铁树“开花”：苏铁喜获完整基因组图谱

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/18025.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！

铁树“开花”：苏铁喜获完整基因组图谱。



nature plants

ARTICLES

https://doi.org/10.1038/s41477-022-01129-7

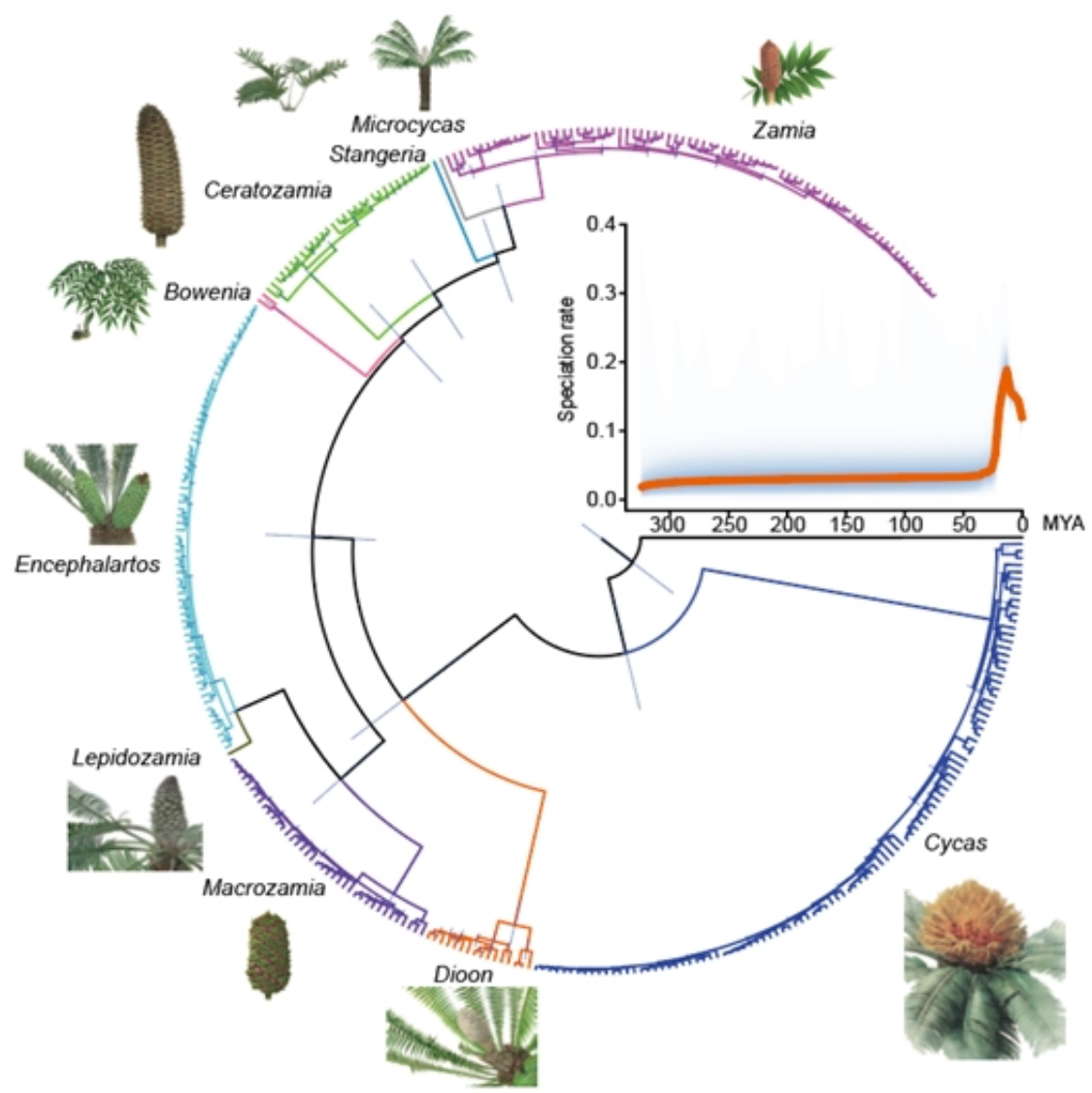
Check for updates

OPEN

The *Cycas* genome and the early evolution of seed plants

Yang Liu[1,2,34], Sibo Wang[1,34], Linzhou Li[1,34], Ting Yang[1,34], Shanshan Dong[2,34], Tong Wei[1,34], Shengdan Wu[3,34], Yongbo Liu[4,34], Yiqing Gong[2], Xiuyan Feng[5], Jianchao Ma[6], Guanxiao Chang[6], Jinling Huang[5,6,7], Yong Yang[8], Hongli Wang[1,9], Min Liu[1], Yan Xu[1,9], Hongping Liang[1,9], Jin Yu[1,9], Yuqing Cai[1,9], Zhaowu Zhang[1,9], Yannan Fan[1], Weixue Mu[1], Sunil Kumar Sahu[1], Shuchun Liu[2], Xiaoan Lang[2,10], Leilei Yang[2], Na Li[2], Sadaf Habib[2,11], Yongqiong Yang[12], Anders J. Lindstrom[13], Pei Liang[14], Bernard Goffinet[15], Sumaira Zaman[15], Jill L. Wegrzyn[15], Dexiang Li[10], Jian Liu[5], Jie Cui[16], Eva C. Sonnenschein[17], Xiaobo Wang[18], Jue Ruan[18], Jia-Yu Xue[19], Zhu-Qing Shao[20], Chi Song[21], Guangyi Fan[1], Zhen Li[22], Liangsheng Zhang[23,24], Jianquan Liu[25], Zhong-Jian Liu[26], Yuannian Jiao[27], Xiao-Quan Wang[27], Hong Wu[28], Ertao Wang[29], Michael Lisby[30], Huanming Yang[1], Jian Wang[1], Xin Liu[1], Xun Xu[1], Nan Li[2], Pamela S. Soltis[31], Yves Van de Peer[19,22,32] ✉, Douglas E. Soltis[31,33] ✉, Xun Gong[5] ✉, Huan Liu[1] ✉ and Shouzhou Zhang[2] ✉

苏铁基因组图谱研究由来自22个科研机构的65位科学家联合完成。



苏铁目系统发育树支持现存苏铁是在经历大量灭绝以后，几次辐射演化的后代。如今苏铁有2科10属。（刘阳供图）

也许你不熟悉苏铁类植物，但你一定听说过铁树开花这个成语，比喻事情很难实现。相传因受苏东坡青睐，铁树得名苏铁。

作为现存最原始的种子植物，苏铁类植物曾与恐龙一起称霸地球，但由于基因组较大、重复序列含量高、结构复杂等原因，超过2.7亿岁的年纪却一直没有得到完整的基因组图谱，致使种子植物基因组演化研究版图始终缺少一块关键拼图。

4月18日，《自然—植物》以封面文章公布了苏铁基因组图谱。相关题为《苏铁基因组与种子植物的早期进化》的研究成果，由来自22个科研机构的65位科学家联合完成，填补了种子植物基因组研究的空白，标志着种子植物各大分支的基因组均已覆盖，为后续比较基因组学的开展奠定了基础。

基因组测序证实元老地位

种子植物包括裸子植物和被子植物，裸子植物分为四大类，即苏铁类、银杏类、松柏类和买麻藤类。然而，关于四大类裸子植物之间的系统演化关系，学界一直有不同观点。当苏铁也有了基因组图谱，明确了系统位置，分歧或可解决。

文章介绍，测序材料选取的是苏铁的基部类群、也是整个苏铁类分布纬度最北的种类——攀枝花苏铁，其基因组组装大小为10.5
Gb，挂载11条染色体，评估完整度91.6%，是目前裸子植物中最高质量的大基因组图谱。

分析表明，苏铁单独（线粒体数据）或和银杏一起（核基因、叶绿体数据）构成其他所有裸子植物的姐妹群。

同时，由于早期维管植物的精子都是有鞭毛、可以游动的，随着演化，鞭毛丢失。在现存种子植物中只有苏铁和银杏保留精子具鞭毛的特征，研究人员发现，苏铁和银杏均保留了大量鞭毛组装所需的基因。论文第一作者，深圳华大生命科学研究院、深圳市中科院仙湖植物园研究员刘阳告诉《中国科学报》。

此外，与鞭毛行使功能密切相关的外周致密纤维合成基因（ODFs），只在苏铁和银杏基因组中存在，在其他种子植物中则全部丢失。进一步证实了苏铁在种子植物演化中的古老地位。

不必再苦等铁树开花

完整的基因组图谱就像揭秘手册一样，解开了一个个谜团。

例如，全基因组复制事件（WGD），是植物演化适应的重要驱动力，关于裸子植物共同祖先是否经历了WGD，同样存在着争议。

研究人员采用对重复基因同义替代分析和系统发育基因组学方法，并使用基因组内共线性区域进行比较验证，发现裸子植物的共同祖先经历了一次WGD（命名为ω）。伴随着种子植物起源，许多关键创新性状如种子发育、花粉、次生生长相关的基因家族均发生了创新或扩张。

再例如，铁树（即苏铁）开花确实难，一般需要十年以上时间以及适宜的环境。苏铁类植物虽为雌雄异株，但也只能在开花时才能判断性别。如果可以在植株进入花期前就确定性别，对于超过2/3 的种类处于濒危状态的苏铁类植物来说具有重要意义。

研究人员找到雌雄表达差异最大的一个基因来自雄株的Y染色体，该基因编码一个MADS-box转录因子，推测其调控雌雄苏铁的性器官发育，揭示了苏铁性别决定的遗传机制。

在现有实验水平下，通过一小片叶子，花费不超过10元钱，一天之内就能获知一株苏铁的性别了。

《自然—植物》同期配发的评论文章甚至以《苏铁性别鉴定——潜在的救星》为题指出，对这些神秘古老的植物而言，找到了性别调控基因，就迎来了种群保护的盛大机遇。

独具毒蛋白，身怀抗虫技

害虫一般不会吃苏铁。刘阳透露，一个意外收获是，他们在攀枝花苏铁基因组中发现一种细胞毒

素蛋白基因fitD。

FitD起源于细菌，通过水平基因转移的方式转移到苏铁中。刘阳介绍，水平基因转移泛指不同物种间的基因交流，在陆生植物适应性进化过程中起到推动作用。

基于苏铁类339个物种转录组数据，研究人员发现fitD只在苏铁属物种中存在。并且，fitD基因在种子和根部高表达，这可能也是苏铁种子和根部具有毒性的原因之一。

基于基因重组技术，在大肠杆菌表达的fitD产物对小菜蛾和棉铃虫有显著致死性，显示出fitD具有作为生物农药的应用前景。假以时日，或许fitD基因转移到棉花等作物，轻松实现棉花无虫。（来源：中国科学报张楠）

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41477-022-01129-7

https://doi.org/10.1038/s41477-022-01133-x

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：刘阳等 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