

果树全基因组测序研究进展

乔 鑫, 李 梦, 殷 豪, 李雷廷, 吴 俊, 张绍铃*

南京农业大学梨工程技术研究中心, 南京 210095

Advances on Whole Genome Sequencing in Fruit Trees

QIAO Xin, LI Meng, YIN Hao, LI Lei-ting, WU Jun, and ZHANG Shao-ling*

Centre of Pear Engineering Technology Research, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: [PDF \(736KB\)](#) [HTML \(1KB\)](#) Export: BibTeX or EndNote (RIS) [Supporting Info](#)

摘要 回顾了葡萄、番木瓜、苹果、香蕉、梨、甜橙等10种果树的全基因组测序的发展历程, 基于全基因组测序结果探讨了不同果树的起源进化, 并对果树全基因组测序的后续研究进行了概述, 进一步讨论了果树全基因组测序面临的挑战以及今后的研究重点。

关键词: [果树](#) [全基因组测序](#) [基因组学](#) [进化](#)

Abstract: At present, 10 complete genome sequences are available for fruit trees such as grape, papaya, apple, banana, pear and sweet orange. In this review, we first surveyed the historical development of genomic sequence of fruit trees. Then we investigated the evolution history of fruit trees, and summarized the progress of fruit trees post-genomic research. Challenges in genomics for fruit trees are raised and the future of post-genomics research interests in fruit trees was discussed in the end.

Keywords: [fruit trees](#), [whole genome sequencing](#), [genomics](#), [evolution](#)

基金资助:

南京农业大学青年科技创新基金项目(KJ2013014); 国家自然科学基金青年科学基金项目(31301748); 南京农业大学科研启动费项目; 江苏省农业科技自主创新资金项目[CX (11) 1013]

Service

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ Email Alert
- ▶ RSS

作者相关文章

- ▶ 乔 鑫
- ▶ 李 梦
- ▶ 殷 豪
- ▶ 李雷廷
- ▶ 吴 俊
- ▶ 张绍铃

引用本文:

乔 鑫, 李 梦, 殷 豪等. 果树全基因组测序研究进展[J]. 园艺学报, 2014, V41(1): 165-177

QIAO Xin, LI Meng, YIN Hao etc .Advances on Whole Genome Sequencing in Fruit Trees[J] ACTA HORTICULTURAE SINICA, 2014, V41(1): 165-177

链接本文:

<http://www.ahs.ac.cn//CN/> 或 <http://www.ahs.ac.cn//CN/Y2014/V41/I1/165>

没有本文参考文献

- [1] 张晓辉, 魏小春, 李锡香, 孙玉燕1, 王 冠1, 常兆晶1, 刘冠群1, 邱 杨1, 宋江萍1, 王海平1, 沈 镛1, 王大江2, 韩月澎3. 苹果全基因组 *SBP-box* 基因家族分析及代表成员的分子克隆[J]. 园艺学报, 2014, 41(2): 215-226
- [2] 刘有春, 陶承光, 刘威生, 刘 宁, 刘 硕, 章秋平, 郁香荷, 张玉萍, 徐 铭, 张同喜. 花粉形态在核果类果树遗传起源和系统关系研究中的应用[J]. 园艺学报, 2013, 40(9): 1701-1709
- [3] 程蛟文, 吴智明, 崔俊杰, 李卫鹏, 谭澍, 胡开林. 主要蔬菜作物基因组含量统计与比较分析[J]. 园艺学报, 2013, 40(1): 135-144
- [4] 石庆华, 刘 平, 刘孟军. 果树倍性育种研究进展[J]. 园艺学报, 2012, 39(9): 1639-1654
- [5] 栾丹, 李振坚, 毛萍, 严雪锋, 淳泽, 马欣荣. 基于ITS序列石斛材料的鉴定及系统进化分析[J]. 园艺学报, 2012, 39(8): 1539-
- [6] 邱蓉, 程中平, 王章利. 中国扁桃亚属植物亲缘关系及其演化途径研究[J]. 园艺学报, 2012, 39(2): 205-214

- [7] 王 鸿;郝 燕;.安全标记基因*pmi*在果树转基因研究中的应用进展 [J]. 园艺学报, 2011,38(5): 997-1002
- [8] 张 芳;邢世岩;韩晨静;唐海霞.叶籽银杏种质资源染色体核型分析及进化趋势 [J]. 园艺学报, 2011,38(12): 2245-2252
- [9] 王深浩;李海真;张忠华;贺 俊;贾长才;张 帆;黄三文;.南瓜矮生基因Bu的比较定位[J]. 园艺学报, 2011,38(1): 95-100
- [10] 魏 潤;刘威生;刘 宁;章秋平;张玉萍;刘 硕;刘有春.果实软化相关PG基因的进化分析和基因组定位[J]. 园艺学报, 2011,38(09): 1791-1799
- [11] 宋长年;贾启东;王 晨;李 飞;章 镇;房经贵;.32种果树microRNA的生物信息学预测与分析[J]. 园艺学报, 2010,37(6): 869-879
- [12] 王化坤;陶建敏;渠慎春;房经贵;马瑞娟;章 镇;娄晓鸣.核果类果树ITS序列分子进化及系统发育关系研究[J]. 园艺学报, 2010,37(3): 363-374
- [13] 李美桂;谢钟琛;郑 宇;陈卫峰;蔡盛华;洛松银巴;古桑德庆;李 健 .西藏果业可持续发展对策[J]. 园艺学报, 2008,35(6): 899-908
- [14] 曾 蓉;陈燕飞;严师节;黎定军;陈集双.侵染白菜的黄瓜花叶病毒分离物基因组的全序列分析[J]. 园艺学报, 2008,35(2): 213-220
- [15] 高志民;陈段芬;李雪平;蔡春菊;彭镇华.一个中国水仙MADS-box基因的克隆与分析 [J]. 园艺学报, 2008,35(2): 295-300