

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

您现在的位置： 首页 > 科研 > 科研进展

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。

辰山植物园在荷花花蕾转录组分析研究中获进展

文章来源：上海生命科学研究院

发布时间：2014-11-13

【字号：小 中 大】

11月7日，上海辰山植物园（中国科学院上海辰山植物科学研究中心）“观赏植物资源与创新利用研究组”代科研究员组）张微微博士等在国际学术期刊PLoS ONE 上在线发表荷花花蕾转录组分析及SSR标记开发相关研究论文Characterization of Flower-Bud Transcriptome and Development of Genic SSR Markers in Asian Lotus (*Nelumbo nucifera* Gaertn.)。

荷花作为中国十大名花之一，全身都是宝，集观赏、食用和药用价值于一身，具有很高的经济价值。目前全球荷花品种已达2000个，花型多样，但花色较为单一，缺乏蓝色、紫色、深黄色品种，复色、香气浓郁、高产莲子等重要观赏和经济性状的品种也还很少。由于荷花品种基因组杂合度较高、遗传背景复杂，导致其重要性状的分子生物学研究相对滞后。研究组通过对3个荷花品种花蕾进行转录组测序和数据分析，以期挖掘出与花器官发育（花色、花型、开花时间等）相关的功能基因及转录调控因子，为阐明荷花重要观赏性状形成的分子机理奠定了基础。

研究组依据转录组测序获得的大量序列信息，成功开发了3,059个genic-SSRs标记，这些标记的释放将大大促进荷花遗传多样性分析、遗传图谱构建、基因图位克隆、分子辅助育种等研究进程。

该项研究得到上海市绿化和市容管理局科技攻关项目(F 1 1 2 4 2 1)经费资助。

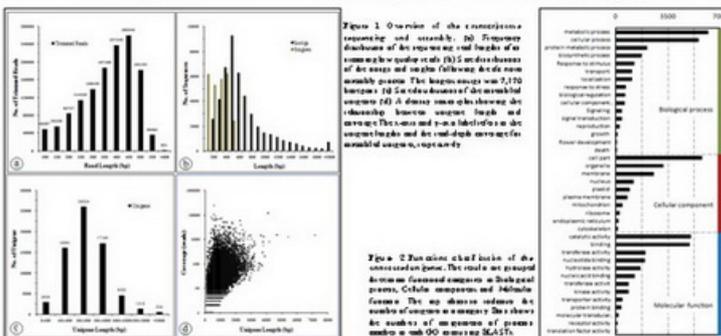
[论文链接](#)



Transcriptome analysis of the young flower bud from three *N. nucifera* cultivars

Table 1 Raw reads and assembled data information by transcriptome sequencing

Rawreads	Trimmed reads	Assembly data
Total number of Reads	Total clean reads	Total number of isoforms
520,201,137	1,342,621	4,6348
Minimum length (bp)	Total length (bp)	Total length of isoforms (bp)
19	453,913,177	28,734,639
Maximum Read length (bp)	Minimum length (bp)	Isome: 1850 (bp)
1013	50	783
Mean Read length (bp)	Maximum Read length (bp)	Number of singletons
370	608	2,5998
GC content (%)	Mean Read length (bp)	Total number of unigenes
44.29	338	68593
	GC content (%)	Mean unigene length (bp)
	44.21	585



辰山植物园在荷花花蕾转录组分析研究中获进展

