
榕属叶绿体基因组比较研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21002.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！

榕属叶绿体基因组比较研究获进展

。近年来，叶绿体基因组因基因组小、突变率和重组率低的特点，被广泛用于植物系统发育、分子进化、谱系地理学的研究。榕属（*Ficus*

）作为桑科的最大属，且是热带雨林的关键物种，而其系统发育关系仍需进一步研究。榕属物种具有多样的生态型，体现了对不同生境的高度适应性。尽管近年来关于榕属叶绿体基因组的研究有所发展，但缺少基于较大样本量的全属水平的叶绿体基因组的结构变异及系统进化的分析。

中国科学院西双版纳热带植物园协同进化研究组与吉林农业大学合作，对囊括了6个榕亚属的24种叶绿体基因组进行全面分析，揭示了基因组中的高变区域以及蛋白编码基因的选择进化模式。研究进一步结合先前发表的40个榕属叶绿体基因组，进行了系统发育分析和物种分化时间的估算。结果表明：榕属叶绿体基因组在结构上具有很高的保守性，鉴定到8个分化热点区域，为区分近缘种以及群体水平的

谱系地理分析提供候选区域。三个蛋白编码基

因（*clpP*、*rbcL*、*ccsA*

）受到正选择作用，或有助于不同生活型的榕树对不同生境的适应，其余蛋白质编码基因均经历了纯化选择。同时，基于叶绿体基因组数据构建的系统发育树为解决榕属植物的系统发育提供了新见解。叶绿体基因组的分化时间估计则与基于核基因的分化时间相似，约起源于74.5百万年前，快速分化于中新世早期至中期，这一时间与中新世早期的全球变暖和中新世气候适宜期相吻合。

相关研究成果以[Comparative chloroplast genome analysis of *Ficus* \(Moraceae\): Insight into adaptive evolution and mutational hotspot regions](#)为题，发表在Frontiers in Plant

Science

上。研究工作得到中科院“西部之光”人才培养计划“西部青年学者”项目、云南省基础研究计划项目和国家自然科学基金的支持。

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