



蒙古高原四个特色物种全基因组序列图谱绘制完成

文章来源：科技日报 胡左

发布时间：2011-08-10

【字号：小 中 大】

内蒙古农业大学和深圳华大基因研究院8月9日在呼和浩特市联合宣布，蒙古羊、蒙古牛、蒙古马和阿拉善双峰驼全基因组序列图谱绘制完成。这是我国科学家首次独立完成蒙古高原物种全基因组序列图谱，标志着我国地方育种研究进入基因组水平。

蒙古羊、蒙古牛、蒙古马、阿拉善双峰驼是我国古老的原始品种和畜牧业的主要基础品种，我国育成的众多地方品种均有这些品种的血液。这些古老品种经过长期的自然和人工选择，形成了抗寒、耐热、耐旱、耐粗饲、生长发育快、畜产品品种优、抗病力强等特点，成为种质创新和新品种培育的重要资源。

蒙古高原4个特色物种全基因组序列图谱将有助于揭示其特殊生理机能的分子基础，通过对其基因组的研究，利用4个特色物种全基因组结构和特征，充分发掘其经济性状的分子基础，发挥特色物种的各种遗传潜力，具有重要的科研价值，对于提高其生产性能，加快优良品种的培育和改良，提高生产能力，提高农业现代化水平，提升自治区畜牧业竞争力都具有重要现实意义。

据了解，蒙古高原4个特色物种基因组测序项目是内蒙古特色物种基因组项目的一部分，也是华大基因“千种动植物基因组计划”的启动项目之一，主要由内蒙古农业大学和华大基因合作完成。经过分析，蒙古羊基因组大小为3Gb，蒙古牛基因组大小为3.2Gb，蒙古马基因组大小为2.8Gb，阿拉善双峰驼基因组大小为2.4Gb。

通过进一步的比较基因组学分析，将对研究分析蒙古羊、蒙古牛、蒙古马和阿拉善双峰驼的起源、地理分布及进化关系提供重要的科学证据，同时对探索 and 发现其新的有利基因并应用于生产，提高其生产性能，为蒙古高原4个特色物种的生产潜力奠定基础。

打印本页

关闭本页