
250份大豆种质材料全基因组重测序

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15193.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！

250份大豆种质材料全基因组重测序。大豆是当今世界五大主栽作物之一，也是人类和动物油脂和蛋白质的主要来源。挖掘大豆复杂性状的关联基因和解析性状耦合的遗传网络，对大豆分子设计育种具有重要意义。

近日，吉林省农业科学院郝东云团队联合中国农业大学王向峰团队在《基因组蛋白质组与生物信息学报》(GPB)在线发表研究论文，对250份大豆种质材料进行了深度全基因组重测序和生物信息学分析，构建了大豆性状耦合的遗传关联网络。

该研究从中国东北大豆核心种质库中收集到250个代表性大豆种质，其中包括来自中国东北和西北地区的134个材料，以及来自欧洲和北美地区的116个材料。研究人员对这250个大豆种质进行了深度全基因组重测序和生物信息学分析，为进一步探索大豆的起源进化和分子设计育种提供了独特的参考。

该研究解析了全球250个代表性大豆种质的群体结构和遗传分类，鉴定了370个与大豆改良相关的强选择信号，这些选择信号大部分位于与产量和品质性状相关的基因组区域。研究支持大豆遗传水平的亚群划分与其地理分布的强相关性，支持大豆的中国起源以及大豆从地方种到栽培种的驯化路径。

研究同时对50个农艺性状进行全基因组关联分析，定位了201个QTLs，除了鉴定到如株高性状相关的Dt1、油分性状相关的FAD2和SAT1等已知基因外，还确定了5个新的大豆分子设计育种关键候选基因，分别是与异黄酮含量相关的GSTT1、GL3和GSTL3，与产量性状相关的CKX3，以及与株型和产量性状相关的CPY85A2。

此外，该研究还构建了包括了株型、颜色、油分、异黄酮、蛋白质和产量六大类、34个性状和853个基因的遗传网络，其中15个枢纽节点中包含367个一因多效基因。在这个网络中，同一类性状在整个网络中有更紧密的关联；不同类别的性状也会通过枢纽节点产生关联。枢纽节点中的关键基因可作为性状耦合的遗传基础，为分子设计育种提供理论依据。

综上，这项研究为大豆分子设计育种提供了重要的理论基础，对高产优质大豆品种的培育具有重要参考价值。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.gpb.2021.02.009>

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：郝东云等 来源：《基因组蛋白质组与生物信息学报》

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](http://www.iikx.com)转发