



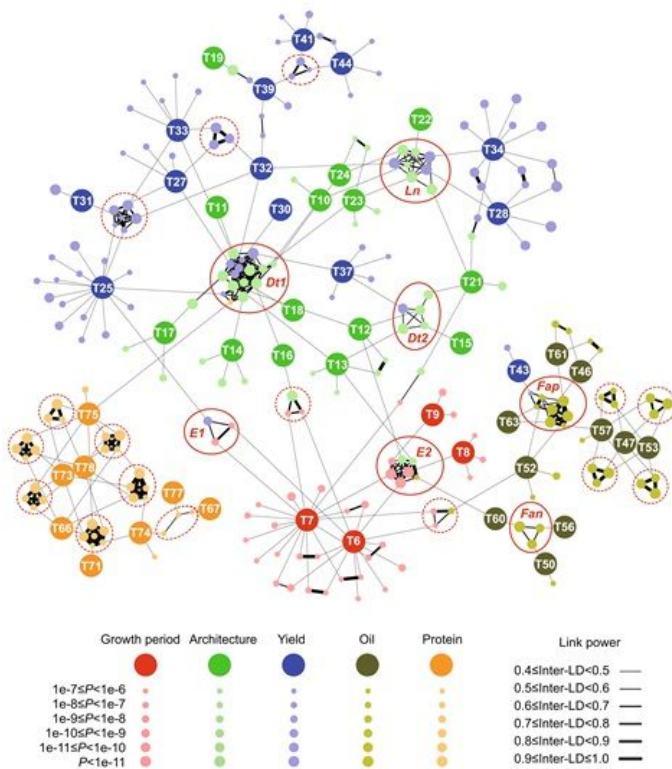
位置：首页 > 新闻动态 > 科研进展

大豆重要性状遗传网络解析取得重要进展

不同复杂性状间的耦合是分子设计育种的关键科学问题。作物的产量、品质等大都是多基因控制的复杂性状，由于受到一因多效和遗传连锁累赘的影响，使某些性状在不同材料和育种后代中协同变化，呈现耦合性相关。解析复杂性状间耦合的遗传调控网络，明确关键调控单元，对分子设计育种具有重要意义。大豆原产中国，是人类和动物油脂和蛋白质的主要来源。高效分子设计育种新体系的研究对于高产优质大豆新品种的培育具有重要意义。

中国科学院遗传与发育生物学研究所田志喜研究员联合王国栋研究员、朱保磊研究员、华盛顿州立大学张志武研究员等多家研究团队深入解析了大豆84个农艺性状间的遗传调控网络，为大豆的分子设计育种提供重要的理论基础。为了解析不同农艺性状之间的内在遗传调控网络，该研究团队首先对809份大豆栽培材料进行了重测序（平均深度约为8.3x），并对其遗传多样性进行了分析，明确了这些材料的群体结构。进而，对这809份材料的84个产量和品质性状进行了连续多年多点的观测，发现不同性状间呈现不同程度的相关性。进一步，该团队利用全基因组关联分析并结合新开发的上位性效应检测方法，对84个性状的调控位点进行了系统的全基因组扫描，共鉴定出245个显著性关联位点，并发现其中95个关联位点和其他位点存在上位性效应。一方面，这些关联位点很好地解析单个性状的遗传调控。例如，对于油含量相关性状，共鉴定到24个脂肪酸代谢相关和21个脂代谢相关的基因，它们分别参与了不同的重要酶促反应。深入分析发现这些基因是通过加性效应共同调控多个大豆油脂性状的形成。另一方面，这些关联位点揭示了不同性状间相互耦合的遗传基础。根据连锁不平衡分析，发现115个关联位点可相互连锁，并将所观测的51个性状联系起来，形成复杂的多性状多位点调控网络，该遗传调控网络很好地解释了不同性状间的耦合关系。研究还发现其中23个关联位点起到了重要节点作用，对不同性状的形成起到关键调控作用，并对其中部分位点在不同性状耦合中的作用进行了验证。

该研究为大豆的分子设计育种提供了重要的理论基础，对于提高大豆的品质和产量具有非常重要的意义，同时也为其他作物性状耦合研究提供了借鉴。相关论文于2017年8月25日在*Genome Biology*杂志在线发表(DOI:10.1186/s13059-017-1289-9)。田志喜研究员博士生房超、助理马燕明与王国栋研究员博士后吴世文博士为该论文共同第一作者。该研究得到了中科院战略先导研究计划、国家自然科学基金委、国家重点研发计划、美国农业部、华盛顿州立大学新兴研发计划华盛顿粮食组织等项目的资助。





@2008-2018 中国科学院遗传与发育生物学研究所 版权所有 京ICP备09063187号 京公网安备110402500012号
地址：北京市朝阳区北辰西路1号院2号,遗传与发育生物学研究所
邮编：100101 邮件：genetics@genetics.ac.cn