
科学家破译模式植物金鱼草的基因组

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3852.html>

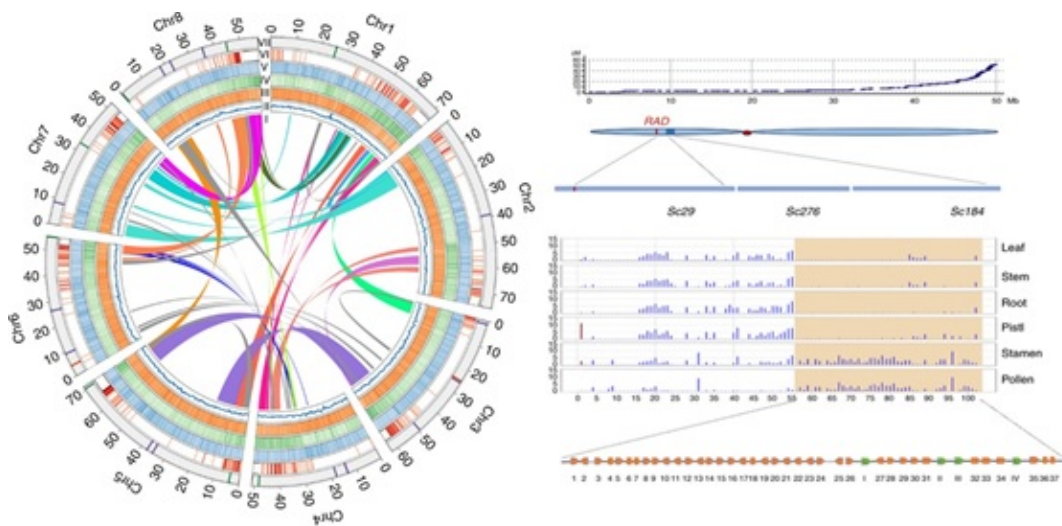
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

科学家破译模式植物金鱼草的基因组。金鱼草(*Antirrhinum majus* L.)也称龙头花(snapdragon)，车前科多年生草本植物，因花似金鱼或龙头而得名，是常见的盆栽、切花及庭院观赏的园艺花卉，在古罗马时代就已完成了驯化。在过去的三十年中，金鱼草一直作为分子和发育遗传学的模式作物，很多关键基因是在金鱼草中被首次发现，包括MADS家族成员DEF、TCP家族成员CYC、控制花瓣表皮细胞形状的MYB基因MIXTA、花色基因ROSEA、VENOSA以及控制自交不亲和的SLFs(S-Loucs F-box)等。金鱼草中内在活跃的转座子促进了基因的分离和分析。但是，迄今为止，这些研究都是在缺少基因组序列条件下进行的，无法研究这些基因、转座子和性状的整体进化和遗传结构。

近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所薛勇彪研究组联合梁承志研究组、John Innes中心Enrico Coen研究组和华大基因等研究团队，利用第二代Illumina基因组测序平台和第三代PacBio单分子测序技术，结合遗传图谱辅助组装策略，完成了对栽培金鱼草(*Antirrhinum majus* cv. J17)的全基因组序列测定。

该研究得到了金鱼草($2n=2x=16$)8条染色体的分子序列510Mb，覆盖度为97.12%，注释了37714个蛋白编码基因，报告了一个近乎完整的金鱼草基因组。通过对序列的比较分析显示，车前科与茄科在大约六千二百万年前从其最近的祖先处分开并在大约四千六百万到四千九百万年前发生了全基因组复制事件，该全基因组复制对金鱼草中与花不对称性相关的TCP基因家族进化具有重要贡献。此外，该研究发现金鱼草的假S位点(S-locus)在大约2Mb的序列上含有102个基因，其中包含37个SLF基因但缺失S-RNase，提示该花柱因子的丢失是栽培金鱼草获得自交亲和性状的主要原因，并发现栽培金鱼草S-位点与野生金鱼草S-位点之间具有高度的共线性。综上，金鱼草基因组的破译将极大加速这个模式生物的基因组学和进化研究。

该研究结果于1月29日在线发表在Nature Plants杂志(DOI:10.1038/s41477-018-0349-9)。薛勇彪研究组李苗苗、张冬芬、张辉，梁承志研究组高强、马斌，中科院北京基因组研究所骆迎峰和华大基因陈春海为论文的共同第一作者，薛勇彪、梁承志、Enrico Coen和华大基因尹焯为论文的共同通讯作者。该研究得到中科院战略先导项目、国家科技部及国家自然科学基金委的经费支持。



图：金鱼草栽培品种J17基因组及假S位点的特征

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