
华南植物园揭示锥属物种基因组变异的驱动机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/29430.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！

华南植物园揭示锥属物种基因组变异的驱动机制。

遗传变异的形成与维持机制是进化生物学研究的重要议题。已有研究表明，不同物种间的基因组变异模式存在一定的相似性，并受到多种进化力量的影响。然而，关于不同进化机制对相似基因组变异景观形成的贡献以及不同机制间复杂的互作模式尚不清楚。此外，已有研究多是基于近期快速辐射产生的物种或者少量分化时间较长的物种对，缺乏在长期进化尺度上对基因组变异景观的系统研究。

中国科学院华南植物园组装了高质量的甜槠参考基因组，进而对我国亚热带常绿阔叶林中广泛分布的12个锥属物种进行群体水平取样，通过基因组重测序获得了5千多万个单碱基核酸变异位点。群体基因组学分析发现，这些物种的基因组变异格局高度相似，遗传变异水平与重组率和基因密度相关，说明长期的连锁选择和保守的基因组特征共同塑造了相似的基因组变异景观。进一步，研究通过追踪多个遗传参数间相关性随着物种分化时间增加的变化趋势证实，除背景选择外，反复的选择性清除也是导致基因组相似变异模式的重要驱动力。该研究通过对不同物种基因组上等位基因分布模式、遗传负荷积累程度以及正选择信号的综合分析，揭示了种间渐渗特别是适应性渐渗对锥属物种基因组变异模式的影响。

上述研究揭示了多种进化力量共同驱动基因组变异格局的复杂过程与机制。

近期，相关研究成果发表在《分子生物学与进化》（Molecular Biology and Evolution）上。研究工作得到广东省基础与应用基础研究旗舰项目和广东省重点实验室项目的支持。

[论文链接](#)

研究团队单位：华南植物园

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](http://www.iikx.com)转发