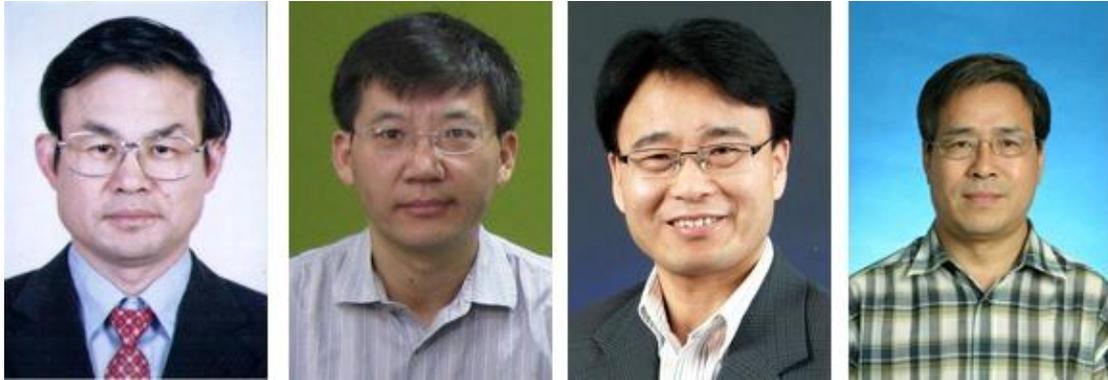


科学家完成小麦 A 基因组序列精细图谱的绘制

Scientists Mapped the Fine Map of the Wheat A Genome Sequence

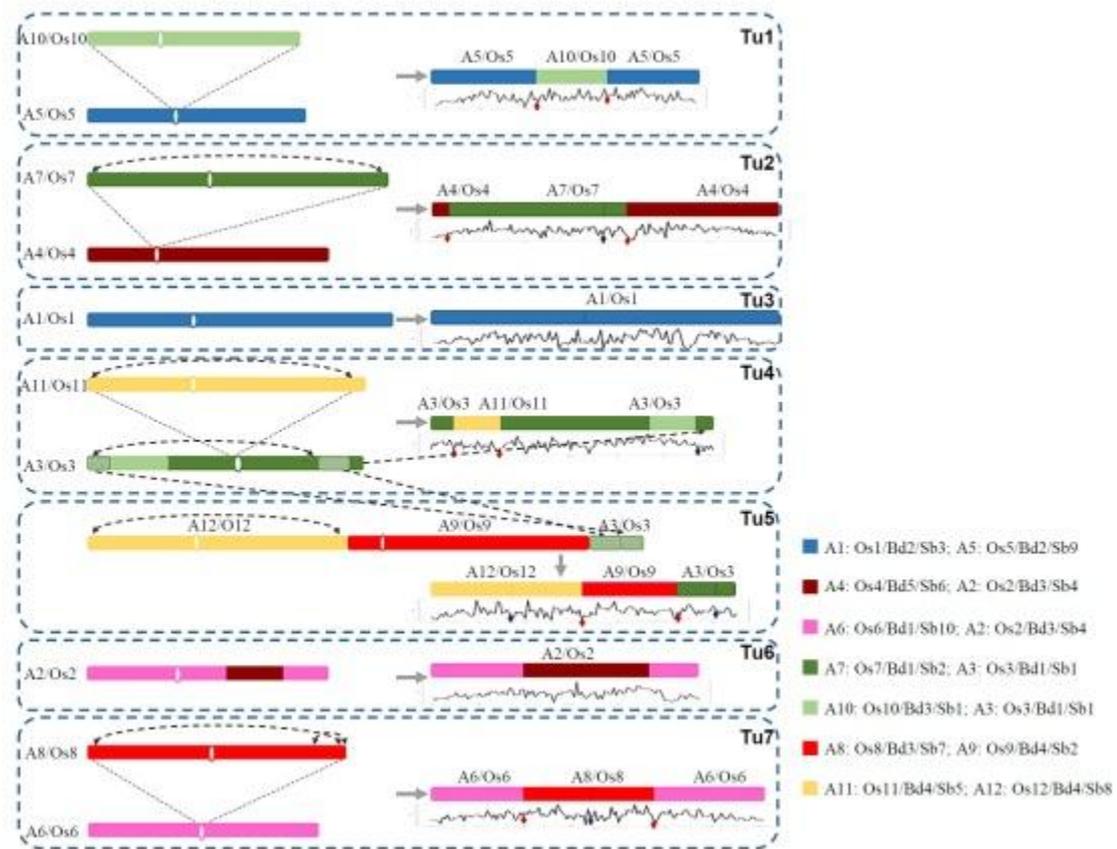


凌宏清研究员、梁承志研究员、王道文研究员、张爱民研究员（从左至右）

5月9日，我国科学家完成了小麦A基因组的测序和染色体精细图谱的绘制，全面揭示了小麦A基因组的结构和表达特征。这一成果发表在《Nature》期刊。该成果将对深入和系统研究麦类植物的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。

小麦是全球最重要的粮食作物，养活了世界上40%的人口，提供了人类所需热能和蛋白质的20%。我国是世界上小麦生产和消费大国，常年种植面积为2,400万公顷左右，年产量近1.3亿吨。生产上广泛种植普通小麦是一个经两次自然杂交而形成异源六倍体，含有A、B和D三个亚基因组，其基因组大（约17 Gb，是水稻基因组的40倍）而复杂，85%以上基因组DNA为重复序列，致使基因组测序研究困难重重，进展缓慢。

追本溯源，乌拉尔图小麦（基因组约为5 Gb）是普通小麦和其它多倍体小麦（如野生和栽培的四倍体小麦、Timopheevii和Zhukoviskyi小麦等）中A基因组的原始二倍体供体。因此，乌拉尔图小麦在多倍体小麦进化过程中起着基础性的核心作用。



小麦 A 基因组 7 条染色体从禾本科共同祖先基因组起源的演化模型（图片来源：中国科学院遗传与发育生物学研究所。）

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、遗传发育所基因组分析平台与中国科学院种子创新研究院等合作，完成了小麦 A 基因组序列精细图谱，全面揭示了小麦 A 基因组的结构和表达特征，对深入和系统地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。同时也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一个全新的视角。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。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将产生重要作用。

凌宏清研究员、马滨工程师、史晓黎博士、董玲丽博士、刘慧博士和孙华博士为共同第一作者，凌宏清研究员、梁承志研究员、王道文研究员和张爱民研究员为共同通讯作者。该项研究由中国科学院和中华人民共和国科学技术部资助完成。



Genome sequence of the progenitor of wheat A subgenome *Triticum urartu*
乌拉尔图小麦的 A 基因组序列

中国科学院遗传与发育生物学研究所凌宏清研究员、梁承志研究员、王道文研究员、张爱民研究员

2018 年 5 月 9 日

<https://doi.org/10.1038/s41586-018-0108-0>

Triticum urartu (diploid, AA) is the progenitor of the A subgenome of tetraploid (*Triticum turgidum*, AABB) and hexaploid (*Triticum aestivum*, AABBDD) wheat. Genomic studies of *T. urartu* have been useful for investigating the structure, function and evolution of polyploid wheat genomes. Here we report the generation of a high-quality genome sequence of *T. urartu* by combining bacterial artificial chromosome (BAC)-by-BAC sequencing, single molecule real-time whole-genome shotgun sequencing, linked reads and optical mapping. We assembled seven chromosome-scale pseudomolecules and identified protein-coding genes, and we suggest a model for the evolution of *T. urartu* chromosomes. Comparative analyses with genomes of other grasses showed gene loss and amplification in the numbers of transposable elements in the *T. urartu* genome. Population genomics analysis of 147 *T. urartu* accessions from across the Fertile Crescent showed clustering of three groups, with differences in altitude and biostress, such as powdery mildew disease. The *T. urartu* genome assembly provides a valuable resource for studying genetic variation in wheat and related grasses, and promises to facilitate the discovery of genes that could be useful for wheat improvement.