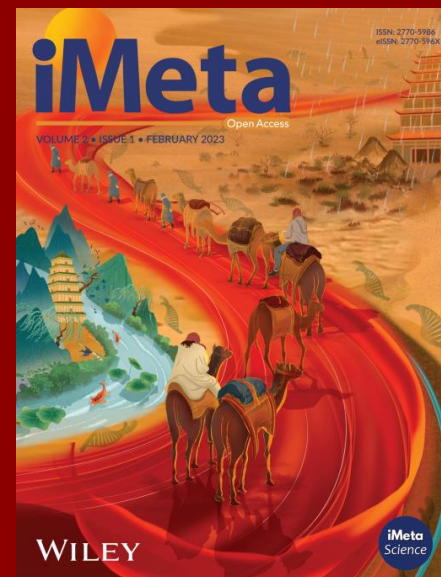




两份六倍体小黑麦近完整组装揭示 其R亚基因组结构和着丝粒分化 与生殖隔离相关

刘阳^{1#}, 贺婉娜^{1, 2#}, 王春挥^{1#}, 易从杨^{1#}, 郭甜馨^{1, 2},
祝聪乐^{1, 2}, 刘倩¹, 韩方普^{1, 2*}

¹中国科学院遗传与发育生物学研究所
²中国科学院大学

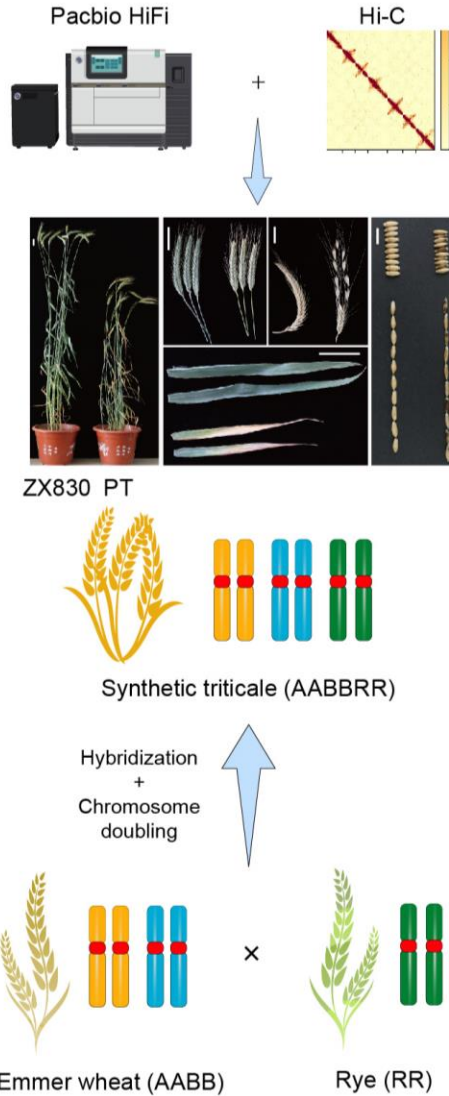


Yang Liu, Wanna He, Chunhui Wang, Congyang Yi, Tianxin Guo, Congle Zhu, Qian Liu, et al. 2026. Two near-complete assemblies reveal R-subgenome structural and centromeric divergence associated with reproductive isolation in hexaploid triticales. *iMeta* 5: e70155. <https://doi.org/10.1002/imt2.70155>

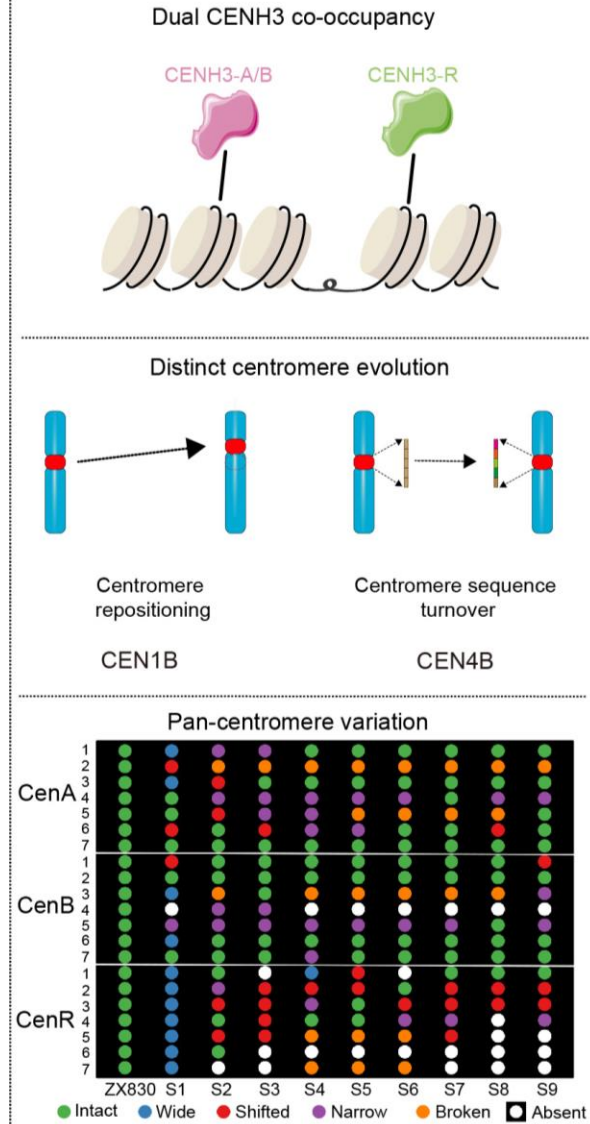


简介

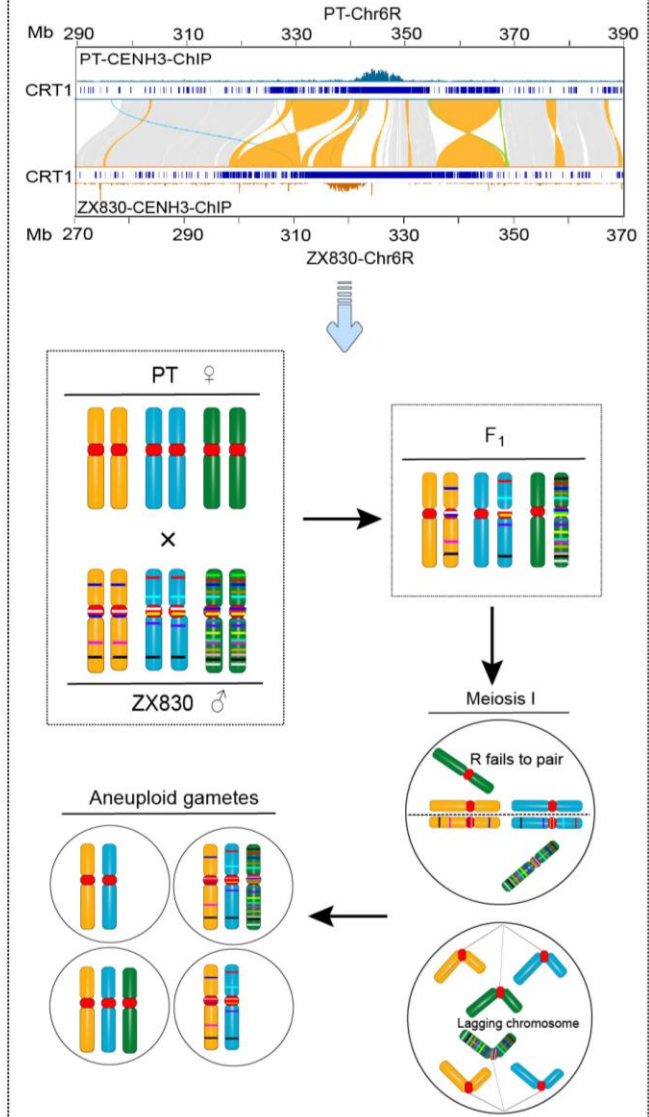
Near-complete genome assemblies



Post-polyploid evolution of centromeres



R-subgenome divergence associated with meiotic defects





亮点

- 构建了两份遗传背景差异显著的六倍体小黑麦品系（ZX830 和 PT）的近完整基因组组装。
- 建立小麦和黑麦来源CENH3蛋白的亚基因组特异识别体系，揭示了双亲CENH3共定位于所有功能着丝粒。
- 多倍化后着丝粒发生重塑：大小趋同、重复序列更替、着丝粒重定位。
- R亚基因组是小黑麦群体中结构变异与着丝粒分化的主要来源。
- 小黑麦着丝粒结构差异与减数分裂异常、生殖隔离存在关联。

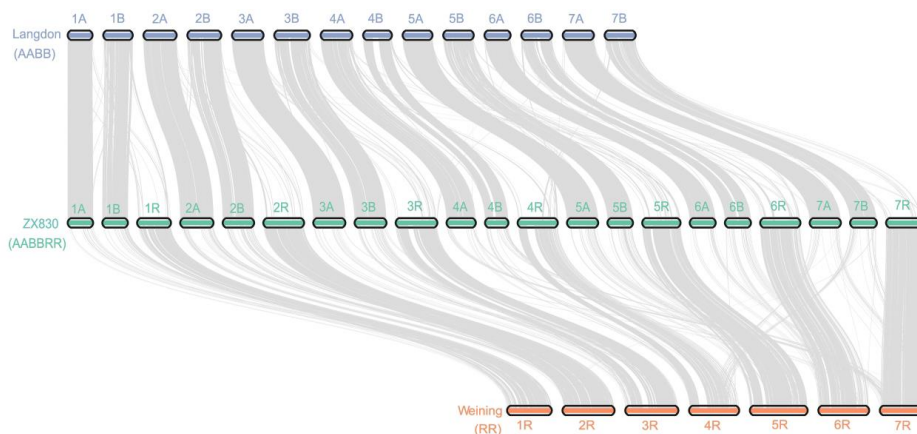
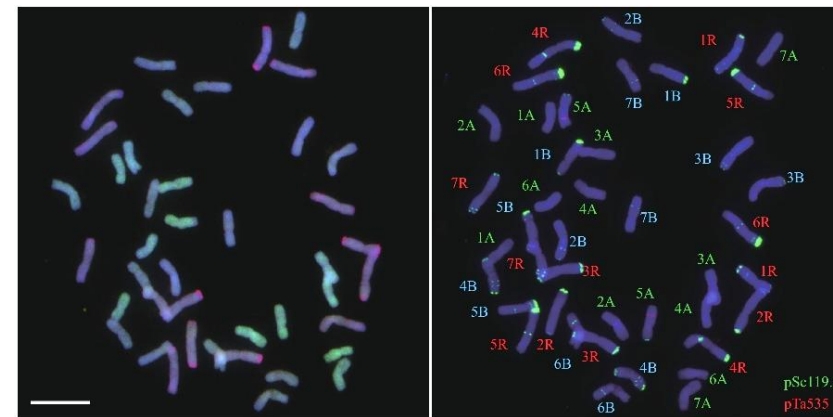
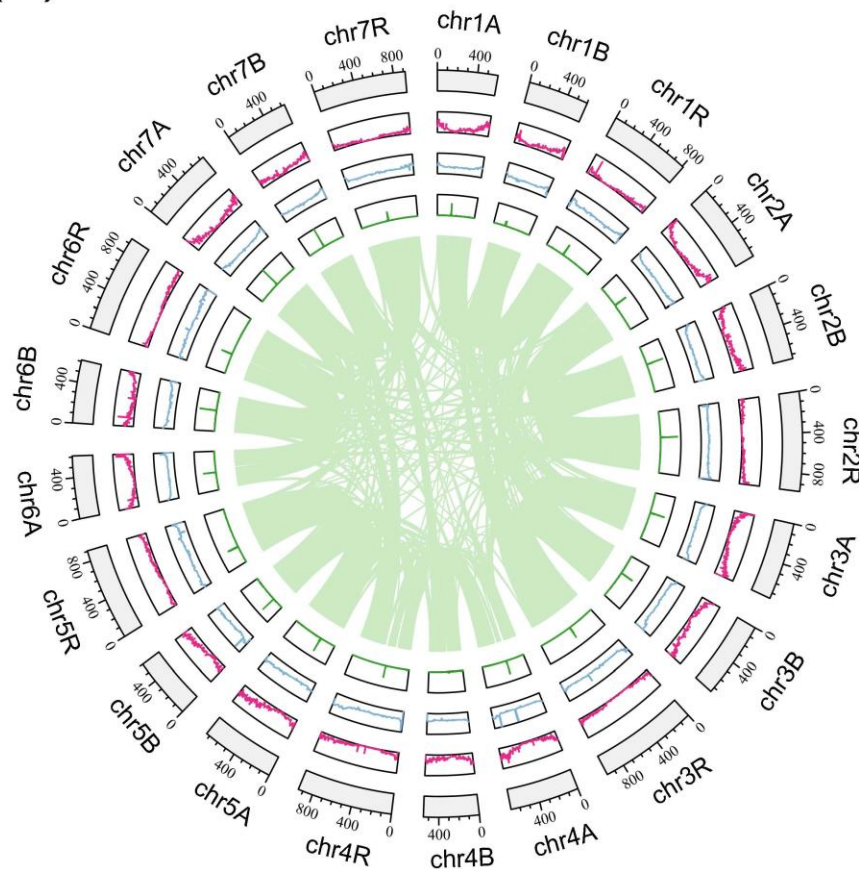


六倍体小黑麦ZX830的近完整组装

(A)



(B)

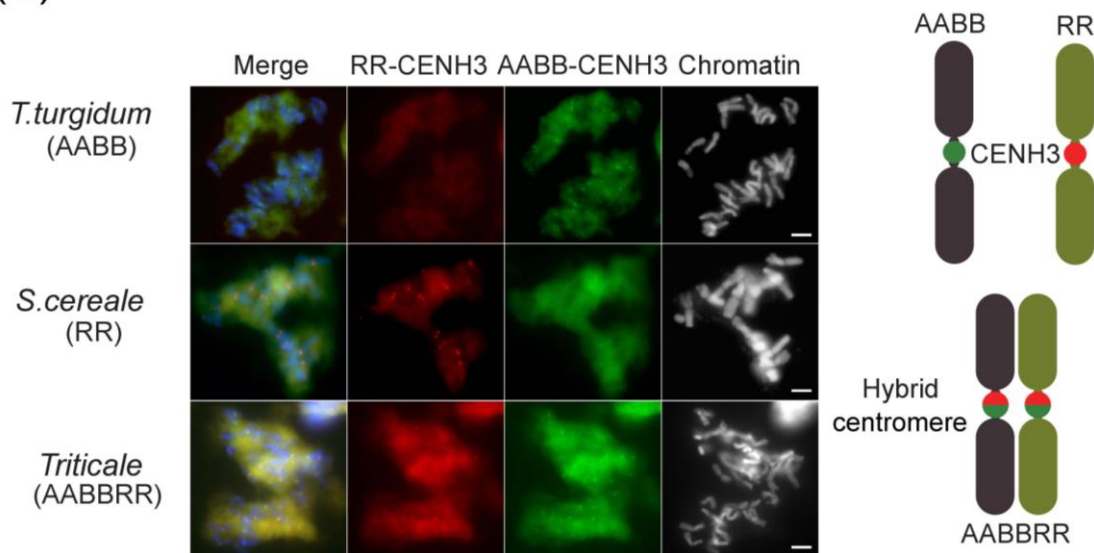


- 六倍体小黑麦中新830（ZX830）组装基因组大小为15.9 Gb，scaffold N50提升至755.7 Mb。

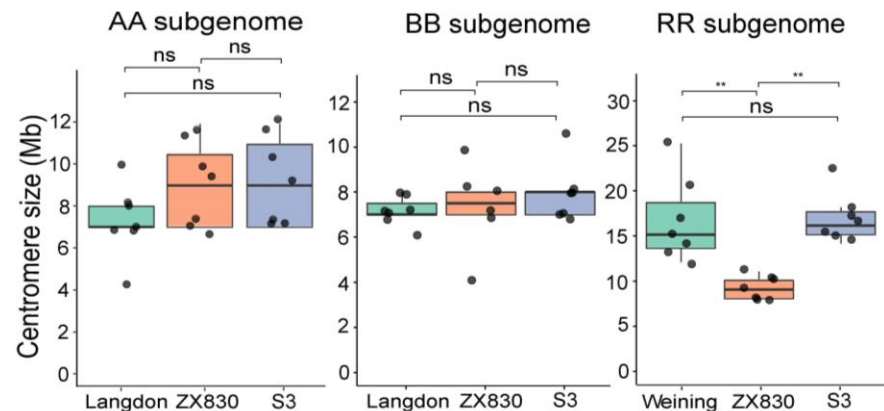


多倍体形成后的着丝粒重塑

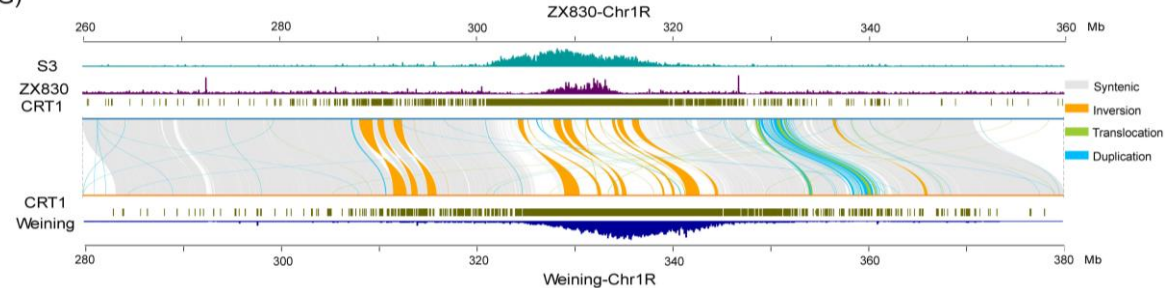
(C)



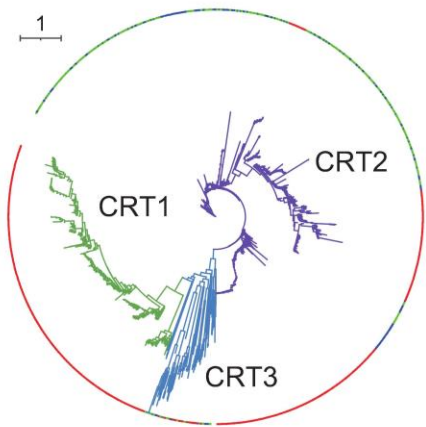
(F)



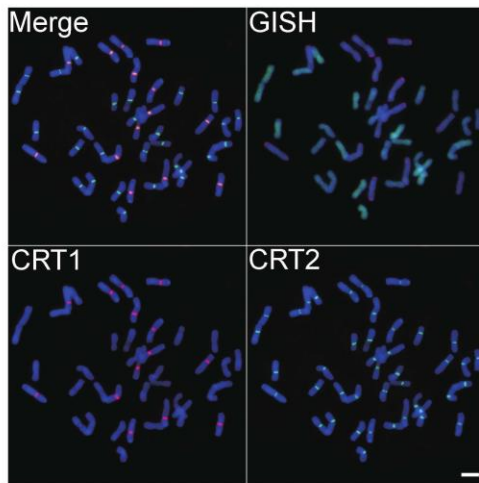
(G)



(D)



(E)

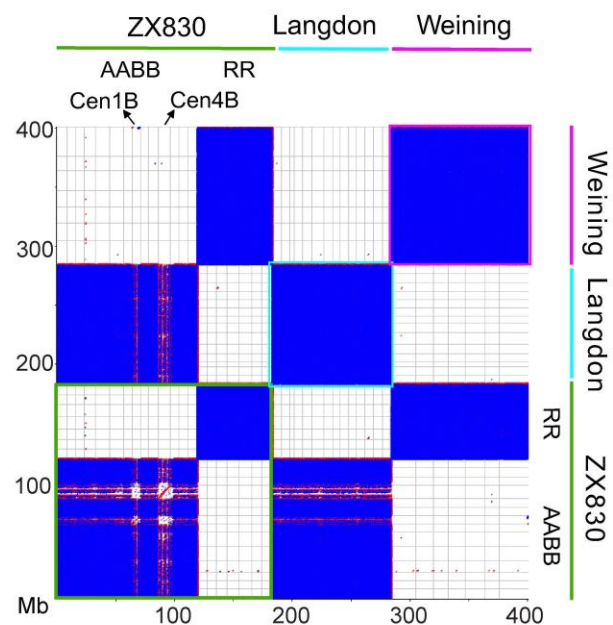


- 小黑麦功能着丝粒区域由小麦和黑麦两种亲本来源的CENH3共定位。
- 多倍体形成后，小黑麦着丝粒会发生大小趋同、重复序列更替以及位点重定位等变化。

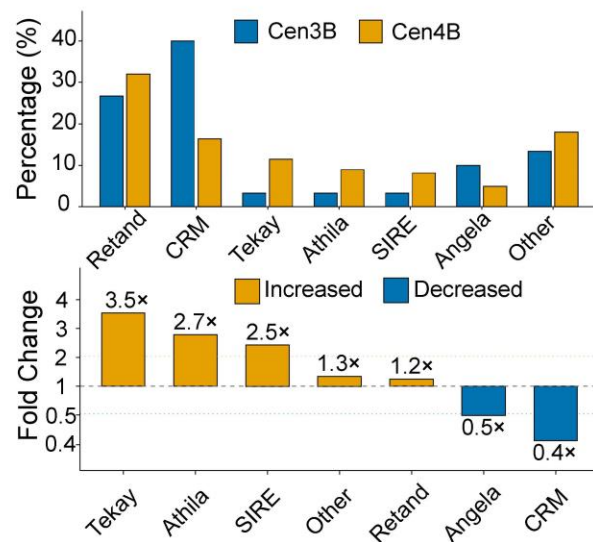


不同的着丝粒演化轨迹

(H)

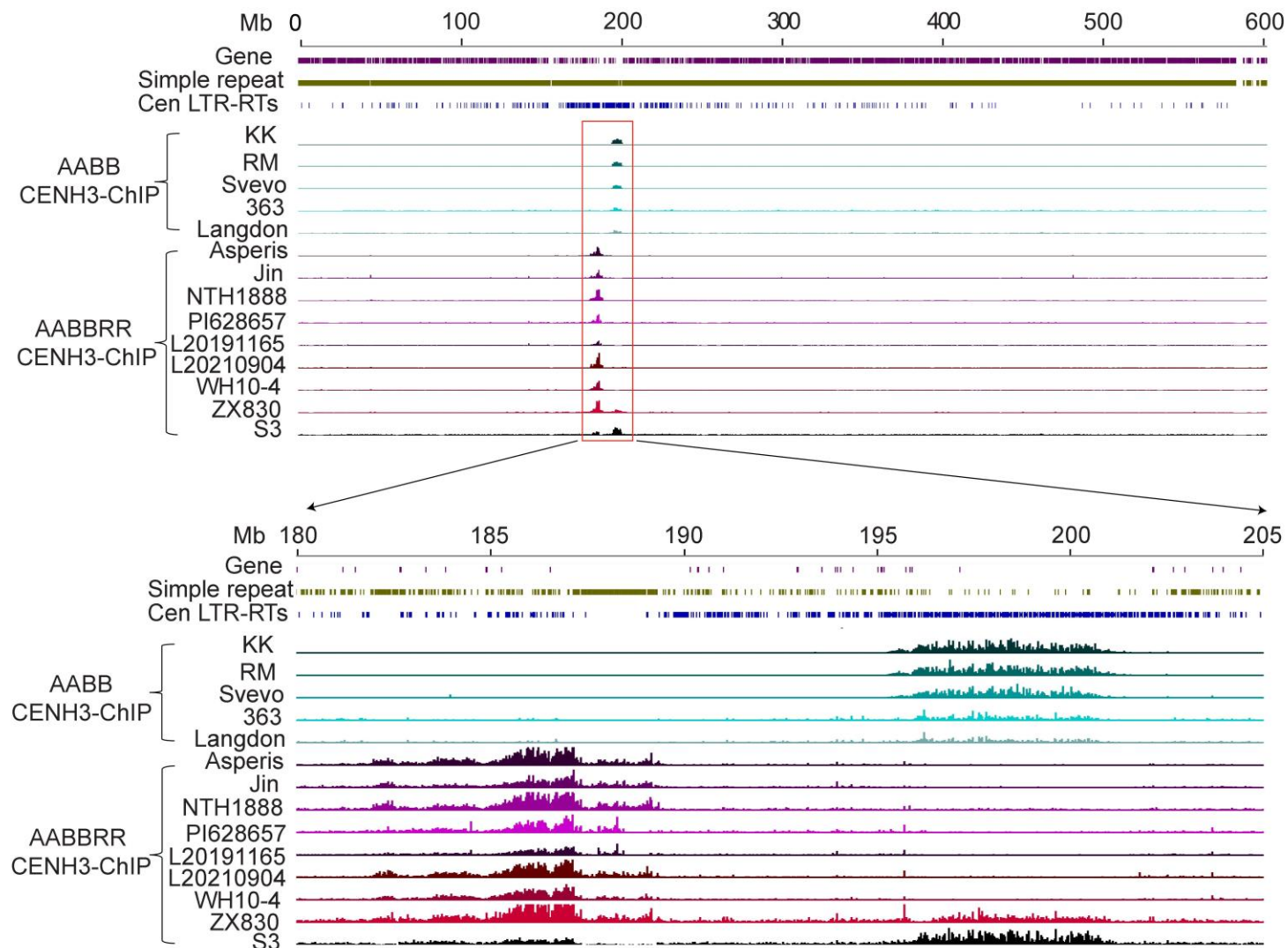


(I)



(J)

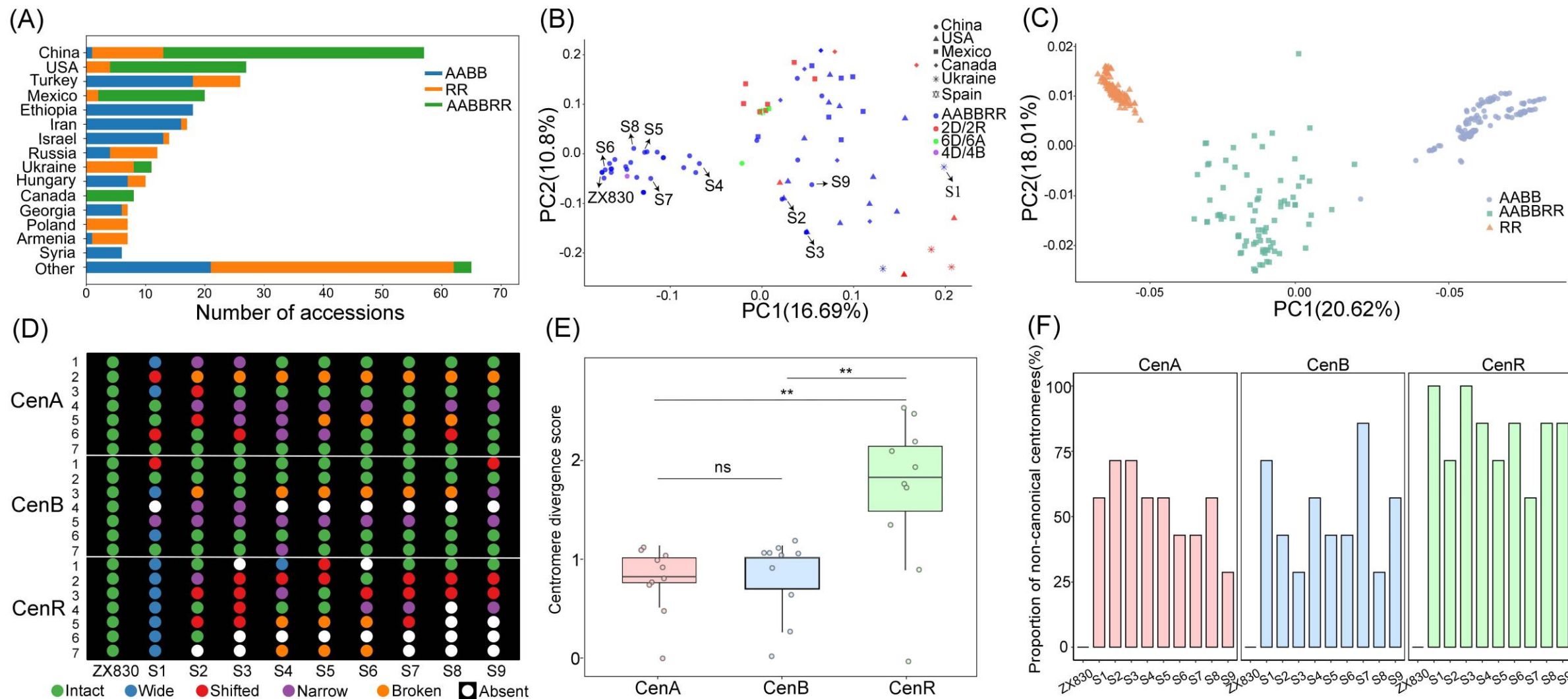
相比亲本，CEN1B发生了着丝粒重定位



- CEN1B和CEN4B独特的演化轨迹揭示了着丝粒的遗传可塑性。



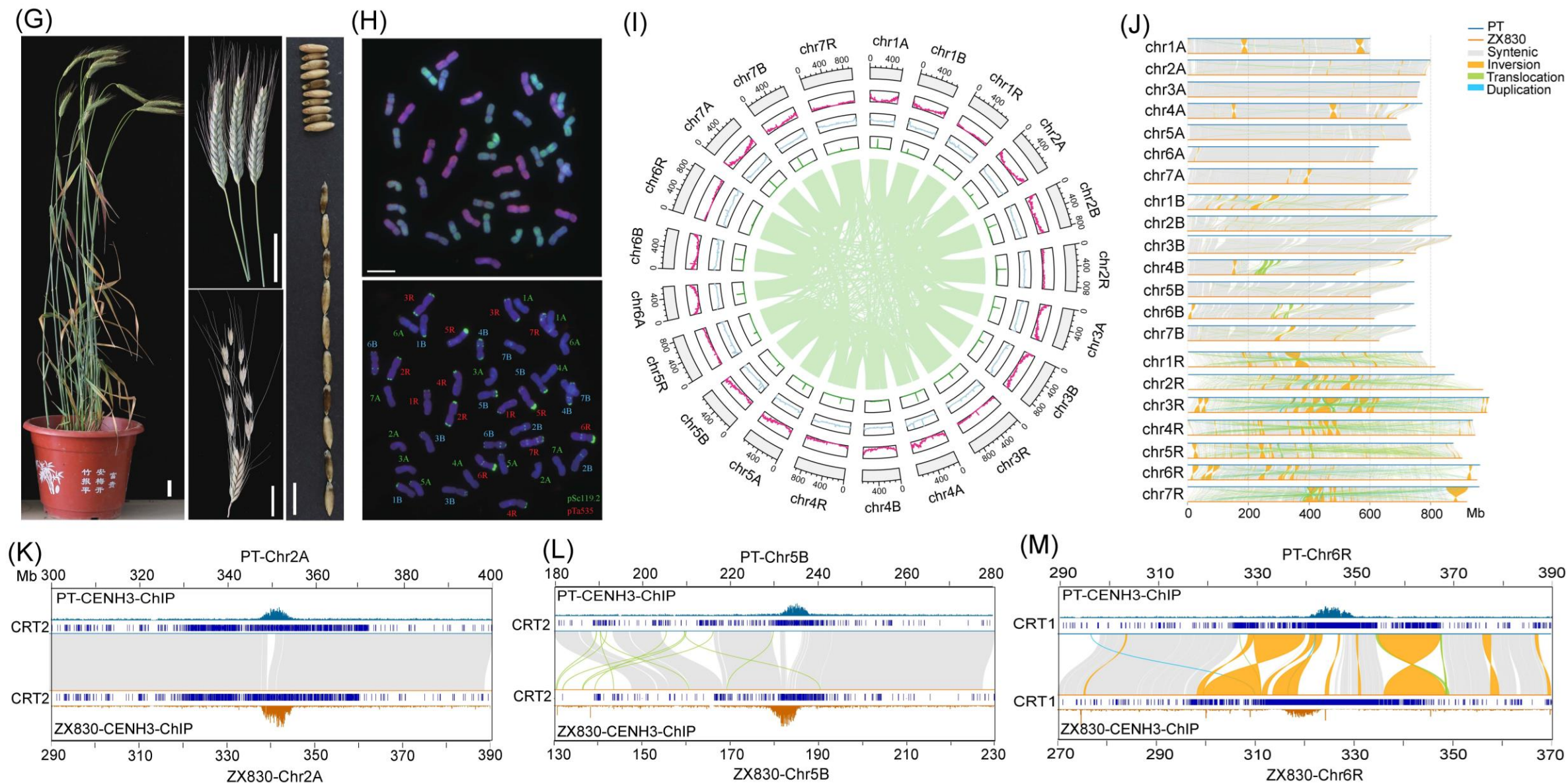
群体结构与泛着丝粒变异



- 群体水平泛着丝粒分析表明，六倍体小黑麦中R亚基因组相比A/B亚基因组表现出更广泛的结构变异，尤其是着丝粒区。



PT与ZX830中的R亚基因组结构与着丝粒差异明显

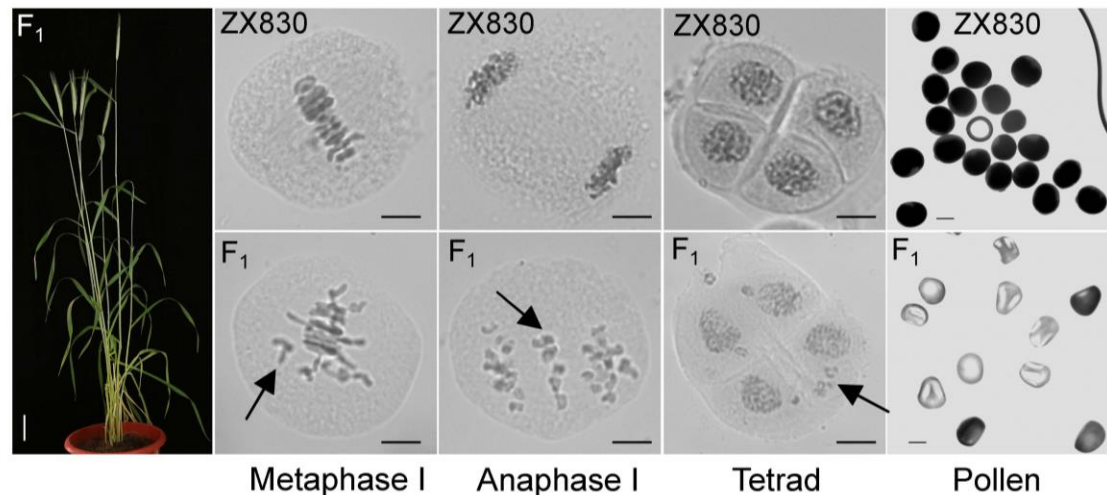


- PT小黑麦是群体中与ZX830基因组结构和着丝粒存在最显著分化的小黑麦，尤其是R亚基因组。

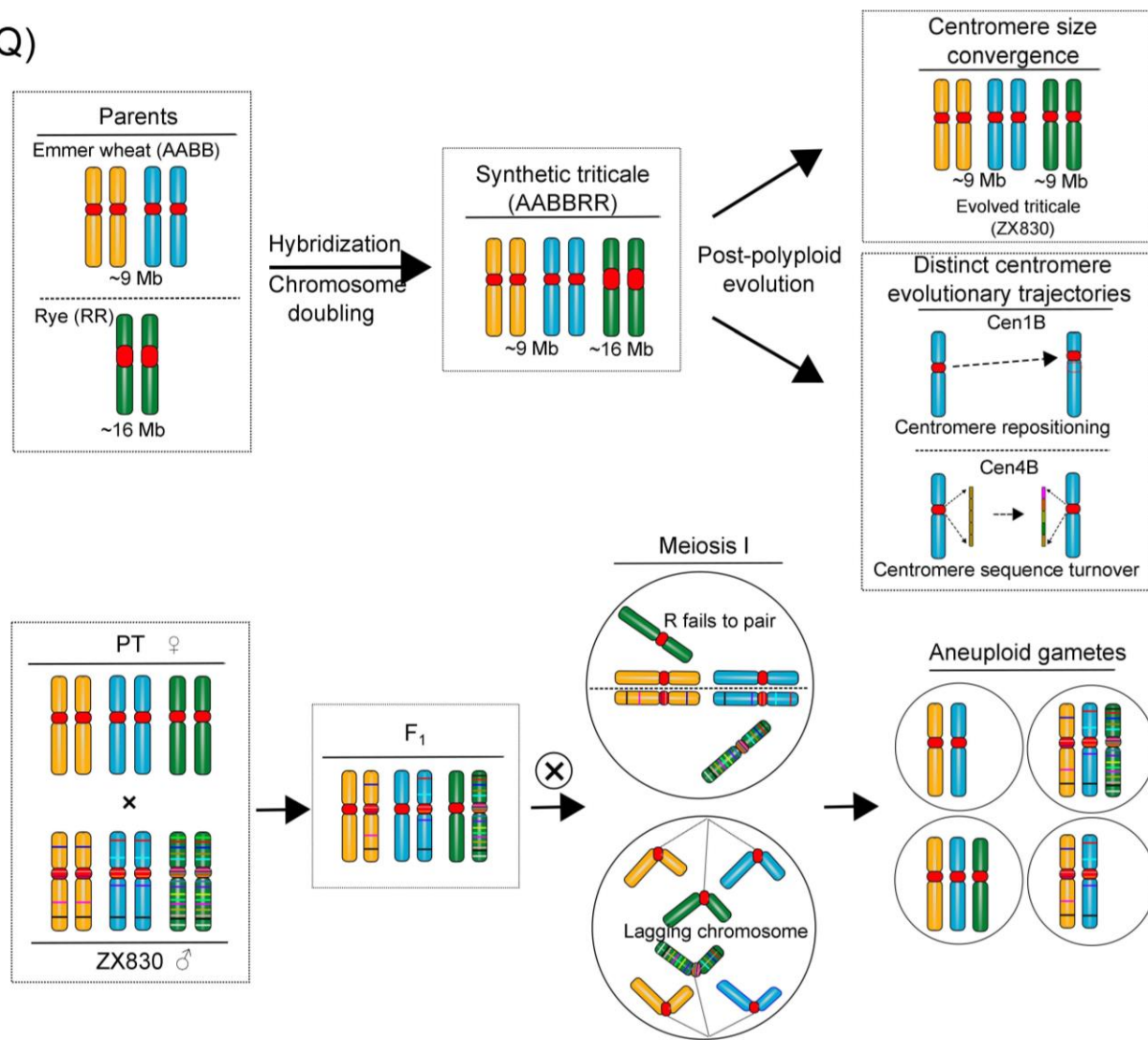


ZX830与PT杂交种减数分裂异常

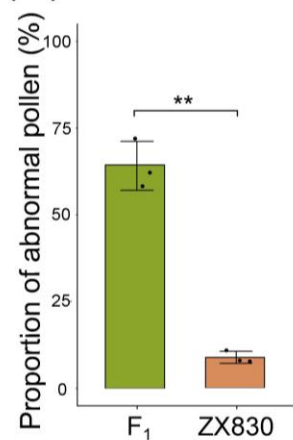
(N)



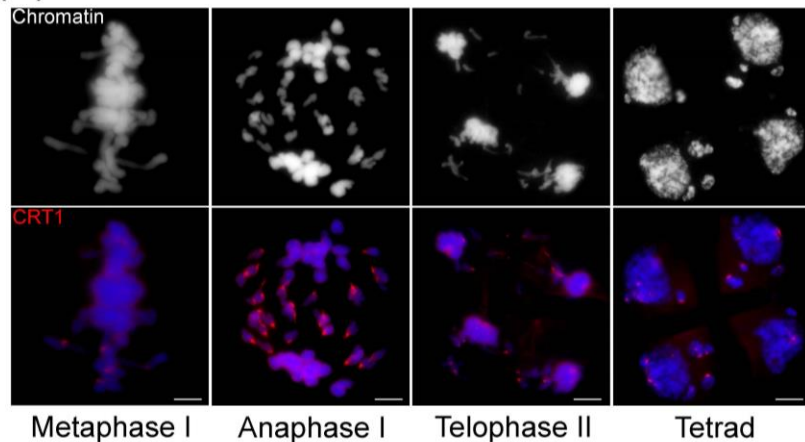
(Q)



(O)



(P)



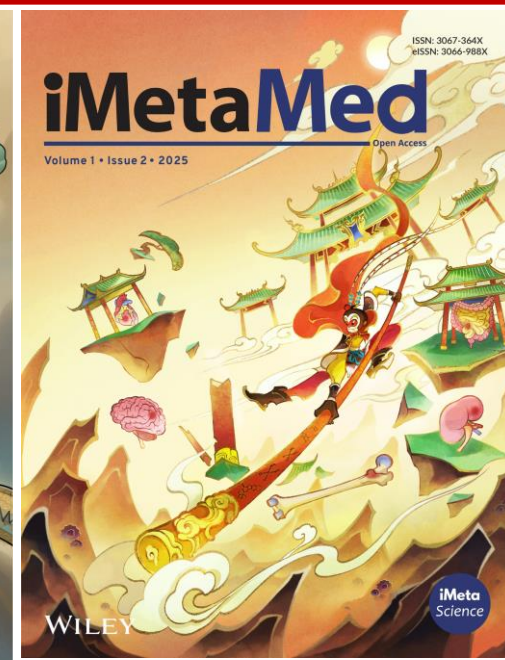
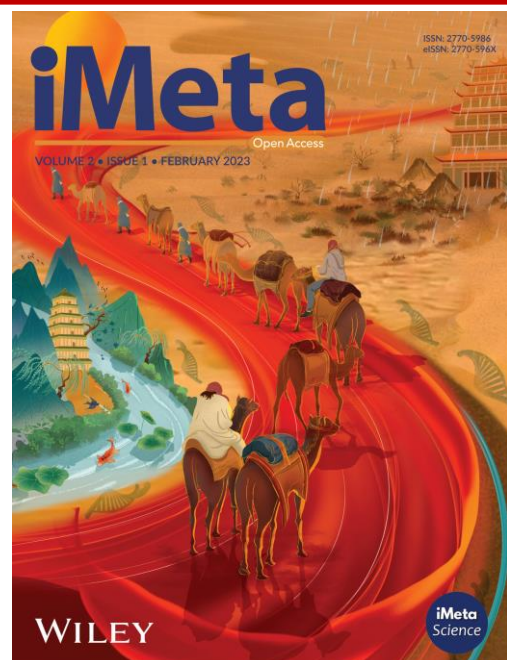
R亚基因组差异 → 染色体错配分离 → 生殖隔离



总结

- ❑ 本研究构建了两份近完整六倍体小黑麦基因组组装，并建立首个小黑麦泛着丝粒图谱，为解析异源多倍体着丝粒演化提供了重要资源。
- ❑ 小黑麦功能着丝粒由小麦和黑麦CENH3在不同序列上共定位，表明着丝粒功能依赖其表观遗传兼容性。
- ❑ 异源多倍化后小黑麦着丝粒发生广泛重塑，R亚基因组尤为剧烈，且该重塑与减数分裂缺陷及生殖隔离密切相关。

Yang Liu, Wanna He, Chunhui Wang, Congyang Yi, Tianxin Guo, Congle Zhu, Qian Liu, et al. 2026. Two near-complete assemblies reveal R-subgenome structural and centromeric divergence associated with reproductive isolation in hexaploid triticales. *iMeta* 5: e70155. <https://doi.org/10.1002/imt2.70155>



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](https://www.imeta.science)



更新日期
2026/6/17