
研究绘制四种罂粟属物种的着丝粒序列图谱

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/28681.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！

研究绘制四种罂粟属物种的着丝粒序列图谱。西安交通大学叶凯教授带领信息与生物医学交叉团队，开发了针对基因组超复杂区域的计算方案，成功绘制了四种罂粟属物种的着丝粒序列图谱。7月30日，相关研究成果发表在《细胞-基因组学》上。

这四种罂粟属物种包括大红罂粟、虞美人、鸦片罂粟和渥美罂粟，它们各自拥有独特的核型特征。该团队开发混合组装技术，基于高精度长读长测序数据，克服了基因组超复杂区域的解析难题，为理解着丝粒在物种形成和演化中的作用提供了新视角。

着丝粒作为染色体上的枢纽区域，对于生物遗传信息的稳定性和精确传递起着决定性作用。然而，由于着丝粒DNA序列由大量高度相似的串联重复序列组成，其序列特征的精细解析一直是一个科学难题。该研究发现，着丝粒介导的染色体重排是形成物种复杂核型的关键机制，为生物重要性状的形成和稳定遗传提供了新的解释。

该研究成果以"The centromere landscapes of four karyotypically diverse Papaver species provide insights into chromosome evolution and speciation"为题，于7月30日在《细胞-基因组学》（Cell Genomics）在线发表。叶凯教授和西安交通大学计算机学院的杨晓飞教授担任论文的共同通讯作者，西安交通大学自动化学院的助理教授高胜寒和贾彦彦副研究员为论文的共同第一作者。

叶凯团队在罂粟属物种的研究领域取得了一系列成果。2018年，他们首次破译鸦片罂粟基因组，并在《科学》期刊上发表相关研究，发现吗啡合成通路超级基因簇。2021年，团队进一步探讨了该合成通路的演化，并在《自然-通讯》上发表了研究成果。（来源：中国科学报 严涛）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.xgen.2024.100626>

作者：叶凯等 来源：《细胞—基因组学》

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