东北地理所在大豆突变体基因定位测序方法改良上取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

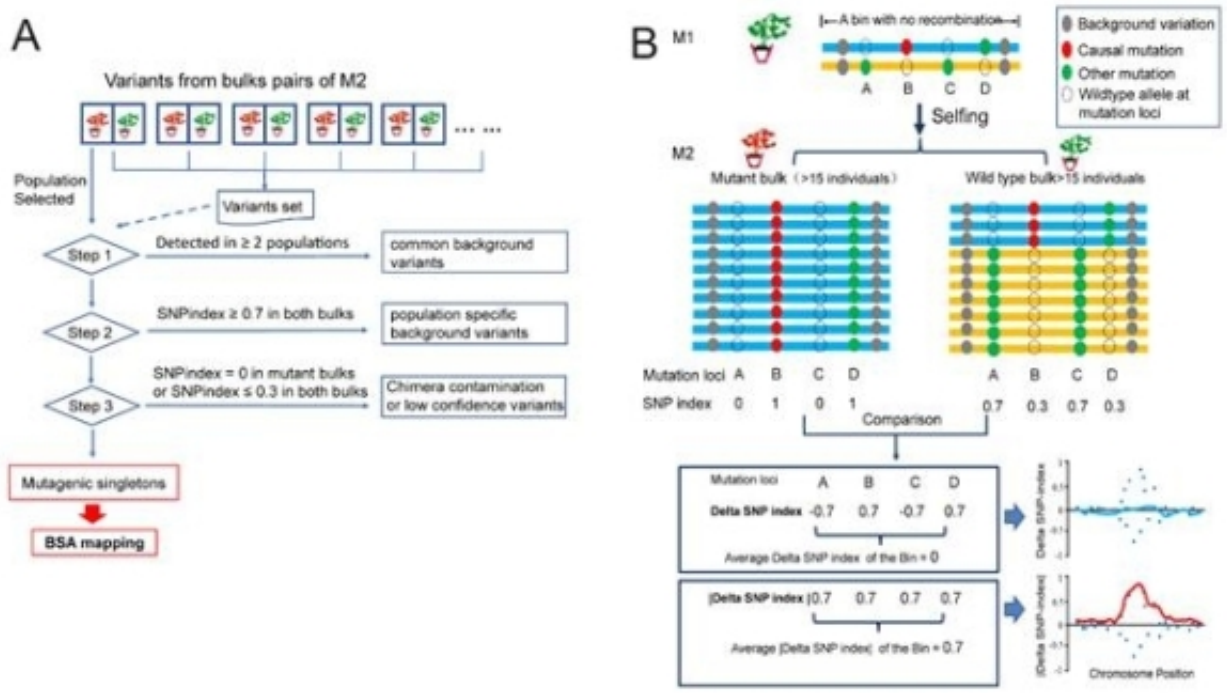
本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14108.html

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！

随着新一代测序技术的发展和全基因组测序（Whole Genome Sequencing, WGS）成本的不断下降，基于WGS的分离群体分组分析（Bulk Segregation Analysis，BSA）已成为快速定位候选基因的常规工具，但已报道的方法仍有待完善。例如，依赖于自交系杂交的QTL-seq策略需要后期耗费大量精力进行精细定位；而基于突变体的Mutmap策略，虽然不需要后期进行精细定位，但仍需耗费大量时间用于突变体的自交与回交。这些方法存在的不足限制了大规模开展功能基因定位的效率。

中国科学院东北地理与农业生态研究所大豆分子设计育种重点实验室研究员冯献忠团队围绕大豆突变体功能基因定位，报道了一种称为M2-seq的改良版WGS-BSA方法。它是一种快速有效的突变基因定位工具，仅基于M_2代材料即可实现候选因果突变位点的快速定位，与此前报道的需要更高世代自交与回交的方法（如Mutmap）相比，在时间成本和测序费用成本上均更具有优势。利用M2-seq方法，在不知道突变植株的野生型变异信息情况下，通过M_2群体之间的相互比较，背景变异即可被有效去除。此外，利用ΔSNP-index的绝对值可有效去除由相邻突变等位基因的排斥连锁引起的突变频率信号波动，从而有助于定位靶基因中的因果突变。该研究展示了M2-seq在10个独立的大豆M_2突变体群体中成功定位因果突变。研究表明，基于M_2世代的M2-seq方法可加速基因定位，尤其是在世代间隔较长的植物物种中。

相关研究成果以*A robust and rapid candidate gene mapping pipeline based on M_2 populations*为题，发表在*Frontiers in Plant Science*上。东北地理所博士研究生周煌凯为论文第一作者，冯献忠为论文通讯作者。研究工作获得国家重点研发计划的资助。



M2-seq的原理和分析过程示意图。（A）变异过滤过程概述。（B）定位携带因果突变的基因组区域的原理图。ΔSNP-index绝对值曲线（红色曲线）用于识别因果突变区域

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

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转发