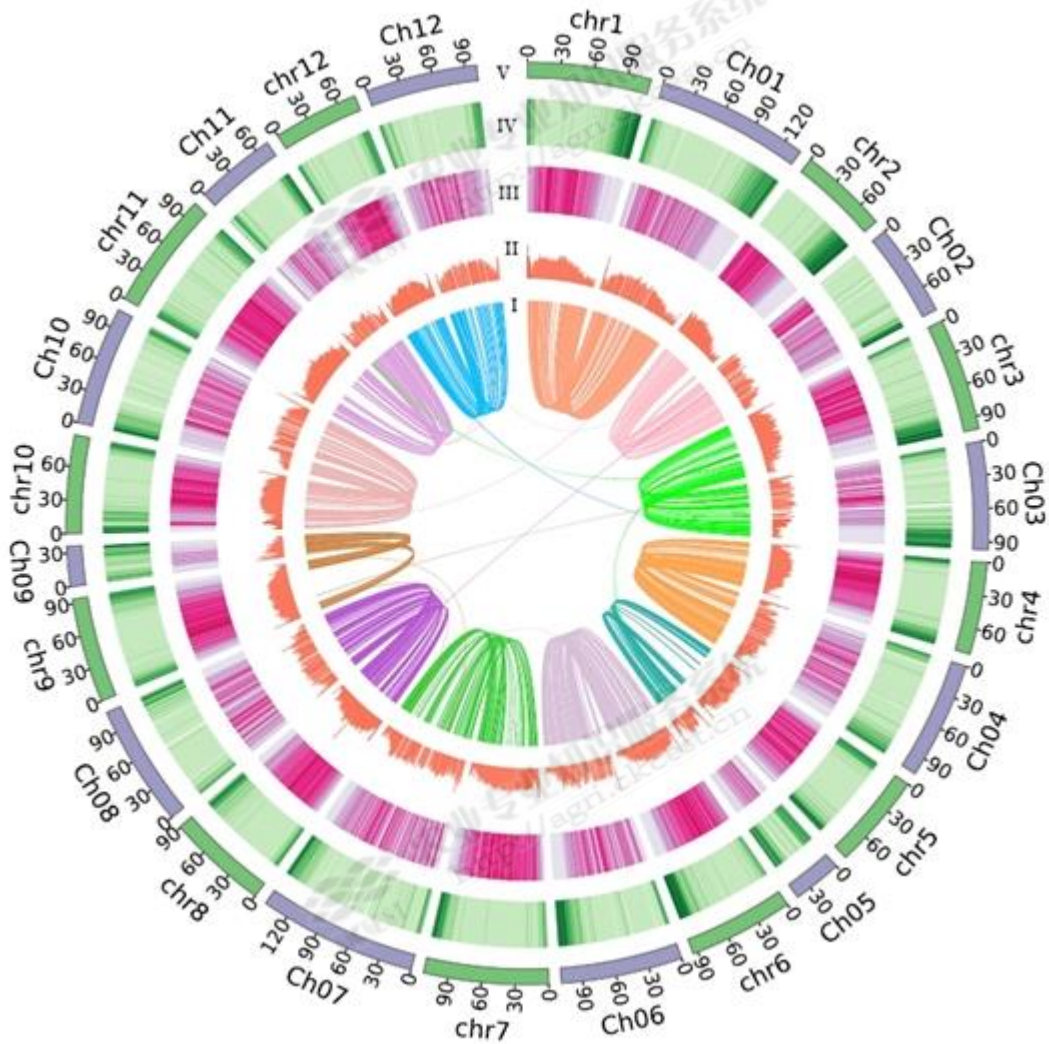


茄子基因组研究迈入高清时代



10月31日，由广西农业科学院蔬菜研究所研究员王益奎领衔的研究团队，于生物学论文预印本服务器 BioRxiv 在线发布了染色体级别的高质量茄子基因组序列。该团队采用 PacBio 测序技术，结合 Dovetail Hi-C 建库技术与 HiRise 组装算法，获得了目前连续性最好的茄科作物基因组，标志着茄子基因组研究迈入了高清时代。

茄子是茄科最重要的作物之一，在茄属植物中产量和经济价值居第三位。本次公布的茄子参考基因组，Contig N50 达到了 5.3Mb，Scaffold N50 更是达到了 93.9 Mb，序列总长度 1155.8 Mb。

“之前，日本和意大利的团队分别发表了以二代测序技术为主获得的茄子参考基因组。这次我们采用最新的三代测序技术和 Hi-C 技术，在组装质量和连续性上远远高于国外研究团队的基因组版本。”论文通讯作者、项目负责人王益奎说，“以最近意大利团队发表的茄子基因组为例，其 Contig N50 为 16.7Kb，而我们的基因组版本 Contig N50 达到 5.3Mb，连续性提高 300 多倍。”

通过比较基因组学分析发现，茄子物种特异的 646 个基因家族和 364 个阳性选择基因，赋予了茄子特有的性状。研究团队进行了抗病基因的全基因组鉴定，发现在茄子和辣椒中有一个扩张的细菌斑点抗性基因家族，而在番茄和马铃薯中没有。此外研究团队发现在茄子、番茄和马铃薯基因组中，多酚氧化酶基因的染色体分布模式高度相似。高质量的茄子参考基因组序列不仅有利于茄科植物的进化研究，更为茄科植物的选育和改良提供了便利。

该研究得到国家自然科学基金项目、广西科技重大专项、国家现代农业产业技术体系广西大宗蔬菜创新团队项目的支持。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1101/824540>