植物所在花器官身份基因与靶基因间的调控进化研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/9981.html

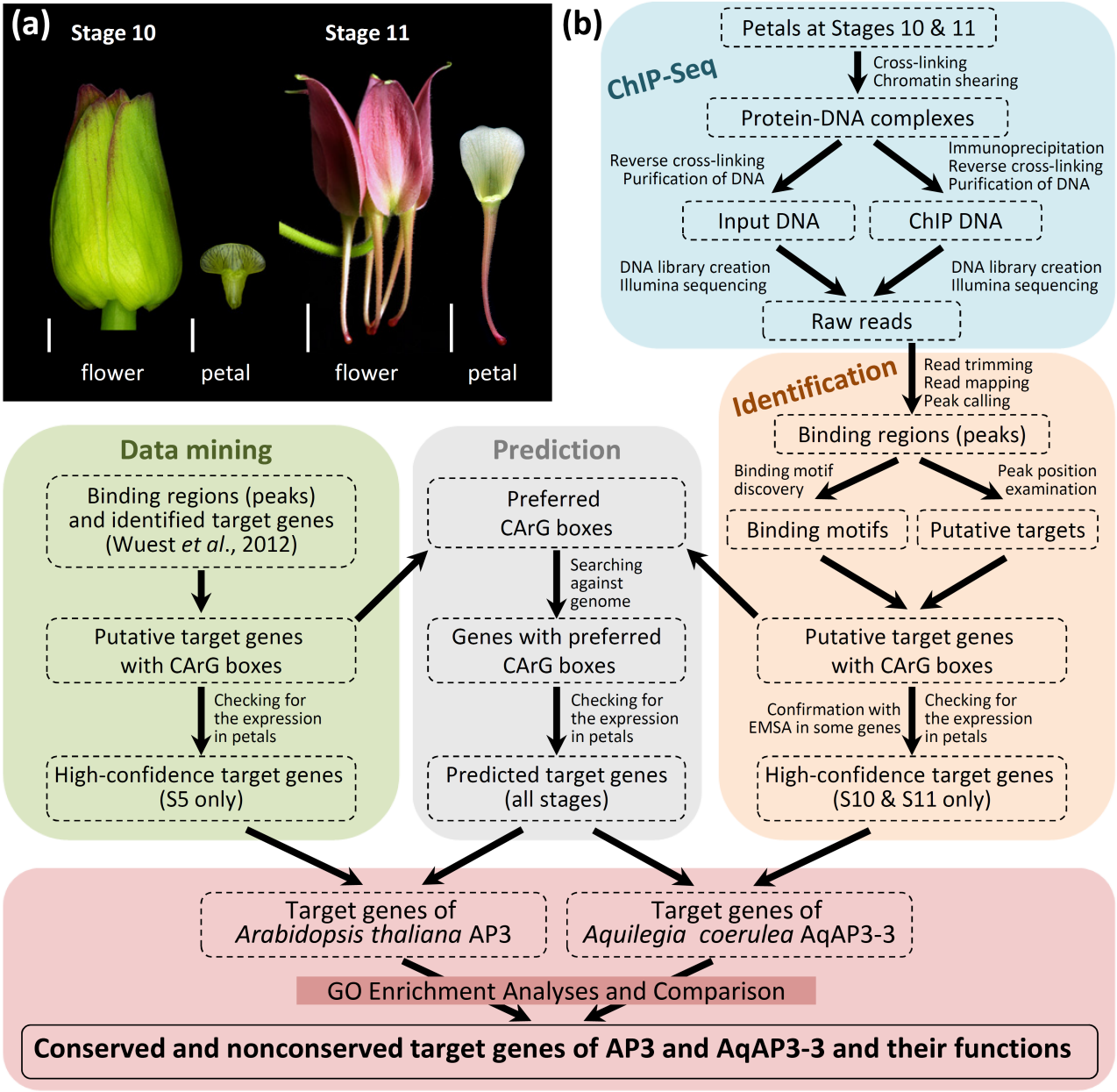
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

植物花器官的类型（如萼片、花瓣、雄蕊和心皮等）有限，但在大小、形状、结构和颜色等方面表现出丰富的多样性。鉴定和比较不同物种中花器官身份基因的靶基因，是理解花器官共性和特性形成分子机制的关键。然而，由于现有的研究仅限于少数几个物种，花器官身份基因与靶基因间调控进化的整体情况尚不清楚。

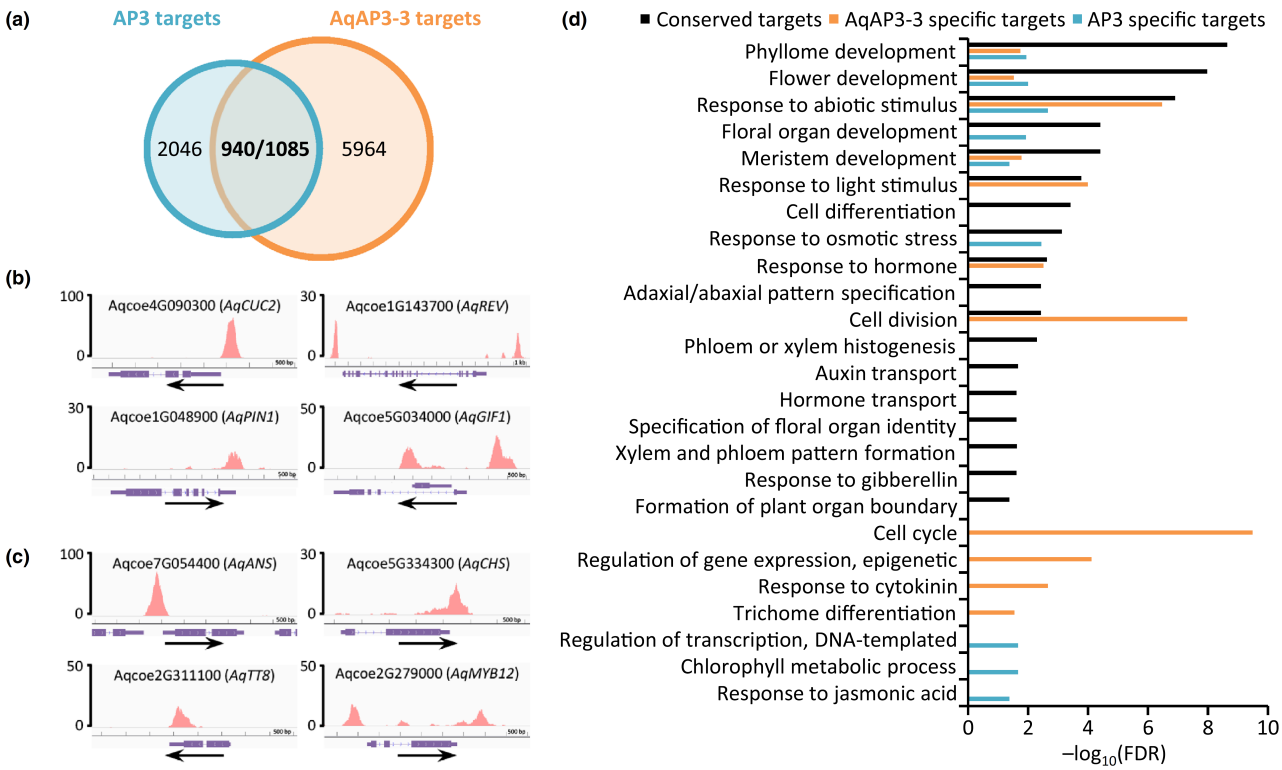
中国科学院植物研究所孔宏智研究组与徐桂霞研究组合作，以毛茛科蓝花耧斗菜（*Aquilegia coerulea*）为材料，利用ChIP-seq技术和生物信息学方法，鉴定了花瓣身份基因*AqAP3-3*的靶基因。研究发现：*AqAP3-3*在基因组上结合的保守序列（基序）为CArG box类型，多数位于靶基因启动子区；*AqAP3-3*与拟南芥*AP3*共享的靶基因是进化上高度保守的靶基因，主要决定花瓣身份相关的性状；进化上不保守的靶基因大多参与特有性状的形成，如蓝花耧斗菜的距、蜜腺、表皮毛和花瓣颜色等。这些结果说明花瓣身份基因在不同物种中对已有调控网络的招募或新调控关系的建立，是花瓣形态结构多样化的主要原因。该研究结果不仅是理解花瓣共性和特性的基础，而且为研究花器官身份基因与靶基因间的调控进化提供了新思路。

该研究成果于近日在线发表于国际学术期刊*New Phytologist*。植物所已毕业博士生蒋永超、助理研究员张睿和博士生王美美为本文共同第一作者，研究员徐桂霞和孔宏智为共同通讯作者。该研究得到国家自然科学基金项目和中科院项目的资助。

文章链接



蓝花耧斗菜的花及本研究的流程图



*AqAP3-3*和*AP3*靶基因的比较

研究团队单位：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转发