
版纳植物园樟科植物比较转录组学研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3638.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！

版纳植物园樟科植物比较转录组学研究获进展。樟科植物在克朗奎斯特分类法中被分到木兰亚纲(Magnoliidae)中，被视为双子叶植物中比较原始的类群。这类植物的萼瓣不分，花瓣和萼片联合在一起，统称花被。樟科树种具有多种经济用途，许多种类的种子富含脂肪酸。然而，这一类群的遗传学与基因组学研究背景十分薄弱，目前仅有鳄梨(*Persea americana*)、山胡椒(*Lindera glauca*)和山鸡椒(*Litsea cubeba*)等少数种类的转录组学数据公布。在前期系统发育基因组学的基础上，中国科学院西双版纳热带植物园生物多样性研究组研究人员及其合作者分别选取滇润楠(*Machilus yunnanensis*)和滇新樟(*Neocinnamomum caudatum*)为实验材料，完成了比较转录组分析研究。

滇润楠花朵、花苞及叶片转录组数据获得了37877个差异表达的转录本序列，其中各有121个和111个显著差异表达基因被归类到开花调控网络和激素调控网络。与模式植物拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)的同源基因比较发现：141对参与开花调控和激素调控的同源基因在滇润楠和拟南芥开花过程中表现出相似的表达模式，但在营养器官(叶片)和繁殖器官(花)中不同；生长素、赤霉素和油菜素内酯相关的基因在滇润楠和拟南芥中都参与了开花过程；参与拟南芥花瓣和花萼分化的AP1、AP3、FLC、FLD和FD等基因未能在滇润楠转录组中比对到同源序列，但参与花期控制的LFY基因在两种植物中参与调控。上述结果提示滇润楠开花过程的调控网络与拟南芥相似，但滇润楠花发育基因可能存在缺失。

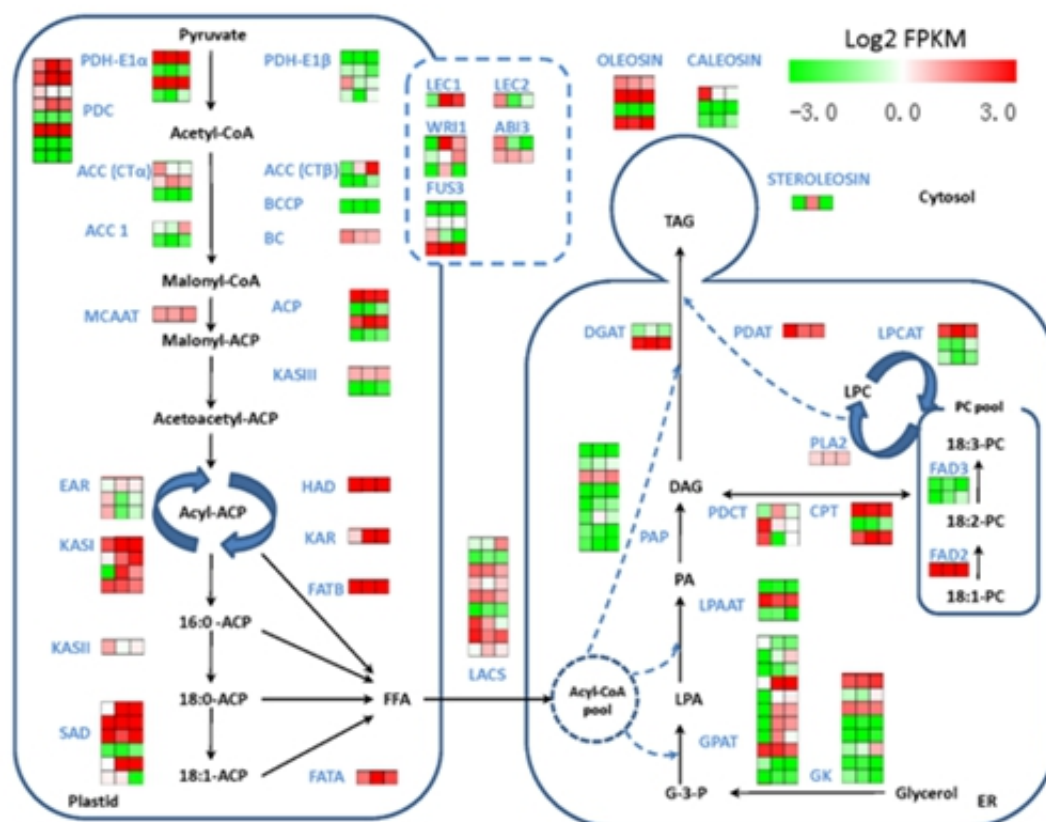
滇新樟不同发育阶段的种子转录组数据获得了239703个转录本序列，差异表达分析筛选出了137个在种子成熟过程中参与脂肪酸合成的转录本序列。基因表达模式及基因序列比较发现：参与脂肪酸合成的KASI、KASII、SAD、FAD2、FAD8和FATA/B基因在不同发育阶段的种子内差异表达；滇新樟的FATB基因序列与其它樟科植物的FATB基因序列差异较大；滇新樟FATB基因在工程菌中的表达产物可以显著提升底物合成长链脂肪酸的比例。上述结果提示滇新樟种子含有较多长链脂肪酸很可能与其FATB基因有关。

以上成果分别以The floral transcriptome of *Machilus yunnanensis*, a tree in the magnoliid family Lauraceae和Transcriptome analysis reveals a composite molecular map linked to unique seed oil profile of *Neocinnamomum caudatum* 为题，发表于Computational Biology and Chemistry和BMC Plant Biology杂志。该研究得到国家自然科学基金委、中科院“西部之光”和东南亚生物多样性研究中心等的资助。

论文链接：12



滇润楠开花调控网络示意图



滇新樟脂类合成途径示意图

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发