
遗传发育所大豆基因组研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/10092.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！

基因组学是生命科学研究的核心基础。传统的基因组学研究是将不同碱基以线性的形式存储于染色体上，且多基于一个参考基因组来获取一个物种的基因信息。由于一个物种中不同个体间存在遗传变异，线性基因组不能同时体现不同个体的遗传变异情况，这极大地限制了不同个体遗传变异的鉴定和分析。构建囊括一个物种所有遗传信息的新型存储形式的泛基因组已成为当前基因组学研究的重要任务和前沿挑战。近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所田志喜等科研团队取得了大豆泛基因组的最新研究进展。该项成果突破传统线性基因组的存储形式，在植物中首次实现了基于图形结构基因组 (graph-based genome) 的构建，将引领全新的下一代基因组学研究思路和方法，被审稿人称为“基因组学的里程碑工作”。

大豆驯化起源于中国，随后广泛传播于世界各地，为人类提供了主要的植物油料和蛋白资源，是重要的粮食经济作物。我国大豆需求量大，而消费对外依赖严重。因此，加强大豆研究，提高大豆生产能力迫在眉睫。高质量参考基因组是作物育种基础研究和应用研究的前提基础。前期，科研团队完成了大豆品种—“中黄13”黄金版大豆参考基因组的组装和注释 (Shen et al., Science China Life Sciences, 2018; Shen et al., Science China Life Sciences, 2019)。然而，研究团队在对大豆种质资源的深度重测序和群体遗传学分析中发现，不同大豆种质资源之间存在较大的遗传变异，单一或少数基因组不能代表大豆群体的所有遗传变异 (Zhou et al., Nature Biotechnology, 2015; Fang et al., Genome Biology, 2017)。大豆基础研究和分子设计育种亟需能够代表不同大豆种质材料的全新基因组资源。

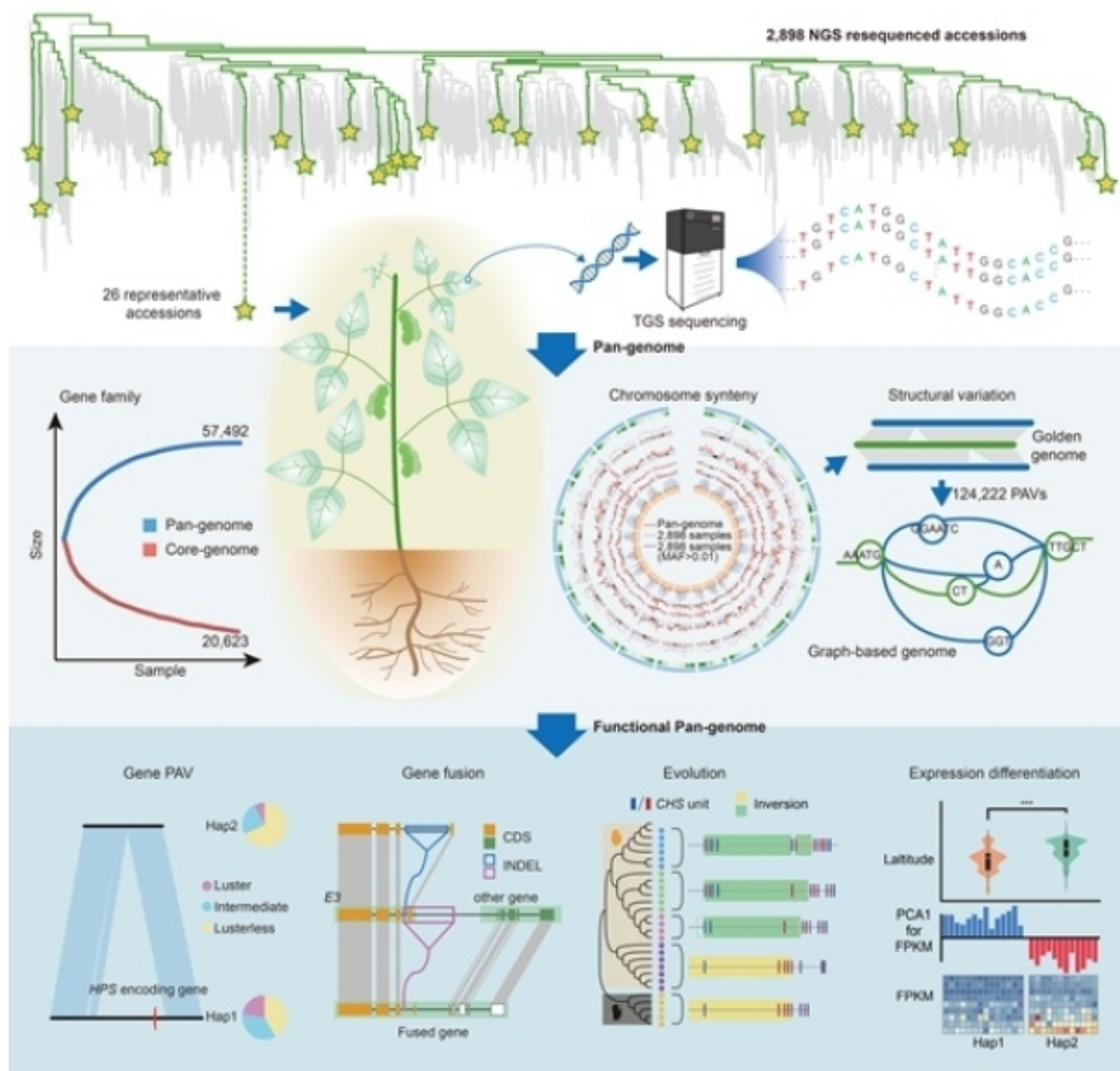
为此，研究团队联合遗传发育所研究员梁承志和朱保葛研究团队，中科院分子植物科学卓越创新中心、中科院院士韩斌团队，上海师范大学教授黄学辉团队以及北京贝瑞和康生物技术有限公司相关人员，对来自世界大豆主产国的2898个大豆种质材料进行深度重测序和群体结构分析，挑选出26个最具代表性的大豆种质材料，包括3个野生大豆，9个农家种和14个现代栽培品种。研究团队利用最新组装策略，对26个大豆种质材料进行了高质量的基因组从头组装和精确注释，contig N50平均长度达22.6 Mb, scaffold N50 平均长度达 51.2

Mb。在此基础上，结合已经发表的中黄13、Williams 82 和 W05 基因组，开展了系统的基因组比较，构建了高质量的基于图形结构泛基因组，挖掘到大量利用传统基因组不能鉴定到的大片段结构变异。经深入分析发现，结构变异在重要农艺性状调控中发挥重要作用，例如，HPS基因的结构变异调控大豆种皮亮度变化；野生与栽培大豆CHS基因簇的结构变异是导致种皮颜色由黑色向黄色驯化的主要原因；SoyZH13_14G179600基因结构变异导致了其在不同种质材料中基因表达的差异，可能与调控大豆缺铁失绿症有关。此外，研究还鉴定到15个结构变异导致了不同基因间的融合，这为新基因的产生研究提供了重要线索。此高质量图形结构泛基因组的构建不仅本身具有重要的理论意义和应用价值，同时为过去已经开展的大量重测序数据提供了一个全新的分析平台，将使得这些数据获得“第二次生命”。

上世纪60年代，以降低农作物株高、半矮化育种为特征的第一次“绿色革命”，使得全世界水稻和小麦产量翻了一番，解决了温饱问题。“绿色革命”是近现代史上最重要的农业历史事件之一。然而在过去的60年里，大豆平均单产相对其他主粮作物而言尚无明显突破，大豆生产亟需“绿色革命”。本次泛基因组研究所选用的大豆种质材料不仅在遗传多样性上具有代表性，且具有重要的育种和生产价值。其中满仓金、十胜长叶、紫花4号等种质材料作为骨干核心亲本已各自培育出了上百个优良新品种：黑河43、齐黄34、豫豆22、皖豆28、晋豆23、徐豆1号等品种是各个大豆主产区推广面积最大的主栽品种。该基因组和相关的2898份种质材料遗传变异的发布为大豆研究提供了重要的资源和平台，将推进大豆分子设计育种，助力实现大豆“绿色革命”。

相关研究结果以Pan-genome of wild and cultivated soybeans

为题在线发表于《细胞》杂志上。田志喜研究组博士生刘羽诚、梁承志研究组博士生杜会龙为该论文的第一作者，田志喜为论文通讯作者，梁承志为共同通讯作者。该研究得到国家自然科学基金委和中科院的资助。



大豆图形结构泛基因组分析

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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](https://www.iikx.com)转发