
天津工生所等完成红豆杉染色体水平基因组测序

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14043.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！

紫杉醇是目前已发现的最优秀的天然抗癌药物。紫杉醇生物合成途径已研究多年，而超大的基因组和复杂的代谢路线是途径解析的主要限制因素。中国科学院天津工业生物技术研究所与西北工业大学、深圳华大生命科学研究院等合作，首次完成了喜马拉雅红豆杉超10Gb的染色体水平的全基因组测序，并通过复杂基因组组装与分析，解析了红豆杉中生物合成紫杉醇的关键基因簇，探索了紫杉醇合成途径的起源与进化机制，为完全解析紫杉醇生物合成途径奠定了重要基础。

全基因组倍增事件是开花植物提升环境适应能力，并逐渐替代裸子植物，遍布地球的主要原因。通过对裸子植物喜马拉雅红豆杉基因组的进化分析，研究发现在地球上存活更久的红豆杉却几乎没有经历过明显的全基因组倍增事件，而是发生了大量的基因串联重复事件，其比例超过了几乎所有已知的开花植物。大量基因串联重复导致红豆杉中的一些基因家族急剧扩张，随着这些家族重复基因的功能分化，红豆杉进化出非常复杂的代谢物合成和转录调控网络。例如，与紫杉醇合成密切相关的细胞色素P450酶家族与酰基转移酶家族，通过串联复制都产生了超过50份基因拷贝，如此多的重复基因为红豆杉进化出极其复杂的紫杉醇合成途径提供了遗传基础。迄今为止，已在紫杉科的植物中发现了超过500种具有紫杉烷类天然产物。因此，大量的基因串联重复是红豆杉中紫杉醇合成途径形成的主要进化机制，也可能是红豆杉能在地球上存活至今的重要原因之一。

相关结果发表在Molecular
Plant

上。天津工生所副研究员程健等为论文的共同第一作者，研究员江会锋、西北工业大学教授王文、深圳华大生命科学研究院院长徐迅为论文的共同通讯作者。研究工作得到天津市合成生物技术创新能力提升行动、国家重点研发计划及国家自然科学基金等的资助。

[论文链接](#)

研究团队单位：天津工业生物技术研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发