
小麦基因组研究与功能基因定位获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/40766.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！

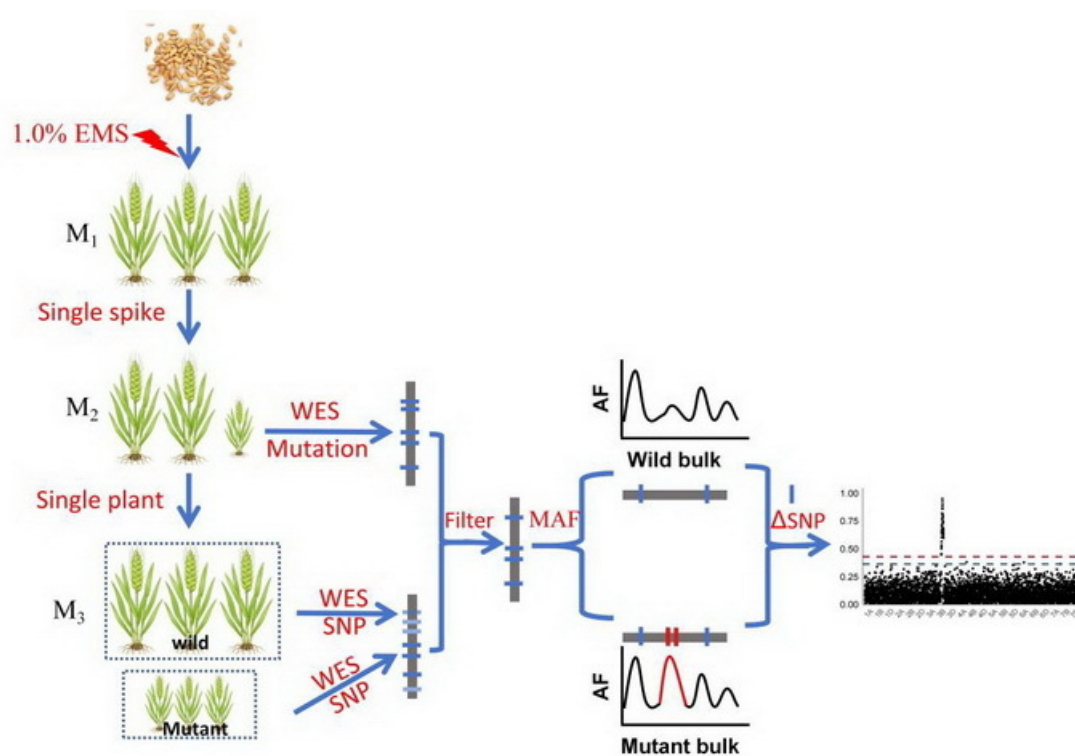
小麦基因组研究与功能基因定位获进展

。小麦是全球最重要的粮食作物之一，其基因组庞大、结构复杂。如何在复杂基因组背景下高效解析控制产量、品质及抗逆性的关键基因，一直是小麦基础研究与分子育种面临的重要挑战。

近期，中国科学院西北高原生物研究所团队在小麦基因组研究与功能基因定位方面取得进展。该团队以我国西北旱作区优良春小麦品种“高原448”为材料，完成了高质量参考基因组组装。基于该参考基因组，团队构建了EMS诱变突变体库，通过外显子捕获测序获得857万个遗传变异位点，其中约70%的基因具有可能影响功能的变异形式。在此基础上，团队创新开发了MutBSE快速基因定位技术。与传统基因克隆方法相比，该技术无需构建大规模遗传群体，能够直接利用突变体表型分离的后代材料进行混池测序分析，快速锁定候选基因。

研究建立了“参考基因组—突变体资源—快速定位”的技术体系，为小麦功能基因组学研究提供了丰富的遗传资源，为培育高产、优质、抗逆新品种提供了技术支撑。

相关研究成果发表在《基因组学与遗传学杂志》（Journal of Genetics and Genomics）上。研究工作得到青海省重点研发项目的支持。



基于MutBSE技术快速鉴定EMS小麦突变体因果突变

研究团队单位：西北高原生物研究所

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](https://www.iikx.com)转发