



中国科学院植物研究所
INSTITUTE OF BOTANY, THE CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

🏠 首页 > 科研进展

植物所科研人员在花苜蓿基因组及抗逆机制研究方面取得进展

发布时间: 2021-05-07 | 【大 中 小】

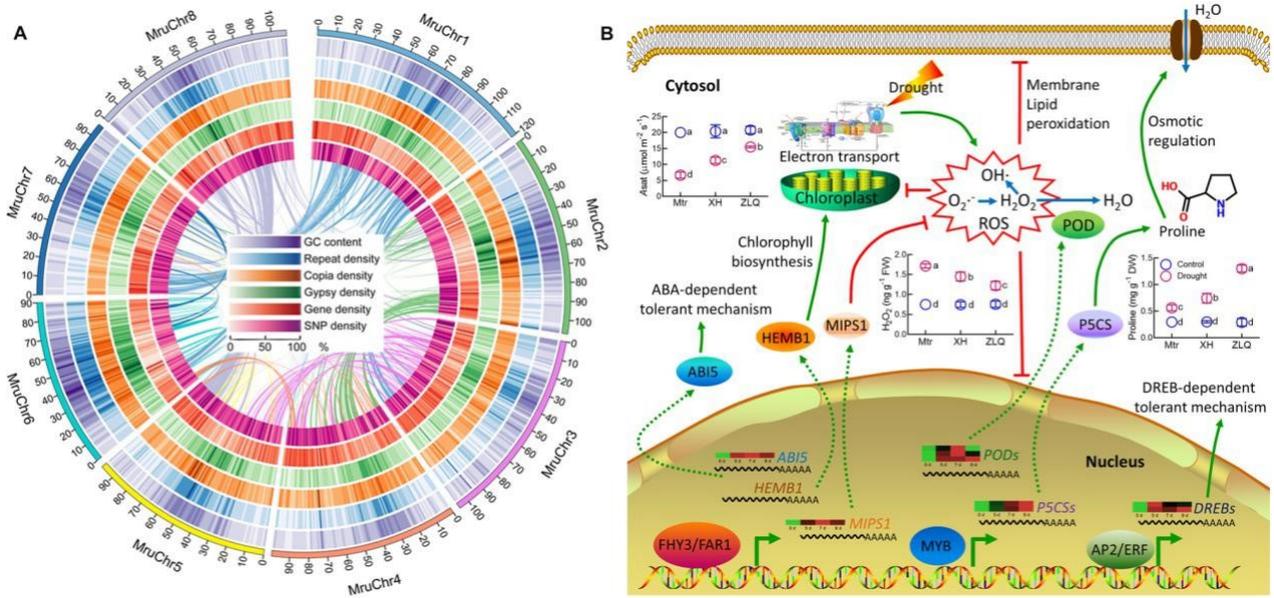
花苜蓿(*Medicago ruthenica*), 又名扁蓿豆、野苜蓿, 是一种主要分布于我国干旱半干旱地区的野生豆科牧草, 具有极强的抗旱、耐寒、耐贫瘠等抗逆特性。由于花苜蓿与生产上大规模种植的紫花苜蓿亲缘关系较近, 可利用其优异的抗逆性状改良高产苜蓿的抗性, 使之成为苜蓿育种的优质基因资源。然而, 由于缺乏花苜蓿的遗传信息, 限制了对其抗逆机制的研究以及在苜蓿育种中的应用。

中科院植物所张文浩研究组联合国内外多家合作单位, 通过整合三代、二代和Hi-C测序数据, 克服了花苜蓿基因组高杂合度的困难, 拼接了高质量的花苜蓿基因组 (904.13 Mb, scaffold N50 9 9.39 Mb), 研究人员通过进一步分析基因家族扩张、转录因子、驯化过程基因保留/丢失、抗逆相关SNP以及逆境响应基因等揭示了花苜蓿的抗逆机制。

该研究成果于2021年5月6日在国际学术期刊*BMC Biology*发表。中科院植物所副研究员王天佐为本论文第一作者, 植物所研究员张文浩和诺禾基因生物信息研究所高级工程师周梦妍为共同通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金重点项目、面上项目和科学院区域STS项目支持。

论文链接: <https://bmcbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12915-021-01033-0>

(植被生态实验室供稿)



花苜蓿基因组 (A) 及其抗逆机制 (B)



版权所有 © 中国科学院植物研究所 备案号: 京ICP备16067583
 号-24 文保网安备案号: 1101080078
 地址: 北京市海淀区香山南辛村20号 邮编: 100093
 电话: 010-62590835

