

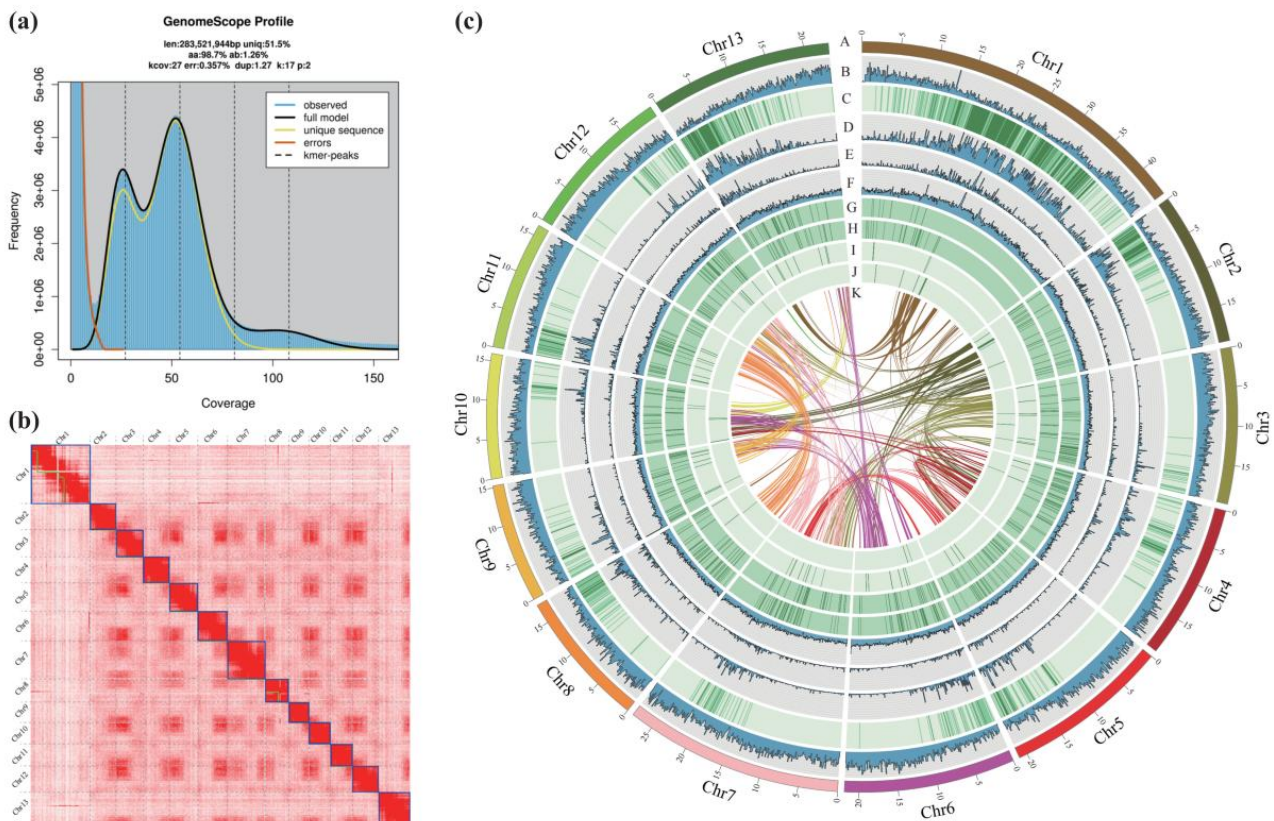
# 学者研究发现粗叶榕染色体水平基因组

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/30331.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！

学者研究发现粗叶榕染色体水平基因组。近日，中国科学院华南植物园研究员于慧团队在国家重点研发计划等项目的资助下，利用Illumina，PacBio HiFi及HiC等测序技术首次获得了粗叶榕染色体级别的基因组图谱。相关成果发表于《科学数据》（Scientific Data）。



粗叶榕的基因组组装与注释（a. 基因组大小评估；b. Hi-C互作热图；c. 基因组圈图）。研究团队供图

---

粗叶榕又称五指毛桃，为桑科榕属的药食同源植物，是一种具有重要经济价值的植物。其根部为浅黄色，有香气，富含多种生物活性化合物，如黄酮类、苯丙素类和多糖等，这些成分在植物的抗病能力、适应环境变化以及药用价值上都扮演着关键角色。

论文第一作者、中国科学院华南植物园在读博士研究生黄伟城表示，目前，对粗叶榕的基因组研究仍然相对较少，尤其是在其特定药用成分的生物合成途径方面。尽管已有部分关于粗叶榕基因组的初步研究报告，但这些研究大多集中于表型特征或叶绿体基因组，对于全基因组的深入解析仍显不足。

为此，于慧团队利用Illumina，PacBio HiFi及HiC等测序技术首次获得了粗叶榕染色体级别的基因组图谱。其基因组总大小约为297.27Mb，scaffoldN50为19.71Mb，其中94.90%的序列被锚定到了13条染色体上。共注释到132.79Mb的重复元件，占比基因组的44.67%。通过从头预测、转录组测序和同源基因比对共鉴定到28625个蛋白编码基因，并成功获得其中92.39%基因的功能注释信息。

论文通讯作者于慧表示，高质量的粗叶榕基因组为解析香豆素等次生代谢物生物合成的分子机制及药用有效成分的品质提升奠定前期基础。（来源：中国科学报 朱汉斌 周飞）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41597-024-03376-z>

作者：于慧等 来源：《科学数据》

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