新方法攻克异交多倍体遗传定位难题

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/12410.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！

新方法攻克异交多倍体遗传定位难题。近日，上海师范大学黄学辉与上海辰山植物园杨俊、中国林科院裴东、中国科学院分子植物科学卓越创新中心张鹏等团队合作，在《分子植物》发表文章。该研究针对异交植物的3类实验群体，开发了一套构建高密度基因型图谱的新方法：OutcrossSeq，有望提高异交植物中基因分型、定位和遗传育种的效率。

异交实验群体有3类常见情形：二倍体异交植物的子一代群体、同源多倍体植物的子一代群体、双亲高度杂合但有单倍型信息的实验群体。针对3类情形，研究人员分别构建了核桃子一代群体、甘薯子一代群体、杂交水稻和杂交玉米双交种群体。根据这3类情形的遗传规律，研究人员分别开发了OutcrossSeq软件包的三大模块，可基于群体的低丰度测序数据获得高质量的基因型图谱，直接用于遗传定位和育种选择。

通过对这3类群体进行低成本的全基因组低丰度测序，可以获得超高密度的分子标记。但是，低丰度测序会漏测很多区域，还有部分区域可能只偏向于测到了其中一种单倍型，还存在大量测序错误或比对错误引起的噪音干扰，会造成大量缺失数据和不准确基因型。研究人员利用对异交植物群体中等位变异和重组交换规律的充分了解，设计了3套算法，有效解决了低丰度测序带来的不确定性问题，准确复原了群体中每个个体全基因组范围精细的基因型（或单倍型）图谱信息。

OutcrossSeq生成的高质量基因型图谱，结合实验群体的表型考察，可以直接用于高精度的遗传定位。研究人员对核桃群体的叶部性状、甘薯群体的各类农艺性状及基因表达量数据、杂交水稻和杂交玉米双交种群体的株高、花期、产量性状进行了考察和遗传定位，鉴定到了控制这些性状的QTL位点和候选基因。

OutcrossSeq在不同物种中的成功应用，表明其能够为众多异交植物中复杂性状的遗传解析和分子育种以及基因组选择育种提供了一套高效、精准的解决方案。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.molp.2021.01.003

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：黄学辉等 来源：《分子植物》

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