# 武汉植物园等在水生植物莲的基因组进化研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/9407.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！*

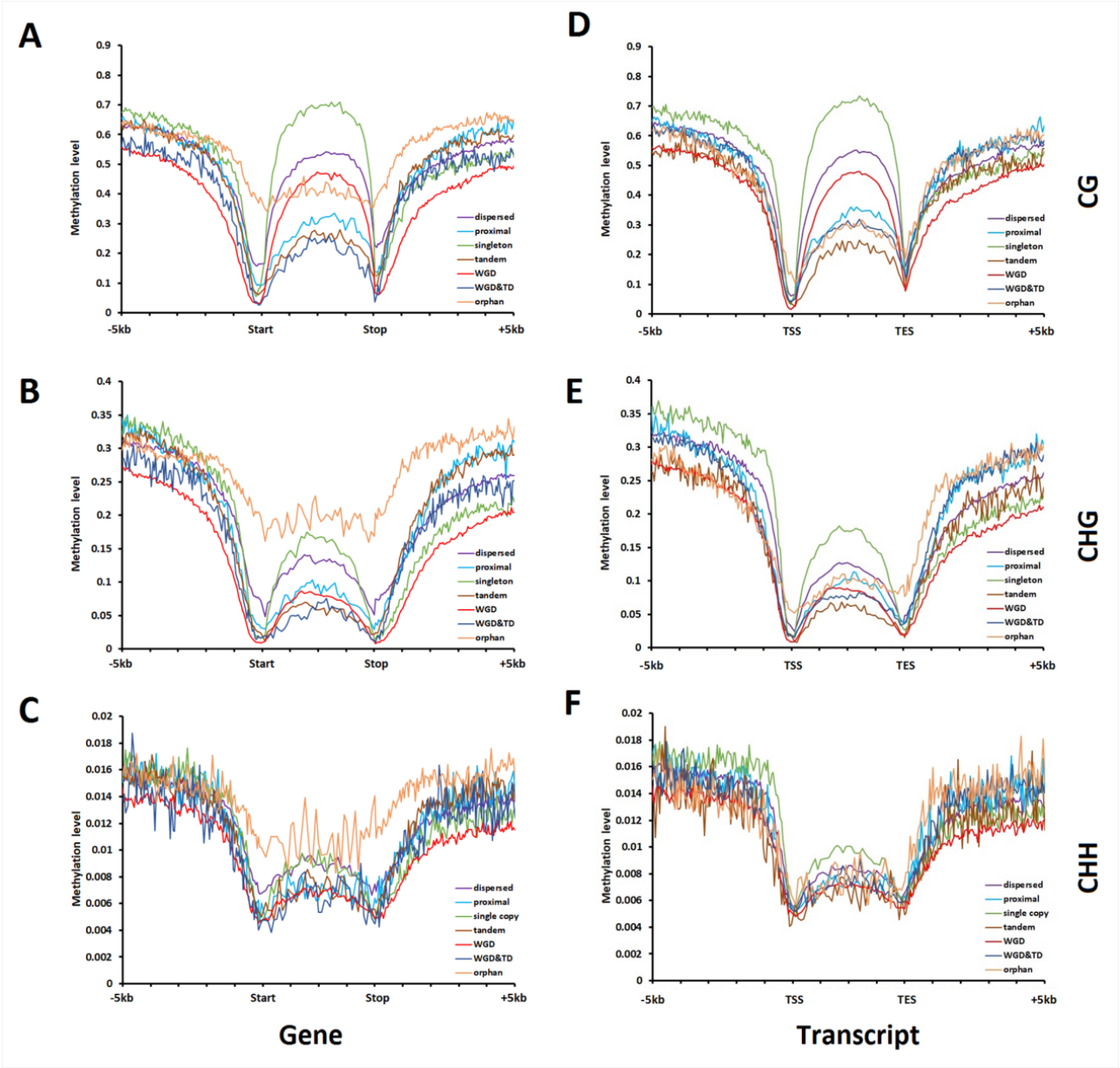
全基因组复制（whole-genome duplication, WGD）亦称古多倍化，在被子植物辐射进化过程中频繁发生。在现存的被子植物中，绝大多数的物种在其进化历史中曾发生过至少一次全基因组三倍化或多次连续的基因组加倍，少数物种发生了单次全基因组加倍。植物基因组的加倍所获得的冗余复制基因为植物进化提供了遗传原料，在后续植物表型进化及其对（极端）环境适应的过程中扮演重要角色。而许多现存被子植物的基因组在古倍后又经历了“ 二倍化 ”，经过千百万年漫长的“ 二倍化 ”过程后，古多倍化产生的复制基因其命运不尽相同：有一部分复制基因完全遗留下来；另外一些还原成初始的单拷贝状态；还有一些则发生了进一步的小规模复制（如串联复制）。保留下来的复制基因之间则会进一步发生不同程度的功能与表达分化。然而，迄今为止，是什么原因导致这些不同的基因在被子植物多倍化后有如此不同的命运？这一问题仍不十分清楚。

水生植物莲（*Nelumbo nucifera*）的基因组在白垩纪-古近纪（K-pg）大灭绝事件时期发生了单次古多倍化，为研究被子植物古多倍化后复制基因的命运的决定机制提供了良好的材料。中国科学院武汉植物园与比利时根特大学、美国马里兰大学及中山大学的科研人员进行合作，对莲基因组古倍化进行了深入研究。该研究应用第三代测序技术对中国古代莲的材料进行了高通量测序并对中国古代莲基因组进行了HiC辅助测序组装，完善了莲基因组的组装，较早期版本显著提高了基因组内部共线性区域的覆盖度。在此基础之上，该研究从基因表达与表观遗传修饰（甲基化）层面进行了深入分析，发现莲各类基因在古多倍化后的不同命运（如恢复单拷贝、全基因组复制遗留、持续小规模复制等）主要是由于功能层面的差异导致，主要反映在它们的表达调控、甲基化模式、蛋白互作网络、功能富集等方面的显著差异，并揭示这些差异化的功能约束对各类基因的微观进化（如群体核苷酸多样性、插入缺失频率）及宏观进化（物种间直系同源基因拷贝数变化）有重要影响。此外，该研究还发现莲古多倍化遗留的两套基因组复制区域（共线性区域）之间的基因丢失程度、基因表达水平、甲基化程度、转座子分布密度存在显著偏向，表明莲的古多倍化存在亚基因显性现象（subgenome dominance），认为莲可能曾是古老的异源四倍体。该研究为理解被子植物基因组进化提供了新的视野。

研究成果以*Distinct expression and methylation patterns for genes with different fates following a single whole-genome duplication in flowering plant*为题，在进化生物学领域期刊*Molecular Biology and Evolution*在线发表。中科院水生植物与流域生态重点实验室副研究员石涛为第一作者，比利时根特大学Yves Van de Peer院士、Kathleen Marchal教授及武汉植物园研究员王青锋、陈进明为共同通讯作者。该研究得到中科院战略性先导科技专项（XDB31000000）、国家自然科学基金（31570220、31870

208、31700197）和中科院青年创新促进会（2019335）支持。

论文链接




图：莲基因组古多倍化后不同复制状态的基因其CG、CHG和CHH甲基化分布模式比较

研究团队单位：武汉植物园

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