

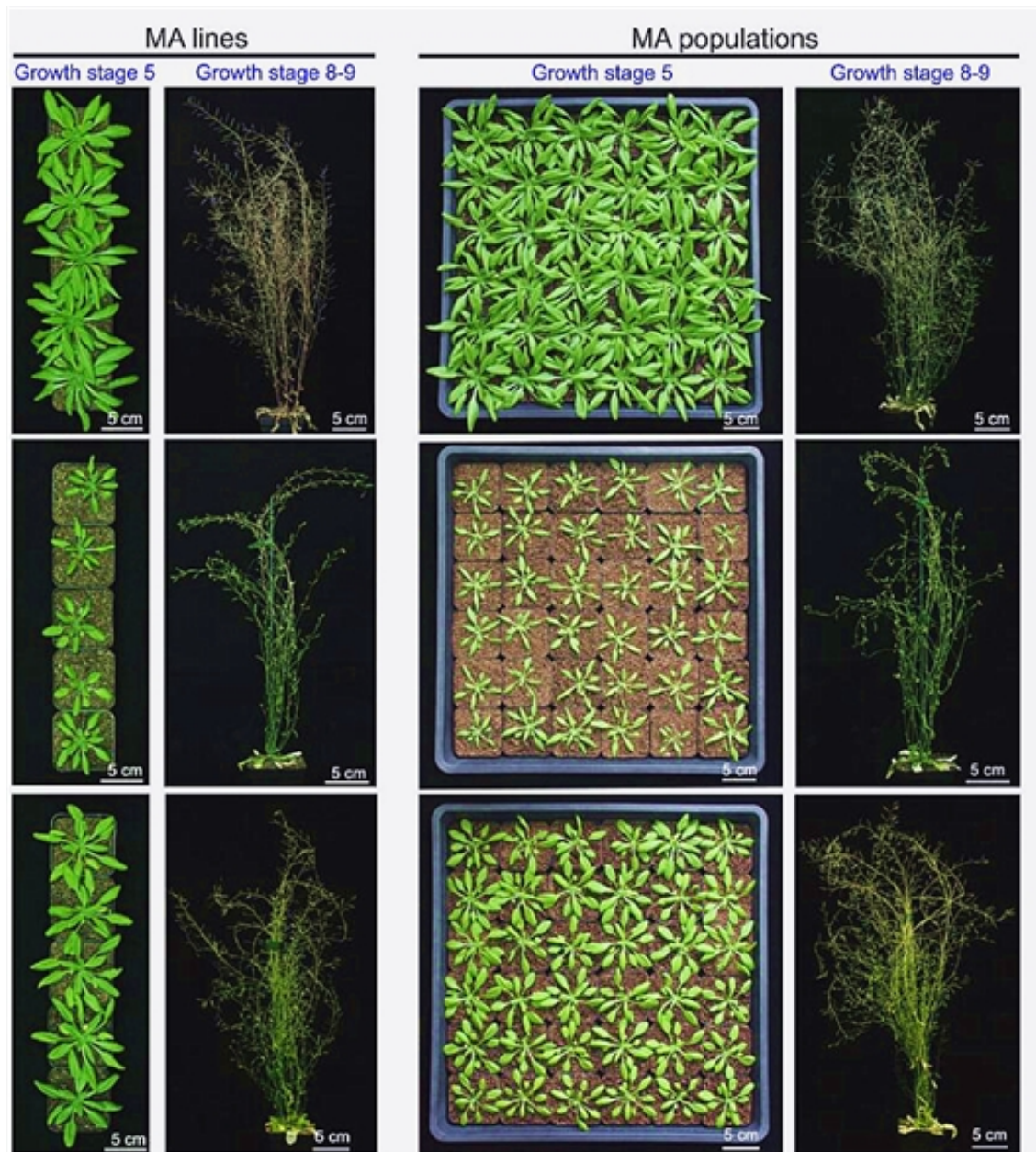
长期多代高温植物基因突变原理获揭示

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14034.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！

长期多代高温植物基因突变原理获揭示。



团队以拟南芥为对象研究多代高温下植物基因突变的原理（扬州大学供图）

近日，扬州大学园植学院教授校金飏和农学院徐辰武在《基因组生物学》期刊在线发表题为多代高温胁迫下拟南芥全基因组DNA突变研究的最新研究成果。该研究首次从种群遗传谱系和单粒种子遗传谱系两个层面揭示了长期多代高温下植物的DNA突变速率和突变谱规律，为阐明长期环境胁迫下植物分子进化机制提供了重要的理论依据，同时为探索植物对未来气候变暖的长期响应和适应趋势提供了前瞻性预测。

气候变暖已成为全球关注的热点问题之一，高温胁迫严重影响植物和农作物的生长发育、产量和品质。当前，有关植物高温胁迫响应和适应机制的研究主要集中在短期高温下植物形态生理、转录调控以及胁迫记忆等方面。但对长期多代高温胁迫下植物遗传变异研究却极少涉及。

突变是生物体遗传和变异的基础，是生物进化的根本驱动力。植物作为固着生长的生物，其体温随着环境温度的变化而改变，而长期环境温度升高对植物基因组DNA突变的影响尚不清楚。《科学》杂志创刊125周年之际公布了125个最具挑战性的科学问题。其中一个就是外界压力环境下，植物的变异基础是什么？

该研究团队通过10多年努力，以模式植物拟南芥（生长周期短、基因组小、遗传背景清晰）为研究材料，成功获得不同高温多代的种群谱系和单粒种子谱系。团队通过全基因组测序分析和多重验证，确定了多代高温能显著加速DNA突变积累、改变分子突变谱；突变位点呈现非随机性分布，基因间区、编码区及转座元件突变频率明显增加；更多突变发生在防御响应、DNA修复及信号等方面。

团队进一步分析发现，实验中用来测定突变积累的植物种群和株系的突变位点分布模式显著不同，表明种群受到了更强的选择作用。团队通过突变偏向性分析表明，多代高温突变更偏向于低基因密度区、特定的三核苷酸及串联重复或简单重复区域。联合DNA甲基化分析发现，甲基化有助于多代高温DNA突变的积累。

该研究揭示了环境变暖趋势下植物的突变规律，这一发现有助于解释植物纬度生物多样性梯度以及冰期-暖期植物分子进化和物种形成机制。（来源：中国科学报崔雪芹 张运）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-021-02381-4>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：校金飏等 来源：《基因组生物学》

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](http://iikx.com)转发