

A búza genom program

The background features a detailed botanical illustration of wheat. It includes several wheat spikes (ears) in various stages of maturity, from green to golden-brown. There are also individual wheat grains shown in detail, along with a wheat panicle and a wheat root system. The illustration is rendered in a classic scientific style with fine lines and shading, set against a light green and white background with a wavy top edge.

A bemutatót készítette:
Ágyi Ákos

Bevezetés

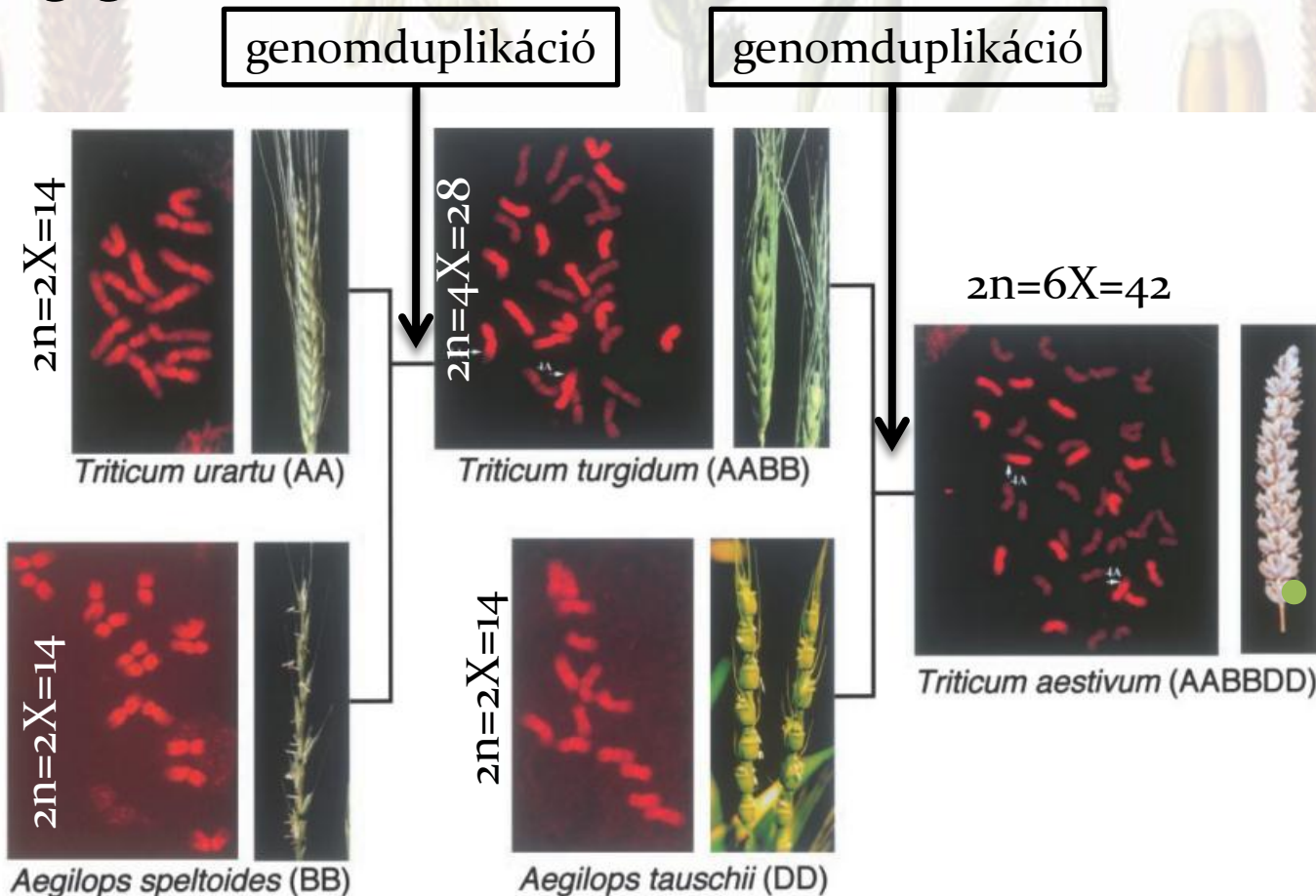


- A búza az európai civilizáció kétségkívül legjelentősebb kultúrnövénye, az első házasított haszonnövény.
- Az első kovásztalan lepényektől a mai péktermékekig hosszú út vezetett, de a búzalisztből készülő kenyér napjainkig a legalapvetőbb, mindennapi táplálékunk maradt.
- Ma a búzatermesztés elsősorban a közönséges búza és azon belül is az őszi búza kultivációját jelenti világszerte, bár
- vannak régiók, ahol a durum búzát is jelentős területeken vetik és egyéb fajok, illetve fajták is szerephez jutnak

A búza genetikája, kialakulása

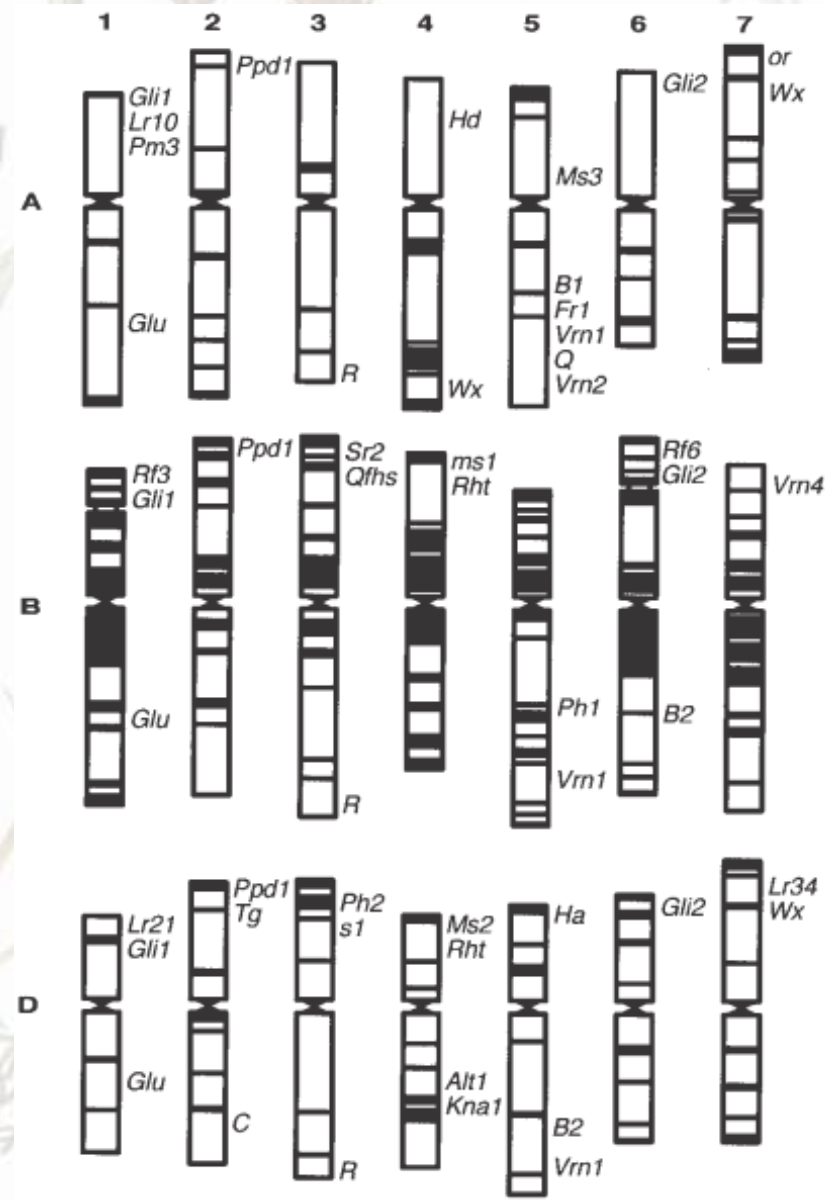
- Allohexaploid
- 5x nagyobb mint a humán genom (17 gigabázis)

- 3 rokon diploid genomból áll össze (AA, BB, DD) minden genom 7 pár kromoszómából áll így összesen 21 pár azaz 42 kromoszómát tartalmaz
- Két szakaszban történt a polyploidizáció



A búza genom

- A közönséges búza A, B és D szubgenomjai dinamikus evolúción mentek keresztül azóta, hogy létrehozták a hexaploid búzát
- Manapság szignifikánsan különböznek a termesztett diploid fajok genomjától



Melyik búzafajt érdemes megszekvenálni?

Copyright © 2004 by the Genetics Society of America
DOI: 10.1534/genetics.104.034769

**2003
november
International
workshop
(USDA-NSF)**

Workshop Report

**A Workshop Report on Wheat Genome Sequencing:
International Genome Research on Wheat Consortium**

**Bikram S. Gill,^{*,1} Rudi Appels,[†] Anna-Maria Botha-Oberholster,[‡] C. Robin Buell,[§]
Jeffrey L. Bennetzen,¹ Boulos Chalhoub,[&] Forrest Chumley,^{**} Jan Dvořák,^{††}
Masaru Iwanaga,^{‡‡} Beat Keller,^{§§} Wanlong Li,^{*} W. Richard McCombie,^{||}
Yasunari Ogihara,^{&&} Francis Quetier^{***} and Takuji Sasaki^{†††}**

- A kenyérbúza diploid rokonait a kisebb genom méret miatt olcsóbb lenne
- Viszont a hexaploid kenyér búza sokkal nagyobb gazdasági jelentőséggel bír, és
- Nagy valószínűséggel a hexaploid búza megszekvenálása fog szolgálni a legtöbb új és hasznos információval, ezért a befektetés megtérülhet

International Wheat Genome Sequencing Consortium



International
Wheat Genome
Sequencing
Consortium

- Január 2005 International Wheat Genome Sequencing Consortium megalakulása
- Elsődleges cél a *Triticum aestivum* (Chinese spring) kromoszómáiról (21) fizikai térképek az elkészítése
 - Elősegíti térkép alapú izolálását több száz génnek
 - Alapul szolgálhat a szekvenáláshoz is
- Másodlagos cél *Triticum aestivum* (Chinese spring) genom szekvenálása

Térképezési projectek

- Kész projectek:
 - 3B (a búza legnagyobb kromoszómája) - C. Feuillet (INRA, France)



A Physical Map of the 1-Gigabase Bread Wheat Chromosome 3B

Etienne Paux,¹ Pierre Sourdille,¹ Jérôme Salse,¹ Cyrille Saintenac,¹ Frédéric Choulet,¹ Philippe Leroy,¹ Abraham Korol,² Monika Michalak,³ Shahryar Kianian,³ Wolfgang Spielmeyer,⁴ Evans Lagudah,⁴ Daryl Somers,⁵ Andrzej Kilian,⁶ Michael Alaux,⁷ Sonia Vautrin,⁸ Hélène Bergès,⁸ Kellye Eversole,⁹ Rudi Appels,¹⁰ Jan Safar,¹¹ Hana Simkova,¹¹ Jaroslav Dolezel,¹¹ Michel Bernard,¹ Catherine Feuillet¹

SCIENCE VOL 322 3 OCTOBER 2008

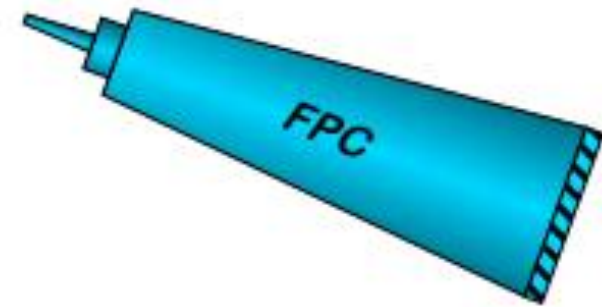
Térképezési projectek

- Térkép készítése:
 - A kromoszómát “molekuláris ollóval” (restriktációs enzimmel) fragmentekre vágják, a fragmenteket vektorba tették (BAC), így létrehozták a fragmentek gyűjteményét (BAC library) mely az egész kromoszómát képviseli.



Térképezési projectek

- Térkép készítése:
 - Minden fragmentet külön analizáltak (fingerprinted) és egymáshoz hasonlították őket, hogy azonosíthassák az egy régióból valókat
 - Ezután csoportokba (contigs) rendezték őket egy számítógépes program (FPC) segítségével



Térképezési projectek

- Térkép készítése:
 - A kromoszóma rekonstruálásához szükség van a contigok sorrendjének ismeretére (1, 2, 3, 4.... 1000)
 - Ezt molekuláris kapcsok (anchor) segítségével történik, melyek sorrendje ismert
 - molekuláris kapcsok = molekuláris markerek a géntérképen

About 1000 groups (contigs)



Molecular anchors (genetic markers)



Térképezési projectek

- Folyamatban levő projectek:
 - 1A, 1B, 3D, - TriticeaeGenome project (EU) koordinátor C. Feuillet
 - 1, 4, és 6D - J. Dvorak (UC, Davis), B. Gill (KSU), and O. Anderson (USDA-ARS)
 - 2AL (2A kromoszóma hosszú karja) - K. Singh (Punjab Agricultural University, India)
 - 2D - J. Jia (KL-CGB, CAAS, China)
 - 3AS/3AL - B. Gill (KSU, USA)
 - 4A - J. Dolezel (Institute of Experimental Botany, Czech Republic)
 - 5A - L. Cattivelli (Experimental Institute for Cereal Research, Italy)

Térképezési projectek

- Folyamatban levő projectek:
 - 5B - E. Salina (Institute of Cytology & Genetics, Russia)
 - 7DS – J. Dolezel (IEB, Olomouc, Czech Republic)
 - 7DL – S. Weining (Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi, China), R. Appels (Murdoch University, Perth, Australia) és J. Dolezel (IEB, Olomouc, Czech Republic)

Térképezési projectek

- Tervezés alatt levő projectek:
 - 2B - M. Bevan (JIC, UK)
 - 4B - M. Nachit (ICARDA, Syria) és D. Habash (Rothamstead Research, UK)
 - 5D - H. Budak (Sabanci University, Turkey)
 - 6A - T. Schnurbush (IPK Gatersleben, Germany)
 - 6B - Y. Ogihara (Kyoto University, Japan)
 - 7A - R. Appels (Murdoch University, Perth, Australia)
 - 7B - O. Olsen (Norwegian University of Life Sciences, Aas, Norway & Hedmark University College in Hamar, Norway)

Physical mapping of the bread wheat genome



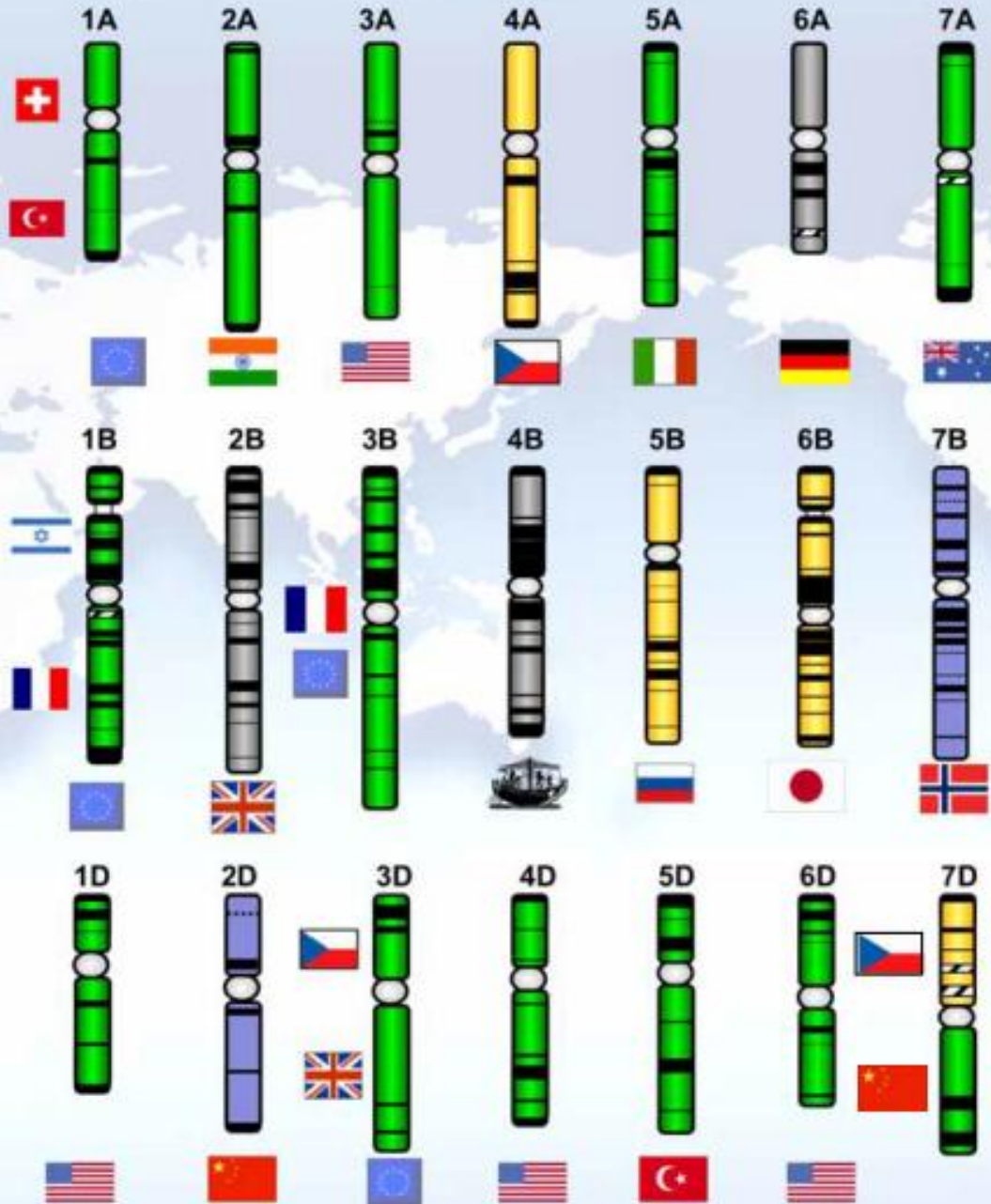
T.aestivum

Cv Chinese Spring

May 2009

www.wheatgenome.org

Physical mapping of the bread wheat genome



Funded

Some funding

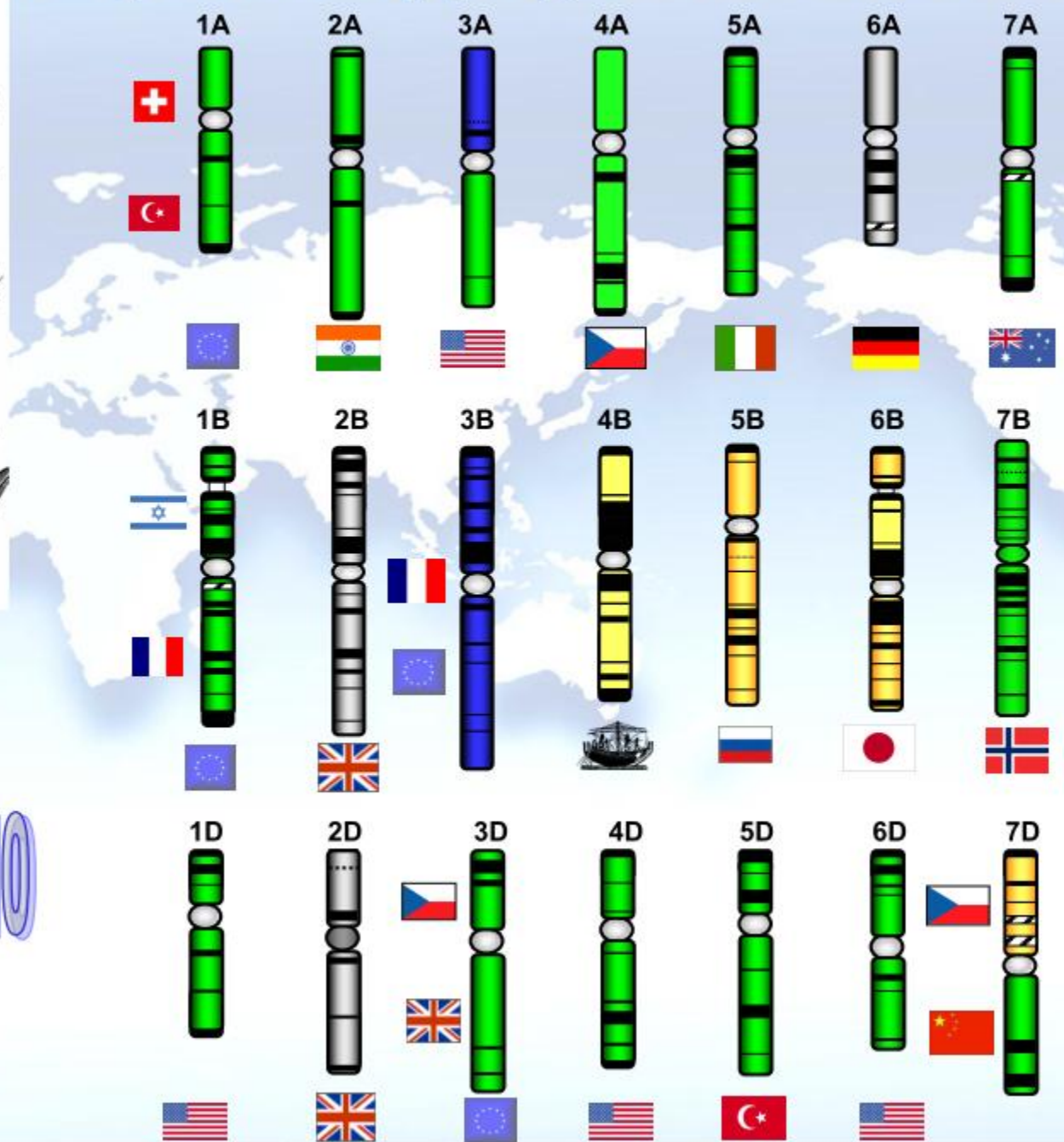
Submitted

2009

T. aestivum
cv Chinese Spring

www.wheatgenome.or

Physical mapping of the bread wheat genome



Funded

Some funding

Finished

2010

T. aestivum
cv Chinese Spring

Szekvenálás

- Folyamatban levő projectek:
 - 3BSEQ – C. Feuillet (INRA, Clermont-Ferrand, France), cél a 3B kromoszóma megszekvenálása és a szekvencia annotálása
 - 3AS Sample Sequencing project - B. Gill (KSU, USA), cél a 3AS BAC könyvtárak megszekvenálása, és a szekvencia összehasonlítása a 3BS szekvenciájával

Brit kutatók megszekvenáltak?

“ A study
vaccinations (

The Washington Times

NEWS

OPINION

SPORTS

BOOKS

CULTURE

BLOGS

COMMUNITIES

NATIONAL

WORLD

POLITICS

NATIONAL SECURITY

ECONOMY

D.C. LOCAL

Inside the Beltway

HOME ▶ CULTURE ▶ TECHNOLOGY

LOG IN | E-MAIL A

Scientists: We've cracked wheat's genetic code

By RAPHAEL G. SATTER - Associated Press

5:30 a.m., Friday, August 27, 2010

LONDON (AP) - British scientists have decoded the genetic sequence of wheat _ one of the world's oldest and most important crops _ a development they hope could help the global staple meet the challenges of climate change, disease and population growth.



Brit kutatók megszekvenáltak?

The Washington Times

“ A study
vaccinations o



■ Home ■ News ■ Travel ■ Money ■ Sports ■ Life ■ Tech ■

Technology » Science & Space ■ Shop for Gadgets

Scientists: We've cracked wheat's genetic code

By Updated 8/30/2010 1:10 PM | Comments 65 | Recommend 15

E-mail | Save | Print | RSS



Enlarge

By Scott Heppell, AP

By Raphael G. Satter, Associated Press

LONDON — British scientists have decoded the genetic sequence of wheat — one of the world's oldest and most important crops — a development they hope could help the global staple meet the challenges of climate change, disease and population growth.

Wheat is grown across more of the world's farmland than any other cereal, and researchers said Friday they're posting its genetic code to the Internet in the hope that scientists can use it as a tool to improve

Share

Yahoo! Buzz

Add to Mixx

Facebook

Twitter

More

Subscribe

myYahoo

Brit kutatók megszekvenáltak?

The Washington

BBC

Mobile

News | Sport | Weather

NEWS SCIENCE & ENVIRONMENT

Home UK Africa Asia-Pac Europe Latin America Mid-East South Asia US & Canada

USA TODAY

Home

News

26 August 2010 Last updated at 23:25 GMT

f t h

Wheat genome may help tackle food shortages

Technology » Science

Scientists: We've decoded

By Katia Moskvitch
Science reporter, BBC News

Updated 8/30/2010 1:10 PM | Comments



Enlarge

By Scott Helmer



In many countries, the wheat harvest has been harmed by droughts and floods

UK scientists have released draft sequences of the wheat genome, which they think could make a vital contribution to securing global food supplies.

A study
vaccinations

RSS

10

Buzz

Mixx

ook

e

00

Brit kutatók megszekvenáltak?

The Washing

BBC

Mobile

News | Sport | Weather

NEWS SCIENCE & ENVIRONMENT

Home UK Africa Asia-Pac Europe Latin America Mid-East South Asia US & Canada

USA TODAY

[origo] címlap

hírcentrum

komment.hu

[freemail]

videa

iWiW

keresés ro

Techno

[origo] tudomány

Scie
code

Világűr • OzoneNetwork • Egészség • Múlt-kor • LHC • NASA • népszerű tudomány • magyar kuta

Updated 8/3

Elkészült a búza csaknem teljes genomszekvenciája

[origo] | MTI | 2010. 08. 27., 13:36 |

CÍMKÉK: búza, genetika, genomszekvenálás, genom, genomika, genetikai állomány

MEGOSZTÁS:     még több +

A A ✉ 📄

Egy brit kutatócsoport közzétette a búza rendkívül összetett genetikai kódjának első, nyers bázissorrendjét: az eredmények alapján most már a búza összes génjének 95 százaléka ismert. Ez az egyik legátfogóbb eddigi genomvizsgálat, és az adatok közzététele jelentősen felgyorsíthatja majd a növényneveléssel foglalkozó cégek munkáját.

Enlarge

Brit kutatók megszekvenálták?

Science

AAAS

The Sequence of the Human Genome

J. Craig Venter, *et al.*

Science **291**, 1304 (2001);

DOI: 10.1126/science.1058040

5 APRIL 2002 VOL 296 SCIENCE www.sciencemag.org

A Draft Sequence of the Rice Genome (*Oryza sativa* L. ssp. *japonica*)

Stephen A. Goff,^{1*} Darrell Ricke,¹ Tien-Hung Lan,¹
Gernot Presting,¹ Ronglin Wang,¹ Molly Dunn,¹
Jane Glazebrook,¹ Allen Sessions,¹ Paul Oeller,¹ Hemant Varma,¹
David Hadley,¹ Don Hutchison,¹ Chris Martin,¹ Fumiaki Katagiri,¹
B. Markus Lange,¹ Todd Moughamer,¹ Yu Xia,¹ Paul Budworth,¹
Jingping Zhong,¹ Trini Miguel,¹ Uta Paszkowski,¹ Shiping Zhang,¹
Michelle Colbert,¹ Wei-lin Sun,¹ Lili Chen,¹ Bret Cooper,¹
Sylvia Park,¹ Todd Charles Wood,² Long Mao,³ Peter Quail,⁴
Rod Wing,⁵ Ralph Dean,⁵ Yeisoo Yu,⁵ Andrey Zharkikh,⁶
Richard Shen,^{6†} Sudhir Sahasrabudhe,⁶ Alun Thomas,⁶
Rob Cannings,⁶ Alexander Gutin,⁶ Dmitry Pruss,⁶ Julia Reid,⁶
Sean Tavtigian,⁶ Jeff Mitchell,⁶ Glenn Eldredge,⁶ Terri Scholl,⁶
Rose Mary Miller,⁶ Satish Bhatnagar,⁶ Nils Adey,⁶
Todd Rubano,^{6†} Nadeem Tusneem,⁶ Rosann Robinson,⁶
Jane Feldhaus,⁶ Teresita Macalma,⁶ Arnold Oliphant,^{6†}
Steven Briggs¹

- Nem jelentettek meg cikket tudományos folyóiratban ahogy az megszokott

Még sok munka szükséges...



[News and Reports](#)

[Organization](#)

[Projects](#)

[Tools and Resources](#)

[General Documents](#)

[Home](#) / [News and Reports](#) / [News](#) / Significant Work Still Needed to Really Crack Wheat's Genetic Code

News and Reports

- > [News](#)
- > [Archives](#)
- > [Meetings and Workshops](#)
- > [General reports](#)
- > [Event calendar](#)

Significant Work Still Needed to Really Crack Wheat's Genetic Code

Published: 08/30/2010 05:49 pm - Last modified: 09/09/2010 02:23 pm

PRESS RELEASE

WASHINGTON 30 August 2010, 10:00 am EDT. The International Wheat Genome Sequence Consortium (IWGSC – www.wheatgenome.org), an international consortium of wheat growers, public and private breeders and scientists, strongly disagrees with implications that the sequence reads made available by a UK team, led by Professor Neil Hall, represent in any way the sequence of the wheat genome or that this work is comparable to genome sequences for rice, maize, or soybean.

An Associated Press (AP) story published on 27 August 2010, in London, entitled "Scientists: We've cracked wheat's genetic code", reports that Neil Hall's team has "decoded the genetic sequence of wheat" and implies that this information is equivalent to the genome sequences available for the rice, maize, soybean, and the human genomes.

Még sok munka szükséges...

Skip to content | Accessibility | Help | Advanced search



Biological Sciences Research Council

Home | News, features and events | Funding research | Working with business | Science in society | Our organisation | Our science | Publications

Home > News, features and events > Food security > 2010

News, features and events:

- Food security 2011
- 2010**
- Industrial biotechnology
- Health
- People, skills and training
- Policy
- Research technologies
- News archive
- Videos
- Business magazine
- Chief Executive's blog
- Events
- BBSRC News e-mail
- Our impact

UK researchers release draft sequence coverage of wheat genome

27 August 2010

A team of UK researchers, funded by the Biotechnology and Biological Sciences Research Council (BBSRC), has publicly released the first sequence coverage of the wheat genome. The release is a step towards a fully annotated genome and makes a significant contribution to efforts to support global food security and to increase the competitiveness of UK farming.

The genome sequences released comprise five read-throughs of a reference variety of wheat and give scientists and breeders access to 95% of all wheat genes. This is among the largest genome projects undertaken, and the rapid public release of the data is expected to accelerate significantly the use of the information by wheat breeding companies.

The team involved Prof Neil Hall and Dr Anthony Hall at the University of Liverpool, Prof Keith Edwards and Dr Gary Barker at the University of Bristol and Prof Mike Bevan at the John Innes Centre, a BBSRC-funded Institute.

available for the rice, maize, soybean, and the human genomes.

Related links

- Food security



© JIC

Tények

- A csapat tagjai:
 - Prof Neil Hall és Dr Anthony Hall (University of Liverpool)
 - Prof Keith Edwards és Dr Gary Barker (University of Bristol) és
 - Prof Mike Bevan (John Innes Centre)
- A leg nagyobb genom projektek közzé tartozik
- Roche 454 GS FLX készülék
- 5 leolvasás egy referenciának tekintett búzavariánsról (Chinese spring)
- A búza génjeinek 95% lett megszekvenálva
- £1.7 millió – ba került, a Biotechnology and Biological Sciences Research Council (**BBSRC**) finanszírozta
- 1 évig tartott

Tények

- Ezt a szekvenciát nem lehet összehasonlíthatónak tekinteni olyan haszon növények szekvenciáival amelyek már készen vannak (rendezettek, annotáltak, a gének pozíciója a kromoszómákon ismert) pl. rizs
- Átlagban 400 bp szakaszokat olvastak le, de ezek a szakaszok nincsenek sorba rendezve egyelőre
- A rendezettség szükséges ahhoz, hogy a genetikai információkat hozzá tudjuk rendelni agronómiai szempontból fontos tulajdonságokhoz
- Az International Wheat Genome Sequence Consortium szerint a brit kutatók által készített nyers szekvencia olyan mintha lenne egy rendezetlen sorozatunk egy többkötetes enciklopédia minden betűjéből,
- szerintük még jelentős munkára és anyagi forrásokra (többre mint amit eddig befektettek) lesz szükség az elkövetkező néhány évben ahhoz, hogy elkészüljön a teljes búzagenom
- A Biotechnology and Biological Sciences Research Council (**BBSRC**) szerint is még jelentős munka szükséges az adatok kromoszómákba rendezéséhez és a teljes annotáláshoz



Search the Chinese spring draft genome assembly or raw sequence reads using BLAST

[Home](#)

[BLAST Wheat genomic sequence](#)

[Download Wheat genomic sequence](#)

[Search DArT data](#)

[Deletion mapped DArT markers](#)

[Wheat database](#)

[SNPs](#)

[images at wheatbp](#)

[Monogram network](#)

As part of a BBSRC funded program to discover useful sequence polymorphisms in bread wheat ([see news article](#)) we have sequenced the wheat variety Chinese spring using Roche 454 technology.

The draft assembly of the gene-rich regions of the genome, or the raw sequence reads can be searched using the BLAST form below. This project is a collaboration between the Universities of Bristol and Liverpool together with the John Innes centre in Norwich.

The raw data represents 5x genome coverage. At this level of coverage we would expect to have at least one read for > 95% of the genome. We are now moving on to sequence four UK wheat varieties to 30x coverage on the SOLiD platform for SNP discovery. The CS genome will act as the reference for the SOLiD reads.

Paste your query sequence into the box below:
(Leave blank to test the search with an example sequence)

Database to search <- The default database is now the draft gene-rich assembly

e-value cutoff

You may also download our complete gDNA sequence dataset. Please see the [terms and conditions](#) in order to proceed.

- A nyers szekvencia szabadon elérhető
- <http://www.cerealsdb.uk.net>



Search the Chinese spring draft genome assembly or raw sequence reads using BLAST

[Home](#)

[BLAST Wheat genomic sequence](#)

[Download Wheat genomic sequence](#)

[Search DArT data](#)

[Deletion mapped DArT markers](#)

[Wheat database](#)

[SNPs](#)

[images at wheatbp](#)

[Monogram network](#)

As part of a BBSRC funded program to discover useful sequence polymorphisms in bread wheat ([see news article](#)) we have sequenced the wheat variety Chinese spring using Roche 454 technology.

The draft assembly of the gene-rich regions of the genome, or the raw sequence reads can be searched using the BLAST form below. This project is a collaboration between the Universities of Bristol and Liverpool together with the John Innes centre in Norwich.

The raw data represents 5x genome coverage. At this level of coverage we would expect to have at least one read for > 95% of the genome. We are now moving on to sequence four UK wheat varieties to 30x coverage on the SOLiD platform for SNP discovery. The CS genome will act as the reference for the SOLiD reads.

Paste your query sequence into the box below:
(Leave blank to test the search with an example sequence)

- A kutatók remélik, hogy az adatok korai közzététele jelentősen fel fogja gyorsítani az információk hasznosítását

Database to search <- The default database is now the draft gene-rich assembly

e-value cutoff

You may also download our complete gDNA sequence dataset. Please see the [terms and conditions](#) in order to proceed.

Következtetések

The background of the slide features a detailed botanical illustration of wheat. It shows several wheat stalks with golden-brown grain heads, some individual grains, and a root system. The illustration is rendered in a light, semi-transparent style, allowing the text to be clearly visible over it.

- A búza genom projekt jelenleg kezdeti fázisban van
- A jelenlegi szekvencia kiváló alap egy teljes, rendezett és annotált búza genom megalkotásához
- Amennyiben elkészül a teljes búza genom az elmúlt 10.000 év legnagyobb áttörése lesz a búza nemesítésben és termesztésben

Felhasznált irodalom és források

- http://www.sciencenews.org/view/generic/id/62868/title/Wheat_genome_announcement_turns_out_to_be_small_beer
- <http://www.reuters.com/article/idUSN277047520100827>
- <http://www.wheatgenome.org/News-and-Reports/News/Significant-Work-Still-Needed-to-Really-Crack-Wheat-s-Genetic-Code>
- <http://www.bbsrc.ac.uk/news/food-security/2010/100827-pr-uk-researchers-release-draft-wheat-genome.aspx>
- <http://www.bbc.co.uk/news/science-environment-11099378>
- http://www.usatoday.com/tech/science/2010-08-27-wheat-genome_N.htm
- <http://www.genomeweb.com/sequencing/wheat-genome-sequenced-roches-454>
- http://www.cerealsdb.uk.net/search_reads.htm
- Bikram S Gill et al., “A workshop report on wheat genome sequencing: International Genome Research on Wheat Consortium,” *Genetics* 168, no. 2 (October 2004): 1087-1096.
- K. Eversole , “Advancements Towards Sequencing the Bread Wheat Genome: An Update of the Projects of the International Wheat Genome Sequencing Consortium ” *Annual Wheat Newsletter*, Vol. 55 (2009)
- P. Etienne et al., “ A physical map of the 1 – gigabase bread wheat chromosome 3B, ” *Science* vol322 (October 2008)

Köszönöm a
megtisztelő
figyelmet!

