首个高质量角苔参考基因组发布

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/8215.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！

首个高质量角苔参考基因组发布。
中国科学院植物研究所研究员陈之端团队通过一系列精细设计的去污染流程，得到了119 Mb的芽胞角苔基因组组装结果，获得了第一个高质量的角苔参考基因组，填补了苔藓类植物相关研究的空白。相关成果2月10日作为封面文章在线发表于《自然—植物》。

陈之端研究组于2008年启动了角苔基因组测序计划，经过多年攻关，终于在角苔基因组的解析上获得了突破。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。

研究人员发现，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。（来源：中国科学报 丁佳）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41477-019-0588-4

作者：陈之端等 来源：《自然—植物》

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转发