



多态性短串联重复序列(pSTR)揭示超越单核苷酸多态性的与地钱气候适应相关的独特遗传信号

吴双阳^{1#*}, 高胜寒^{2#}, 王森^{3#}, Martin Lascoux⁴, 俞皓^{1,5*}

¹新加坡国立大学生物科学系

²中国科学院微生物研究所微生物资源国家重点实验室

³北京农学院植物科学技术学院

⁴瑞典乌普萨拉大学生态学与遗传学系进化生物学中心

⁵淡马锡生命科学研究院



Shuangyang Wu, Shenghan Gao, Sen Wang, Martin Lascoux, Hao Yu. 2026.

Polymorphic STRs represent unique genetic signals beyond SNPs associated with climate adaptation in *Marchantia polymorpha*.

iMetaOmics 3: e70134. <https://doi.org/10.1002/imo2.70134>



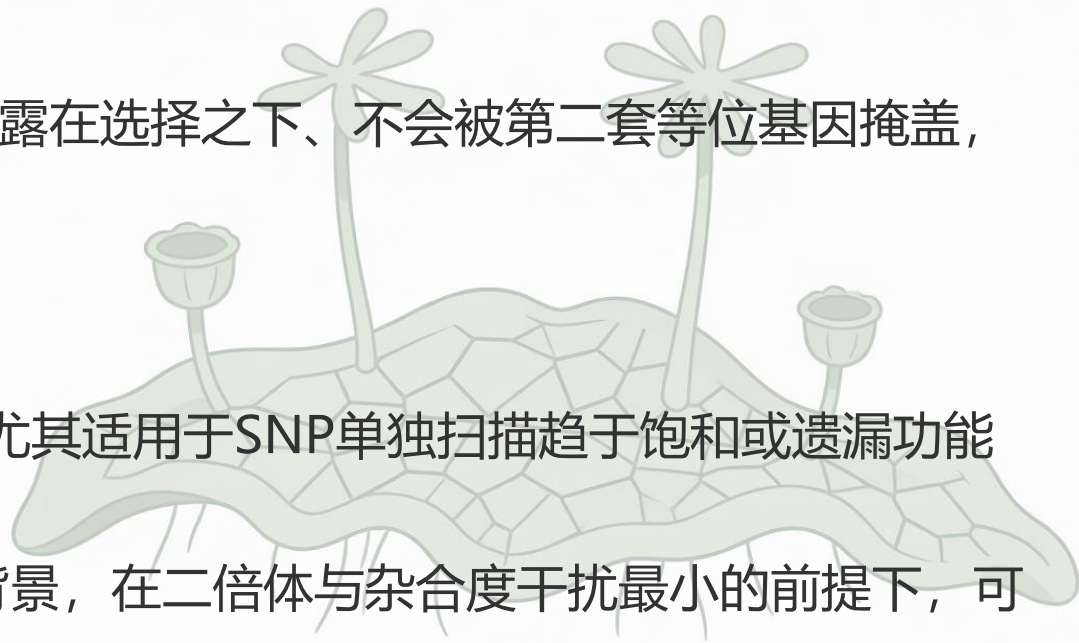
背景简介

研究要点

- 首张苔藓植物的pSTR群体基因组图谱：在欧洲、日本和北美的78份非克隆地钱材料中鉴定29,084个高置信pSTR，并发现欧洲与日本群体之间明显的遗传分化。
- 全基因组关联发现，许多pSTR重复次数变化与温度相关气候变量显著相关，说明STR可能参与地钱对局部气候的适应。
- pSTR分析能检测到一些在SNP的GWAS中达不到显著水平的候选适应性位点——STR重复变异补上了SNP分析漏掉的遗传信息。
- 地钱以单倍体生活史为主，每个STR等位基因直接暴露在选择之下、不会被第二套等位基因掩盖，是研究重复介导适应的理想系统。

科学意义

- pSTR为气候适应研究开辟了SNP之外的互补视角，尤其适用于SNP单独扫描趋于饱和或遗漏功能相关重复的情形，拓展了全基因组关联可解析的边界。
- 地钱以单倍体生活史为主，提供了相对简单的遗传背景，在二倍体与杂合度干扰最小的前提下，可更直接地研究STR重复数与环境之间的关系。





结论：pSTR全基因组景观与气候适应性信号

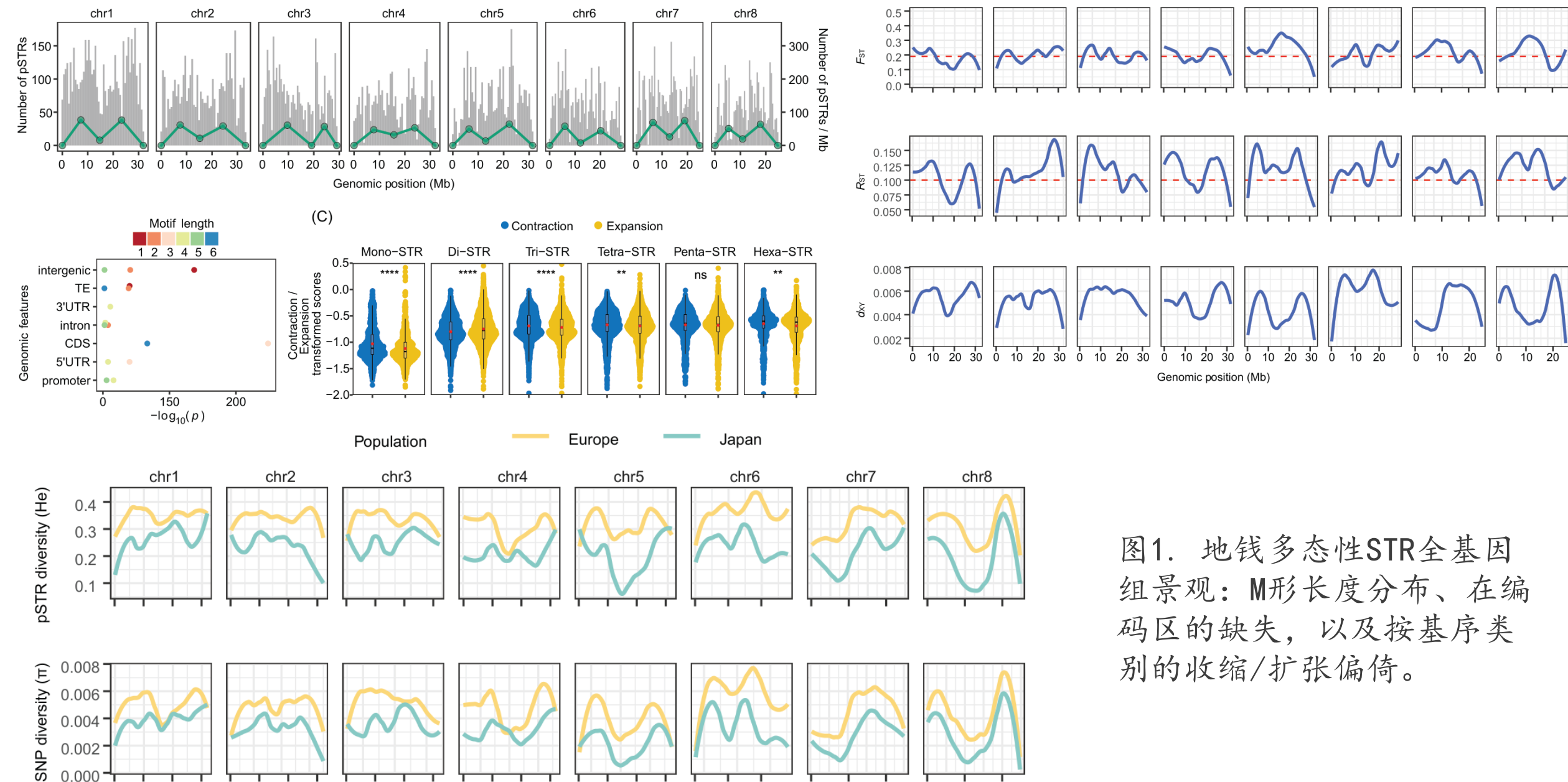


图1. 地钱多态性STR全基因组景观：M形长度分布、在编码区的缺失，以及按基序类别的收缩/扩张偏倚。



结论：pSTR全基因组景观与气候适应性信号

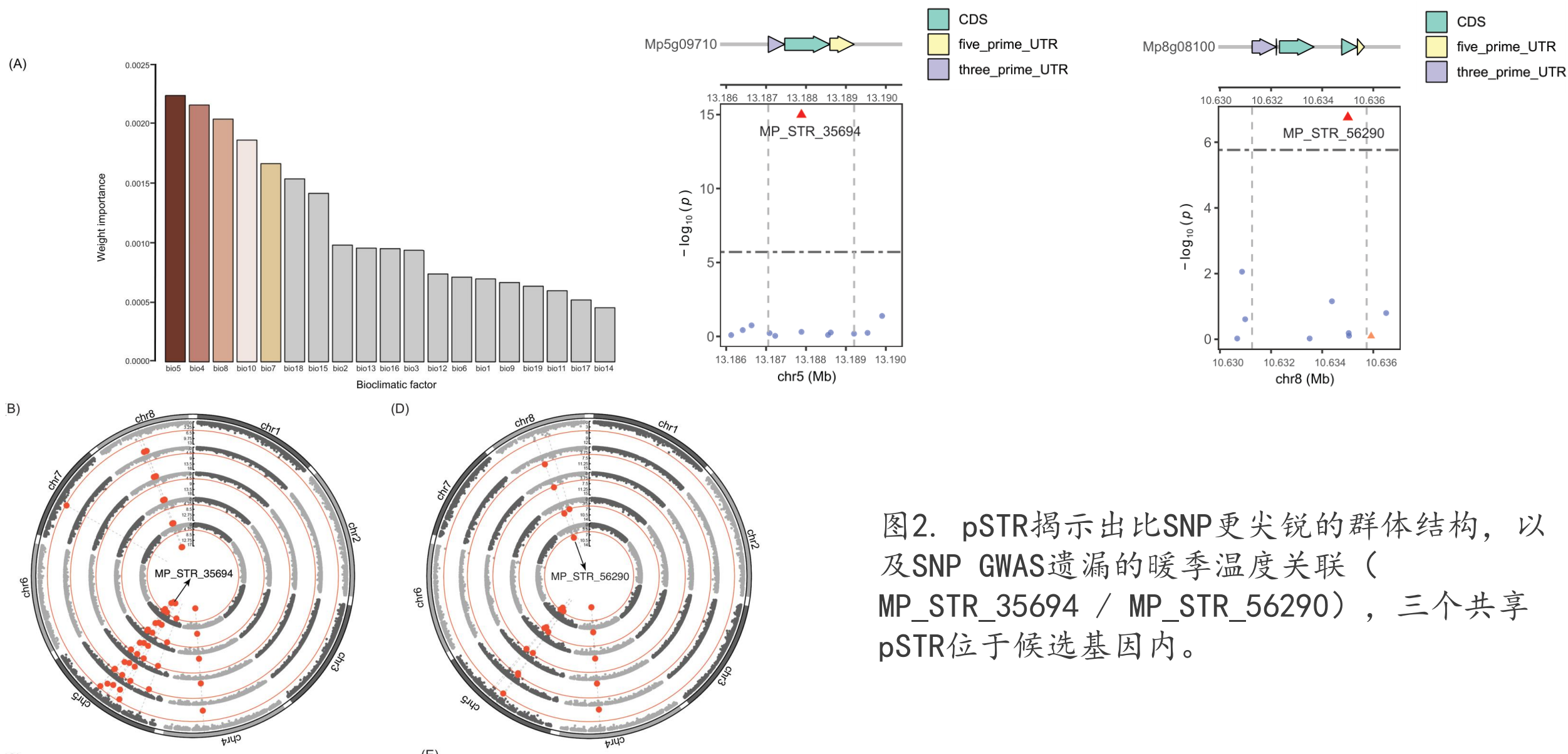
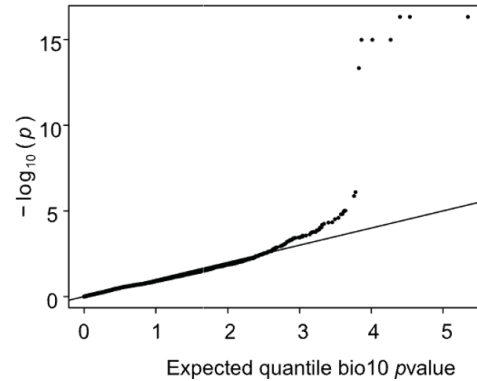
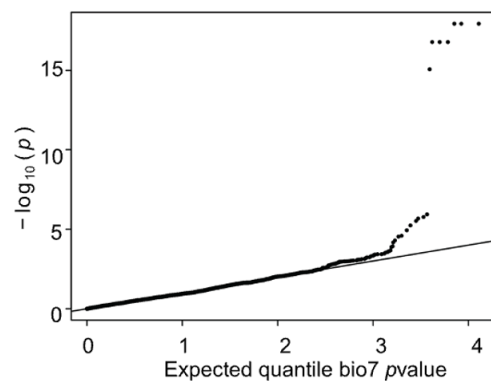
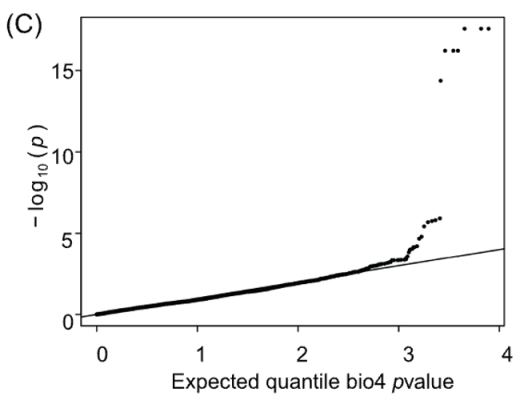
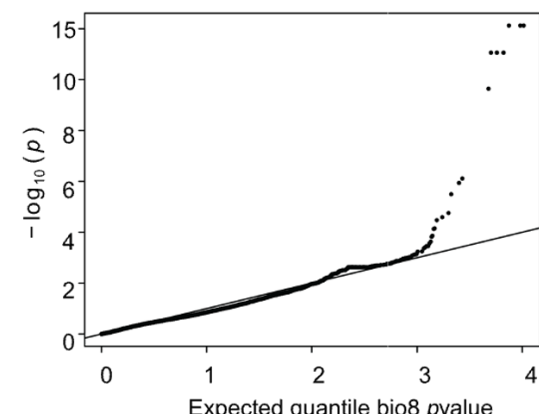
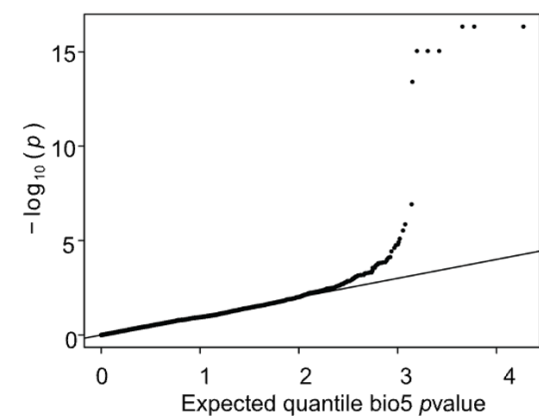
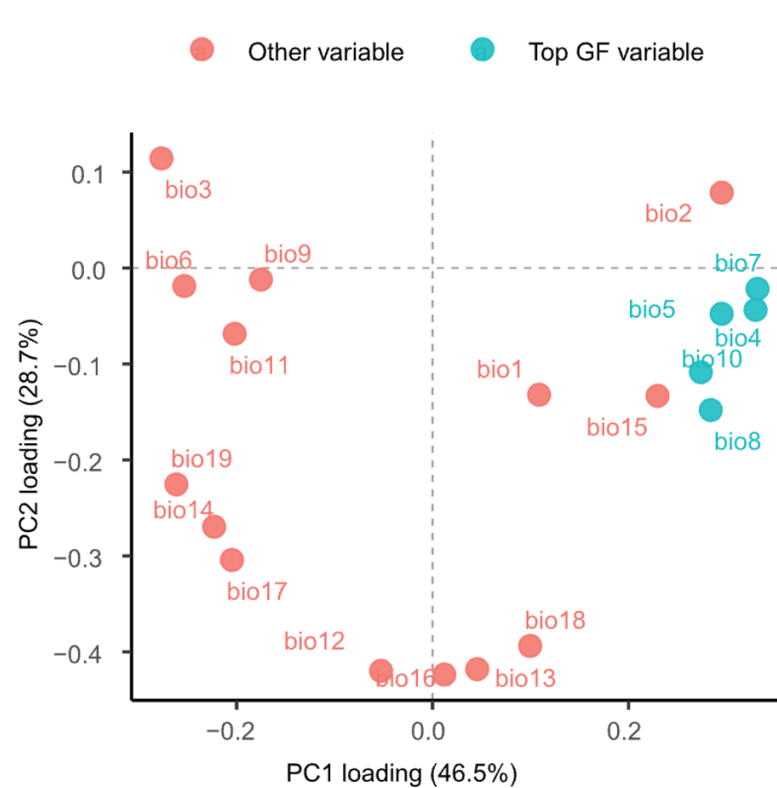
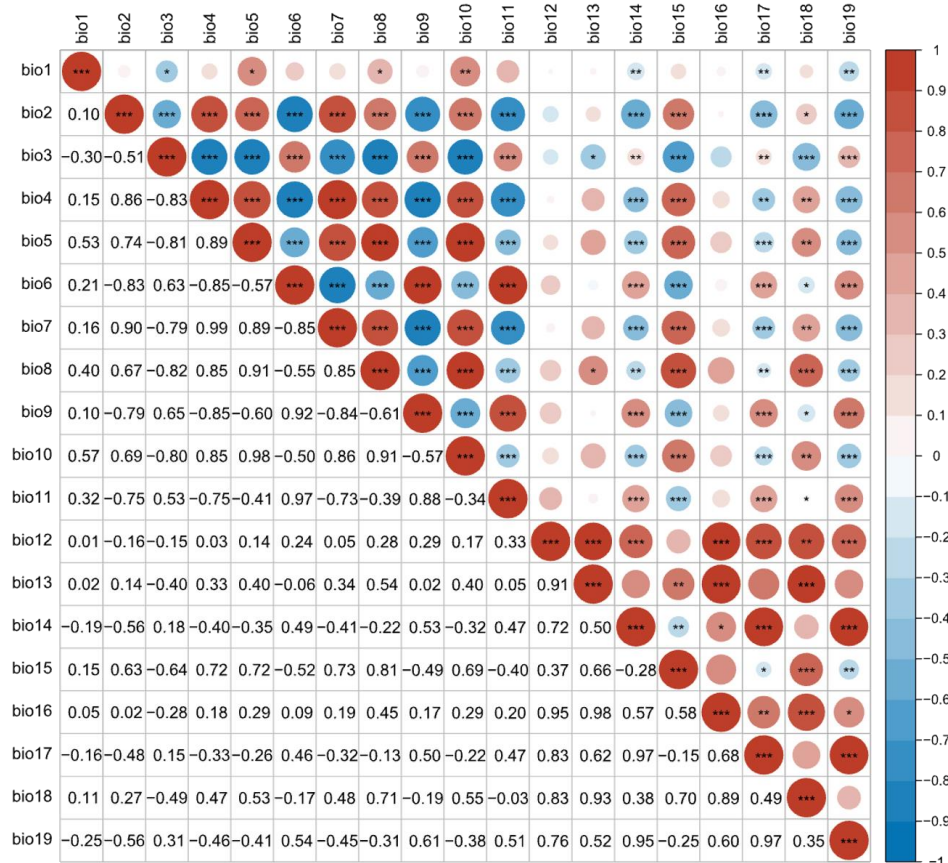


图2. pSTR揭示出比SNP更尖锐的群体结构，以及SNP GWAS遗漏的暖季温度关联（MP_STR_35694 / MP_STR_56290），三个共享pSTR位于候选基因内。



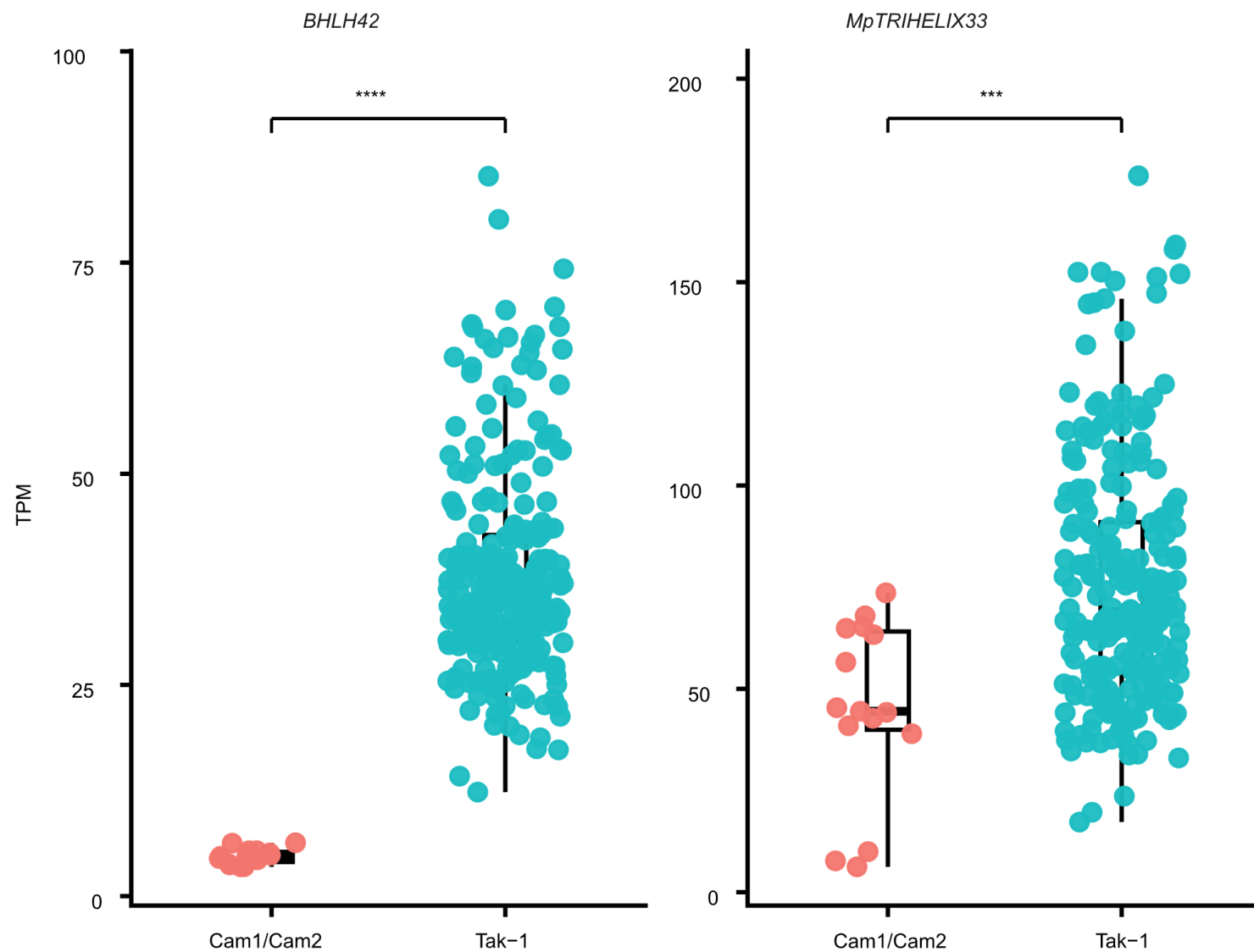
结论：生物气候信号与候选基因表达



图S6. 生物气候相关结构：暖季温度变量构成一个相关模块，等位变异GEA在五个变量间找到共享显著位点。



结论：生物气候信号与候选基因表达



图S7. MarpolBase中候选基因表达：MpBHLH42与MpTRIHELIX33在日本Tak-1材料中的TPM高于Cam-1/Cam-2。



总结与展望

小结

- 首次在苔藓植物（地钱）中构建pSTR群体基因组学图谱（78份非克隆材料）。
- pSTR捕获了基于SNP的GWAS遗漏的气候适应性信号。
- 候选适应性基因MpBHLH42和MpTRIHELIX33（热胁迫响应调控因子）最为突出。

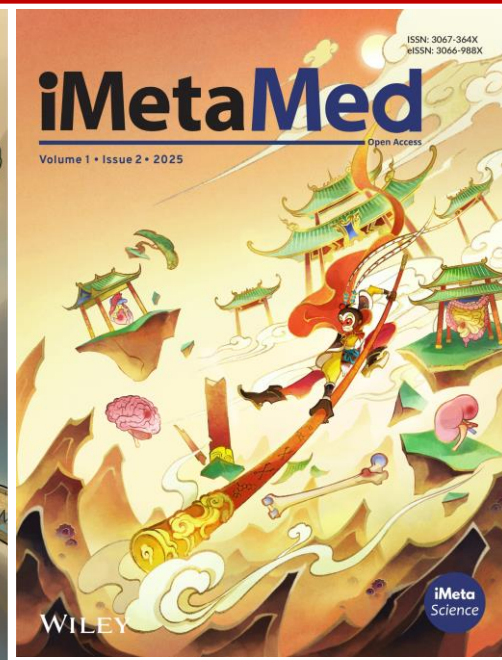
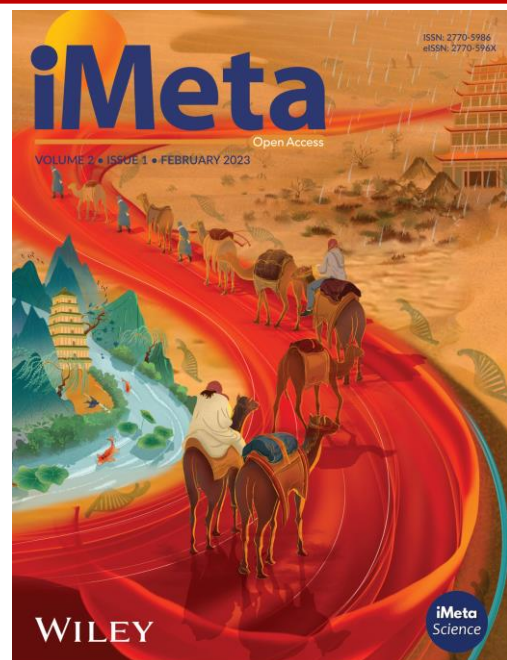
展望

- 深度：在更多中间地理区域与中间气候条件下增加采样、结合功能实验，区分本地适应与群体历史，并验证候选基因功能。
- 广度：将pSTR群体基因组学从地钱扩展至其他苔藓、蕨类与开花植物，开展跨物种的重复介导适应比较。
- 闭环：对MpBHLH42等候选基因做功能验证，并与泛基因组整合——地钱单倍体的简单遗传背景让STR与环境的关系格外直接、易于检验。

Shuangyang Wu, Shenghan Gao, Sen Wang, Martin Lascoux, Hao Yu. 2026.

Polymorphic STRs represent unique genetic signals beyond SNPs associated with climate adaptation in *Marchantia polymorpha*.

iMetaOmics 3: e70134. <https://doi.org/10.1002/imo2.70134>



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



iMeta



更新日期
2026/6/17