
我科学家成功破译古小麦全基因组

作者：任爽 来源：光明日报

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/topnews/5729.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！



在超景深三维显微镜下放大20倍的古小麦。吉林大学教授崔银秋研究团队供图

我科学家成功破译古小麦全基因组。日前，我国科学家在古代小麦基因组研究领域取得了突破性进展，成功测定并分析了距今约3800年的小麦全基因组序列。这是世界上首次成功破译古代小麦全基因组，该研究提出了普通小麦从青藏高原边缘到长江流域的扩散路线，为理解东西方文化交流以及农业传播提供了跨时间维度上的直接证据。

这项研究由吉林大学教授崔银秋研究团队与东北师范大学教授宫磊研究团队合作完成。据崔银秋介绍，六倍体普通小麦是世界上最重要的粮食作物之一。普通小麦驯化始于大约1万年前近东的新月沃地，然后向西扩散到欧洲，向东扩散到东亚，但小麦进入中国的传播途径仍不清楚。

为探寻传播路径，经过约10年时间的研究，两支团队克服了古植物中DNA含量极低、降解损伤严重，古植物DNA研究对实验环境要求高等困难，从距今3800年的单粒小麦种子中成功提取到其基因组DNA，并利用新一代测序技术，对中国新疆小河和古墓沟墓地出土的7粒古代小麦种子进行了全基因组测序和序列组装。基因组数据分析和形态学观察都证明出土的小麦为六倍体普通小麦，古代小麦与中国西南地区现存的普通小麦地方品种的密切关系。

崔银秋说，青藏高原现代地方品种与古代小麦高度相似的等位基因频率，为小麦向高原传播的西南途径提供了更加直接有力的分子依据。这项研究也提出了普通小麦从青藏高原边缘到长江流域的扩散路线，为中国种植的现存小麦地方品种的栽培起源、扩散和遗传改良提供了重要信息，将对现代小麦育种起到积极促进作用。

相关研究成果已在植物学领域国际权威学术期刊《The Plant Journal》在线发表。

更多 科研头条 请访问 <https://www.iikx.com/news/topnews/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发