
研究揭示浮萍进化和环境适应新机制

作者：黄辛 来源：中国科学报

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/6866.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！

研究揭示浮萍进化和环境适应新机制。上海交通大学王文琴课题组与中外科研机构合作，利用三代PacBio单分子测序技术拼装出高质量的浮萍基因组，并揭示了浮萍根系功能和水生植物适应环境的新机制。相关成果近日在线发表于美国《国家科学院院刊》。

2014年国际上第一版浮萍基因组为浮萍功能基因组学和分子生物学研究提供了强有力的参考序列，并且开启了工业化应用的大门。但是第一版拼装出了16055个短片段并导致11.8%的序列缺失。

王文琴团队与美国罗格斯大学卫克曼微生物研究所Joachim Messing院士合作，重新利用三代PacBio单分子的测序优势，拼装序列连续性比上一版提升了44倍，填补了上一版95.4%的序列丢失区域，为浮萍生物学研究提供了更优质的参考基因组。

研究人员从根组织细胞学观察、根发育相关基因挖掘和根系营养元素吸收能力研究等方面，证明了浮萍的根系主要是不定根且功能发生明显的退化。同时发现，异于陆生植物的免疫系统，编码抗微生物肽等抗病基因串联重复扩增且组成型表达，从而增强了浮萍对病原体和微生物的抗性，增强了其对水生环境的适应性，间接佐证了浮萍全球分布的优良特性。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1073/pnas.1910401116>

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