



位置: 首页 > 新闻动态 > 科研进展

搜索

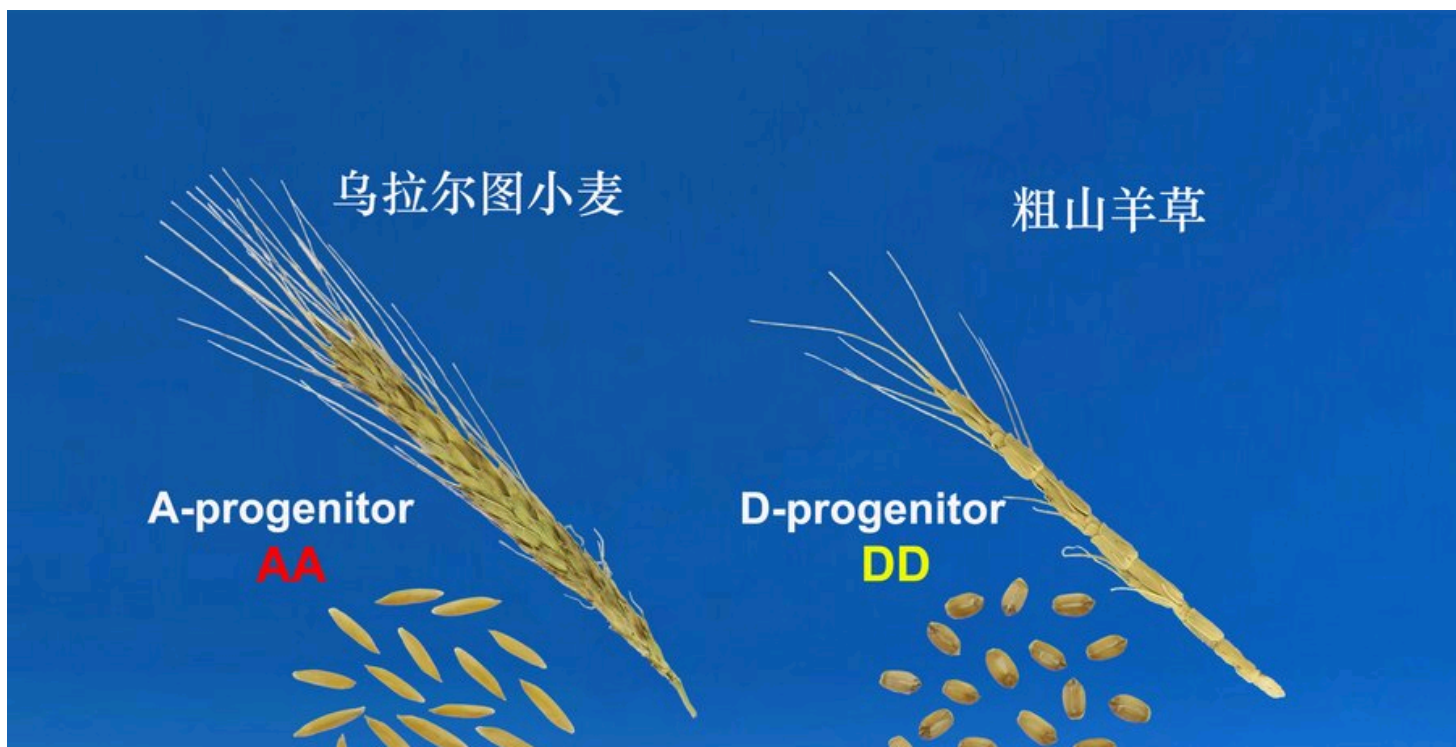
中国科学院遗传与发育生物学研究所领衔完成小麦A基因组测序

2013年3月24日18时, 国际著名学术刊物《自然》(Nature, <http://www.nature.com/nature>) 在线发表了题为“Draft genome of the wheat A-genome progenitor *Triticum urartu*”的研究论文。该项研究首次完成了小麦A基因组的测序和草图绘制, 比较全面地揭示了A基因组的结构和表达特征, 对未来深入和系统地研究麦类植物结构与功能基因组学进一步推动栽培小麦的遗传改良具有重要理论意义和实用价值。该项研究由中国科学院遗传与发育生物学研究所植物细胞与染色体工程国家重点实验室小麦研究团队发起, 通过与美国加州大学戴维斯分校合作顺利完成。

小麦是全球最重要的粮食作物, 养活了世界上40%的人口, 提供全球20%的人类营养所需热能和蛋白质。生产上广泛种植的小麦是一个异源六倍体, 含有A、B和D三个基因组。追本溯源, 普通小麦是由祖先野生的一粒小麦(乌拉尔图小麦, 含AA基因组)与拟斯卑尔托山羊草(*Aegilops speltoides*, 含BB基因组)杂交形成四倍体小麦(*Triticum turgidum*, 含有AABB基因组)。大约在8000年前, 四倍体小麦与粗山羊草(*Aegilops tauschii*, 含DD基因组)再一次自然杂交, 经自然和人类的选择形成如今广泛栽培的普通小麦(*Triticum aestivum*, 含 AABBDD 基因组)。由于普通小麦基因组大(17000 Mb, 是水稻基因组的40倍)而复杂, 85%以上序列为重复序列, 致使基因组测序研究困难重重, 进而成为了限制小麦基础和应用研究进一步发展的一个瓶颈。含有A基因组的乌拉尔图小麦是小麦A基因组的原始二倍体供体种, 也是小麦进化的基础性基因组(世界上所有小麦二、四、六倍体小麦、*Timopheevii*和*Zhukovskiyi*小麦等都含有A基因组), 在小麦进化过程中起着核心作用。

研究团队利用新一代测序技术, 对二倍体乌拉尔图小麦G1812系的基因组进行了测序、组装、注释及相关分析。鉴定出了34,879个编码蛋白基因, 其基因数量与已知禾本科基因组的基因数相似。基因组比较研究发现, 在进化过程中由于大量反转座子重复序列在基因间的插入, 导致了小麦A基因组的剧烈扩增。与已知禾本科作物基因组比较分析, 鉴定了3,425个A基因组特异基因和24个新小RNA, 并发现含NB-ARC功能域的抗病基因在小麦A基因组明显增多。这些基因和小RNA的扩张可能是赋予小麦抵御恶劣生存环境和广适性的重要原因。通过同源基因的比对和关联分析, 还鉴定出了一批控制重要农艺性状的基因, 如控制籽粒长度和千粒重的*TuGASR7*基因。此外, 该研究还筛选出大量的遗传分子标记, 助于重要数量农艺性状基因的克隆及基因组选择, 促进小麦的分子育种。

小麦A基因组测序和基因组图谱绘制的完成, 将为科研工作者研究小麦驯化史提供一个全新的视角, 并为多倍体小麦基因组的测序分析提供了二倍体基因组参照序列。注释出因信息和分子标记有助于加速小麦的遗传改良, 对保障粮食安全和农业可持续发展具有重要作用。





Bread wheat
AABBDD

普通小麦