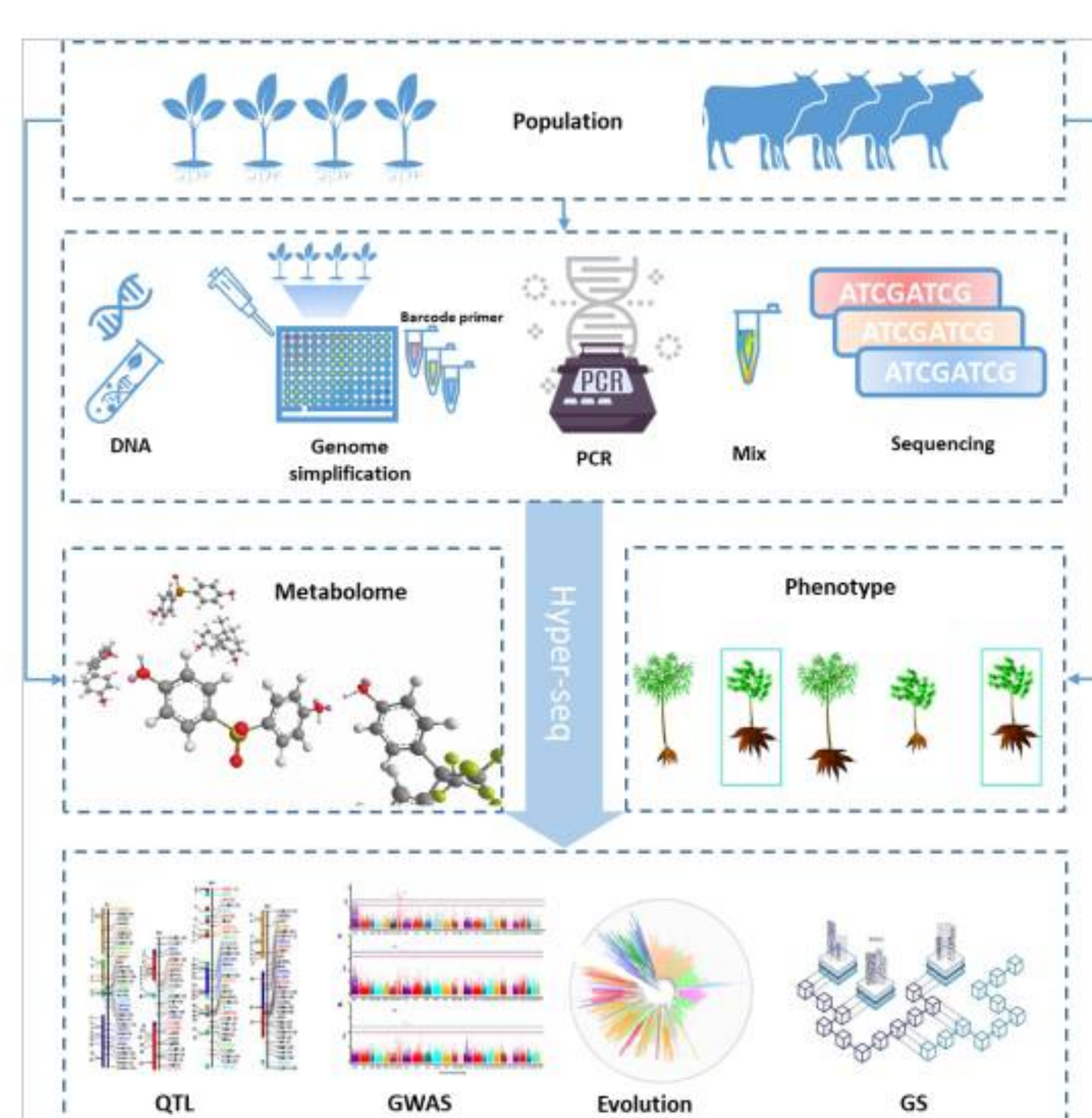


图1 Hyper-seq技术流程

与育种芯片相比，Hyper-seq技术能检测出更多的标记。通过Hyper-seq技术，在玉米、马铃薯、节节麦、木薯、水稻、小麦中检测到的分子标记数量远远高于利用育种芯片检测出的分子标记数量，而且分子标记具有覆盖均一性等优势。

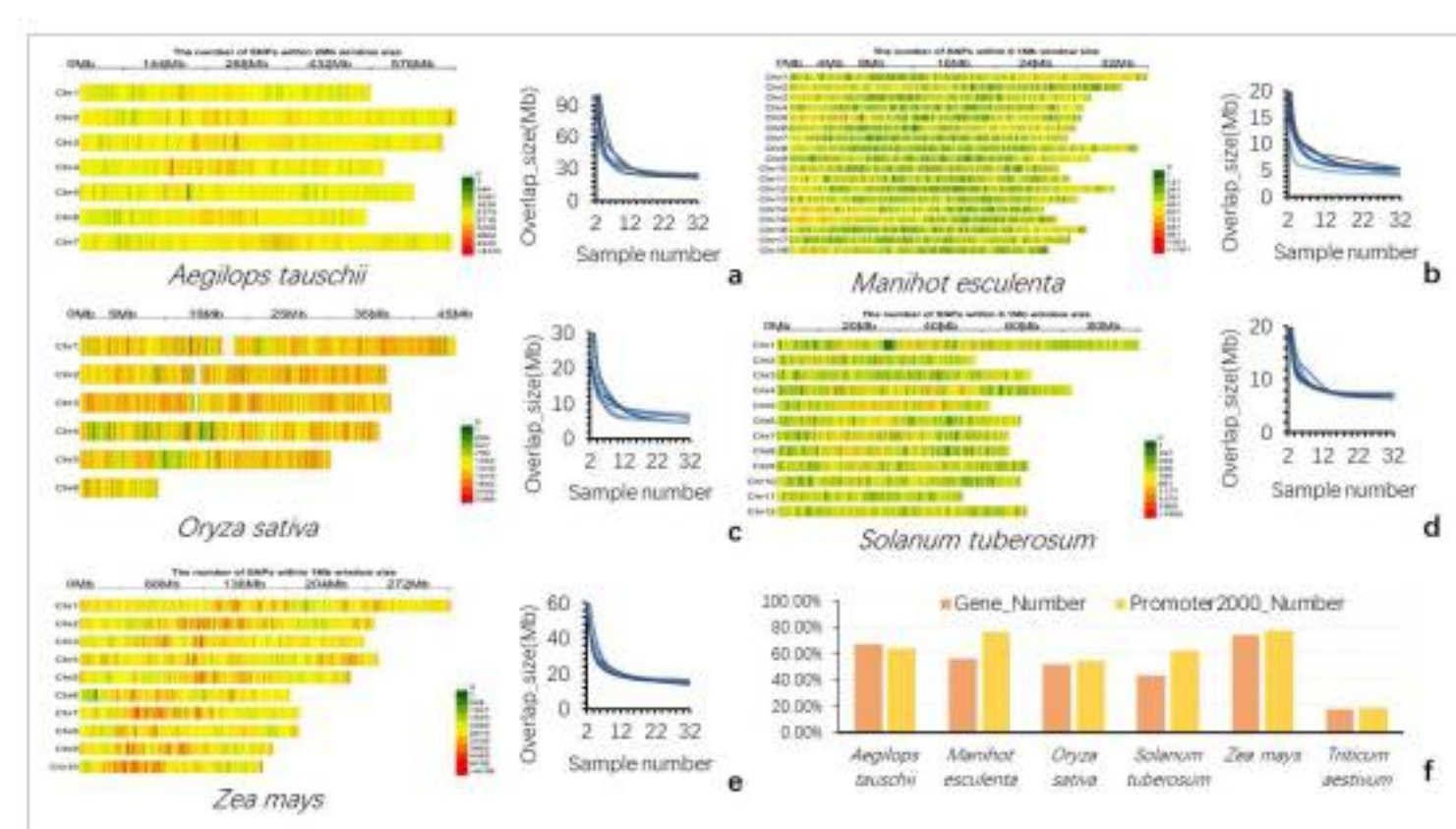


图2 Hyper-seq检测出分子标记的基因组覆盖度

Hyper-seq 的技术优势：

- Hyper-seq-G：对于基因组大小为 1G 的样本，在验证标记的覆盖率和均匀性的同时，文库制备和测序的成本可以降低到每个样本不到 10 美元。
- Hyper-seq-FD：不同的项目通常需要不同基因组覆盖率的测序数据。一些项目用于基因组大的作物(如小麦研究，需要进一步降低标记密度，可以通过一组 Hyper-seq-FD 引物扩增产实现，从而通过降低测序成本来降低育种基因组测序的成本。
- Hyper-seq-INC：为了获得更高的覆盖度，可以使用不同的 Hyper-seq-INC 引物组合来实现标记密度的增加，以达到所需的覆盖程度。适用于多种物种(包括复杂基因组)的简化测序。

Hyper-seq适用于各种物种(包括复杂基因组)的重测序或简化测序，适用于作物遗传背景筛选、遗传图谱构建、全基因组关联分析、目标关键基因或新候选基因定位、品种鉴定、基因组选择育种、生物安全防控的分子检测等。随着DNA测序成本的进一步降低，以及简便、快速基因分型平台的开发，Hyper-seq技术将使更多的全球非模式作物育种者受益。



图3 Hyper-seq测序技术的应用场景

与传统分子育种相比，使用Hyper-seq技术获取作物全基因组后，结合利用大数据技术和人工智能算法，可将成千上万的分子标记和性状建立计算机模型，达到可超越传统分子标记育种的高效、精确的智能化大数据技术育种，成为种子的“成才”加速器，解决育种“卡脖子”的问题。

目前，夏志强所在的热带作物基因组大数据育种团队与其他科研单位、公司和育种家联合构建育种材料模型，通过Hyper-seq技术，已完成了超过一万余份热带作物资源基因组解析，逐渐形成一套全基因组选择育种体系，以指导育种材料的筛选。

南繁育种不仅要“藏粮于地”，更要“藏粮于技”。未来，夏志强团队将在大规模基因组资源测序的基础上，打造一套从育种材料接受，到以Hyper-seq技术基因组建库测序，再到到数据分析反馈的产业链，指导新品种的选育，加快南繁育种产业发展。

该项成果以“Hyper-seq: A novel, effective and flexible marker-assisted selection and genotyping approach”为题发表在Cell Press合作期刊The Innovation上，海南大学三亚南繁研究院及热带作物学院“基因组与大数据育种”团队邵牧伶和夏志强为文章的第一作者，夏志强研究员为通讯作者。

致谢：

- 成都瀚辰光翼科技有限公司
- 武汉贝纳科技有限公司
- 北京佰域生物科技有限公司
- 武汉迈特维尔生物科技有限公司
- 上海百德生物医学科技有限公司
- 深圳华中基因科技有限公司
- 美国加州大学戴维斯分校(UCDavis)
- 巴西农牧业研究所(Embrapa)
- 热带农业国际中心(CIAT)
- 中国热带农业科学院
- 中央民族大学
- 福建农林大学
- 齐鲁工业大学
- 青海大学
- 浙江大学
- 武汉理工大学
- 中国农业大学
- 河南大学
- 四川农业大学
- 华中农业大学
- 山东大学
- 西藏农牧学院
- 贵州省农业科学院
- 广东省农业科学院
- 云南省农业科学院

作者简介



夏志强研究员，海南大学三亚南繁研究院“基因组与大数据育种”团队负责人，海南大学热带作物学院副院长，美国加州大学戴维斯分校访问学者，海南省南海青年名家，中国民族医药学会黎药分会理事，热区石漠化山地绿色高效农业科技新联盟理事，博士生导师，从事基因组学、转录组学、高通量技术开发与大数据育种技术方法等研究。开发多组学平台，提供染色体层面上的复杂基因组、甲基化等大数据分析体系。发表了世界首个木薯、百香果、象草等精细基因组图谱。针对极复杂基因组完成马铃薯同源四倍体单倍型和木薯单倍型基因组组装。原创研发二代超低成本基因分型技术和表观遗传分析技术，低成本Hyper-seq测序技术应用广泛，成功用于约50个物种，10000多份样品研究。获授权国家发明专利4项，国际发明专利3项。Nucleic Acids Research、The Innovation、Molecular Ecology Resources、Horticulture Research、Biotechnol Biofuels、Nature Communications等SCI杂志发表，第一或通讯作者26篇，累积影响因子超过100。两项国家重点研发专项负责人，主持参加国家自然科学基金、地区重点基金等科研项目10余项。

个人主页：<https://hd.hainanu.edu.cn/dzqw/info/1030/2000.htm>

原文链接：[https://www.cell.com/the-innovation/fulltext/S2666-6758\(22\)00050-9#relatedArticles](https://www.cell.com/the-innovation/fulltext/S2666-6758(22)00050-9#relatedArticles)

The Innovation是由一百多位青年科学家发起成立的综合性英文期刊，与Cell Press合作出版，期刊内容覆盖所有自然科学。



作者：夏志强 邵静依

