
植物所发布高质量角苔参考基因组

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/8196.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！

苔藓类包括苔、藓和角苔三大分支，是现存最早的陆生植物，代表了植物演化过程中从水生到陆生的过渡类群。长久以来关于早期陆地植物的起源与植物登陆一直存在诸多争论和未解之谜。近年来，人们利用组学数据将早期陆地植物的系统位置争论聚焦到了角苔类上。角苔类以其难解的系统位置、衍生与原始兼具的形态特征、与细菌和真菌广泛共生的特异现象而备受关注。

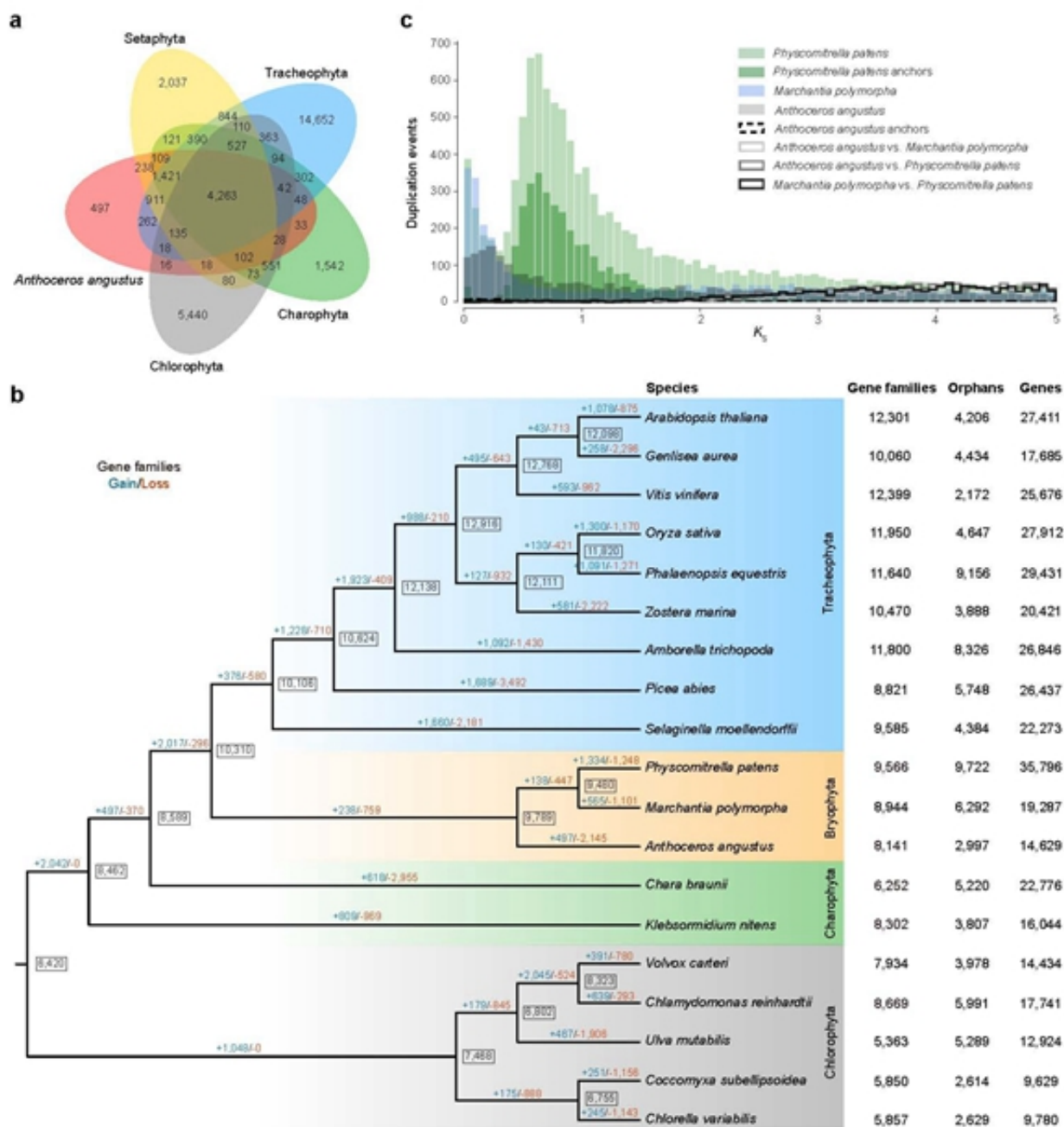
在中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室的布局与支持下，陈之端研究组于2008年启动了角苔基因组测序计划，多年来通过研究团队间密切合作，创新研究方法攻坚克难，终于在角苔基因组的解析上获得了突破。研究人员利用三代测序的Nanopore数据和二代测序的Illumina数据，通过一系列精细设计的去污染流程，得到了119 Mb (contig N50 796.64 kb, scaffold N50 1.09 Mb)的芽胞角苔(*Anthoceros angustus*)基因组组装结果，获得了第一个高质量的角苔参考基因组。

该研究通过系统发育基因组学分析进一步确定了苔藓类植物的单系性，并支持角苔类位于苔藓类分支的最基部。研究发现，在植物登陆过程中，角苔可谓“轻装上阵”，具有一套与其简单的形态结构相匹配的低冗余度的小基因组；同时其基因组又不失功能的完备性，包含了与植物发育相关的基本转录调控工具包。与之相对，在角苔基因组当中与RNA编辑、UV耐受以及抗脱水等环境适应相关的基因家族却通过串联重复获得了扩张，同时角苔还受益于从土壤细菌和真菌转移而来的基因，丰富了其抗性响应和代谢相关的基因组分。此前，角苔类是苔藓类中唯一没有完整解析的高质量参考基因组的类群，该研究弥补了这一空白，结合在其他苔藓类植物中的相关报道，该研究认为从土壤细菌和真菌中“借”基因来更好地适应陆地环境是早期陆地植物的“通用”手段，进而深入揭示了苔藓类植物对陆地环境的适应机制。

该研究成果于2月10日作为封面文章在线发表于国际学术期刊*Nature Plants*

。植物所助理研究员张剑、博士付新星、助理研究员李睿琦，武汉大众源生科技服务有限公司博士赵翔、深圳仙湖植物园研究员刘阳，福建农林大学副教授李明河，比利时根特大学博士Arthur Zwaenepoel为该论文的共同第一作者；植物所研究员陈之端、福建农林大学教授刘仲健、深圳仙湖植物园教授张寿洲、比利时根特大学教授Yves Van de Peer为共同通讯作者。该研究得到中非联合研究中心、中科院国际研究与教育发展计划、中科院战略重点研究计划、国家自然科学基金、深圳仙湖植物园、中科院植物所系统与进化植物学国家重点实验室、福建农林大学兰科植物保护和利用国家林草局重点实验室等的资助。

[论文链接](#)



图：芽胞角苔与18个绿色植物的比较基因组分析。a, 基于OrthoMCL的基因家族聚类比较。b, 19个绿色植物的基因家族获得(+)/丢失(-)情况比较。c, 芽胞角苔、小立碗藓和地钱的全基因组加倍事件分析。

研究团队单位：植物研究所

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

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发