

**科研动态**

[头条新闻](#)

[重要新闻](#)

[综合新闻](#)

[科研动态](#)

[精选论文](#)

[学术活动](#)

[传媒扫描](#)

您现在的位置: [首页](#) > [新闻动态](#) > [科研动态](#)

## 东北地理所在大豆基因组解析上取得新进展

2021-07-13 | 来源: 大豆功能基因组学学科组 | [【大 中 小】](#)

中国科学院东北地理与农业生态研究所冯献忠研究员课题组联合菲沙基因等单位选择1份东北野生大豆、7份我国代表性栽培种,结合平均50×的三代测序和Hi-C测序,完成组装了高质量大豆参考基因组。组装的8个大豆基因组大小范围为986.1-1001.3Mb,Contig N50=1.4-6.1Mb,BUSCO完整性评估为96.7%-97.3%;结合同源注释、从头注释、转录组辅助注释,在8个大豆中注释得到57286-58392个基因。

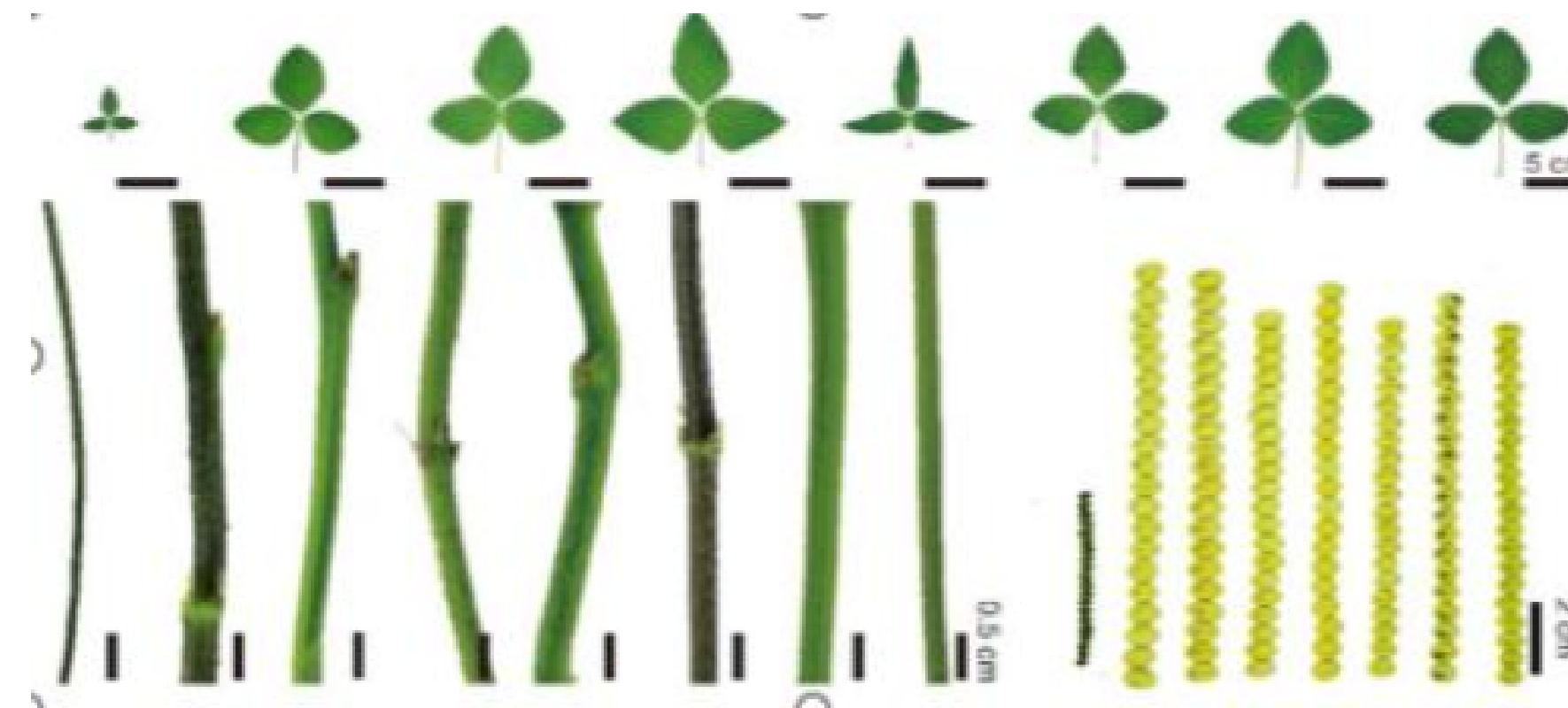


图1. 8个测序大豆品种

基于8个高质量的大豆基因组,研究团队鉴定到了186-427万个SNP,44-92万个InDel,11750-25330个大的InDel,706-3006个易位事件,200-413个倒位事件。在野生大豆中鉴定到60个栽培大豆中缺失或变短的基因,以及野生大豆种质缺失或变短但在栽培中存在的185个基因。

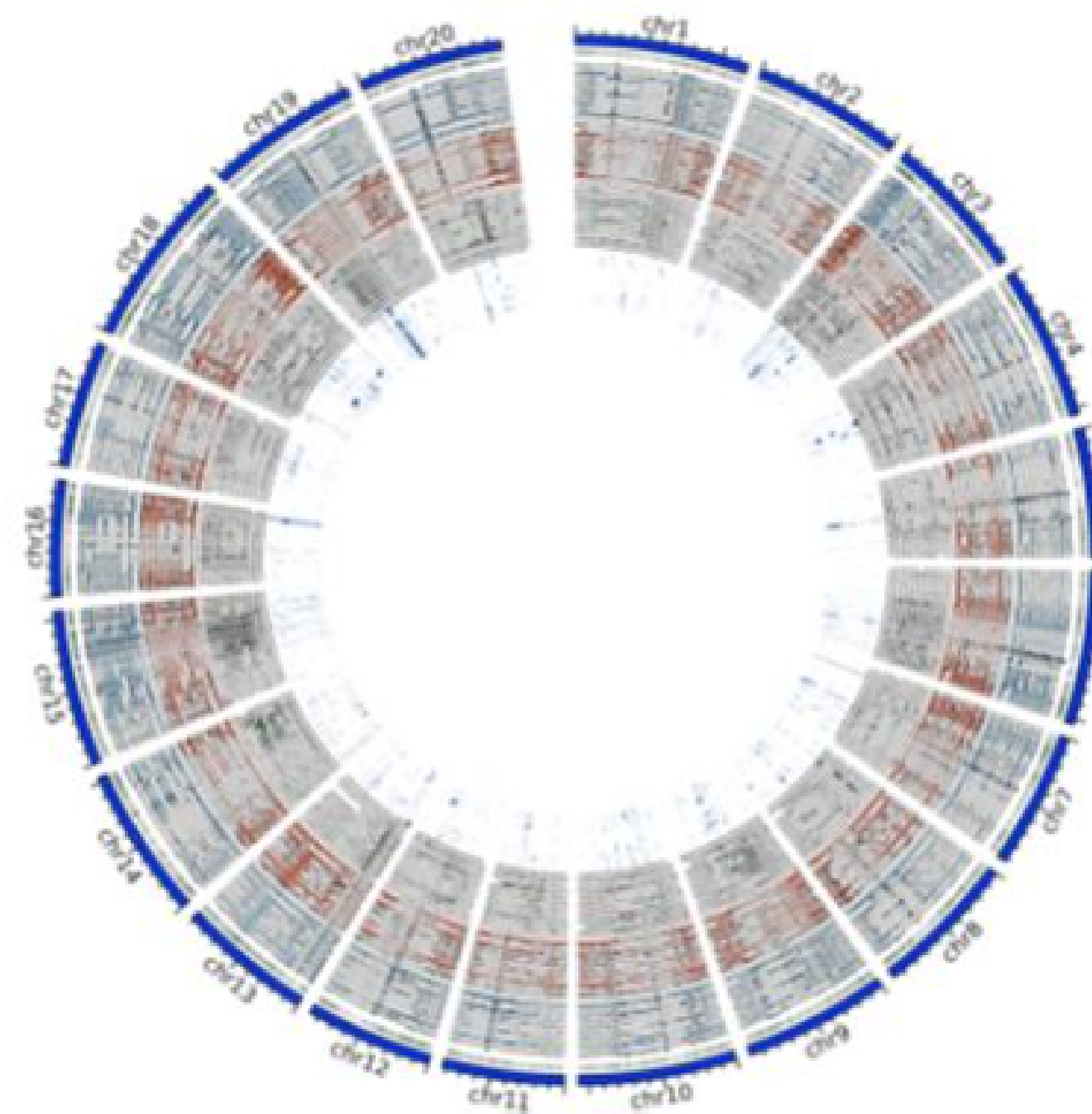


图2. 8个测序大豆品种基因组差异比较

本研究以“Eight soybean reference genome resources from varying latitudes and agronomic traits”为标题在Scientific Data上发表,为大豆结构变异与遗传育种研究提供了新的参考基因组。此研究受到了国家科技部国家重点研发项目、中国科学院重点研究项目及泰山学者项目专项基金等项目的资助。