



首页

新闻动态

本所概况

科技创新

科技服务

人才队伍

党建园地

首页 > 茶叶研究所 > 科技创新

我所在茶树泛基因组研究取得新进展

时间: 2023-12-05 15:12 来源: 本网 【字体: 大 中 小】 分享到:

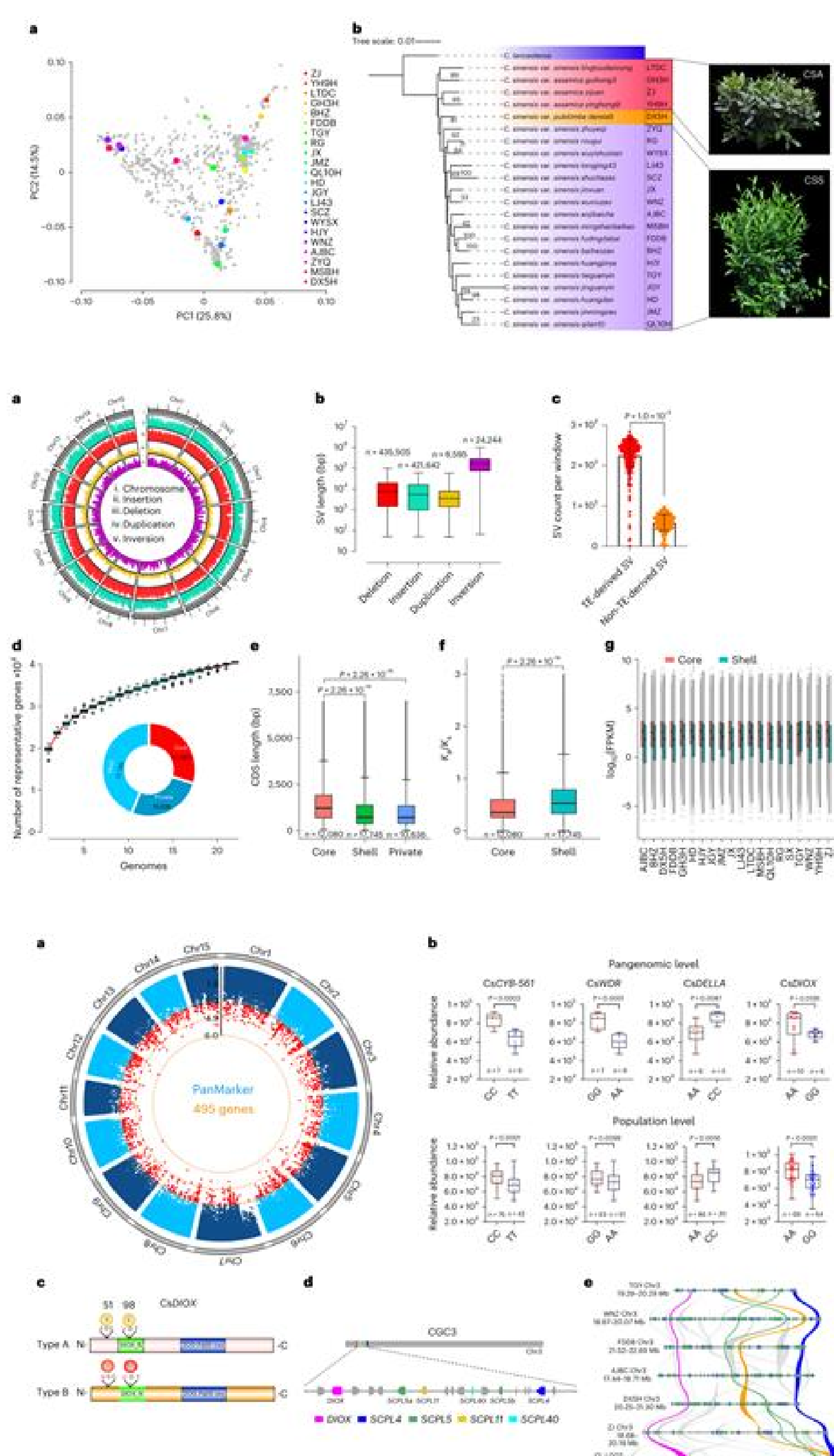
近日, 茶叶所茶树资源与育种团队联合中国农科院深圳农业基因组研究所、福建农林大学、中国农科院茶叶研究所等国内多家单位通过共同构建茶树首个泛基因组助力基因组辅助育种, 相关研究成果在Nature Plants (中科院一区TOP, IF=18) 在线发表了题为“Gene mining and genomics-assisted breeding empowered by the pangenome of tea plant *Camellia sinensis*”的学术论文。基因组所张兴坦研究员、我院茶叶所吴华玲研究员和福建农林大学叶乃兴教授为论文共同通讯作者, 茶叶研究所方开显副研究员参与了该研究的部分工作。

该研究选择了包括广东特色优异茶树品种英红九号、岭头单丛、丹霞5号、奇兰10号以及来自其他省份在内的共22个茶树品种进行基因组测序组装。分析显示: 茶树基因组中有高达5万至6万个蛋白编码基因, 其中英红九号、丹霞5号、岭头单丛、奇兰10号4个品种的基因组大小分别为3.08G、3.11G、2.90G和3.07G, 基因数目分别为56147个、55517个、50931个和54851个。同时, 本研究综合了基因组的结构变异分析、圆形泛基因组关联分析 (pan-GWAS)、群体基因组学以及代谢组学等技术手段, 发现: 茶树基因组包含大量的重复序列, 其中长末端重复转座子 (LTRs) 占据了基因组序列的50%以上; 茶树基因组中的结构变异序列 (SVs) 大多源自于转座元件 (TEs), TE的高度活跃性产生了基因组中大量SV, 并鉴定了参与茶树叶色、芽期、儿茶素合成、香气合成等多个性状核心基因座的等位变异。

以上研究结果更新了大众对茶树基因组的认识, 为茶树重要基因挖掘和分子设计育种提供了重要参考。该研究得到了广东省重点领域研发计划子项目、深圳市优秀青年科学基金、国家优秀青年科学基金和国家茶叶产业技术体系专项的资助。

原文链接:

<https://www.nature.com/articles/s41477-023-01565-z>



院内链接

政府机构

友情链接



地址: 广州市天河区五山大丰路6号 邮编: 510640
粤ICP备16101361号