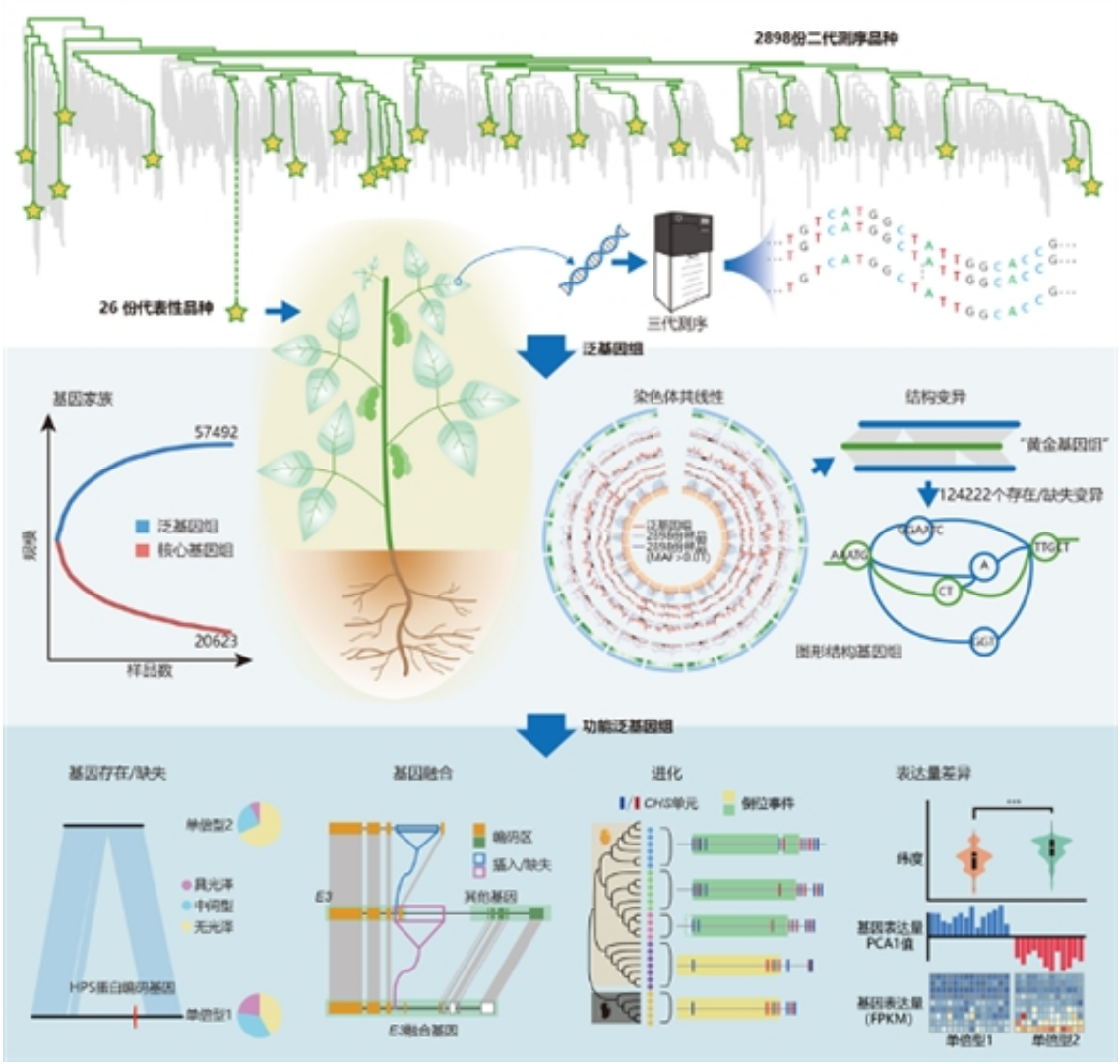
科研人员绘出大豆图形结构泛基因组

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/10115.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！

科研人员绘出大豆图形结构泛基因组。



图：大豆图形结构泛基因组分析。中科院遗传发育所供图

6月17日，《细胞》杂志在线发表了中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员田志喜等科研团队关于大豆泛基因组的最新研究进展。该项成果突破了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。

我们在研究中发现，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。田志喜说，不管是基础研究还是分子设计育种，都需要能够代表不同大豆种质材料的全新基因组资源。

田志喜团队联合中科院遗传发育所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韩斌院士团队、上海师范大学黄学辉团队等，对来自世界大豆主产国的2898个大豆种质材料进行了深度重测序和群体结构分析，精心挑选出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。

科研人员利用最新组装策略，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，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。

经过深入分析后，研究人员发现，这些结构变异在许多重要农艺性状调控中发挥了重要作用。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等等。

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。田志喜认为，该泛基因组和相关的2898份种质材料遗传变异的发布为大豆研究提供了极为重要的资源和平台，将大力推进大豆分子设计育种，助力实现大豆绿色革命。

据了解，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。但与水稻和小麦相比，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。我国大豆需求量大，因此加强大豆研究，提高大豆生产能力迫在眉睫。（来源：中国科学报 丁佳）

相关论文信息：http://doi.org/10.1016/j.cell.2020.05.023

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：田志喜等 来源：《细胞》

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转发