

希望中国科学院不断出创新成果、出创新人才、出创新思想, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——习近平总书记2013年7月17日在中国科学院考察工作时的讲话

首页 新闻 机构 科研 院士 人才 教育 合作交流 科学普及 出版 信息公开 专题 访谈 视频 会议

您现在的位置: 首页 > 新闻 > 科技动态 > 国内动态

说明

中国科学院新版网站已于2014年11月21日正式上线, 地址为 www.cas.cn。此网站为中国科学院旧版网站, 内容更新截至新版网站上线时, 目前不再继续更新。特此说明。

我国科学家率先完成枣全基因组测序

文章来源: 中国科学报 高长安 黄明明 师春祥

发布时间: 2014-10-30

【字号: 小 中 大】

日前, 河北农业大学教授刘孟军团队与深圳华大基因科技服务有限公司合作, 在世界上率先完成枣树的高质量全基因组测序, 使枣树成为世界鼠李科植物和我国干果树种中第一个完成基因组测序的物种。《自然-通讯》10月29日在线发表了该成果。

刘孟军说, 其团队自2010年启动枣基因组计划, 从枣基因组大小测定、杂交群体建立和高密度遗传图谱构建等开始展开工作。2011年, 与华大基因合作, 相继攻克了高度复杂枣基因组的测序和填图补洞等一道道难关。

该研究成功开展了对我国著名枣品种“冬枣”的全基因组从头测序, 组装出高质量的枣基因组序列, 总长达4.38亿个碱基, 达到枣基因组大小的98.6%, 并且将其79.55%的碱基锚定到了枣的12条假染色体上; 预测出32808个蛋白质编码基因, 发现大量的枣特色基因; 特别是在第一号染色体上, 发现与枣树独特生物学性状密切相关的高度保守区域, 为揭示枣特殊生物学性状的分子机制奠定了基础。该研究还发现, 枣的基因组在历史进化中经历了复杂的染色体断裂、融合及片段重组过程, 但却没有发生最近一次的全基因组复制事件。

研究人员首次发现枣果同时具有柑橘和猕猴桃两种积累维生素C的分子机制, 即一方面半乳糖方法合成维生素C的途径得到大幅度加强(类似柑橘), 另一方面维生素C再生途径中的关键基因家族出现极显著扩张(类似猕猴桃)。

此外, 该研究还深入揭示了枣果大量积累糖分、枣树枝条的独特脱落习性以及枣树极强的耐盐抗旱特性等优异性状形成的分子机制。这对加速枣树功能基因组学研究、促进枣树乃至鼠李科和其他果树的遗传改良和分子育种工作将产生深远影响。