壳斗科锥属物种间相似基因组变异模式获揭示

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/29443.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！

壳斗科锥属物种间相似基因组变异模式获揭示。中国科学院华南植物园研究员王宝生团队在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资助下，研究揭示了壳斗科锥属物种间相似基因组变异模式形成的进化机制。相关成果发表于《分子生物学与进化》（Molecular Biology and Evolution）。

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，受到多种进化力量的影响。但是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，已有的研究大都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性研究。

该研究首先组装了一个高质量的甜槠（Castanopsis eyrei）参考基因组，继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的取样，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（SNP）。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，并且遗传变异水平与重组率以及基因密度高度相关，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。

该研究进一步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，证实除背景选择以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，也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。（来源：中国科学报 朱汉斌 周标峰）

相关论文信息：https://doi.org/10.1093/molbev/msae191

作者：王宝生等 来源：《分子生物学与进化》

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