

---

# 壳斗科植物基因组研究获进展

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/16420.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！**

壳斗科植物基因组研究获进展。在国家自然科学基金、华南农业大学高层次引进人才科研启动经费等资助下，华南农业大学林学与风景园林学院教授孙晔在壳斗科植物基因组研究方面取得重要进展。相关研究近日发表于Molecular Ecology Resources。

壳斗科有1000多种木本植物，栎属、石栎属和栲属是壳斗科最具多样性的类群。由于长期适应，栎属物种广布于温带气候的森林中，而栲属和石栎属是亚热带和热带森林的主要组成部分。壳斗科基因组资源目前主要集中在温带的栗属、水青冈属和栎属物种。钩栲是我国亚热带地区分布最广的树种之一，是亚热带常绿阔叶林的优势树种。钩栲高质量基因组图谱的发布扩展了壳斗科的基因组资源，为深入研究壳斗科树木的适应和进化以及树木如何应对全球气候变化提供了强有力的比较基因组框架。

研究人员整合Nanopore测序，short reads测序和Hi-C测序获得了钩栲Castanopsis tibetana染色体水平的精细基因组。最终组装的基因组大小为878.6 Mb，contig N50长度为3.3 Mb。BUSCO评估表明完整性为93.0%。利用Hi-C技术将98.7%的序列锚定到钩栲12条染色体上。预测产生了40937个蛋白质编码基因，并对其中90.04%的基因进行了功能注释。该研究共鉴定出476.9 Mb的重复序列，TE元件覆盖的基因组比例为39.98%。比较基因组学分析表明钩栲基因组经历了显著的基因家族扩张和收缩。在53个基因中检测到正选择的证据，共线性分析发现这些基因显示出与栎属植物不同的排列式样，这可能是长期适应不同环境的结果。（来源：中国科学报朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1111/1755-0998.13539>

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：孙晔等 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](http://iikx.com)转发