“起底”被子植物候选“课代表”

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15545.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！

“起底”被子植物候选“课代表”。诱捕—囚禁—释放，不同于其他木兰类植物，马兜铃属植物的传粉系统具有极强的欺骗性，其独特的花形状是引诱传粉者的重要诱饵。除了在植物界独树一帜，随着近年来关于马兜铃酸致癌等相关论文的发表，马兜铃这一古老的中草药也备受争议。起底马兜铃属植物的基因组变得更为急迫且重要。

在9月2日发表于《自然—植物》的一项研究中，中国科学院植物研究所（以下简称中科院植物所）研究员焦远年团队与合作者利用Nanopore、Bionano光学图谱和Hi-C等测序技术，对流苏马兜铃进行了基因组测序和组装，并获得了高质量的参考基因组，注释到了21,751个蛋白编码基因，为解析其他被子植物基因组的进化及被子植物祖先基因组特征等提供了重要参考。他们认为，流苏马兜铃有望成为木兰类模式植物。

世界上的第二个

花是被子植物所特有的，因此，被子植物也称有花植物，是世界上最为繁盛的植物类群，目前超过35万种，占据了地球植物的绝大部分。

研究人员认为，被子植物的起源和千姿百态的家族成员，与其创新性新性状花的出现和多样化密切相关，而它们遗传多样性的来源可能与现存被子植物及其祖先进化过程中发生的全基因组加倍（WGD）事件有关。

截止目前，被子植物类群中已有近300个全基因组加倍事件被鉴定出来，而现存被子植物中唯一未发生支系特异多倍化的物种是最早分化出来的无油樟。

如今，唯一成为了过去式。在这项研究中，焦远年团队通过基因组分析，发现了世界上除ANA基部的无油樟外，第二个也未经历过支系特异多倍化的测序物种——流苏马兜铃。

流苏马兜铃独特的基因组进化历史使其成为比较基因组学研究的一个重要对象，为解析其他被子植物基因组的进化及被子植物祖先基因组特征等提供了重要参考。
焦远年在接受《中国科学报》采访时表示。

利用此参考基因组，研究人员不仅准确定位了樟目和木兰目共享的全基因组加倍事件，还发现了黑胡椒中前人未曾检测到的额外两次古老全基因组加倍事件。

焦远年表示，基因组中蕴含了生物体的遗传密码，基因组的变化通常会伴随着生物体相关性状、

适应性等的改变。而被子植物从起源至今经历了约2.5亿年的进化，其所属植物的基因组都或多或少地发生了变化，这使得准确推断各植物基因组的进化历史变得较为困难。

他认为，对被子植物祖先基因组特征的解析，有利于更好地通过比较分析揭示各类群及各植物基因组的进化，更好地了解植物进化和多样化的遗传基础。现在，通过流苏马兜铃和无油樟这两个类似‘化石’状态的基因组，可以让我们更准确地重构被子植物祖先基因组状态。

基因组测序揭示进化之谜

被子植物分为四大核心分支，即ANA被子植物基部类群、木兰类植物、单子叶植物和真双子叶植物。尽管目前已有很多相关数据，但木兰类植物、单子叶植物和真双子叶植物三大支系间的系统发育关系尚不明确。

马兜铃属在木兰类植物中可谓独具一格，该植物的花极其特化，还发展出具有欺骗性的传粉系统。

该论文的第一作者，中科院植物所博士研究生秦刘玉告诉《中国科学报》，马兜铃属植物不像多数植物靠花蜜和花粉做为报酬来吸引昆虫传粉，而是通过散发独特的花气味诱惑昆虫进入花内，再利用其独特的花形状和结构充当陷阱捕获传粉者，而传粉者在特定时间内只能进不能出，只有在传粉者完成传粉且花药成熟后，携带花粉的传粉者才被释放。

鉴于马兜铃属植物的进化位置、花形态的独特性，以及备受争议的药用价值，科研人员希望在它身上找到被子植物进化研究的重要突破口。获得流苏马兜铃基因组，可以解决木兰类植物的系统位置等问题。此外，我们希望利用这一基因组了解马兜铃酸的合成途径等，以期理解马兜铃酸合成的区域和发育阶段，或许可以帮助避开含有马兜铃酸的组织部位作为药用。焦远年说。

在对被子植物主要类群的代表物种进行基因组结构比较后，研究人员发现，木兰类植物和单子叶植物共享了一次染色体的相互易位事件，而真双子叶植物则缺失这一演化的特征。

植物基因组在进化过程中通常会发生染色体的断裂、融合、交叉互换等多种多样的结构变异。染色体相互易位也是其中的一种变异类型，是指两条染色体分别发生一次断裂，相互交换片段后又发生重组。焦远年解释道。

研究人员认为，这一结果支持了木兰类植物和单子叶植物可能互为姐妹群，而双子叶植物在二者分化之前就已经形成。

此外，利用这一高质量参考基因组，研究人员进一步挖掘了马兜铃花发育和次生代谢产物合成相关的遗传基础，发现花发育相关的同源基因冗余度极低，所鉴定的所有花发育相关的基因均只有一个拷贝，不存在重复基因。

不仅如此，流苏马兜铃花发育相关基因的序列、结构和表达模式均较为保守，与无油樟、拟南芥等物种较为一致。研究人员认为，流苏马兜铃花特化的形成可能与相关基因特定的表达模式及其下游调控网络的变化有关。

课代表候选人

模式植物对于开展遗传分析等研究至关重要，一般要求具有生命周期短，易繁殖，适宜实验室培养等特征。找到并研究植物中的这些课代表，对于摸清全班同学的状况具有重要意义。

然而，目前植物学研究中的模式植物主要在单子叶植物（水稻、玉米等）和真双子叶植物（拟南芥、西红柿、烟草等）中，在木兰类植物和ANA基部被子植物中，仍然没有模式植物可用于基因功能研究。

研究人员认为，流苏马兜铃具有生长周期短、易于大规模种植和基因组小等特征，有被发展为木兰类模式植物的潜力，以用于花发育、发育遗传学及次生代谢产物合成等方面的研究。

如果将流苏马兜铃发展为木兰类模式植物，就可以通过流苏马兜铃对马兜铃科植物及其他木兰类植物开展基因功能研究，更深入地比较分析整个被子植物各个大类群中的基因功能和分子机制。焦远年说。

实际上，关于流苏马兜铃的基因测序工作可谓漫长而曲折。早在2006年，焦远年就开始关注并进行被子植物进化方面的研究。2015年，留学回国后，他加入了中科院植物所系统与进化植物学国家重点实验室，不久后便开始接手流苏马兜铃的基因组测序项目。

起初，研究人员采用了当时较为主流的PacBio测序技术，而在经过近一年的尝试和优化建库策略后，均未测序成功。

在意识到PacBio测序技术可能不适用于流苏马兜铃的基因测序后，焦远年团队果断更换了测序技术，使用Nanopore技术开展后续测序工作。虽然在使用Nanopore技术下获得了足够的原始数据，但仍存在数据准确性不高的现象。

为了得到更精准的结果，他们又尝试了多个纠错流程，并结合不同的评估手段对组装序列进行矫正，最终找到了合适的流程，获得到了高质量的参考基因组。

获得流苏马兜铃属基因组后，我们就可以更好地进行其他组学的测序和分析，更深入地探讨马兜铃花特化的形成机制和马兜铃酸的合成途径，也可以更好地开展后续的功能基因组学研究。此外，还可以用于比较基因组学，更深入地了解不同类群植物基因组的进化，挖掘植物进化背后的遗传机理。焦远年表示。（来源：中国科学报田瑞颖）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41477-021-00990-2

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：焦远年等 来源：《自然—植物》

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