六倍体麻竹分型基因组被破译

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/17104.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！

六倍体麻竹分型基因组被破译。近日，福建农林大学林学院竹资源高效培育与利用协同创新中心教授郑郁善团队、海峡联合研究院林学中心教授顾连峰团队利用PacBio平台，并结合Hi-C技术，采用ALLHiC算法组装得到染色体水平的六倍体麻竹分型基因组，该基因组代表了目前已报道竹种中最大的基因组。相关成果近日在《植物学报》英文版（JIPB）在线发表。

麻竹是一种木本丛生竹，生长十分迅速，广泛种植于南方地区，是重要的笋材两用竹。特别是在竹子基因功能研究技术系统中，麻竹具有比较成熟的基因过表达体系以及CRISPR-Cas9基因编辑技术，因此麻竹适合作为竹子基因功能研究的材料。

然而，麻竹基因组较大，倍性复杂，因此其染色体水平的基因组学研究尚未报道。

联合团队的研究将麻竹组装成三个分型亚基因组，基于转录组信息，并结合相似性和从头预测等方法，对麻竹三个分型亚基因组共注释了135,231个蛋白质编码基因，识别了分型染色体之间存在大量遗传变异，并初步探究了散生竹和丛生竹之间的宏观共线性关系及部分微观共线性的差异。

据介绍，该成果为研究亚基因组的进化关系及等位特异性表达奠定了基础。（来源：中国科学报 郑金武）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/jipb.13217

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：郑郁善等 来源：《植物学报》

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