科学家完成小麦A基因组测序

作者：丁佳 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/505.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！

5月10日，《自然》杂志刊发了中国科学院的一项最新成果，该项研究完成了小麦A基因组的测序和染色体精细图谱的绘制。

这项由中科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、中科院种子创新研究院和遗传发育所基因组分析平台等合作完成的研究，全面揭示了小麦A基因组的结构和表达特征，对深入和系统研究麦类植物的结构与功能基因组学，以及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。

研究团队在前期小麦A基因组草图绘制的基础上，完成了乌拉尔图小麦材料G1812的基因组测序和精细组装，绘制出了小麦A基因组7条染色体的分子图谱，注释出了41507个蛋白编码基因，发现在小麦基因组中参与春化和开花的REM类转录因子基因有明显扩增。

通过与水稻、高粱和短柄草基因组的比较和共线性分析，科研人员推演出小麦A基因组7条染色体的进化模型，并鉴定出小麦A基因组从二倍体、经四倍体到六倍体进化过程中的染色体结构变异。群体遗传学分析显示，来自于新沃月地区的乌拉尔图小麦可分为3个亚群，其遗传多样性与海拔高度密切相关，并证明海拔高度在乌拉尔图小麦适应环境和重要性状(如白粉病抗性)形成中起到重要作用。

小麦A基因组测序和精细图谱绘制的完成，为国内外科研工作者解析小麦基因组进化和驯化提供了高质量的基因组信息和全新视角。注释出的基因信息将助力小麦重要农艺性状基因的精细定位、克隆和功能解析，加速栽培小麦的遗传改良和分子设计育种，将对提升小麦产业竞争力、保障粮食安全和农业提质增效与可持续发展产生重要作用。(来源：科学网 丁佳)

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转发