植物所等在花苜蓿基因组及抗逆机制研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/13759.html

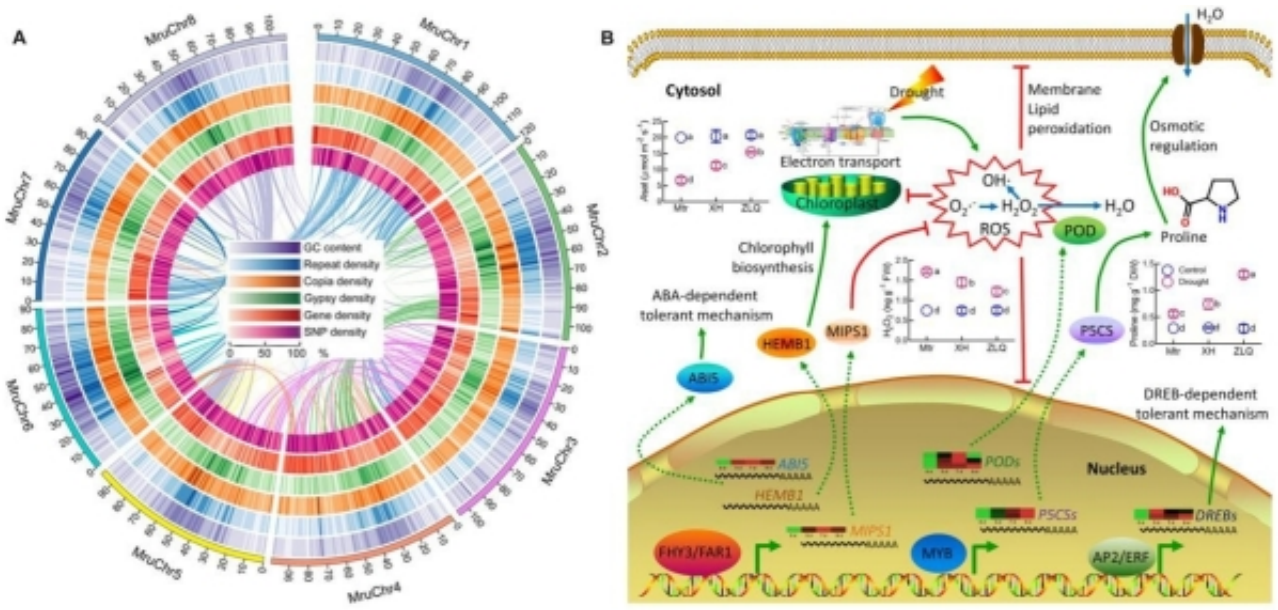
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

花苜蓿（*Medicago ruthenica*），又名扁蓿豆、野苜蓿，是主要分布于我国干旱半干旱地区的野生豆科牧草，具有极强的抗旱、耐寒、耐贫瘠等抗逆特性。由于花苜蓿与生产上大规模种植的紫花苜蓿亲缘关系较近，可利用其优异的抗逆性状改良高产苜蓿的抗性，使之成为苜蓿育种的优质基因资源。然而，由于缺乏花苜蓿的遗传信息，限制了对其抗逆机制的研究以及在苜蓿育种中的应用。

中国科学院植物研究所张文浩研究组与国内外单位合作，通过整合三代、二代和Hi-C测序数据，克服了花苜蓿基因组高杂合度的困难，拼接了高质量的花苜蓿基因组（904.13 Mb，scaffold N50 99.39 Mb），研究人员通过进一步分析基因家族扩张、转录因子、驯化过程基因保留/丢失、抗逆相关SNP以及逆境响应基因等揭示了花苜蓿的抗逆机制。

5月6日，相关研究成果发表在*BMC Biology*上。植物所副研究员王天佐为论文第一作者，研究员张文浩和诺禾基因生物信息研究所高级工程师周梦妍为论文的共同通讯作者。研究工作得到国家自然科学基金重点项目、面上项目，以及中科院STS计划的支持。

论文链接



花苜蓿基因组（A）及其抗逆机制（B）

研究团队单位：植物研究所

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转发