

2024 年度陕西省科学技术奖提名公示内容

一、项目名称：

小麦 7DL 染色体测序及其起源、进化的基因组学基础

二、提名者及提名意见：

提名者：杨凌农业高新技术产业示范区管理委员会

提名意见：该项目以小麦这一我国乃至全世界最重要的粮食作物为研究对象，聚焦小麦基础研究的前沿和小麦产业发展的重大需求，突破了小麦基因组测序和组装的难点，作为加入国际小麦基因组测序磋商组织并承担实质性研究任务的唯一中国团队，承担并完成了小麦 7DL 染色体测序，协同破译了六倍体小麦基因组图谱，完成了国际小麦基因组测序计划的中国份额，率先完成了世界首个小麦重测序研究，构建了全面的小麦变异组图谱，解析了小麦起源、驯化与遗传改良的基因组学基础，揭示了小麦亚基因组不对称性的基因组学特征。研究成果推动了小麦泛基因组、群体基因组等多维组学研究工作的深入，构建的小麦基因组数据资源、鉴定筛选的驯化相关基因，为克服小麦基因同质化、促进了小麦遗传改良和育种突破奠定了基础。相关研究成果受到国内外同行的广泛认可，被包括 Nature Biotechnology、Nature Genetics 等国际知名期刊发表的论文引用。

申报项目面向科技前沿和国家重大战略需求，围绕作物学科主要方向，在科学研究、人才培养和成果产出等方面均取得了重要进展，为推动我国尤其是西部地区小麦基因组学研究做出突出贡献。主要完成人一直坚守在教学和科研的第一线，热爱高等教育事业，不畏困难，勇于挑战，具有良好的工作作风和求真务实的精神，恪守教师的职业道德规范，为人师表，以身作则，已培养多名优秀研究生。推荐该项目申报陕西省自然科学奖二等奖

三、项目简介：

小麦是我国乃至全世界最重要的粮食作物之一。高质量的基因组图谱及其起源进化的分子基础解析是推动小麦遗传改良、实现育种突破的前提和关键。作为植物界中最庞大最复杂的基因组之一，小麦基因组测序一直被誉基因组测序计划中的“珠穆朗玛峰”。聚焦小麦基因组测序重大挑战和遗传改良的瓶颈问题，自 2008 年以来，在国家 863 计划、自然科学基金国际合作项目等支持下，本项目综合运用基因组学、群体遗传学和进化生物学等方法和技术，攻克了小麦基因组的组装难题，绘制了小麦 7DL 染色体的精细图谱，推动了小麦全基因组的破译，开展了首个小麦及其近缘种的全基因组重测序，揭示了小麦亚基因组的不对称

性进化，为小麦基础研究提供了重要的数据和技术支撑。取得的重要科学发现包括以下三个方面：

(一) 构建了 7DL 染色体精细图谱，推动小麦全基因组的破译和完善。 (1) 优化“特异染色体富集+MTP 逐步克隆+单个 BAC 高通量测序”的测序策略，解析了 7DL 参考基因组序列，推动了世界首个六倍体小麦基因组图谱的破译；(2) 创新“小麦单染色体 PacBio 单分子测序+BAC by BAC”的组装方法，实现了对 BAC 全长的一步组装，显著提升组装完整性和准确性，绘制了 7DL 的精细图谱。

(二) 解析了小麦驯化、演化及遗传改良的基因组学基础。 (1) 揭示了六倍体小麦与其 D 亚基因组供体祖先(节节麦)在 7DL 染色体上的结构和基因组成差异，从 7DL 视角阐明了多倍体化过程对小麦基因结构和功能分化的遗传效应；(2) 系统地从全基因组水平解析了小麦二倍体、四倍体和六倍体群体间的遗传变异和分化，揭示并量化了小麦起源和驯化过程中的遗传瓶颈效应，鉴定了驯化、改良相关的受选择基因，阐明了小麦进化演化的规律和遗传基础；(3) 揭示了六倍体小麦遗传多样性来源于与野生二粒小麦等近缘种的频繁种间杂交，发现小麦基因组中存在大量的外缘基因渗入片段且与产量、抗病和生长发育等 QTL 位点重合，明确了外源渗入对小麦起源进化的重要贡献。

(三) 揭示了小麦亚基因组不对称性的基因组学特征。 (1) 发现了小麦 7A、7B 和 7D 在微卫星序列、MITE 转座元件等重复序列和 miRNA、蛋白编码基因等基因序列组成均表现明显的不对称性，从 7D 号染色体角度揭示小麦亚基因组的不对称进化；(2) 发现了 A、B、D 亚基因组受到的遗传选择效应和强度的不对称性；(3) 发现了小麦基因家族亚基因组同源基因的分布和基因表达的不对称性，基因家族亚基因组同源基因的缺失和保留及其表达分化为小麦基因演化与功能分化提供了新证据。

四、客观评价：（包括该项目科技成果鉴定意见、国内外对本项目研究成果的引用情况）

申报团队的科学发现极大地推进了小麦等多倍体复杂植物的基因组学及其群体进化研究，5 篇代表性论文发表后，受到国内外同行的广泛关注和认可，被包括 Nat Biotechnol、Nat Genet 等国际知名期刊发表的论文引用。协同破译的六倍体小麦全基因组图谱以“历经 13 年小麦基因组图谱绘制完成”为题被两院院士评选为“2018 年世界十大科技进展新闻”(其他附件 1)；因在小麦基因组学研究方面的贡献，项目第一完成人宋卫宁教授被农民日报评为“2019 年中国十大农村新闻人物”(其他附件 2)。

1) 六倍体小麦基因组图谱的破译是小麦基础研究领域的标志性事件，2018年8月17日以封面论文发表在Science杂志，同期Science杂志专门发表了评论文章“Detailed genome maps paths to better wheat”，美国明尼苏达大学詹姆斯·安德森评论到：小麦基因组开创了小麦遗传学的新纪元；国际小麦基因组测序磋商组织共同主席、澳大利亚墨尔本大学小麦育种专家Rudi Appels 评价该研究是“征服了遗传学届的‘珠穆朗玛峰’”。

2) 2019年7月，小麦重测序论文2019年7月发表与Genome Biology，被Nature Biotechnology、Nature Genetics、Molecular Plant和Genome Biology等杂志引用；Gaurav等在Nature Biotechnology杂志发表的“Population genomic analysis of Aegilops tauschii identifies targets for bread wheat improvement”肯定和引用了我们小麦重测序发现的“近缘祖先种对小麦基因组渗入是形成小麦多样性的重要来源”的观点，并将我们的节节麦和六倍体重测序数据整合到他们的数据中，揭示了节节麦的起源演化及其对小麦的遗传贡献；Scott等Genome Biology发表的“Limited haplotype diversity underlies polygenic trait architecture across 70 years of wheat breeding”引用了“外源渗入可以增加小麦的抗病、产量和逆境适应等能力”的观点，并利用我们的重测序数据进行了再分析；Hao等在Molecular Plant发表的“Resequencing of 145 landmark cultivars reveals asymmetric sub-genome selection and strong founder genotype effects on wheat breeding in China”中多次引用了“野生二粒小麦的渗入使得小麦A和B亚基因组多态性显著增高”观点，并整合了我们的部分数据用于分析；Zhao等在BMC Biology发表的“Distinct nucleotide patterns among three subgenomes of bread wheat and their potential origins during domestication after allopolyploidization”引用了我们小麦及其近缘种的重测序数据，对小麦起源过程中亚基因组的核苷酸使用模式进行了系统，并证实了小麦B亚基因的多态性高于A和D亚基因组。

五、应用情况（发明奖和进步奖填写）

无

六、主要知识产权和标准规范目录（发明奖和进步奖填写，限 10 条）

序号	知识产权类别	知识产权具体名称	国家(地区)	授权号	授权日期	证书编号	权利人	发明人

六、代表性论文专著目录(自然奖填写，不超过 8 条，其中，代表性论文不超过

5 篇，代表性专著不超过 3 部，按重要程度排序)

序号	论文专著名称	刊名	作者	年卷 页码 (xx 年 xx 卷 xx 页)	发表时间 (年月日)	通讯作者 (含共同)	第一作者 (含共同)	国内作者	他引总次数	检索数据库	知识产权是否归国内所有
1	The improved assembly of 7DL chromosome provides insight into the structure and evolution of bread wheat	Plant Biotechnology Journal	Feng KW#, Cui LC#, Wang L#, Shan D#, Tong W, Deng PC, Yan ZG, Wang MX, Zhan HS, Wu XT, He WM, Zhou XQ, Ji JJ, Zhang GP, Mao L, Karafiátová M, Šimková H, Doležel J, Du XH, Zhao SC, Luo MC, Han DJ, Zhang C*, Kang ZS*, Appels R*, Edwards D*, Nie XJ*, Song WNS*	2020 年 18 (3) 卷 732-7 42 页	20 20 年 3 月 5 日	Zhang C, Kang ZS, Appels R, Edwards D, Nie XJ, Song WNS	Feng KW, Cui LC, Wang MX, Zhan HS, Wu XT, He WM, Zhou XQ, Ji JJ, Zhang GP, Mao L, Du XH, Zhao SC, Luo MC, Han DJ	Tong W, Deng PC, Yan ZG, Wang MX, Zhan HS, Wu XT, He WM, Zhou XQ, Ji JJ, Zhang GP, Mao L, Du XH, Zhao SC, Luo MC, Han DJ	5	Web of Science	是

2	Frequent intra- and inter-species introgression shape the landscape of genetic variation in bread wheat	Genome Biology	Cheng H#, Liu J#, Wen J#, Nie XJ#, Xu LH, Chen NB, Li ZX, Wang QL, Zheng ZQ, Li M, Cui LC, Liu ZH, Bian JX, Wang ZH, Xu SB, Yang Q, Appels R, Han DJ, Song WN*, Sun QX*, Jiang Y*	2019年20卷136页	2019年7月12日	Song W, Sun QX, Jiang Y	Cheng H, Liu J, Wen J, Nie XJ	Xu LH, Chen NB, Li ZX, Wang QL, Zheng ZQ, Li M, Cui LC, Liu ZH, Bian JX, Wang ZH, Xu SB, Yang Q,	153	Web of Science	是
3	N6-methyladenosine regulatory machinery in plants: composition, function and evolution.	Plant Biotechnology Journal	Yue H#, Nie XJ#, Yan ZG, Song WN*	2019年17(7)卷1194-1208页	2019年7月1日	Song WN	Yue H, Nie XJ	Yan ZG	133	Web of Science	是

4	Genome-Wide Identification, Phylogeny and Expressional Profiles of Mitogen Activated Protein Kinase Kinase (MAPKKK) Gene Family in Bread Wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	BMC Genomics	Wang M#, Yue H, Feng KW, Deng PC, Song WN*, Nie XJ*.	2016年17卷668页	2016年8月22日	Song WN, Nie XJ	Wang M	Yue H, Feng KW, Deng PC	92	Web of Science	是
5	Comparative analysis of Stowaway-like miniature inverted repeat transposable elements in wheat group 7 chromosomes: abundance, composition, and evolution	Journal of Systematics and Evolution	Lu YZ#, Wang L#, Yue H, Wang MX, Deng PC, Edwards D, Song WN *	2014年52(6)卷743-749页	2014年12月10日	Song WN	Lu YZ, Wang L,	Yue H, Wang MX, Deng PC	4	Web of Science	是

七、主要完成人情况

姓名	排名	行政/技术职称	工作单位/完成单位	对本项目技术创造性贡献
SONGWE INING 宋卫宁	1	教授	西北农林科技大学/ 西北农林科技大学	项目整体设计与构思, 小麦基因组测序与关键基因发掘, 代表作 1-5 的主要完成人
聂小军	2	教授	西北农林科技大学/ 西北农林科技大学	小麦 7DL 染色体物理图谱构建以及比较基因组学分析, 代表作 1,2,3,4 主要完成人
崔立操	3	副教授	江西农业大学/西北 农林科技大学	小麦 7DL 染色体测序与组装, 代表作 1 主要完成人
邓平川	4	副教授	西北农林科技大学/ 西北农林科技大学	小麦多组学分析; 代表作 1,4 完成人
童维	5	副教授	西北农林科技大学/ 西北农林科技大学	小麦转录组分析及分子标记开发, 代表作 1 完成人

程红	6	博士后	中国农业科学院深圳农业基因组研究所/西北农林科技大学	小麦重测序分析,代表作 2 主要完成人
----	---	-----	----------------------------	---------------------

八、主要完成单位情况及创新推广贡献

单位名称	排名	主要贡献
西北农林科技大学	1	项目唯一完成单位, 负责项目的整体实施

九、完成人合作关系情况

序号	合作方式	合作者/项目排名	合作时间	合作成果	证明材料
1	论文合著	聂小军(2)、崔立操(3)、童维(5)、邓平川(4)	2012.10-2019.9	The improved assembly of 7DL chromosome provides insight into the structure and evolution of bread wheat	代表性论文 1
2	论文合著	程红(6)	2016.1-2019.7	Frequent intra- and inter-species introgression shape the landscape of genetic variation in bread wheat	代表性论文 2
3					
4					
5					

完成人合作关系说明（限 1000 字）

本项目第一完成人宋卫宁教授是本项目项目总设计和牵头人，是 5 篇代表性论文通讯作者，完成人聂小军为第一完成人宋卫宁教授的硕博连读生，2007 年 9 月入学，2013 年 6 月博士毕业后，留在宋卫宁课题组从事教学科研工作，是代表作 1 和 4 共同通讯作者，是代表作 2 和 3 的同等贡献作者，完成人崔立操为第一完成人宋卫宁教授的硕博连读研究生，于 2011 年 9 月入学，2018 年 6 月博士毕业，是代表作 1 的共同第一作者，代表作 2 的参与作者；完成人童维是宋卫宁课题组的成员，于 2013 年 2 月加入课题组从事生物信息学相关教学科研工作，是代表性论文 1,4 参与作者；完成邓平川为第一完成人宋卫宁教授的硕博连读研究生，于 2010 年 9 月入学，2017 年 6 月博士毕业，是代表作 4,5 的参与作者；完成人程红是西北农林科技大学动物科技学院的姜雨教授的博士研究生，2016 年入学，于 2021 年 8 月博士毕业，与第一完成人合作开展小麦及其近缘种的群体基因组学研究工作，主要完成了数据分析和论文初稿撰写，是代表作 2 的第一作者，宋卫宁教授提供研究材料、指导结果分析及论文修改等工作，是该论文的共同通讯作者。