
首个野生大豆高质量参考基因组被解析

作者：谷双双 陆琦 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/4477.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！

首个野生大豆高质量参考基因组被解析。近日，香港中文大学林汉明教授团队及华大基因等多家国内外机构合作完成了全球首个野生大豆高质量参考基因组解析，该成果为挖掘野生大豆遗传资源和改良、优化栽培大豆品种提供了重要工具。相关研究成果近日在线发表于《自然-通讯》。

基因组信息是当前作物改良计划的重要基础。过往大豆基因组研究主要依赖美国科学家完成的栽培大豆Williams 82的参照基因组进行，未能深入研究野生大豆独有的基因信息。虽然有野生大豆的基因组测序报告，但组装成的基因组包括大量碎片段，具有可读的基因序列连续性低，未有高质量、可作为野生大豆参考基因组的产生。

大豆的基因组含大量的重复区，组装时困难重重，我们整合了几种最新测序方法产生的大量数据，才最终把问题解决。林汉明告诉《中国科学报》。

他带领的团队在2010年率先完成了31个野生大豆和栽培大豆的测序，说明野生大豆的生物多样性和基因组研究对了解大豆的重要性；随后在2014年首次成功利用基因测序方法，获得野生大豆耐盐基因并成功应用产生新大豆耐逆品种，提供了改良大豆的新策略。在此次研究中，团队针对野生大豆W05，应用三代PacBio测序技术、Bionano Genomics双酶切光学图谱(OM)和高通量染色体构象捕获技术(Hi-C)产出的数据，组装得到染色体级别的参考基因组。

野生大豆基因组组合在比较基因组和进化研究中可以帮助寻找重要基因，最终实现改良栽培大豆性状，帮助研发高产、优质、耐逆大豆。希望我们的研究发现能够对其他科研团队挖掘大豆的重要基因信息提供较好的参考价值。林汉明说。

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