
水稻泛基因组研究方面取得突破性进展

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21777.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！

水稻泛基因组研究方面取得突破性进展

基于国际多样性水稻资源构建的水稻泛基因组特征及结构变异分布。研究团队 供图

近日，广东省农业科学院水稻研究所分子育种团队在水稻泛基因组研究方面取得突破性进展。相关研究发表于基因组学研究知名杂志Genome Biology。该论文第一单位为广东省农业科学院水稻研究所，王健博士为第一作者，杨武副研究员为共同第一作者，胡海飞博士和赵均良副研究员为通讯作者，澳大利亚莫道克大学教授李承道、澳大利亚西澳大学教授David Edwards为共同通讯作者。

优异功能基因挖掘是农作物新品种选育的基础。参考基因组为基因挖掘提供统一、高精度的参考框架。然而目前相关研究主要应用单一参考基因组，导致大量遗传变异信息丢失，大量新基因难以鉴定。泛基因组技术是解决此问题的最有效的方法之一。目前线性泛基因组技术无法保存基因组变异的位置信息，严重制约其在基因组变异分析和功能基因挖掘中的应用。

在该研究中，研究人员创新性地提出一种可保留基因组变异坐标信息的线性化泛基因组构建策略，开发出一套完整的泛基因组构建及下游分析流程(PSVCP)，突破了线性化泛基因组构建和分析的技术瓶颈，为不同物种的泛基因组研究提供了全新的技术体系。

该研究进一步利用PSVCP构建了新的水稻泛基因组，利用PSVCP及其构建的泛基因组对国际稻种资源进行基因组分析，鉴定到大量常规基于SNP无法鉴定到的水稻群体结构、基因组演化及分子遗传信息，为促进水稻优异基因挖掘，加快水稻育种创新提供了技术支撑。

上述研究得到广东省科技计划国际合作项目、广东省农业种业共性关键技术创新团队项目，广东省农业科学院金颖之星项目，广东省农业科学院水稻研究所优谷计划等项目资助。(来源：中国科学报 朱汉斌)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-023-02861-9>

作者：王健等 来源：《基因组生物学》

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