
科学家完成中国春小麦基因组近完整组装

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/32070.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！

科学家完成中国春小麦基因组近完整组装。

小麦是重要的粮食作物之一。小麦基因组庞大、高度重复且为异源六倍体，使得小麦的完整组装面临挑战。2018年，国际小麦基因组测序联盟发布了中国春小麦参考基因组。但是，该基因组组装存在大量未解析的重复区域和复杂序列结构，导致小麦基因组学研究难以全方位覆盖整个基因组，阻碍了针对特定区域开展精细化研究，制约了小麦基因组学研究的发展和育种应用。

近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所傅向东研究组与鲁非研究组，联合中国农业大学科研人员，综合利用ONT超长读长测序、PacBio HiFi高精度测序和Hi-C数据，实现了中国春小麦基因组的近完整组装（CS-CAU）。CS-CAU大小为14.46 Gb，碱基准确率大于99.9963%，仅剩290个组装间隙。其中，1D、3D、4D、5D染色体首次实现无间隙组装，1D和5D染色体达到端粒到端粒级别。

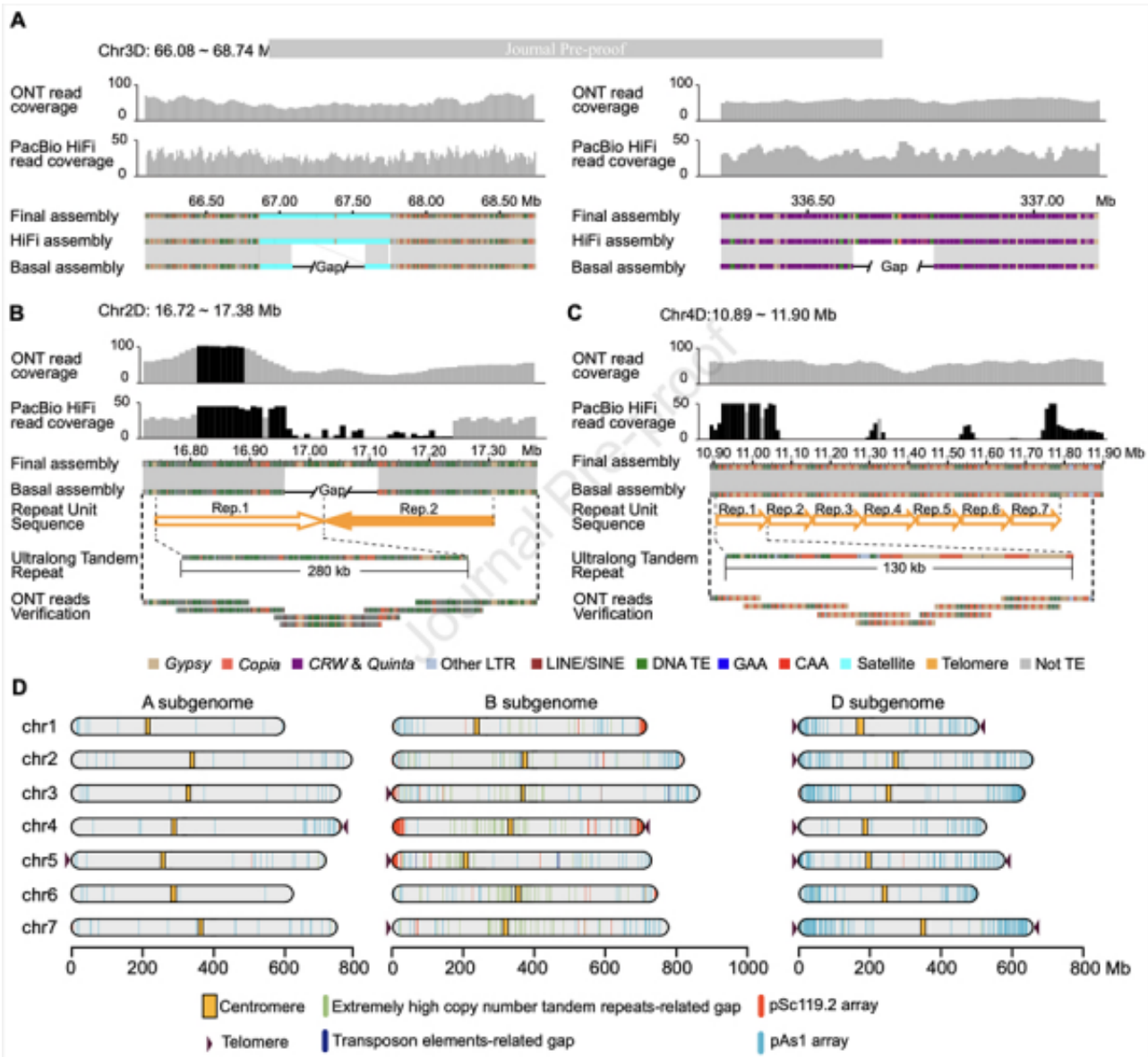
该研究解决了小麦基因组重复序列高、多倍体复杂的组装难题，为解析其他复杂作物基因组提供了范本。基于近完整基因组组装，研究共注释到151,405个高置信度基因，其中59,180个是新注释基因，包括7,602个首次组装出的基因。通过整合RNA-seq数据集和跨物种蛋白同源性证据，研究解析了6类种子储藏蛋白的基因组分布与表达特征。研究发现， ω -醇溶蛋白表达完全由B亚基因组贡献，而其他5类SSP表达则主要由D亚基因组贡献，为剖析小麦面筋品质的遗传基础和分子改良奠定了基础。除chr1B的着丝粒存在与超长GAA重复序列相关的间隙外，其余20条染色体的着丝粒序列均全部组装完成。对于着丝粒区序列组成进行分析发现，着丝粒区域主要由逆转座子构成，其中A/B亚基因组着丝粒富含着丝粒相关反转录转座子CRW和Quinta，而D亚基因组着丝粒中只有30%的序列为CRW和Quinta。相似的是，串联重复序列在3个亚基因组间分布存在高度的不均匀性，其中71.89%的简单串联重复富集于B亚基因组，而接近一半的卫星序列则集中于D亚基因组。同时，研究解析了着丝粒区CRW和Quinta逆转座子的插入时间，明确了其在3个亚基因组间的主要扩张时期。

上述研究为小麦遗传改良和基础研究提供了关键资源。

相关研究成果以Near-complete assembly and comprehensive annotation of the wheat Chinese Spring genome为题，在线发表在《分子植物》（Molecular Plant）上。研究工作得到国家重点研发计划和国家自然科学基金等的支持。

[论文链接](#)

CS-CAU基因组下载路径



中国春小麦基因组近完整组装

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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

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