
解析极小种群植物漾濞槭全基因组

作者：高雅丽 来源：中国科学报

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/6251.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！



漾濞槭雄花序 姚刚摄

解析极小种群植物漾濞槭全基因组。记者从中科院昆明植物研究所获悉，该所极小种群野生植物综合保护团队完成了漾濞槭全基因组测序、组装，获得了近于染色体水平的高质量全基因组。这也是目前首例槭树科植物的全基因组报道，相关研究成果发表于Giga Science。

组装完成的漾濞槭基因组大小约为666Mb，其Contig N50达到5.48Mb，Scaffold N50大小为44.92Mb；重复序列占比68.0%，28320个蛋白编码基因得到了从头或基于同源基因的功能注释；通过BUSCO分析得到了95.5%的组装完整性评估。

通过与葡萄的全基因组共线性分析显示，漾濞槭在核心双子叶共有的一次古基因组六倍化事件后，没有再经历全基因组的重复事件；另外，与葡萄染色体相比，4、6和8号染色体未检测到染色体间的插入或重排，说明漾濞槭染色体中保留了大量祖先染色体成分。中科院昆明植物所研究员马永鹏说，鉴于漾濞槭高质量的全基因组信息以及染色体进化特征，其可以替代葡萄成为无患子目染色体进化分析最重要的参考基因组。

据了解，漾濞槭是云南省20个优先拯救保护的极小种群野生植物之一，隶属于槭树科的槭属植物，该属植物在产糖、用材和观赏方面都具有重要的经济价值。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/gigascience/giz085>

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