
《自然》：研究解码全球小麦百年种质多样性

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27761.html>

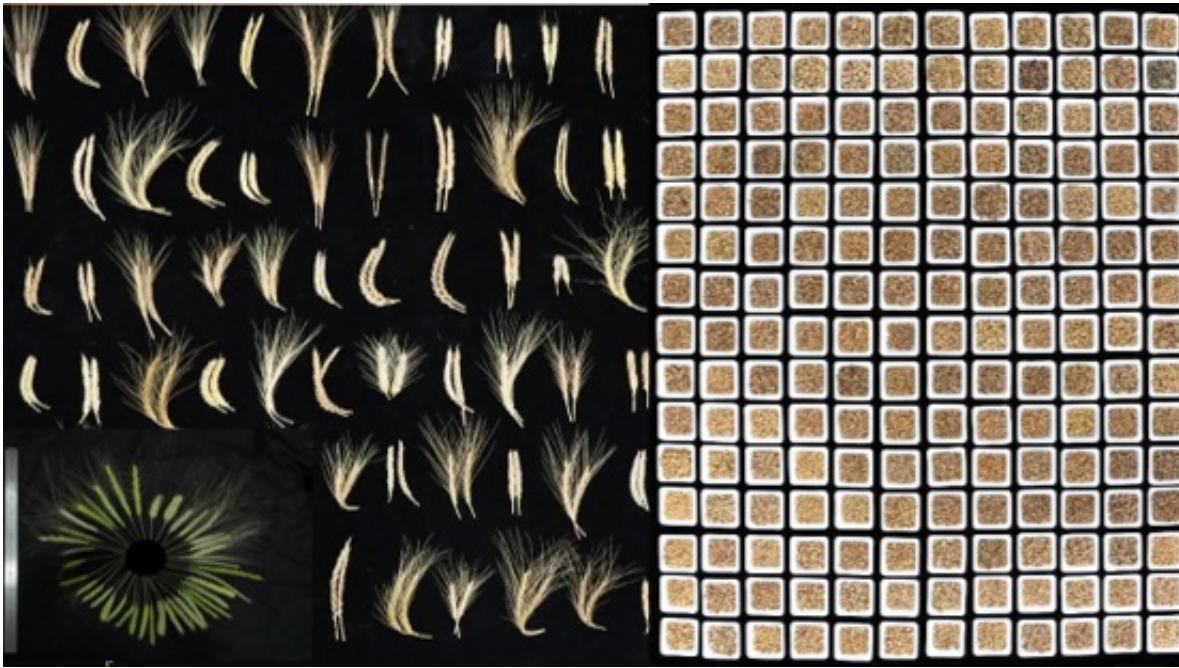
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

《自然》：研究解码全球小麦百年种质多样性。6月17日，《自然》在线发表了中国农业科学院深圳农业基因组研究所领衔的一项国际合作研究成果。科研人员引进和利用20世纪初收集的来自世界30多个国家的小麦种质资源，综合运用基因组学、遗传学、生物信息学和分子生物学，量化并验证了当前小麦育种中未被利用的大量的优异变异。该研究打通了小麦从基因组解码到育种设计的全链条贯穿体系，为全球小麦基础科研和育种产业应用奠定了重要基础。



Watkins小麦。中国农科院供图

小麦是最主要的全球性粮食作物之一，是人类获取能量和营养的重要来源。追溯作物进化和驯化过程中已形成的遗传和表型多样性，解码和发现小麦优异性状和变异，连接目标遗传位点和育种田间表现的桥梁，构建小麦全基因组设计育种所必需的源头数据资源和平台技术工具，是突破小麦育种障碍，培育新一代高产优质小麦品种的必然之路。



Watkins小麦在中国的穗性状和籽粒性状多样性。中国农科院供图

基因组所研究员程时锋团队先后从英国约翰·英纳斯中心引进了数千份优异的小麦核心种质资源（Watkin小麦），其中包含百年前收集于欧洲、亚洲和非洲32个国家的827份地方品种。

研究团队综合利用基因组学、遗传学、生物信息学和分子生物学等前沿技术手段，找回了现代小麦品种丢失的遗传多样性宝库，并验证其功能和育种价值。研究发现，现代小麦品种经过长期的人工定向选择，仅来自于7个祖先群中的2个，67%以上的遗传多样性丢失。这表明现代核心小麦资源遗传背景狭窄，品种单一，选育品种同质化严重，现代小麦育种的遗传增益的潜能极其有限，难以应对未来人口持续增长和极端气候不断变化的影响。

程时锋团队的研究系统验证了大量未被利用的优异变异的功能和育种价值，并挖掘到调控小麦高产、氮高效利用、适应性和营养品质的数千个关键遗传位点，开发了大数据资源和技术工具。他们提出了小麦全基因组设计育种的4D策略（Decode解码，Discover发现，Design设计，Deliver实现），为真正实现小麦从基因组到育种（G2B，Genomics to Breeding）的全链条贯通提供了系统解决方案。

论文评审人认为，该研究成果是全球小麦科学研究工作的一个里程碑，将大大促进小麦甚至整个作物科学领域的基因组设计育种的步伐。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41586-024-07682-9>

作者：程时锋等 来源：《自然》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

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