



www.most.gov.cn

我国科学家解析大豆三维基因组遗传多样性

日期：2023年03月31日 16:13 来源：科技部生物中心 【字号：大 中 小】

染色质的高级结构是基因组中顺式作用元件发挥功能的先决条件，其在基因表达调控中发挥着重要作用。但在高等植物中，关于三维基因组遗传多样性的深入研究尚未开展。基因组变异和三维基因组变异的关系、三维基因组变异在作物驯化中的效应等诸多科学问题迄今为止仍知之甚少。

近日，发表在《Genome Biology》上题为“Pan-3D genome analysis reveals structural and functional differentiation of soybean genomes”的研究中，来自中国科学院遗传与发育生物学研究所的研究团队首次构建了大豆的泛三维基因组，揭示了大豆基因组、三维基因组和基因表达的内在联系。科研人员根据基因组重头组装的27份大豆种质材料，利用高通量染色质构象捕获技术，获得高质量的三维基因组数据，从A/B区室和拓扑关联结构域层面解析了各个大豆基因组三维构象的保守性和特异性，同时，利用泛基因组分析鉴定的存在与缺失变异与拓扑关联结构域联合分析，首次解析了转座元件在种质特异性的拓扑关联结构域边界形成中的作用，重塑了大豆的三维基因组。

该研究全面解析了基因组结构变异导致三维基因组变异的模式，以及作物驯化过程中三维基因组水平的选择和功能效应。这些研究为理解植物基因组进化提供了全新的思路，也为作物分子设计育种提供了宝贵的资源。

注：此研究成果摘自《Genome Biology》，文章内容不代表本网站观点和立场，仅供参考。

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口

