南京地理所完成淡水超微真核藻全基因组测序

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/10666.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

超微型浮游藻类（粒径≤3μm）简称“超微藻”，广泛分布于海洋和淡水生态系统，在水生生态系统尤其是微食物环中有重要作用
。它们具有更高的CO_2
固定效率，对水体初级生产力的贡献量可高达90%，且其潜在的混合营养代谢功能对浮游细菌的种群具有调控作用。*Mychonastes homosphaera*
是长江中下游富营养化湖泊（巢湖、鄱阳湖）常见的优势超微真核藻，其对富营养化湖泊的适应及进化机制尚未得到阐明。

近
期，
中国科学
院南京地理与湖泊研究所史小丽团队基于流式细胞分选技术及划线分离法获得*Mychonastes homosphaera*藻株，并对分离自典型富营养化湖泊巢湖的超微真核藻*Mychonastes homosphaera*
进行PacBio三代测序，首次完成湖泊超微真核藻全基因组测序工作，揭示*Mychonastes homosphaera*对富营养化湖泊的进化及适应机制。

该研究利用PacBio三代测序技术对*Mychonastes homosphaera*全基因组进行测序，获得5.8 Gb有效序列，组装出Contig N50 为2 Mb的24.23 Mb基因组序列。基因组注释结果显示，20.13%的序列为重复序列，蛋白编码基因6649个。基因组相关代谢通路构建结果表明，*Mychonastes homosphaera*
不仅有高效的营养及光能利用机制，还具有特有的低温适应机制，阐明了其在巢湖冬季优势的机理。研究人员通过比较基因组学，分析了*Mychonastes homosphaera*和其他藻类基因组中油脂合成代谢途径基因的组成和拷贝数，解释了*Mychonastes homosphaera*
高油脂含量的原因，认为广泛的碳源选择、高效的光合速率和旺盛的生长速率，让*Mychonastes homosphaera*成为微藻能源生产的潜力藻种。该研究还发现，*Mychonastes homosphaera*基因家族基因间隔以及内含子数目的减少，揭示了藻类进化过程中Genome streamlining现象。

该研究为藻类基因组学研究提供丰富的数据资源，有助于藻类适应和进化机制研究，进一步阐述超微藻在湖泊系统中扮演的生态角色。

相关成果以*Genome analyses provide insights into the evolution and adaptation of the eukaryotic Picophytoplankton Mychonastes homosphaera*为题，发表在*BMC Genomics*
上。研究工作得到国家自然科学基金项目资助。基因组信息存储于NCBI数据库中（BioProject number：PRJNA556117）。

论文链接

研究团队单位：南京地理与湖泊研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发