
植物所等在马兜铃基因组解析和被子植物进化研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15578.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！

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。马兜铃属（*Aristolochia*）是木兰类植物，该属的植物具有较强欺骗性的“诱捕-囚禁-释放”传粉系统，独特的花形态是引诱传粉者的重要“诱饵”，且具有备受争议的药用价值。马兜铃属植物因此受到关注，鉴于马兜铃属植物的进化位置，解析马兜铃属植物基因组颇为重要。

针对上述问题，中国科学院植物研究所研究员焦远年研究组利用Nanopore、Bionano光学图谱和Hi-C等测序技术，对流苏马兜铃（*Aristolochia fimbriata*

）开展了基因组测序和组装，获得了高质量的参考基因组，注释到21,751个蛋白编码基因。基因组进化分析发现，流苏马兜铃自现存被子植物起源后未经历过全基因组加倍事件，是目前发现的、除ANA基部的无油樟（*Amborella*

trichopoda

）外第二个未经历过全基因组加倍的测序物种。它因独特的基因组进化历史成为比较基因组学研究的重要对象，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。

基于序列的前期研究均难以获得高可信度的系统发育关系。该研究对被子植物主要类群的代表物种进行基因组结构比较，发现木兰类植物和单子叶植物共享了一次染色体易位事件，而真双子叶植物则缺失了这一演化的特征，该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已形成的观点。

该研究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。基因组及转录组等的整合分析发现，花发育相关的同源基因冗余度极低，且多数基因的序列、结构和表达模式均较为保守，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。另外，该研究还分析了萜类和马兜铃酸等次生代谢产物合成相关的遗传基础，并构建了AA I的合成通路，为后续相关基因的功能研究奠定了基础。鉴于流苏马兜铃基因组冗余度极低，并具有生长周期短、易于大规模种植和基因组小等特征，其有被发展为木兰类模式植物的潜力，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。

9月2日，相关研究成果在线发表在Nature

Plants上。研究工作得到中科院战略性先导科技专项和王宽诚教育基金会的资助。

[论文链接](#)

流苏马兜铃的形态和基因组特征

染色体结构变异推测木兰类植物、单子叶植物和双子叶植物的系统发育关系

研究团队单位：植物研究所

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://www.iikx.com)转发