

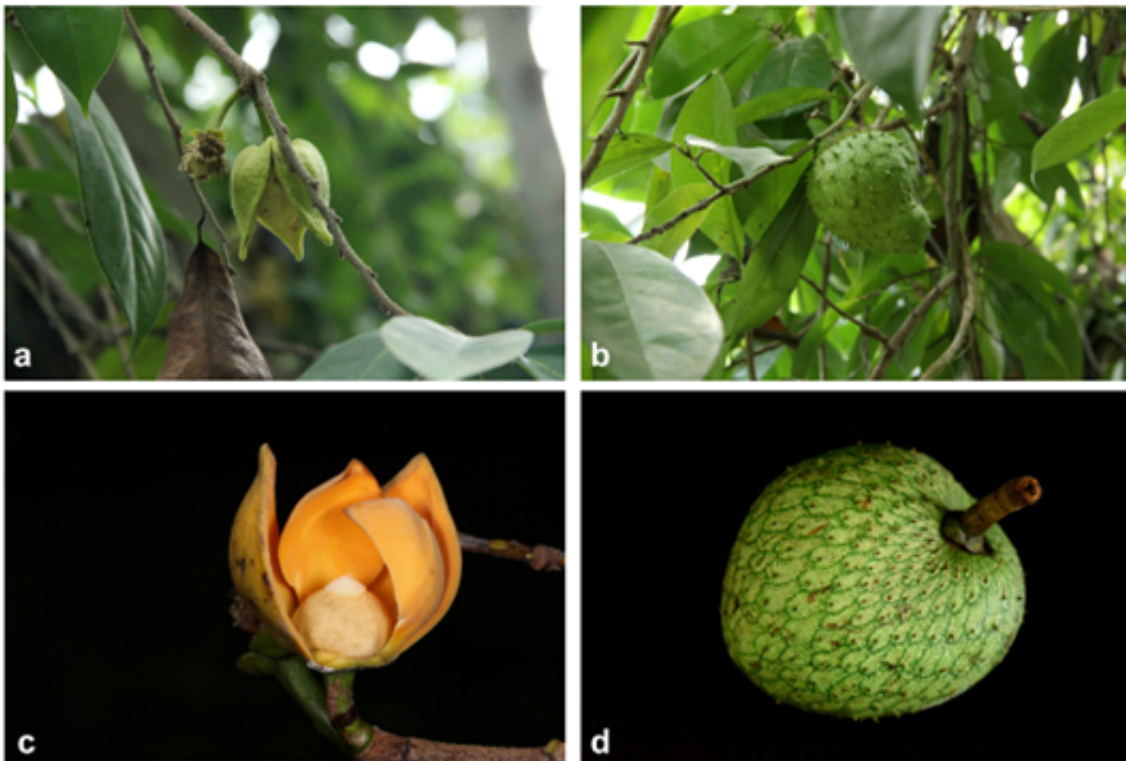
我国学者完成山刺番荔枝全基因组测序

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/24309.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！

我国学者完成山刺番荔枝全基因组测序。近日，华南农业大学林学与风景园林学院副教授唐光大与福建农林大学教授刘仲健团队合作完成了山刺番荔枝的全基因组测序。相关成果发表于Ornamental Plant Research。



山刺番荔枝花和果实图。研究团队供图

该研究通过比较基因组学分析表明木兰科植物是真双子叶植物的姐妹，而基于串联法（ASTRAL）的系统发育树与并联法的系统发育树木兰科系统发育位置不一致，这可能是由不完全谱系分类（ILS）引起。全基因组复制（WGD）分析表明，山刺番荔枝和鹅掌楸的共同祖先经历了一次WGD事件，而这次WGD事件发生在木兰目和樟目分化之后。

该研究结果为探讨被子植物基部类群的系统演化积累了新的数据，并发现木兰目与樟木分化之后，木兰目内的番荔枝和鹅掌楸两个分支均发生过一次WGD，这可能与被子植物基部类群的地质

演化时间和地质事件有关。

上述研究得到广东省林业局项目、国家自然科学基金面上项目和福建农林大学高峰学科建设项目的资助。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.48130/OPR-2023-0014>

作者：唐光大等 来源：《观赏植物研究》

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](https://www.iikx.com)转发