

新闻中心

当前位置：首页 » 新闻中心 » 科研进展

要闻

科研进展

党政工作

领导关怀

媒体报道

通知公告

研究揭示拟南芥细胞器基因组重组与变异积累规律

2022-09-19 07:00:00 来源：

【字体：大 中 小】

近日，基因组所武志强课题组在《植物杂志（The Plant Journal）》在线发表了题为“Long-read sequencing characterizes mitochondrial and plastid genome variants in *Arabidopsis msh1* mutants”的研究论文，报道了拟南芥 MSH1 参与介导的细胞器基因组重组与变异积累规律。



Research Article

Long-read sequencing characterizes mitochondrial and plastid genome variants in *Arabidopsis msh1* mutants

Yi Zou, Weidong Zhu, Daniel B. Sloan, Zhiqiang Wu ✉

First published: 13 September 2022 | <https://doi.org/10.1111/tpj.15976>

This article has been accepted for publication and undergone full peer review but has not been through the copyediting, typesetting, pagination and proofreading process, which may lead to differences between this version and the Version of Record. Please cite this article as doi:10.1111/tpj.15976

植物的线粒体与叶绿体具有自己的遗传物质DNA，即线粒体基因组与叶绿体基因组。开花植物的线粒体基因组包含大量的重复序列，包括长度大于1 kb的大量重复序列，50 bp到1 kb的中等重复序列，以及小于50 bp的短重复序列。但即使在模式植物中，这些重复序列仍然存在注释不正确与不完整的情况。细胞核编码的MSH1蛋白定位在叶绿体和线粒体，参与维持细胞器基因组稳定性。据报道，拟南芥 *msh1* 突变体线粒体基因组中等重复序列异常重组增加，线粒体与叶绿体基因组中超低频变异（SNVs/indels）积累增多，但基于杂交条带或短读长测序的研究难以获得全局性的重复序列重组图谱，并且缺乏对不完全相似重复序列重组产物内部的SNVs/indels进行系统性分析。这些局限性对我们精准地理解植物细胞器基因组结构与序列的变异积累模式造成阻碍。

为了系统地探究植物细胞器基因组变异积累规律，该研究选用拟南芥 *msh1* 突变体为研究材料，利用高精度长读长（PacBio HiFi）测序检测了拟南芥 *msh1* 突变体中细胞器基因组的结构变异（structural variants），单碱基变异（SNVs）以及插入缺失（indels）变异特征，绘制了线粒体基因组重复序列介导重组精细图谱（图1），并分析了线粒体与叶绿体基因组变异积累模式的差异。

HiFi测序在解析不完全相似重复序列重组产物内部的SNVs/indels分布具有优势，能够同时检测到交换（crossover）和非交换（non-crossover）的异位重组（图2）。与基于短读长的研究相比，该研究发现 MSH1 能够抑制重复序列之间非交换的异位重组。最后，该研究推测 MSH1 表达量变化可能造成线粒体和叶绿体基因组结构和序列变异增加，而变异积累模式的差异可能是两套基因组进化轨迹差异的原因之一（图3）。该研究增进了我们对细胞器遗传变异模式的认识，为改造细胞器遗传物质，优化作物育种提供了理论支持。

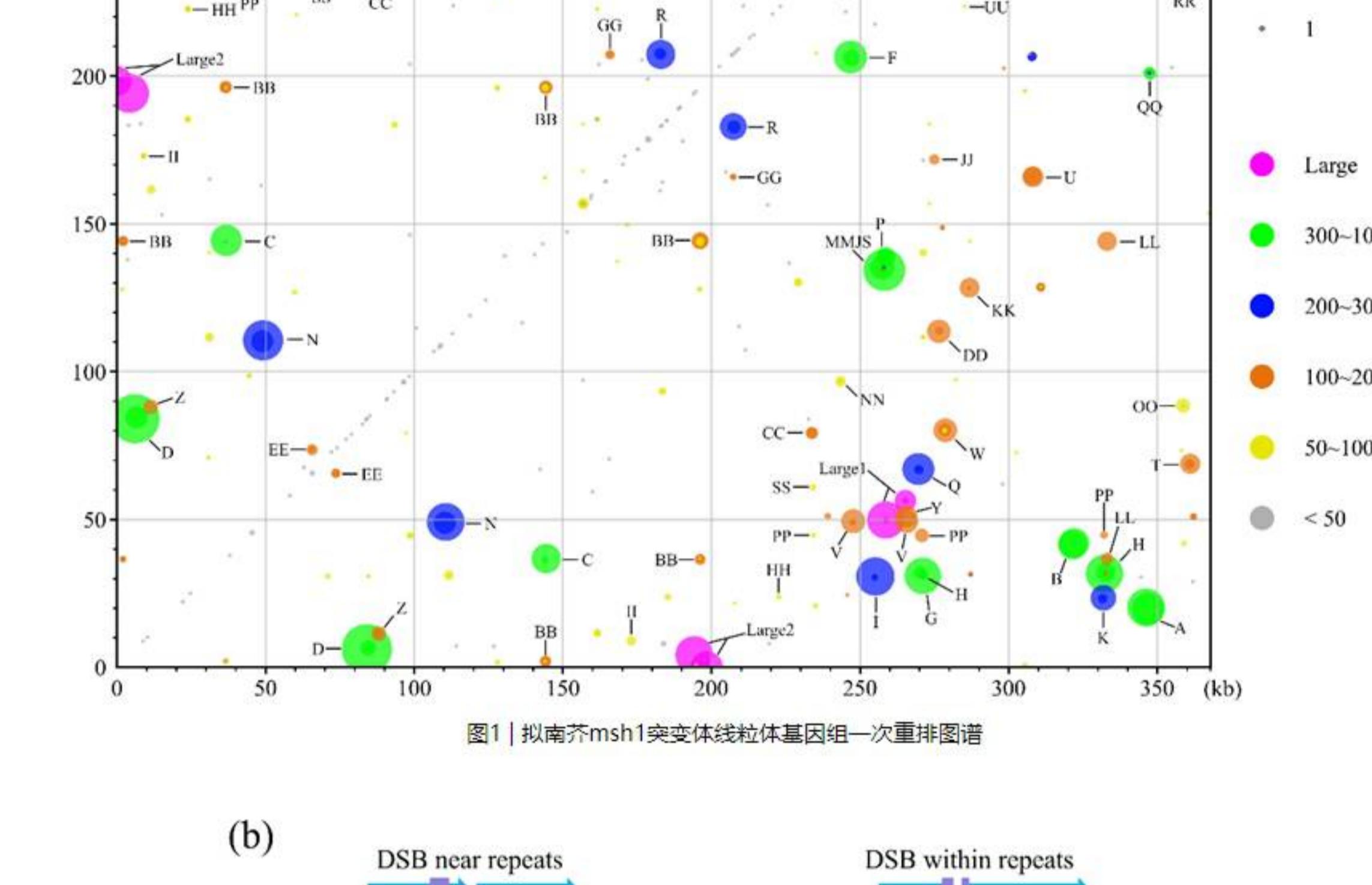
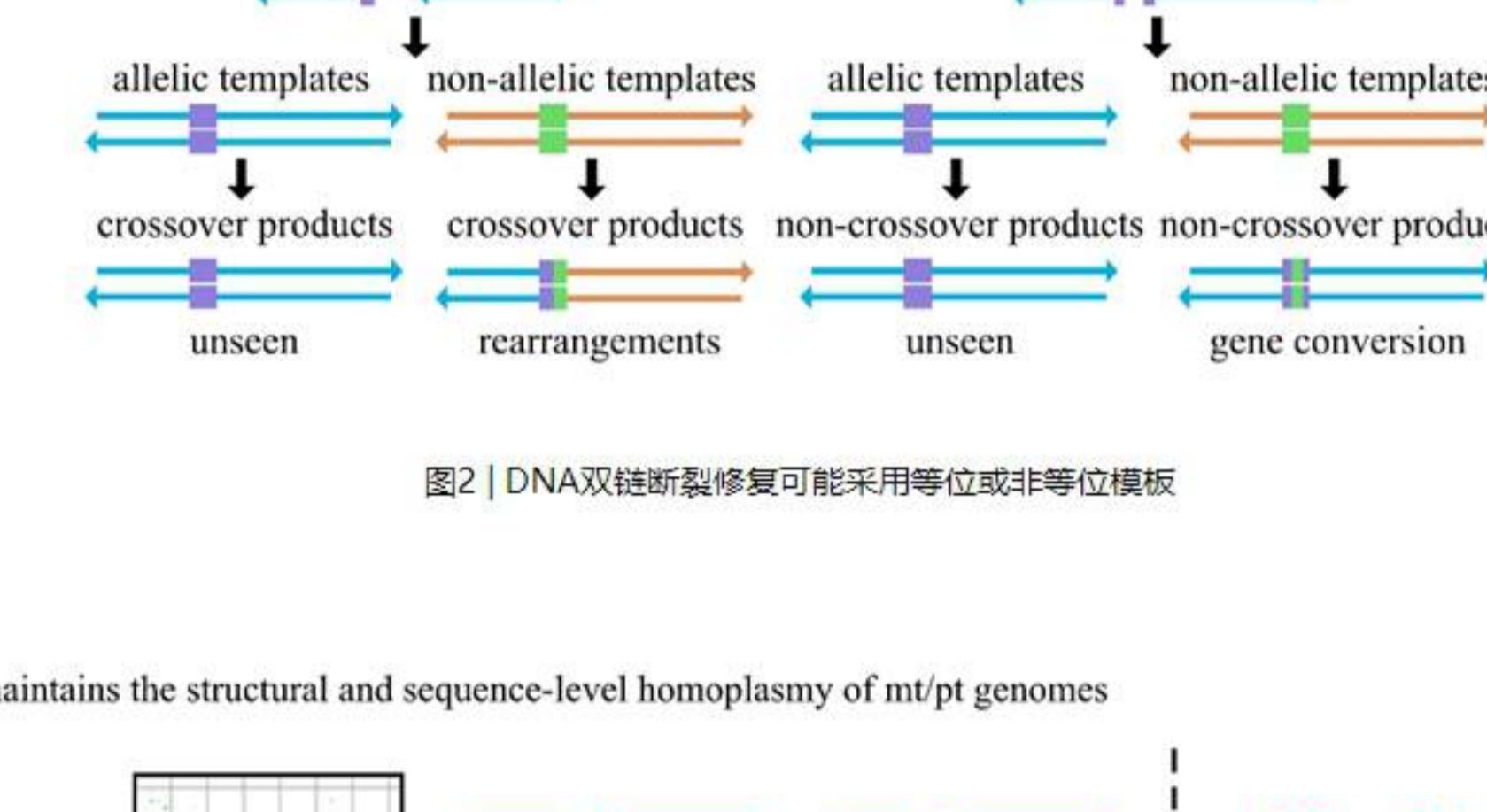
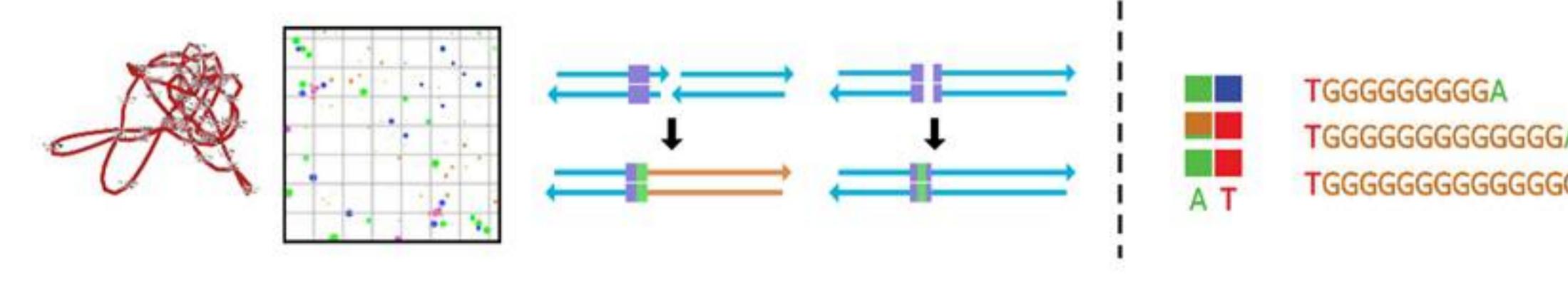
图1 | 拟南芥 *msh1* 突变体线粒体基因组一次重排图谱

图2 | DNA双链断裂修复可能采用等位或非等位模板

1 MSH1 maintains the structural and sequence-level homoplasmy of mt/pt genomes



2 Distinctive patterns of genome instabilities in mt/pt genomes without MSH1



3 Evolved versions of mt/pt genomes after MSH1 restoration

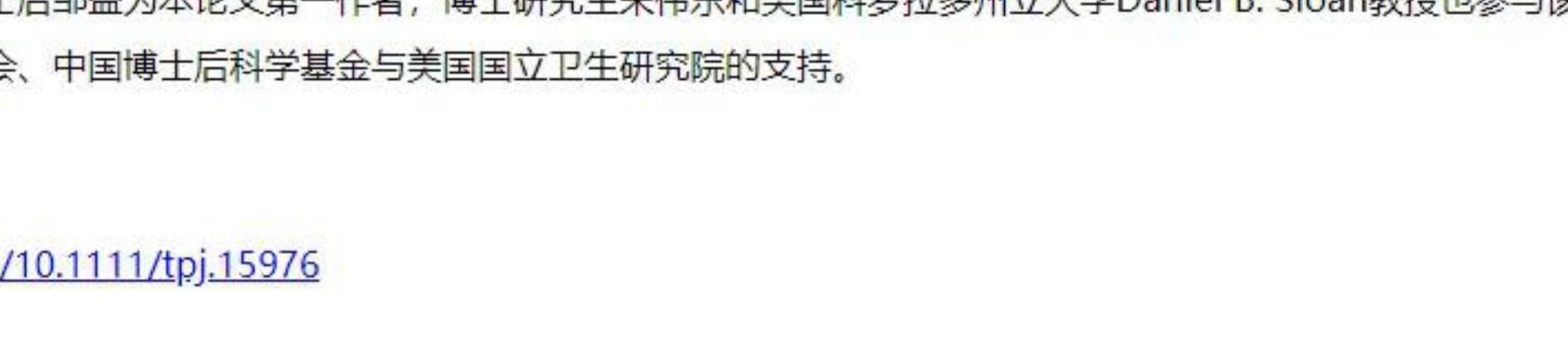


图3 | MSH1影响叶绿体和线粒体基因组变异与进化方式模型

武志强研究员为本文通讯作者，博士后邹益为本文第一作者，博士研究生朱伟东和美国科罗拉多州立大学Daniel B. Sloan教授也参与该研究。本研究得到了国家自然科学基金、深圳市科学技术创新委员会、中国博士后科学基金与美国国立卫生研究院的支持。

论文链接：

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.15976>

政府机构

合作机构

合作媒体

中国农业科学院院机关

院属单位

联系我们

电话 : 0755-23250159

邮箱 : zonghechu01@caas.cn

加入我们

人才招聘

招生信息

了解我们

本所概况

科研队伍

关注我们

微信公众号

抖音

事业编