
研究揭示东亚夏季风驱动亚热带常绿阔叶林植物的基因组适应机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35857.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！

研究揭示东亚夏季风驱动亚热带常绿阔叶林植物的基因组适应机制

。作为全球最典型的季风系统之一，东亚夏季风

(EASM)在地质历史上经历了多次起伏增强，其过程与东亚植被类型的更替、物种适应与谱系分化密切相关。近年来，越来越多的研究表明，EASM的形成与增强跟亚热带常绿阔叶林(EBLFs)存在密切关联，季风的出现和增强为EBLFs的起源与扩散提供了水热条件基础。尽管已有众多关于EBLFs演化历史的地质和生态证据，EASM如何从基因组层面推动这一区域植被类型的演化和物种适应仍缺乏深入探究。

中国科学

院西双版纳热带植

物园研究团队选取生态类型多样、地

理分布广泛的黄杞属(Engelhardia

)作为研究模型。该属广泛分布于东南亚至中国南部，跨越从热带雨林到亚热带常绿阔叶林的多个生态带，充分反映了对不同水热环境的长期适应与演化分化，为理解季风气候背景下植物生态分化、功能适应和基因组演化提供了天然模型，也为揭示常绿阔叶林起源与演化机制提供了关键线索。

研究对五个黄杞属物种及一个近缘类群马尾树进行了染色体水平的高质量基因组组装与注释。六个物种的基因组大小差异显著，预测基因数介于31000到53000之间。通过1052个单拷贝基因构建的进化树发现，常绿树种与落叶树种的分化始于约52

Mya，典型常绿树种少叶黄杞与黄杞的进一步分化发生于约25 Mya，恰与EASM增强期相吻合。

随着季风带来的降水增加，亚洲干旱地区逐渐变得湿润，推动了植被从落叶林向常绿林的转变。

基因家族富集分析进一步揭示了常绿与落叶类群在功能上的显著分化。常绿类群扩张的基因主要富集于光合作用、激素信号转导及氧化还原过程等路径，反映其对湿润、低光、高竞争环境的长期适应；而落叶类群中扩张的基因则显著富集于ABA信号通路、次生代谢和防御反应相关路径，强化了其对干旱胁迫的快速响应机制。该结果表明常绿与落叶生态策略的形成，不仅体现在谱系分化与基因组结构上，也深刻嵌入于基因功能的选择性扩增之中。进一步分析发现，常绿物种少叶黄杞在基因组功能上展现出显著的适应性优势。其中，与植物挥发性代谢与防御反应相关的萜烯合酶基因家族出现了大规模扩张，可能赋予其在湿润、竞争激烈的常绿林中更强的生存能力。同时，少叶黄杞的基因组显著大于落叶类群，主要归因于转座子，特别是DNA_CMC-EnSpm家

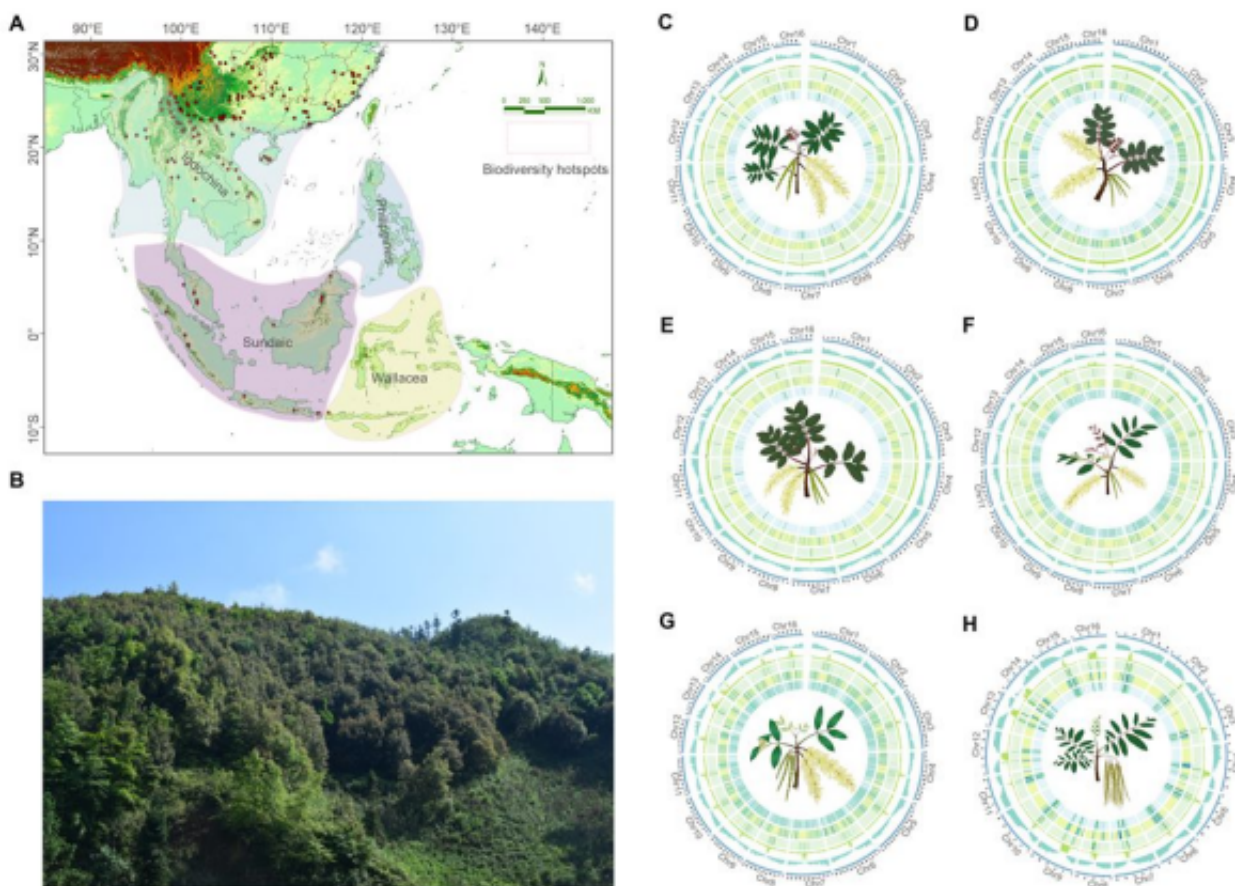
族的持续扩增。基因组组成变化叠加功能扩张，少叶黄杞显现出基因组层面的“适湿型”进化路径，为应对夏季风带来的高温高湿环境提供了遗传支撑。

该研究通过整合系统发育、基因组结构、功能路径与表达差异等信息，不仅厘清了常绿-落叶生态策略的演化基础，也为气候变化背景下东亚森林植被的适应潜力评估与濒危物种保护提供了理论支撑。

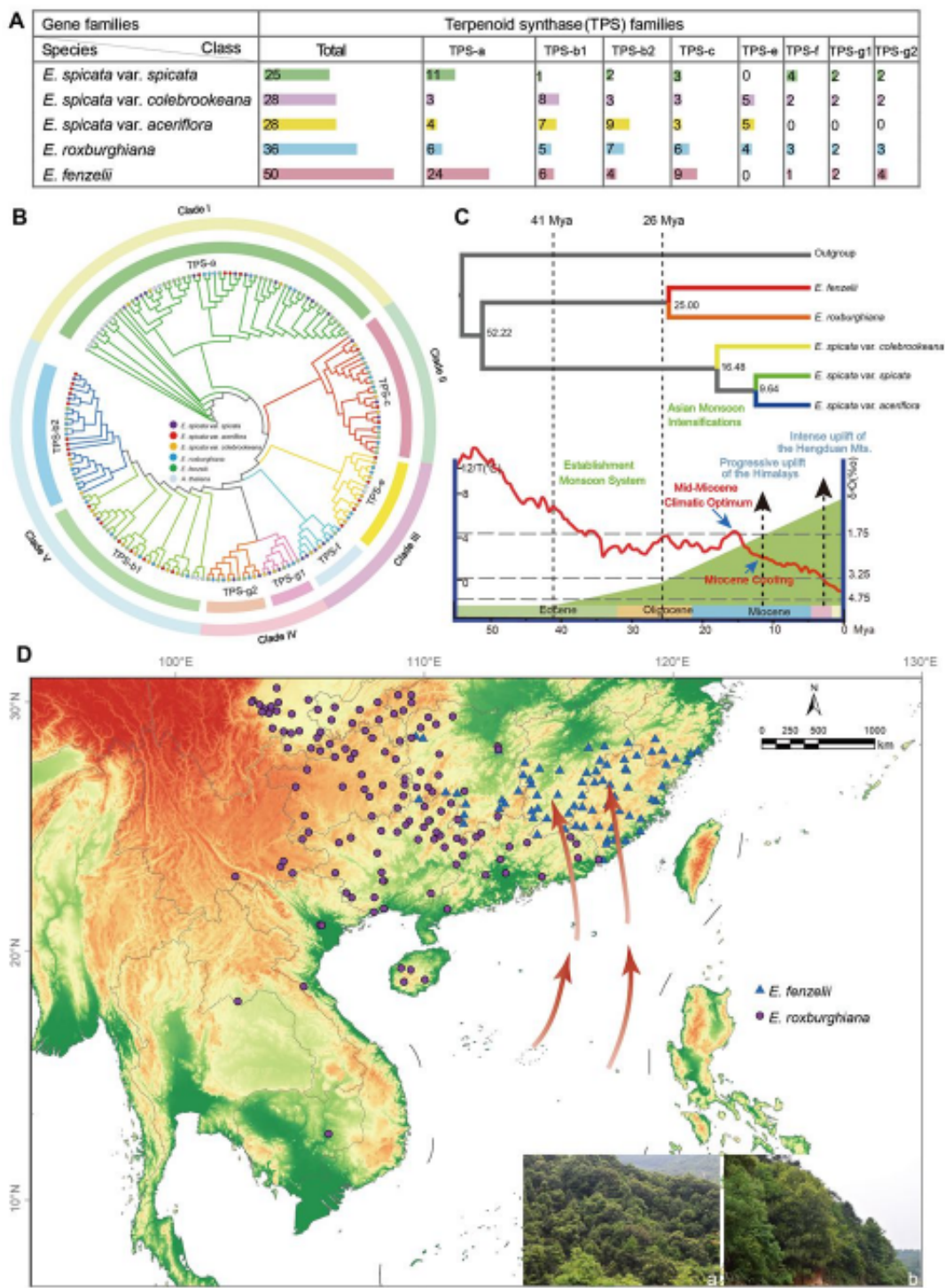
相关研究成果以Genome analyses provide insights into Engelhardias adaptation to East Asia Summer Monsoon为题，发表在《植物多样性》（Plant Diversity

）上。研究工作得到国家自然科学基金、中国科学院东南亚生物多样性研究中心、云南省“兴滇英才支持计划”等的支持。

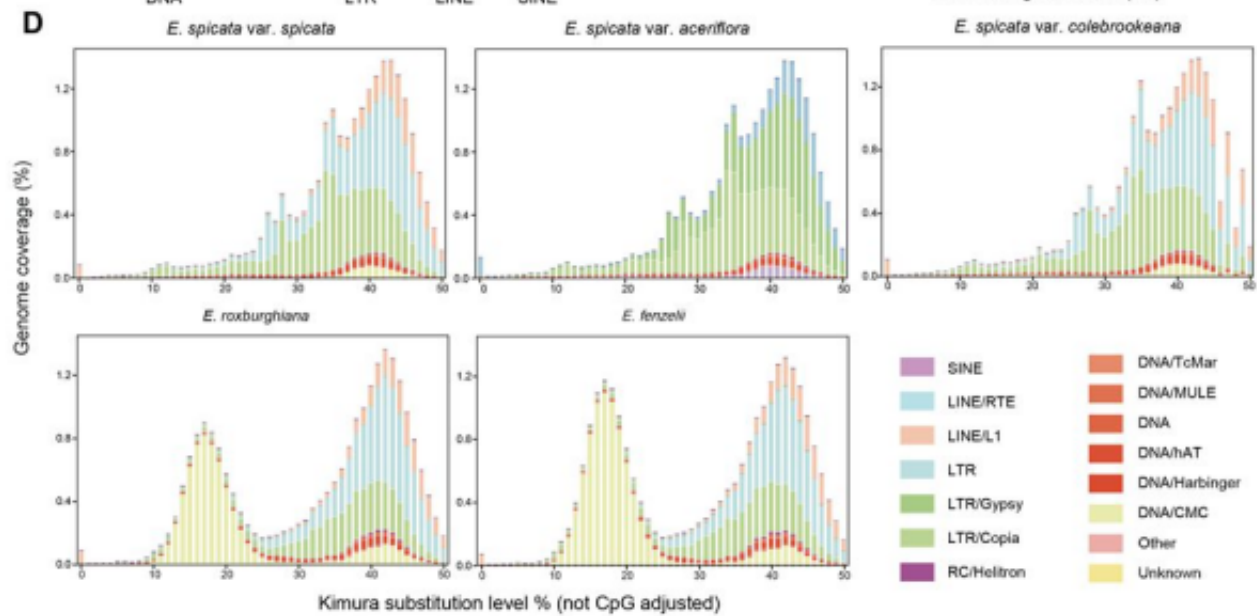
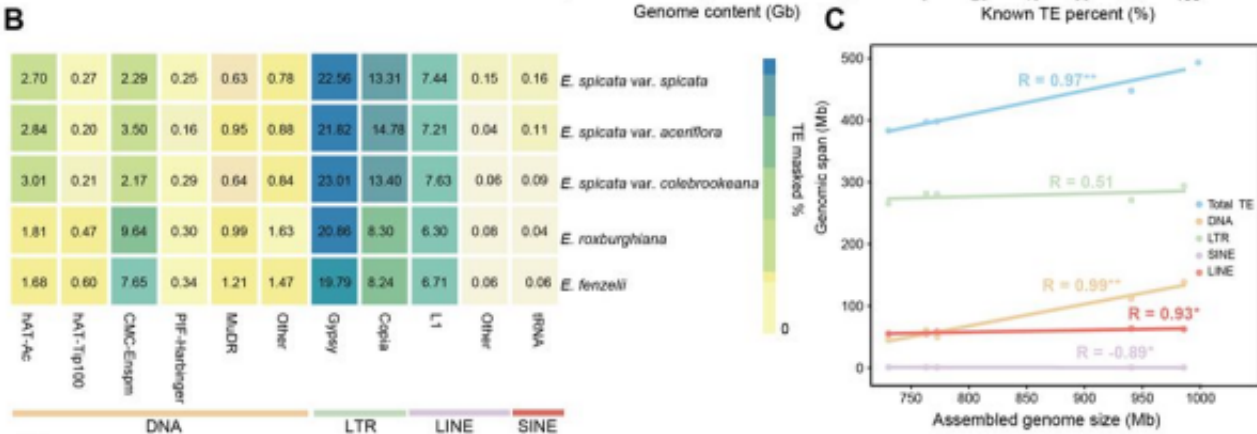
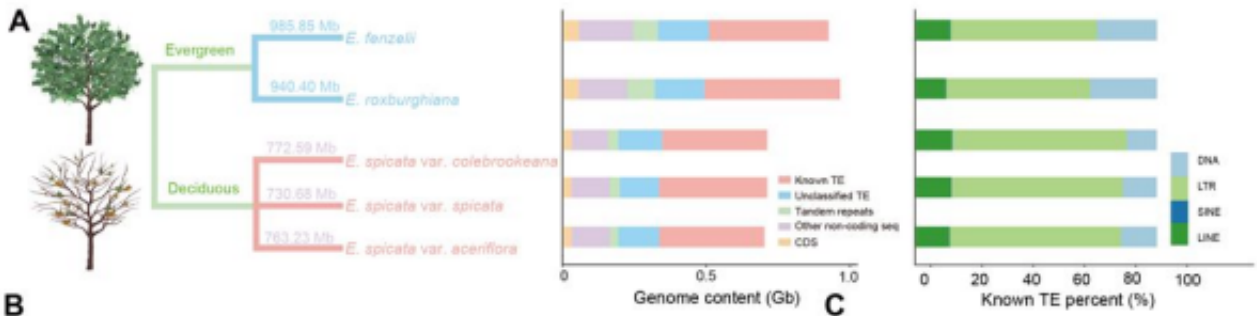
[论文链接](#)



黄杞属物种分布、生境及基因组特征



黄杞属萜烯合酶基因家族鉴定及气候变化对少叶黄杞萜类合成的潜在影响



黄杞属物种转座子组成与基因组大小变异

研究团队单位：西双版纳热带植物园

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