
科学家构建高质量金粟兰基因组图谱

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/16719.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！

科学家构建高质量金粟兰基因组图谱。 11月26日，《自然—通讯》以背靠背的形式在线发表了两项由中国科研团队主导的研究，这两项研究填补了核心被子植物最后一个主要分枝——金粟兰目的基因组信息，为破解被子植物的早期演化历程提供了更翔实的证据。

被子植物是地球上数量最多、种类最丰富的植物类群。还原植物清晰的间亲缘关系系统发育树，对了解被子植物的起源和物种扩张过程至关重要。然而此前，核心被子植物5个分支之间的深层关系难以确定，其中金粟兰目的系统位置是最核心的问题之一，这个分支也是核心被子植物最后一个缺乏基因组解析的类群。

深圳华大生命科学研究院数字化地球研究所所长刘欢研究组联合美国佛罗里达大学Douglas E.Soltis研究团队，构建了染色体级别的高质量精细基因组图谱。研究发现，金粟兰基因组中包含一定数目的超长基因（基因长度超过20K），这些超长基因的出现是由于大量长末端重复序列（LTR）插入导致基因内含子区域变长。

对基因组的进化分析发现，金粟兰和同类群中的蛔形兰属、草珊瑚属植物在约9800万年至1.3亿年前共享一次古老的全基因组加倍事件，同时发现金粟兰与无油樟、葡萄在基因组区域的共线性关系具有较高的保守性。

除确定了金粟兰目一直存在争议的系统发育位置外，该研究还为金粟兰目植物药用和芳香化合物利用以及物种资源保护提供了科学支撑。

兰州大学生态学创新研究院教授刘建全团队同样通过构建四川金粟兰的高质量染色体级别基因组图谱，绘制了该物种的串联树和溯祖树，同时获得了高可信度的拓扑结构，即金粟兰目和木兰类具有最近的亲缘关系，且它们一起与金鱼藻目和双子叶植物构成姊妹关系，而单子叶植物是所有核心被子植物的姊妹枝。

同时，该研究也发现了大量的基因树或叶绿体树与物种树不一致的情况，因此着重评估了不完全谱系分选（ILS）和杂交事件对此冲突的贡献。

这两项研究报道了高质量的金粟兰基因组，填补了核心被子植物金粟兰目的基因组信息，并通过多种分析策略和方法，深入揭示了核心被子植物间的复杂演化历程，为了解早期被子植物的起源、辐射进化以及适应性演化过程提供了数据支撑和理论基础。（来源：中国科学报张文静）

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1038/s41467-021-26922-4>

<https://doi.org/10.1038/s41467-021-26931-3>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：刘欢等 来源：《自然—通讯》

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](https://www.iikx.com)转发