翠雀族植物复杂花发育和进化机制研究获进展

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/21679.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！

翠雀族植物复杂花发育和进化机制研究获进展。

近日，中科院植物所研究员孔宏智、副研究员山红艳等在《植物细胞》上发表了在翠雀族植物复杂花发育和进化机制研究方面取得的新进展，为理解复杂花进化的机制提供了新思路。

在被子植物中，由于植物与传粉者之间的相互作用，很多类群(如豆科、唇形科、毛茛科、兰科和姜科)演化出了形态和结构高度特化的复杂花。决定花器官身份的ABCE和四聚体模型以及决定花两侧对称性的极坐标模型为理解不同类型花发育的分子机制奠定了基础，但是关于复杂花发育和进化的分子机制在很大程度上仍不清楚。毛茛科翠雀族植物的花高度特化，为近两侧对称的螺旋状花，且背部带距萼片和背部带距花瓣形成嵌套的距中距结构，侧部和腹部萼片和花瓣不带距或退化，是研究复杂花发育和进化机制的理想体系。

孔宏智团队以翠雀族的代表物种为研究材料，通过深入的系统发育、比较转录组、表达和功能研究，全面探究了复杂花发育和进化的分子机制。研究发现，花器官身份基因AP3-3和AGL6以及花对称性基因CYC和DIV类的重复和/或分化与翠雀族植物花的起源密切相关。此外，他们还发现与外类群黑种草族相比，AGL6亚家族的一个拷贝(即AGL6-1a)和CYC2亚家族的两个拷贝(即CYC2a和CYC2b)在翠雀族中获得了决定花两侧对称性的新功能。

有意思的是，研究人员还发现花的背部身份基因CYC2b是花瓣身份基因AP3-3的正调控因子，而花的侧部-腹部身份基因CYC2a与AGL6-1a和DIV1形成复杂的调控反馈环。

这些结果表明，花对称基因的重复和分化，以及重复拷贝被招募到已有花发育调控网络中，可能是翠雀族植物复杂花起源的关键。此外，结合CYC2类基因的序列和功能分化特点，科研人员推测翠雀族植物花的起源可能经历了一个全部萼片和花瓣均带距的、近辐射对称的中间状态。该研究不仅为理解复杂花进化的机制提供了新思路，还强调了基因重复对性状创新的重要贡献。(来源：中国科学报 田瑞颖)

相关论文信息：https://doi.org/10.1093/plcell/koac368

作者：孔宏智等 来源：《植物细胞》

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