

---

# 小垫柳全基因组分析为横断山高山植物多样性起源提供证据

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/7347.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！

## 小垫柳全基因组分析为横断山高山植物多样性起源提供证据

。横断山（中国西南山地）是全球生物多样性热点地区之一，具有丰富的生物多样性，尤其是高山植物多样性极为显著。解释横断山生物多样性成因假说之一是横断山的快速隆升造成复杂的地形地貌、多样的生境和剧烈的气候波动等因素的作用导致物种种群的隔离和分化，进而促进物种形成。

为验证这个假说，中国科学院昆明植物研究所青藏高原-喜马拉雅植物多样性形成与演变团队孙航研究组、陈家辉研究组，植物基因组演化与基因功能发掘团队杨永平研究组联合云南师范大学、北京大学、法国国家农业研究院（INRA）、英国圣安德鲁斯大学（University of St. Andrews）、北京源宜基因科技有限公司，以横断山地区典型的高山冰缘带植物——呈天空岛分布模式的杨柳科柳属垫状植物小垫柳（*Salix brachista*，英文名Cushion willow）为研究对象，使用二代（Illumina）、三代（PacBio+Nanopore）以及染色体构象捕获技术（Hi-C）等手段获取了小垫柳一个雌性个体的染色体级别的高质量参考基因组，基因组组装约340Mb，contig N50为9.5Mb，scaffold N50为17.9Mb。以此为参考基因组对涵盖小垫柳分布区的14个种群的77个个体进行了全基因组重测序，获得了约160万个高质量单核苷酸变异位点（SNP），在此基础上进行了小垫柳遗传多样性、遗传结构、演化模式等群体遗传学和演化分析。

研究结果表明：小垫柳具有显著的种群分化，尽管其具有长距离传播的能力，但种群间的基因流微弱。小垫柳自晚中新世以来的群体波动与剧烈的气候波动耦合。天空岛效应、多样而异质的生境和气候波动可能是驱动小垫柳种内群体分化的重要因素。小垫柳的扩张基因家族和快速演化基因家族显著的富集到DNA修复和花青素合成等通路，这些通路可能与高海拔地区强烈的紫外辐射导致的DNA损伤的修复相关。小垫柳的15号染色体与其它柳属相比具有大量的大片段重组事件，说明柳属的性别决定区域的演化是动态的，具有物种特异性，其性染色体的演化尚未完成。自然选择在小垫柳高、低海拔群体中的作用区域和强度都具有显著的差异，说明分布于横断山区海拔高差大、生境多样而异质的物种可能在自然选择的作用下发生种下的种群分化。

该研究成果于11月19日以Genome-wide analysis of Cushion willow provides insights into alpine plant divergence in a biodiversity hotspot 为题在《自然-通讯》（Nature Communications

）在线发表。昆明植物所副研究员陈家辉、云南师范大学副教授黄媛、INRA的Benjamin Brachi博士、源宜基因云权正、张仁纲为共同第一作者，昆明植物所研究员孙航、杨永平、副研究员陈家

辉和圣安德鲁斯大学教授Richard

Abbott为共同通讯作者。该研究得到中科院战略性先导科技专项（XDA 20050203）、国家重点研发计划（2017YF0505200）、国家自然科学基金（31590823、31670198、31560062）、昆明植物所自主部署重大专项（KIB2016005）、中科院青年促进会等的资助。

[文章链接](#)

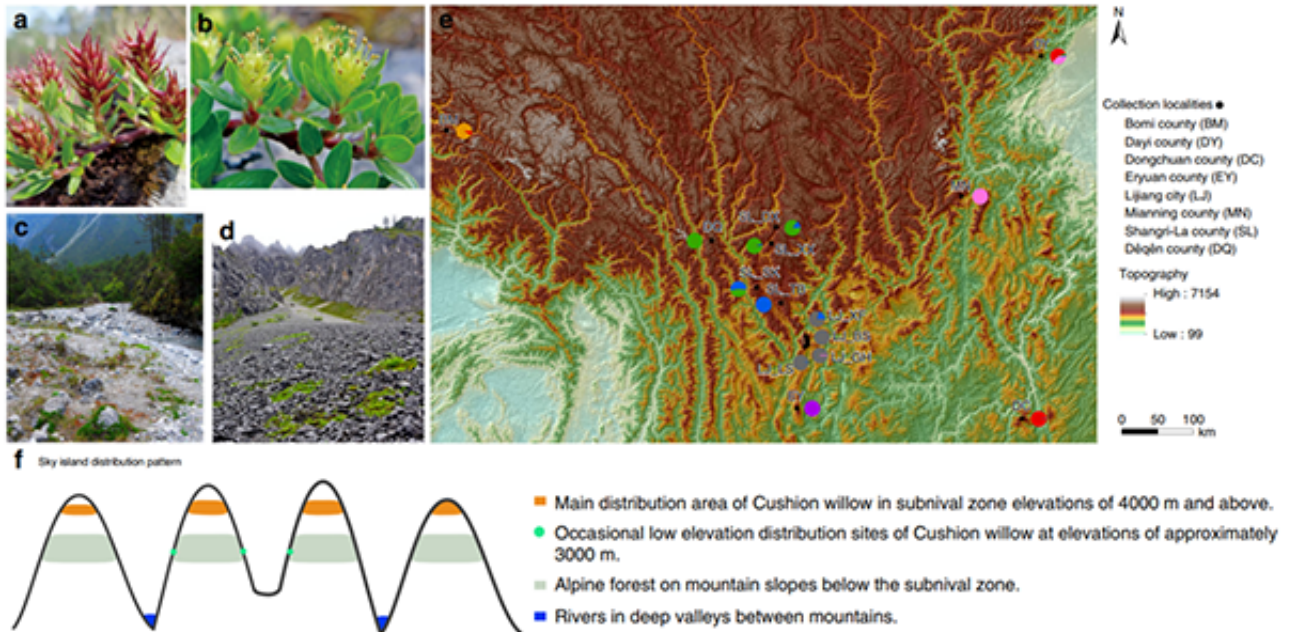


图1 小垫柳植物图片及其天空岛分布模式和取样点

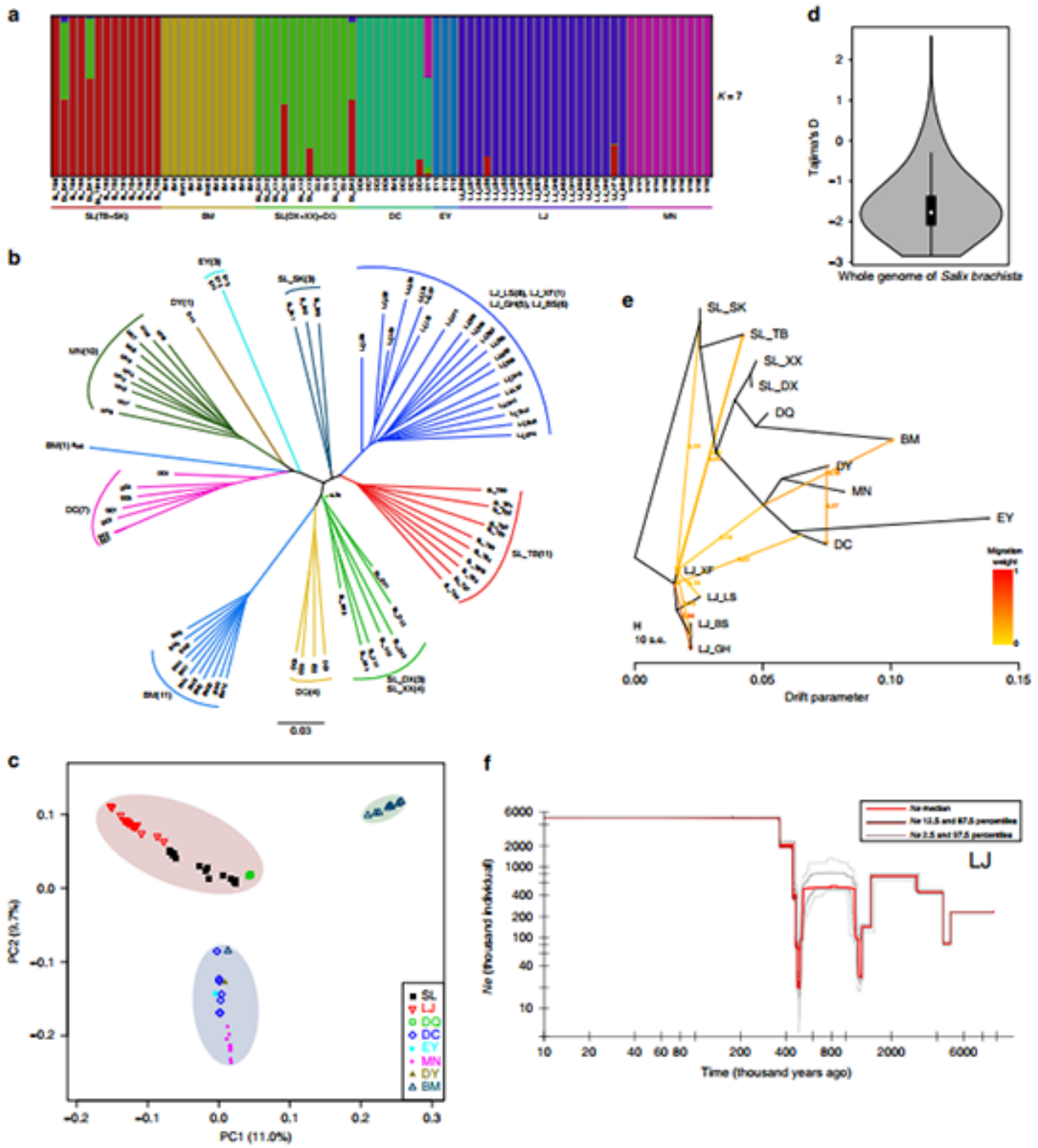


图2 小垫柳群体遗传学分析

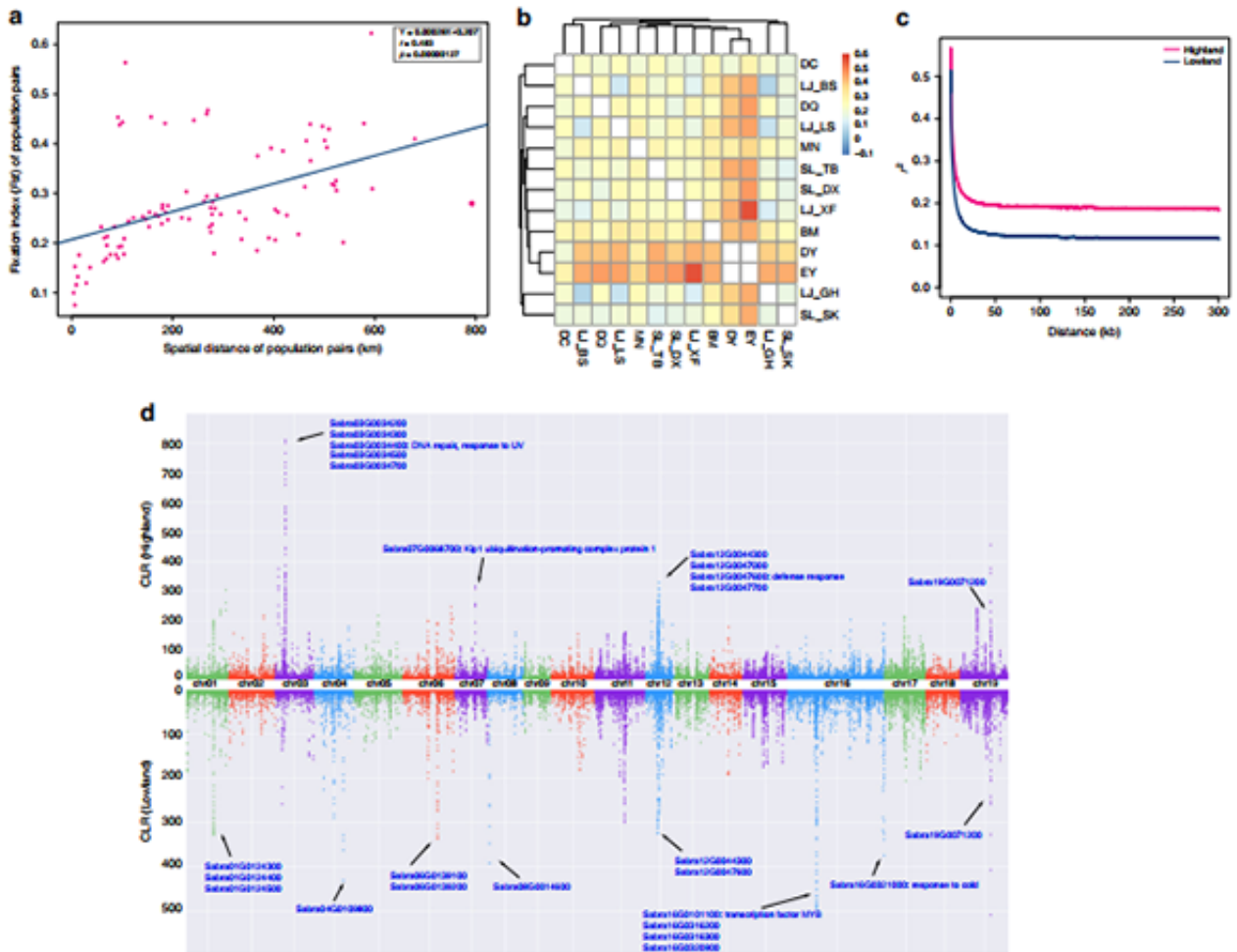


图3 小垫柳自然选择分析  
研究团队单位：昆明植物研究所

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