

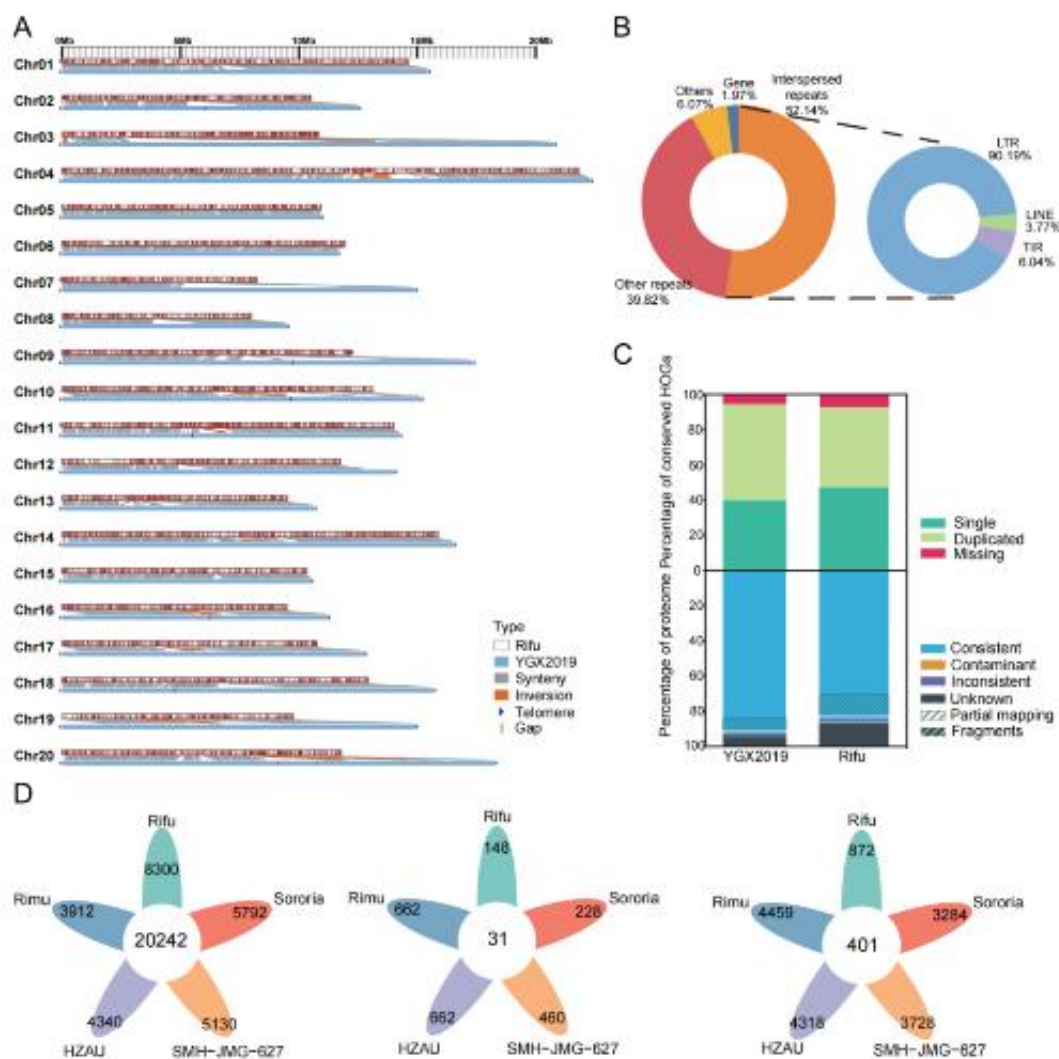
# 中国南瓜T2T基因组揭示果实性状遗传调控

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/39367.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！

中国南瓜T2T基因组揭示果实性状遗传调控。广东省农业科学院蔬菜研究所研究员李俊星团队与华中农业大学教授孔秋生团队合作，成功组装了中国南瓜端粒到端粒（T2T）高质量基因组，并基于该基因组构建高密度遗传图谱，揭示了果实重要性状的遗传调控机制。相关成果近日发表于《园艺研究》（Horticulture Research）。



基因组质量评估。研究团队供图

---

南瓜是全球重要的葫芦科蔬菜作物，适应性好、抗逆性强，因此栽培广泛。其果实营养价值高、货架期长，在保障食品和营养安全方面发挥重要作用。南瓜果实在形状、大小、果肉厚度等性状上表现出极其丰富的表型多样性，但高质量参考基因组的缺乏限制了南瓜果实性状的遗传解析及相关分子育种。

研究以核心种质YGX2019为材料，综合运用PacBio HiFi、ONT ultra-long、Illumina及Hi-C测序技术，获得大小为289.6 Mb、Contig N50达11.2 Mb的T2T基因组。相比早期二代测序参考基因组，新版本增加了42.6 Mb序列，其中91.96%为转座子为主的重复序列。进化分析表明，南瓜属与冬瓜族分化后约26.34百万年前，发生了一次南瓜属特有的全基因组复制事件，该事件可能为南瓜大型肉质果实的发育和生殖隔离提供了遗传基础。

利用品质及果形差异显著的两个高代自交系构建遗传群体，绘制了包含7213个bin标记、总长2538.27 cM的高密度遗传图谱。针对果形、糖/淀粉含量等20个果实核心性状，定位到165个QTLs，并对控制果形和果肉厚度的两个主效QTL开发了紧密连锁分子标记，鉴定出关键候选基因 - tubulin和AUX/IAA。

该研究成果为南瓜果实性状的分子标记辅助选择和基因组编辑育种提供了重要理论依据和基因资源。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/hr/uhag141>

作者：李俊星等 来源：《园艺研究》

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](https://www.iikx.com)转发