
科学家揭示大片段结构变异对拟南芥生态适应的作用

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/24555.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！

科学家揭示大片段结构变异对拟南芥生态适应的作用。兰州大学生态学院教授刘建全团队联合四川大学、中国农科院烟草研究所等单位发现大片段结构变异在拟南芥不同生态型的本地适应中发挥着重要作用。日前，相关研究成果以《拟南芥泛基因组和本地环境适应》为题，在线发表于《自然—通讯》。

拟南芥的不同生态型也是揭示植物生态适应分子机制和遗传基础的理想材料。研究人员收集并测序了32个代表性的拟南芥生态型基因组，其中包括6个子遗生态型和26个非子遗生态型。这些样本涵盖了全球拟南芥生态型数据中的大多数主要类别和亚类，并代表了拟南芥所占据的多样化栖息地。

通过对高质量基因组数据进行系统发育分析，研究人员发现非子遗生态型聚类成一个单系群，而子遗生态型与西藏生态型（Tibet-0）则是并系群的关系，西藏生态型位于系统发育树的基部，具有最大的遗传变异，与全球其他拟南芥生态型显著不同。

利用基因家族和图形泛基因组构建技术，研究人员构建并鉴定了拟南芥核心基因、可变基因和大片段结构变异库，发现可变基因可能与不同生态型拟南芥对当地环境的适应性有关，而不同生态型之间也存在着复杂的结构变异。

为了进一步研究结构变异对不同生态型拟南芥表型和适应性的影响，研究人员对WH1和HPCA1两个基因进行了功能验证实验，发现等位结构变异影响了拟南芥对不同生态环境的局部适应性。

此外，研究人员利用图形泛基因组和重测序数据评估了结构变异对适应性性状变异的贡献，发现结构变异补充了单核苷酸多态性所缺失的遗传力，且在拟南芥的适应性进化中发挥着重要作用。整个研究综合利用了基因组、分子与生化功能、生态环境因子和性状等数据，共同证实了基因组结构变异如何影响拟南芥不同生态型的表型和生态适应，并为进一步研究每个结构变异如何影响生态适应的遗传调控通路提供了基础。

研究结果还利用高质量全基因组数据对拟南芥全球分布的生物地理分布格局进行了讨论。西藏生态型在基因组系统发育树上位于基部，拥有最大的遗传变异，显著不同于全球的其他拟南芥生态型。但拟南芥的其余同属近缘物种主要在欧洲分布，拟南芥最早起源地，不应该是系统发育树‘暗示’的青藏高原，而应该是与其近缘物种最早的分化地——欧洲。拟南芥起源于欧洲后，至少开启了两次向亚洲的扩散。第一次扩散只在青藏高原留下了西藏生态型，第四纪冰期后再次从欧

洲开始向包括亚洲在内的全球扩散过程中，产生了最广的分布区域和最多的生态型。西藏生态型与其他生态型长期地理隔离，没有基因流，同时也由于极端的气候环境选择，产生和保留了最多独特的遗传变异。（来源：中国科学报 温才妃 孔子俊）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-023-42029-4>

作者：刘建全等 来源：《自然—通讯》

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