高质量水稻泛基因组构建成功

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/18214.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！

高质量水稻泛基因组构建成功。



111份水稻种质的水稻泛基因组特征。 中国农科院供图

近日，中国农业科学院作物科学研究所水稻分子设计技术与应用创新团队和上海交通大学合作，基于111份代表性水稻资源的二代和三代全基因组测序数据，构建了高质量水稻泛基因组，获得了9个水稻代表性群体的高质量参考基因组，其中包括5个无缺水稻基因组。相关数据对深度挖掘基因组变异和优良基因，培育突破性的水稻新品种提供重要依据。相关研究成果在线发表在《基因组研究》（Genome Research）上。

据中国农科院作物科学研究所研究员王文生介绍，该团队于2018年在《自然》上发表论文，对来自全球89个国家的3010份水稻进行了重测序和大数据分析，这3010份水稻代表了全球78万份核心种质约95%遗传多样性，构建了首个完整的亚洲栽培稻泛基因组。但是此前的研究是基于二代测序数据构建的，相比而言使用三代测序技术构建的数据质量会更高。

此次研究构建的泛基因组在原来的基础上，增加了三代测序数据，因此构建的泛基因组更准确、更连续、更完整，包含879
Mb的非冗余新序列，涉及19319个新的蛋白质编码基因（2132个新基因家族）。

与二代测序数据相比，三代测序数据在检测基因存在-缺失变异（PAV）时假阳性率更低，尤其是对于包含重复序列的基因。此外，检测到14471个存在—缺失变异与多个农艺性状有显著关联，表明基因存在—缺失变异对水稻表型变异可能具有重要贡献。

该研究获得的高质量水稻基因组、泛基因组和基因存在—缺失变异等资源，有利于促进水稻功能

基因组研究，同时有助于深度挖掘基因组变异和优良基因，对培育突破性的水稻新品种提供重要依据。

该研究得到国家自然科学基金、海南崖州湾种子实验室揭榜挂帅项目、中国农业科学院科技创新工程和国家高层次人才支持计划等项目支持。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：https://doi.org/10.1101/gr.276015.121

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：王文生等 来源：《基因组研究》

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