

研究揭示蔷薇科水杨酸生物合成通路演化机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/39350.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！

研究揭示蔷薇科水杨酸生物合成通路演化机制

。水杨酸（SA）是植物免疫和胁迫响应中的核心植物激素，在调控生长与防御权衡中发挥关键作用。近年来，苯丙氨酸解氨酶（PAL）介导的SA生物合成途径研究在生化层面取得进展，但学界对其在不同植物

类群中的进化动态仍缺乏系统认识。

绣线菊属植物作为天然

SA的最早来源之一，在SA代谢研究中具有重要意义，但长期缺乏高质量参考基因组，制约了相关研究的深入开展。

近日，中国科学院华南植物园研究团队以中华绣线菊为研究对象，构建了其染色体水平高质量参考基因组，

并整合比较基因组学、

转录组学及靶向代谢组学数据，系统解析了蔷

薇科

SA生物合成通路的演化机制。系统发育分析表明，中华绣线菊位于蔷薇科李亚科，并在约5780万年前与其他类群发生分化。进一步研究发现，染色体断裂与融合事件，以及谱系特异性全基因组复制（WGD），共同驱动了蔷薇科核型结构的多样化。

研究结果表明，PAL介导的途径是蔷薇科SA生物合成的主导路径，并在进化上高度保守。在李亚科物种中，该通路主要通过WGD扩张；而在蔷薇亚科中，则由WGD与小尺度复制（SSD）共同驱动。来源于WGD的基因普遍具有良好的共线性，并维持稳定高表达；而SSD来源的基因则表现出共线性降低和表达模式差异，反映出复制后的调控分化与亚功能化过程。

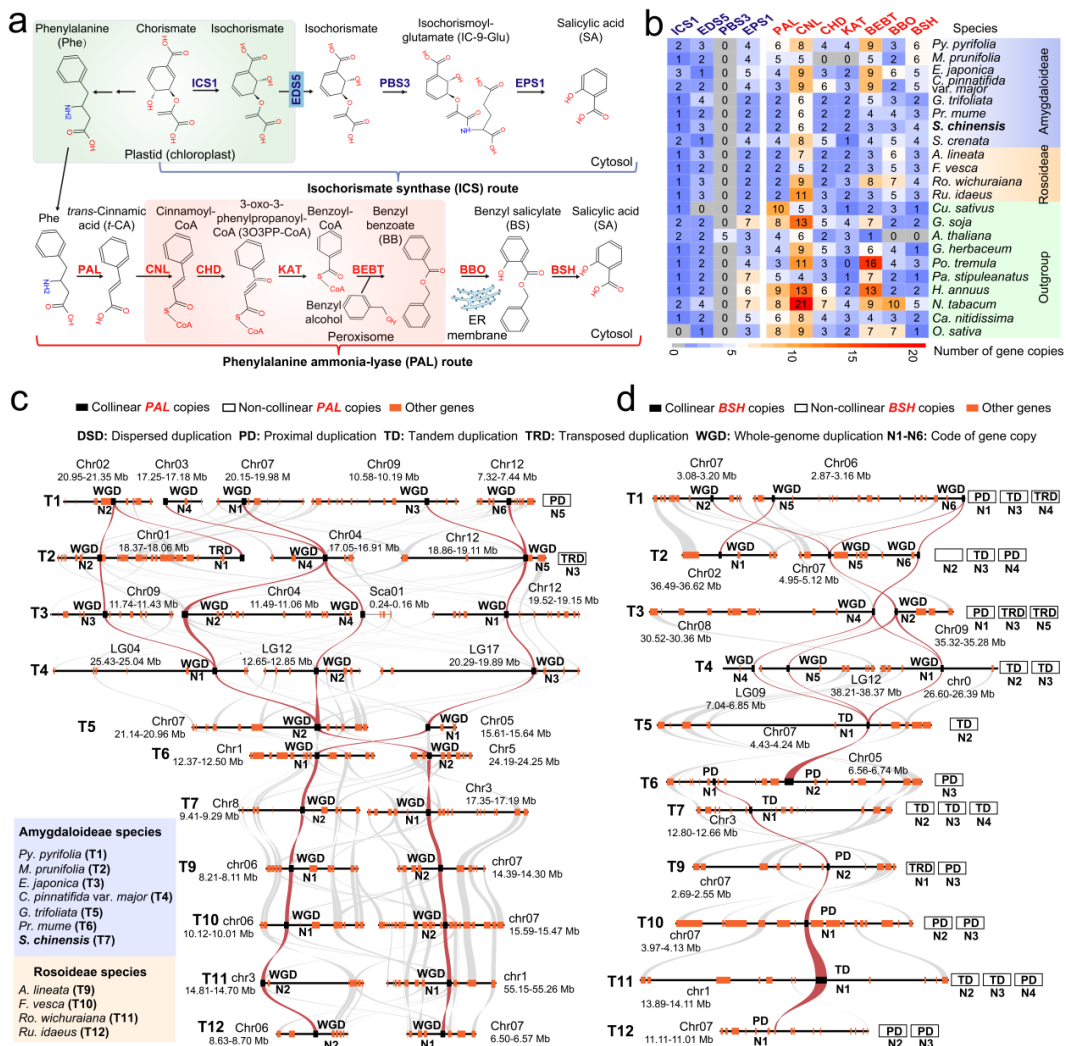
转录组分析进一步显示，PAL途径相关基因在不同组织中具有明显的表达差异。代谢组分析表明，中华绣线菊中SA含量呈现梯度分布：枝条最高（606 – 1038ng/g FW），叶片次之（183 – 432ng/g FW），而花中最低（42 – 56ng/g FW），这表明SA在营养器官与生殖器官中均存在活跃合成。

研究结果表明，基因组进化动态与转录及代谢调控的协同作用，共同驱动了SA生物合成通路的演化与功能分化，形成“核心稳定、外围灵活”的调控体系。该研究从基因组结构、基因复制、表达调控及代谢积累等多层面揭示了植物激素合成通路的演化机制，为理解植物免疫与环境适应提供了新视角，也为蔷薇科果树和观赏植物的抗病分子育种提供了重要理论依据。

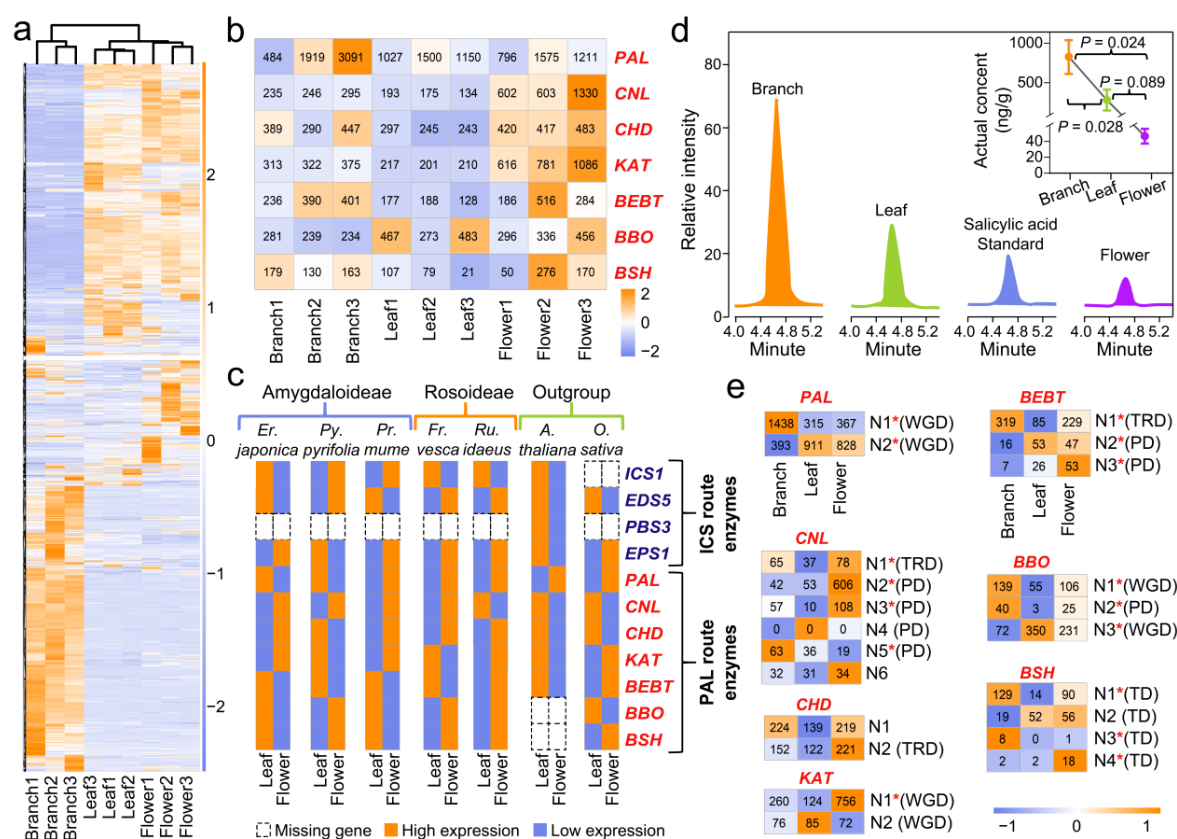
相关研究成果发表在《园艺研究》（*Horticulture*

Research) 上。研究工作得到国家自然科学基金委员会等的支持。

论文链接



蔷薇科SA生物合成通路的进化分析



蔷薇科物种全基因组表达模式及SA生物合成通路相关酶谱分析

研究团队单位：华南植物园

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](https://www.iikx.com)转发