

新研究破译薇甘菊入侵基因密码

作者：writer 来源：科学网

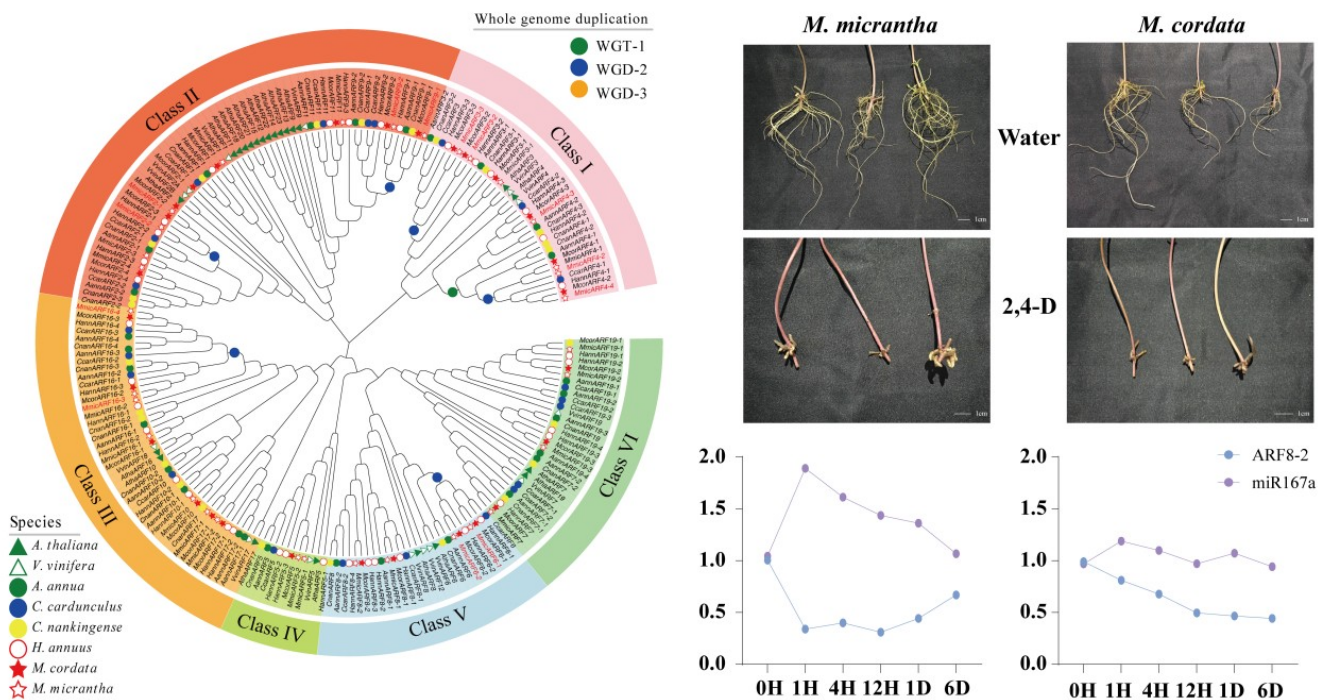
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35026.html>

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！

新研究破译薇甘菊入侵基因密码。薇甘菊作为全球十大最具危害的恶性入侵杂草之一，以其惊人的繁殖速度和强大的环境适应性，在亚洲、太平洋地区及中国华南地区造成严重生态破坏。然而，其基因组层面的适应性进化机制长期未被系统解析，制约了科学防控措施的研发。

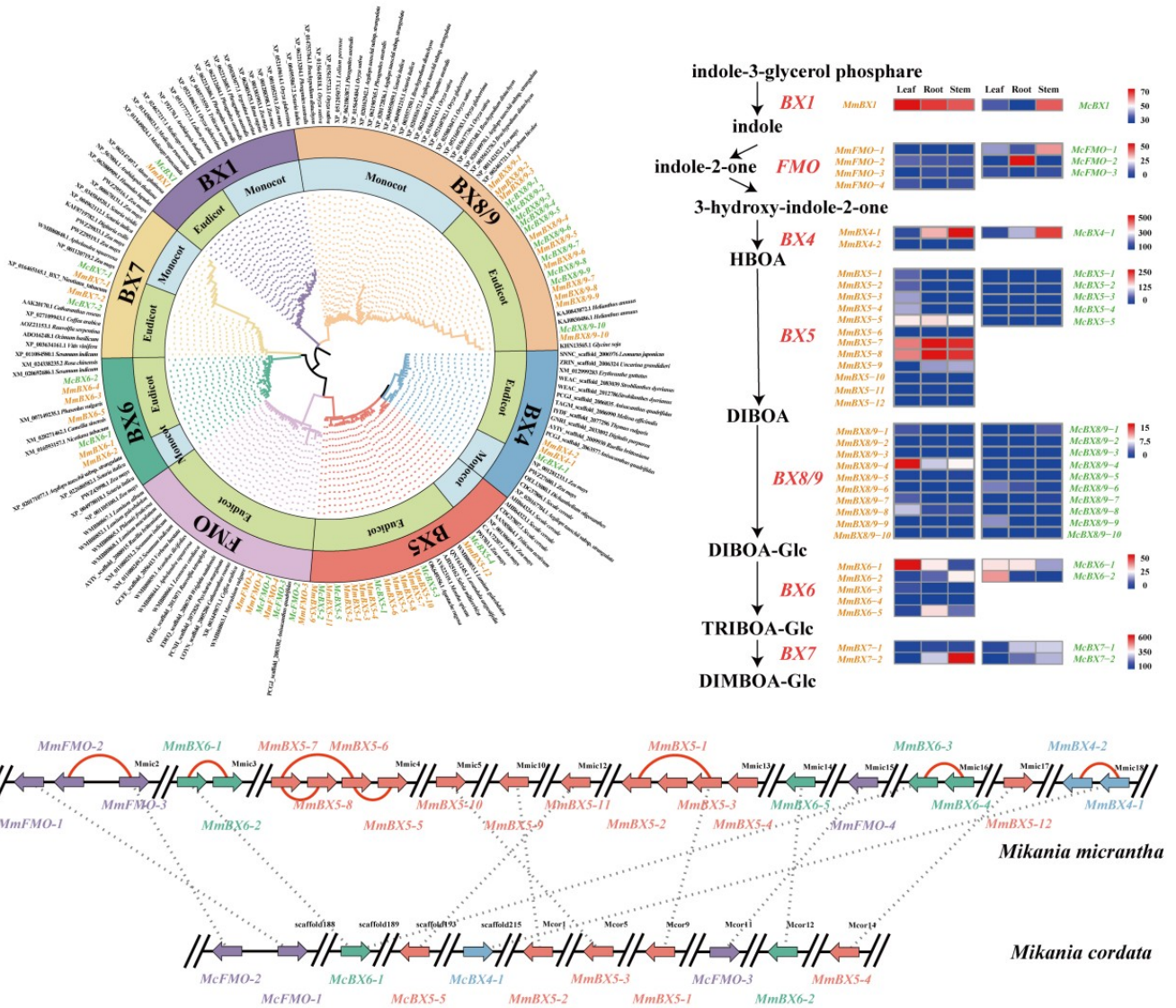
8月16日，《新植物学家》（New Phytologist）在线发表了中山大学教授苏应娟/廖文波团队与华南农业大学教授王艇团队最新成果。他们揭示了驱动薇甘菊入侵性形成和适应性进化的五大关键基因组事件：全基因组重复、基因家族扩张、转座元件介导的基因调控、胁迫响应基因的差异表达（尤其是旁系同源基因）以及代谢产物合成途径的调控。

期刊审稿人评价称，该研究通过大规模、多类型数据的整合分析，为入侵植物比较基因组学提供了宝贵资源，尤其在转座子驱动基因组进化和基因表达调控方面提出新视角，对理解植物适应性进化机制具有重要价值。

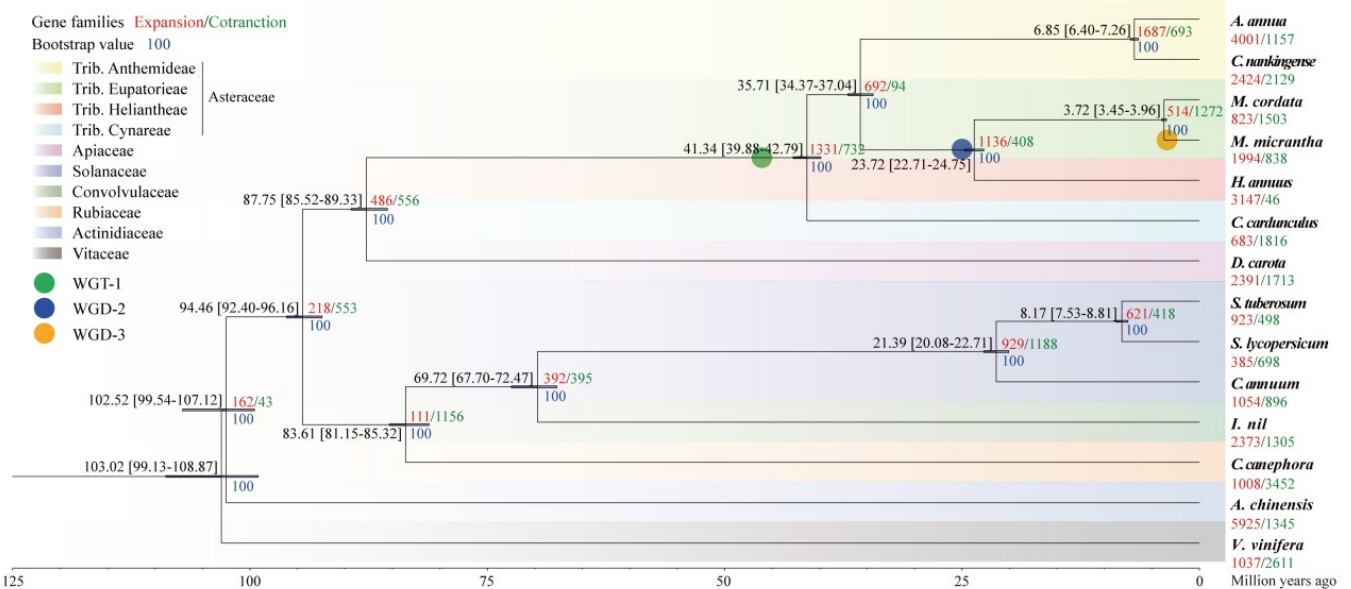
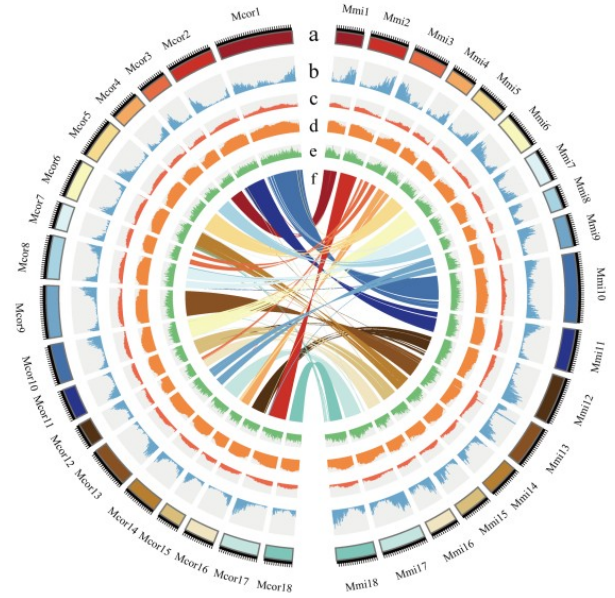
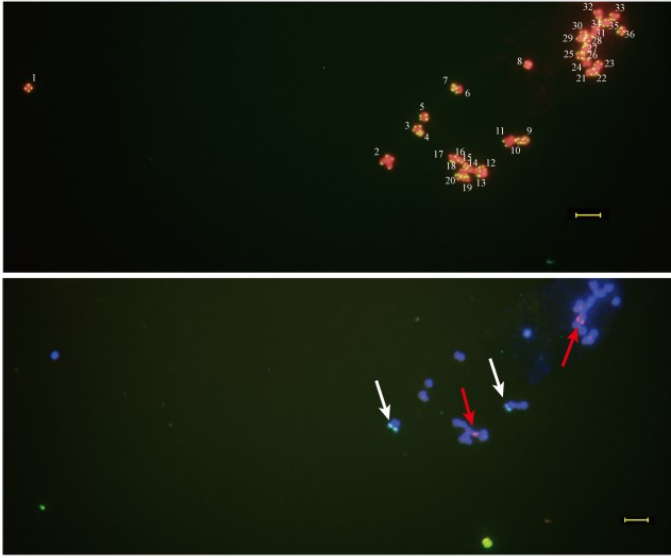


左图为ARF基因家族进化树，用于鉴定菊科代表植物的ARF基因家族成员；右图为经2,4-D处理6天后，和对照组相比，薇甘菊和假泽兰根生长及ARF8-2和miR167a基因表达的qRT-

PCR分析结果。研究团队供图，下同



左上图为BX基因家族进化树，给出在薇甘菊和假泽兰鉴定到的BX基因家族基因。右上图为薇甘菊和假泽兰的BX合成过程及其相关基因的表达水平，薇甘菊的基因表达更高；下图展示了薇甘菊和假泽兰BX基因家族成员在染色体的位置。



左上图为荧光原位杂交结果，偏下的结果确证了薇甘菊样本为2倍体，偏上的结果显示有丝分裂中期含有36条染色体，最终确认薇甘菊的核型（ $2n=2x=36$ ）；右上图为薇甘菊和假泽兰的基因组圈图；下图为系统发育树，同时给出了重要事件的分歧时间。

?

研究团队选择信号分析，鉴定出MmBX6-1和MmBX6-2基因在薇甘菊的适应性中起着重要作用。两基因编码的酶参与了和植物防御相关的代谢物合成。另外，选择性清除分析检测到薇甘菊经受了平衡选择的基因，富集于跟剪接体和ADP结合相关的功能类别。

记者了解到，该研究首次同时对入侵植物薇甘菊与其近缘本土种假泽兰在基因组学和转录组学进行系统的对比分析，揭示了决定薇甘菊入侵性形成的关键基因组组成和基因表达调控方式。这不仅为理解薇甘菊的快速扩张和适应性进化提供了新的入侵基因组学见解，同时也为薇甘菊的防控鉴定出了新靶标。

苏应娟指出，未来可尝试基于植物生长素信号调控途径研发精准的薇甘菊防控和根除手段，以遏制其对生态和农业生产的威胁。团队计划围绕植物生长素信号通路研究阻止薇甘菊入侵的新策略，为科学防控薇甘菊提供有力支持。

此外，团队计划继续在组学水平深入研究薇甘菊对环境胁迫的响应，特别是利用转基因与基因编辑等手段对本研究鉴定出的关键基因和代谢通路相关基因在入侵性和适应性方面所起的作用进行确证。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1111/nph.70448>

作者：苏应娟等 来源：《新植物学家》

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