
计算机网络信息中心等在解析小麦氮高效利用的分子机制研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19353.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！

土壤氮素短缺是限制作物生产的主要因子，从全基因组水平上解析作物氮高效的遗传及分子机制，培育氮高效作物新品种，提高作物的氮素利用效率，是解决我国与世界农业的面源污染、实现农业可持续发展和保护环境的关键。近日，中国科学院计算机网络信息中心高性能计算部、中科院遗传发育研究所植物细胞与染色体工程国家重点实验室与鲁东大学合作，运用基因组测序与生物信息学手段，在解析小麦氮素高效利用的分子机制研究中取得重要进展。7月22日，相关研究成果以 *Comparative genomic and transcriptomic analyses uncover the molecular basis of high nitrogen use efficiency in the wheat cultivar Kenong 9204* 为题，在线发表在 *Molecular Plant* 上。

该研究围绕氮高效小麦品种“科农9204”的大尺度基因组、转录组、表观组及重要基因功能展开计算挖掘，高性能计算部研究团队基于生物信息学与高性能计算技术，研发了大尺度基因组并行组装与注释的算法和软件，组装出“科农9204”的高质量基因组序列，并系统地注释分析了“科农9204”的氮吸收和代谢相关基因。与氮低效品种“京411”对比，研究鉴定出小麦响应缺氮的关键发育时期和相关的主要代谢途径（图1、2），为小麦氮高效的分子机制提供了新观点，并为培育氮高效的小麦新品种提供了有价值的基因资源。研究工作得到国家自然科学基金创新研究群体项目/重大研究计划项目、中科院战略性先导科技专项、中科院“十三五”信息化专项课题的支持。[论文链接](#)

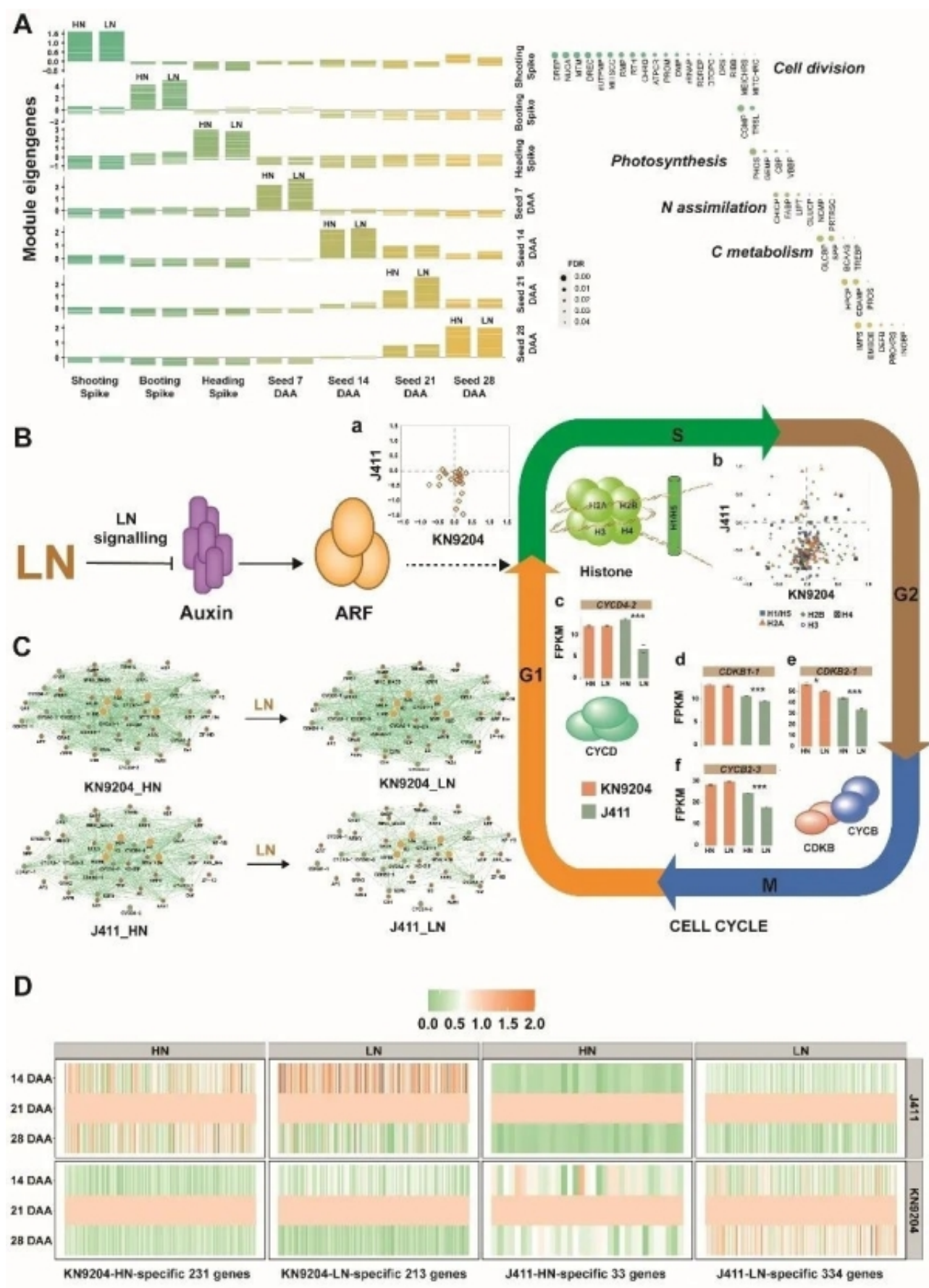


图1.小麦响应缺氮的关键发育时期和相关的的主要代谢途径

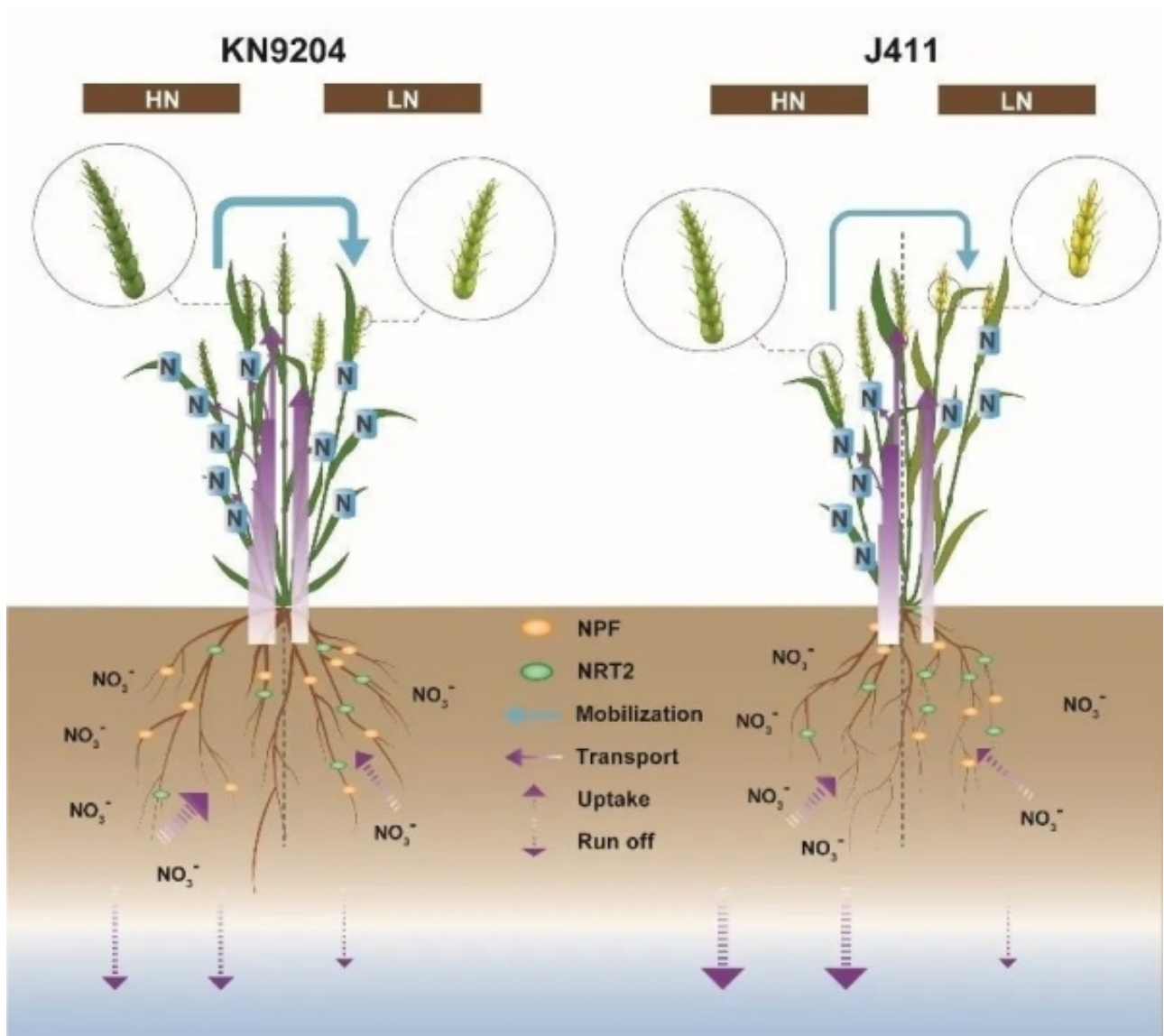


图2. “科农9204”氮高效的遗传及分子调控模型
研究团队单位：计算机网络信息中心

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