
海南槟榔全基因组图谱首次发布

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15066.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！

海南槟榔全基因组图谱首次发布。近日，中国热带农业科学院椰子研究所联合华大基因完成了槟榔基因组测序拼接及序列分析工作，首次完成及公布海南槟榔全基因组测序。研究成果发表于《分子生态资源》。

在这项研究中，通过Illumina和PacBio数据与Hi-C映射技术相结合，完成了热研1号槟榔染色体水平的参考基因组组装，槟榔基因组大小为2.51Gb，scaffold N50为1.7Mb，通过Hi-C辅助组装技术进一步组装成16个染色体的基因组，N50为172Mb。

研究分析发现，槟榔基因组包含31,571个蛋白质编码基因，92.92%的基因获得功能注释，参与槟榔碱、黄酮类、花青素、单萜类及其衍生物生物合成的基因家族呈现不同程度的富集和扩张。槟榔全基因组的发布开启了槟榔后基因组时代，热研1号槟榔参考基因组将为槟榔个体的重测序、功能基因的挖掘（抗病、优质、特异）和重要品质（软纤维、高槟榔碱等）形成机理研究、全基因组关联分析等提供了重要的参考体系，对槟榔分子生物学研究和加快育种步伐具有里程碑意义。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1111/1755-0998.13446>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：覃伟权等 来源：《分子生态资源》

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](https://www.iikx.com)转发