
中国大豆“中黄13”基因组发布

作者：writer 来源：中国科学报

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/1370.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！

中科院遗传与发育生物学研究所联合中国科技大学、江苏省农业科学院种质资源与生物技术所、北京贝瑞和康生物技术有限公司等，对中国国审大豆品种中黄13(Gmax_ZH13)的基因组进行从头组装，最终得到1.025 Gb的基因组序列，包含20条染色体和1条叶绿体。相关成果近日以封面文章形式在线发表于《中国科学—生命科学》。

大豆起源于中国，古称菽，约在5000年前由其野生种驯化而来，随后广泛传播于世界各地。大豆在引种和改良过程中产生了遗传瓶颈效应，使来自不同主产区的大豆品种间具有显著的遗传变异。目前广泛采用的大豆参考基因组来源于美国品种Williams 82。该单一品种的基因组并不能完全代表所有大豆的遗传变异，特别是和美国地理距离遥远具有明显遗传变异的亚洲品种。此外，功能研究发现该基因组存在多处组装错误，影响了功能基因的定位挖掘。

合作团队综合运用单分子实时测序、单分子光学图谱和高通量染色体构象捕获技术，分析得出中黄13基因组Contig N50为3.46 Mb，Scaffold N50为51.87 Mb，是目前连续性最好的植物基因组之一。进一步分析，Gmax_ZH13和Williams 82基因组之间存在着大量的遗传变异，包括1404个易位事件、161个倒位事件、1233个倒位易位事件，以及在Gmax_ZH13中出现的505506个小插入/缺失和17409个大插入/缺失。

该研究整合大量转录组数据为Gmax_ZH13基因注释基因构建了一个完整的基因共表达网络，得到26个可能控制大豆开花时间的基因，并利用自然群体遗传变异和表型差异的关联对其中部分基因进行验证，为重要农艺性状基因的挖掘提供了新思路。Gmax_ZH13基因组的发表为大豆基础研究提供了重要资源，为国产优异大豆品种的培育奠定了基础。(来源：中国科学报)

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