
新疆生地所等揭示苔藓植物古多倍化历史及重复基因保留特征

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/11646.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！

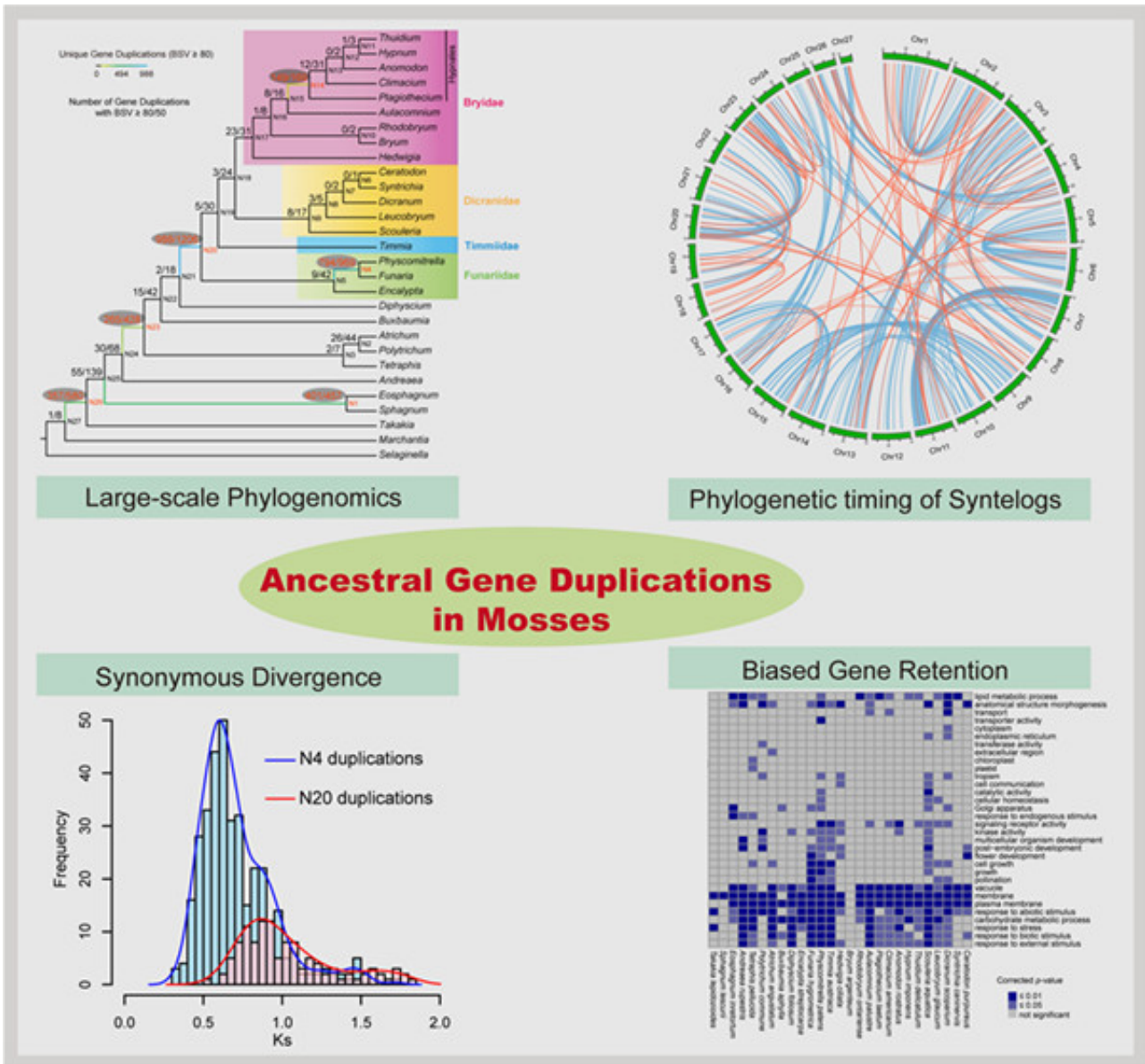
藓类植物，作为陆地植物早期演化中的重要分支，在陆地植物的演化谱系中占有重要位置，但是学界对该类群本身演化历史的研究有限。此前，科学家研究对植物基因组发现，古多倍化事件广泛存在于种子植物和蕨类植物类群中，且此类事件多伴随植物类群的迅速扩张和对古气候剧烈变化的适应。然而，在过去四亿多年的演化历史中，藓类植物经历过多少次此类大规模的基因加倍事件，每次加倍事件后基因的保留和丢失呈现何种特征，是植物基因组演化研究领域亟待厘清的问题。

针对该问题，中国科学院新疆生态与地理研究所荒漠与绿洲生态国家重点实验室研究员张道远团队联合香港浸会大学教授张建华、美国密苏里大学教授Melvin Oliver，通过拼装和整合近30种苔藓植物的转录组和基因组数据，使用649个单拷贝同源基因家族构建高质量的苔藓演化图谱。

研究人员对5035个多基因的基因家族的进化树进行大规模演化组学（Phylogenomic）分析，发现和定位模式苔藓植物中四次古老的大规模基因加倍事件，依次发生在：所有已知藓类植物的共同祖先；藓纲（Bryopsida）、金发藓（Polytrichopsida）和四齿藓（Tetraphidopsida）的共同祖先；藓纲分化早期：定位于真藓亚纲（Bryidae）、曲尾藓亚纲（Dicranidae）、美姿藓亚纲（Timmiidae）和葫芦藓亚纲（Funariidae）共同祖先中；葫芦藓科与大帽藓科分化之后，定位于葫芦藓（Funaria）和小立碗藓（Physcomitrella）祖先中。通过基因功能和统计分析发现，这些大规模加倍事件后产生的大量抗逆相关的新基因成员得到保留，该发现从演化历史的视角，为苔藓植物对各类极端环境的适应性提供新认知。

相关研究成果以Ancestral gene duplications in mosses characterized by integrated phylogenomic analyses为题，发表在Journal of Systematics and Evolution上。

[论文链接](#)



藓类植物基因组古多倍化演化历史的整合演化组学分析

研究团队单位：新疆生态与地理研究所

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](http://www.iikx.com)转发