



植物所等在甜高粱基因组变异研究中取得新进展

文章来源：植物研究所

发布时间：2011-11-28

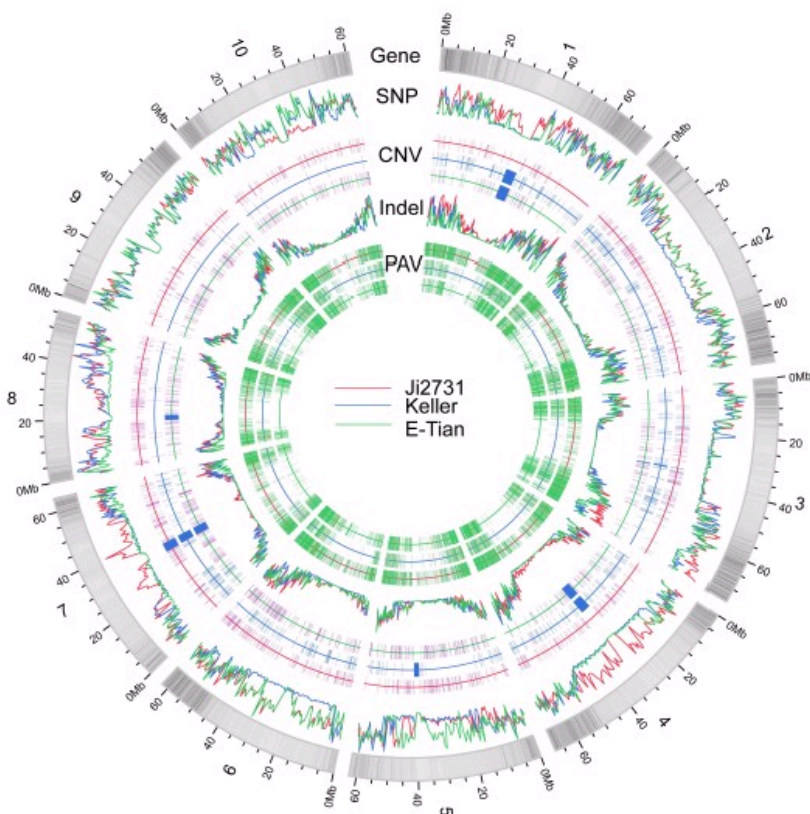
【字号：小 中 大】

作为世界第5大作物的高粱是世界干旱及半干旱区的主要粮食作物，也是我国最早栽培的禾谷类作物之一，有着上千年的历史，是重要的杂粮和酿酒、饲料、色素等工业的重要原料。甜高粱是高粱的一个自然变种，同普通籽实高粱相比有着诸多独特的生物学和农艺学性状，如高光合效率、大生物量和更强的耐逆性等。尤为突出是它的高秆含糖量，是我国和世界发展第1、2代生物质液体燃料的重要作物。但甜高粱和籽实高粱在基因组水平的差异尚未有深入研究。

中科院植物研究所景海春研究组及其合作者利用新一代高通量测序技术，对2个甜高粱和1个中国籽实高粱品系进行了基因组重测序，利用美国能源部联合基因组研究所（Department of Energy-Joint Genome Institute, DOE-JGI）完成的1个籽实高粱基因组为模板，比较分析发现：甜高粱和籽实高粱在近1500个基因中存在序列和结构差异，这些基因参与糖与淀粉代谢、木质素和香豆素合成、核酸代谢、胁迫应答和DNA修复等活动。

此外，本研究发掘出1,057,018个SNPs，99,948个1-10bp小片段缺失（Indels），16,487个大片段PAV（presence/absence variations）和17,111个拷贝数变化（CNVs）。这些结果对下一步深入研究基因组变异如何影响生物学性状，建立基因-性状关联和开展高粱分子育种有很大帮助。

上述研究结果已于11月21日在线发表于*Genome Biology*（Doi:10.1186/gb-2011-12-11-r114）。景海春研究组助理研究员郑雷英和华大基因研究院的研究人员为该论文的共同第一作者。该研究得到了中科院知识创新工程重点方向项目和新加坡淡马锡研究所的支持。



高粱基因组遗传变异图示。该图显示高粱基因组中SNP、Indel、PAV和CNV在10条染色体上的分布，图中还显示

了基因的分布。J12731、Keller和E-Tian为3个重测序的高粱品种。

[打印本页](#)

[关闭本页](#)

© 1996 - 2011 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们

地址：北京市三里河路52号 邮编：100864