武汉植物园在快速辐射分化类群风毛菊属研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/6656.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！

武汉植物园在快速辐射分化类群风毛菊属研究中取得进展。被誉为“ 世界屋脊 ”和地球“ 第三极 ”的青藏高原地区是世界上面积最大、海拔最高的高原。由于高原的隆升导致了周边环境的剧烈变化，形成了物种扩散的隔离障碍或通道，造成的地表环境和格局的异质化，为物种形成提供了新的生态位，驱动了该地区植物多样性的快速演化，使其成为世界上著名的生物多样性热点地区。在地质和气候剧烈变化的驱动下，青藏高原很多植物类群发生了快速的辐射进化，表现出丰富的形态性状多样化，以适应高原地区极端复杂的环境。由于辐射进化类群分化时间较短，分子序列的变异还没能够充分保留，传统的分子系统学很难重建其系统关系，成为研究其生物地理和适应性进化的阻碍。基因组成为解决辐射进化类群系统发育关系的重要手段。

风毛菊属Saussurea DC. 隶属菊科菜蓟族，约300种，广泛分布于北半球地区，是典型的高原辐射进化类群。风毛菊属物种生境复杂多样，从干冷的高山草甸、高山流石滩到盐碱地、草原、荒漠，甚至湿地和森林都有分布，最高可达到海拔5000米以上。该属具有丰富的形态多样性，如全株密被绵毛或绒毛的雪兔子亚属，和具有独特苞叶的雪莲亚属。过去几十年里，许多学者开展了风毛菊属的系统分类研究，但该属物种形态性状复杂多样、种间形态界限模糊，分类学存在很大问题。由于经历了快速的辐射分化，基于基因片段不能提供足够的分辨率来解决属内系统关系。

中国科学院武汉植物园系统与进化学科组在青藏高原科考时，采集了风毛菊属所有亚属，开展了叶绿体基因组研究。分析表明，大多数蛋白编码基因都处于“ 净化选择 ”状态，表现出该属叶绿体基因组的保守性。采用叶绿体基因组生成的不同数据集，即编码序列和全叶绿体基因组序列，以及核苷酸序列和蛋白序列，并基于序列“ 串联 ”和“ 联合 ”两种方法进行了多次系统发育重建，极大地提高了风毛菊属系统发育的分辨率和支持率，结果表明传统形态学分类的四个亚属中的三个都不是单系，为适应极端复杂的高原环境，风毛菊属内物种发生了趋同演化，导致亲缘关系较远的物种之间产生了相似的形状，因此目前用于分类的性状并不可靠。通过全叶绿体基因组扫描，鉴定出了7个多态性较高的位点，为群体遗传学和分子鉴定提供了资源。该研究通过建立不同数据集深入探讨了叶绿体基因组不同位置、以及不同序列在解决辐射进化类群系统关系上的效力，为系统基因组学提供了新的思路。

研究论文以Plastome phylogenomics of Saussurea (Asteraceae: Cardueae)
为题近期发表在国际期刊BMC Plant
Biology。系统与进化课题组研究生张旭为论文第一作者，副研究员孙延霞具体指导完成。

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