



新闻中心

当前位置： 首页 » 新闻中心 » 科研进展

基因组所联合发表植物基因组测序20周年重要综述文章

2021-11-16 12:00:00 来源：

【字体：大 中 小】

2021年11月12日，基因组所联合浙江大学、中国水稻研究所、澳大利亚CSIRO研究组在《植物科学趋势 (Trends in Plant Science) 》在线发表了题为“**Twenty years of plant genome sequencing: achievements and challenges**”的综述论文。论文通过检索和分析上千篇基因组相关文章，系统总结了自2000年以来，这20多年间植物基因组测序的研究进展，深度探讨了未来植物基因组研究的发展方向及面临的挑战。

要闻

科研进展

党政工作

领导关怀

媒体报道

通知公告

Available online 12 November 2021
 In Press, Corrected Proof



Review

Twenty years of plant genome sequencing: achievements and challenges

Yanqing Sun^{1,6}, Lianguang Shang^{2,6}, Qian-Hao Zhu³, Longjiang Fan^{1,4}, Longbiao Guo⁵

数据统计发现，自2000年12月公开发布首个植物基因组—拟南芥基因组以来，截止至2020年12月，先后有1031个植物基因组公开发表，788个植物物种（包括亚种）测序完成。随着测序技术、组装算法的不断发展，植物基因组测序和拼接质量也不断提升，其中47个基因组达到了染色体组装水平。这20年见证的不仅是测序物种数量的增长和组装精度的提升，还有中国植物基因组研究角色的转变，2002年水稻基因组的发表，标志着中国实现了从跟跑到领跑的重要转变。

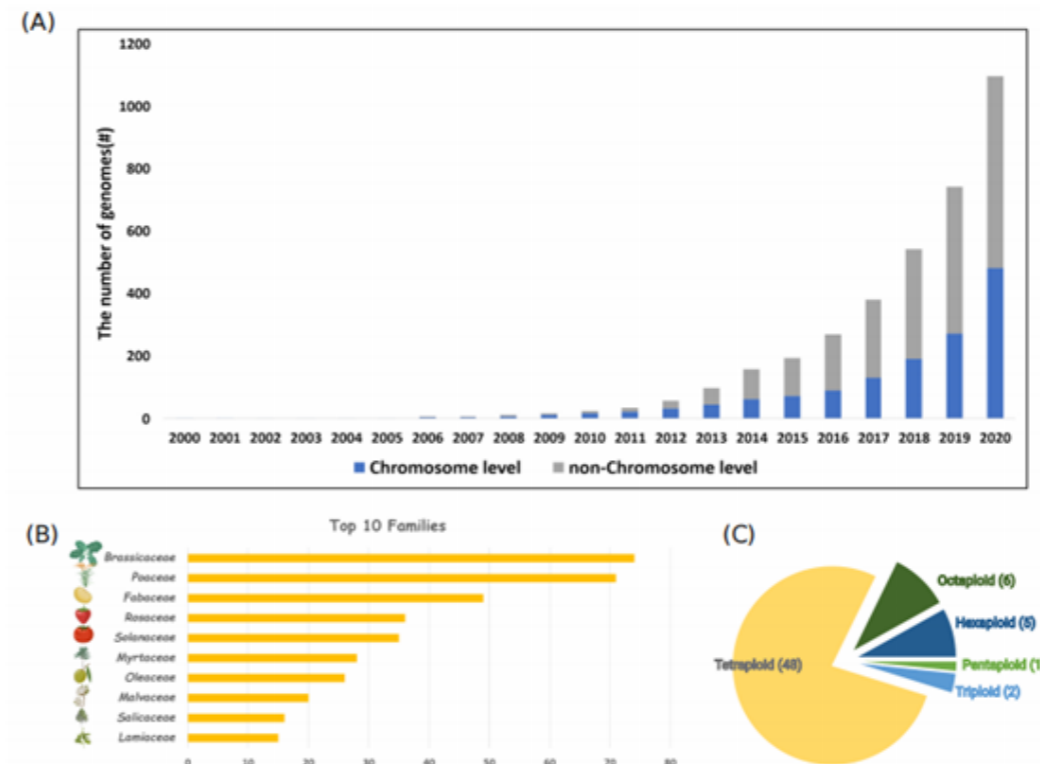


图1| 已发表的植物基因组数量和种类

研究发现，基因组学的发展推动实现了包括植物科学、遗传学、农学在内等全生物学科的发展和转变。以拟南芥基因组和水稻基因组研究为例，文章被引范围涵盖微生物、细胞生物、森林学等多领域，其中，水稻基因组学的发展，极大推进了农学领域（agronomy），尤其是作物遗传育种领域的发展。

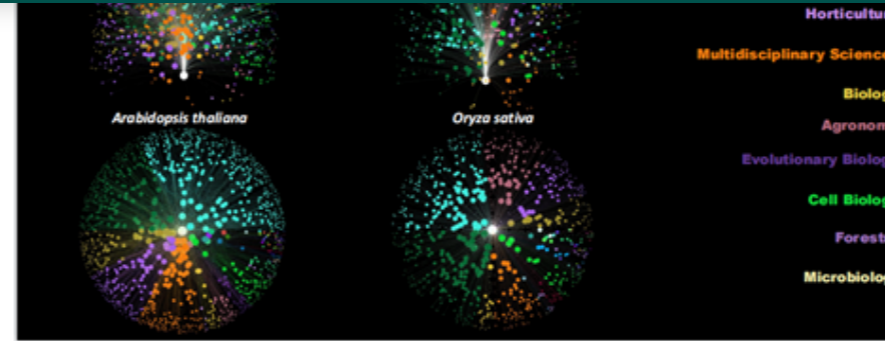


图2| 第一篇拟南芥和水稻基因组文章的引用树

然而，作者指出，目前构建完整植物基因组、复杂基因组和泛基因组方面仍具挑战。植物多倍化、杂合度、大基因组仍是植物基因组测序的主要障碍。作者认为，在未来的几十年里，平均读长更长的测序技术、优化的组装算法和泛基因组分析工具等，将是未来的植物基因组测序需重点突破的方向。

浙江大学作物科学研究所博士生孙砚青和基因组所商连光副研究员为本文共同第一作者，中国水稻所郭龙彪研究员和浙江大学樊龙江教授为通讯作者，澳大利亚CSIRO朱乾浩研究员参与了本研究。

文章全文链接: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2021.10.006>

政府机构



合作机构



合作媒体



中国农业科学院院



院属单位



中国农业科学院深圳农业基因组研究所
Agricultural Genomics Institute at Shenzhen
Chinese Academy of Agricultural Sciences

联系我们

电话: 0755-23250159

邮箱:

zonghechu01@caas.cn

加入我们

人才招聘

招生信息

了解我们

本所概况

科研队伍

关注我们

微信公众号

抖音

