兰属植物emndhem基因普遍退化及其演化响应研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/37963.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！

兰属植物emndhem基因普遍退化及其演化响应研究取得进展。

作为研究植物生态适应与营养策略演化的理想模型，兰属植物涵盖了从附生到地生、从绿色自养到
完全
菌源异养
的丰富生活型。在
这一复杂的演化过程中，质体基因组
中负责光合辅助调节的*ndh*
基因家族（编码NADH脱氢酶复合体）发挥着关键作用。由于异养演化常伴随质体基因组变异，而*ndh*
基因的降解被视为基因组退化的初级阶段，其动态规律一直是演化生物学领域尚未完全解开的谜题。

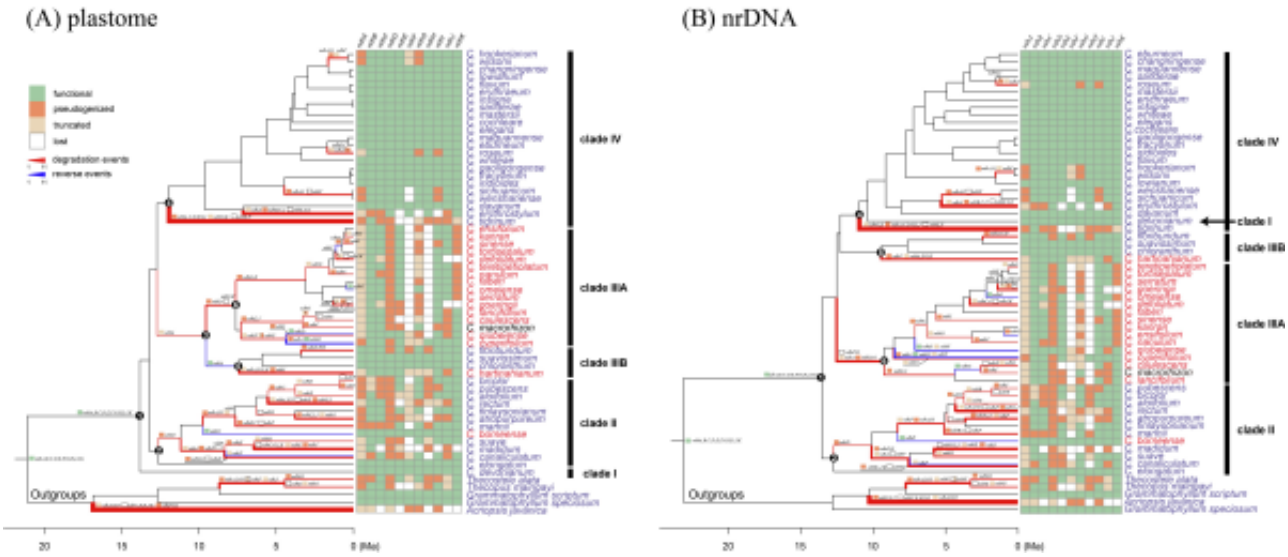
近日，中国科学院西双版纳热带植物园等研究团队，对兰属植物进行了近乎全物种的深度采样，涵盖了56个
物种。研究通过基
因组浅层测序获取了叶绿体全基因组
和核核糖体DNA序列
。利用系统发育基因组学、祖先状态重建及选择压力分析等手段，研究团队深入探讨了兰属质体基因组演化的时空动态，为理解植物从自养向异养转变过程中的基因组退化规律提供了新视角。

通过整合质体与核基因组系统发育树进行祖先状态重建，研究有力地证明了兰属植物的最近共同祖先（MRCA）拥有完整的11个*ndh*基因及特定的反向重复区
（IR）边界结构。这意味着，兰属现存
物种中普遍存在的*ndh*基因退化并非遗传自
MRCA，而是在后续演化过程中独立发生的渐进式降解。

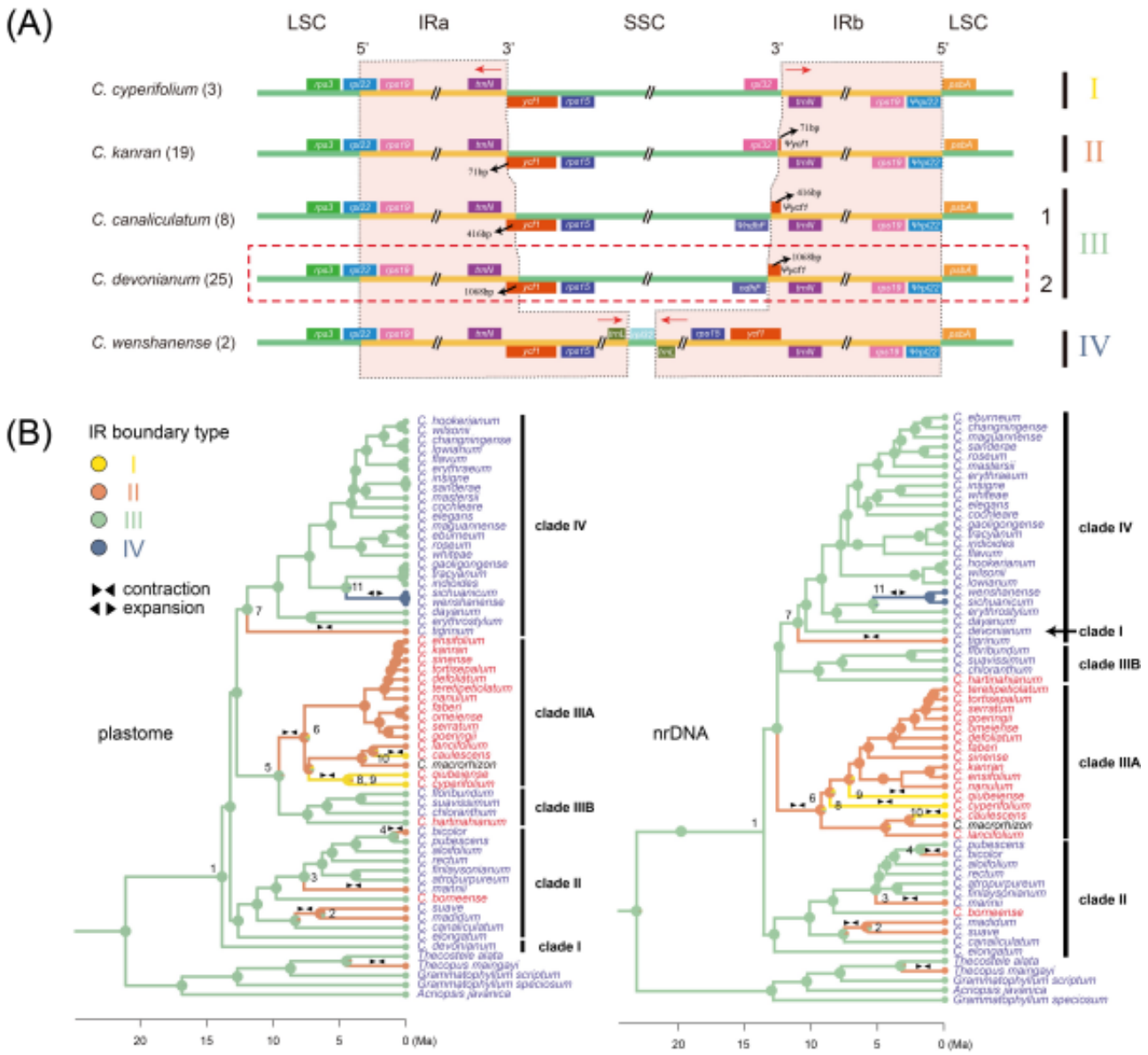
研究揭示了*ndh*
基
因降
解与生态
环境适应之间的复
杂关联。在生长于高曝光树冠环境的
附生支系中，由于需要*ndh*
复合体介导的循环电子流来增强光保护并调节ATP/NADPH比例，其基因保留最为完整。而在演化出强景天酸代谢途径的附生支系，以及生长在弱光林下且依赖菌根的地生支系中，环境选择压力的放松可能导致*ndh*
基因大规模的假基因化与丢失。此外，研究还发现质体基因组结构的变异，特别是IR边界的收缩，往往与*ndhF*基因的丢失高度耦合，这在约8Ma—10Ma的地生类群演化历史中尤为显著。

值得注意的是，研究对兰属中唯一完全菌根异养物种——大根兰的分析，发现了明显的演化“滞后”现象。尽管大根兰在形态上已演化为完全无叶的异养型，但其质体基因组仍保留了4个完整的*ndh*
基因，其结构与绿色的姊妹种兔耳兰高度相似。这种形态演化先行、基因组降解滞后的“时间脱节”，主要归因于其较短的异养演化历史。这一发现表明，异养植物的形态退化与基因组退化并非总是同步，质体基因组的退化程度与异养转变后的演化时长密切相关。

相关研究成果以*Comprehensive species sampling reveals pervasive pseudogenization and recurrent complete loss of plastid ndh genes in the genus Cymbidium (Orchidaceae)*为题，发表于*BMC Plant Biology*。研究工作得到国家自然科学基金等的支持。



基于质体基因组和核核糖体DNA数据集的*ndh*基因祖先状态重建



兰属植物IR边界变异

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转发