昆明植物所禾本科BEP分支及近缘物种比较研究取得进展

文章来源：昆明植物研究所 发布时间：2013-06-03 【字号： 小 中 大 】

BEP分支——即竹亚科（*Bambusoideae*）、稻亚科（*Ehrhartoideae*）和早熟禾亚科（*Pooideae*），是禾本科（*Poaceae*）重要组成部分之一。最近十几年以来，研究人员付出了巨大的努力，但是BEP分支的系统发育关系仍然存在争议。值得欣喜的是，近两年来，研究人员利用叶绿体全基因组序列信息，支持竹亚科和早熟禾亚科具有更近缘的系统关系。然而，叶绿体基因是单亲遗传（绝大部分是母系遗传），进化速率相对比较慢，它们不一定真正反映了物种的进化历史。因此，利用核基因（双亲遗传）来探求它们的进化关系是非常必要的。

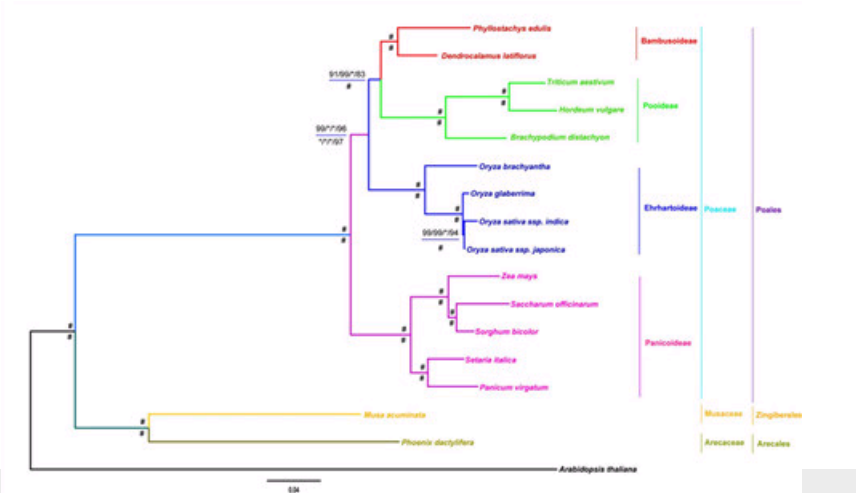
最近，中国科学院昆明植物研究所郭振华研究组、李德铢研究组利用具有11个全基因组和6个转录组的物种序列对上述问题进行了深入的研究。通过生物信息学方法，研究人员在17个物种中识别了121个单拷贝或低拷贝的直系同源基因组（orthologous groups），然后利用多种方法推断了系统发育关系，结果强烈表明竹亚科和早熟禾亚科的系统关系更加近缘。至今为止，该研究组已利用叶绿体基因组和核基因组数据都一致确认，BEP分支是单系类群，在其分支之内，竹亚科与早熟禾亚科更加近缘，它们共同构成了稻亚科的姐妹群。此外，研究人员在禾本科的14个物种中识别了173个直系同源基因，并进行了选择压力分析，其中9个基因具有正选择的位点；在热带和温带的代表竹种麻竹和毛竹中识别了314个直系同源基因，其中24个基因呈现了正选择趋势。最后，研究人员对这些受到正选择的基因进行了功能注释，发现了一些基因涉及环境压力响应、生殖发育、细胞分裂、信号传导、激素合成与生化代谢等功能，如：WCOR413，PM5，Meu13，OsClp8，RRM and DNA-directed RNA polymerase II。

本文研究结果对长期以来所争论的禾本科BEP分支进化亲缘关系进行了确认。同时，发掘到一些正选择基因，这为理解禾本科的适应性进化提供了重要价值，为后续的基因功能验证，转基因与分子育种的研究提供了重要的基础材料。

上述研究结果以*Phylogenomic Analyses of Nuclear Genes Reveal the Evolutionary Relationships within the BEP Clade and the Evidence of Positive Selection in Poaceae*为题发表于《公共科学图书馆－综合》（*PLoS ONE*）上，并被学术编辑(Academic Editor) Axel Janke 博士给予了高度评价。

该研究得到了中国科学院知识创新工程项目（KSCX2-YW-N-067）、国家自然科学基金项目（30990244）、NSFC-云南省联合基金项目（U1136603）、教育部留学回国人员科研启动基金和云南省中青年学术和技术带头人基金（2008PY065）的支持。

论文链接



竹亚科、稻亚科和早熟禾亚科的系统发育关系图（PAUP, RAxML, MrBayes 和MP-EST 用来推断了系统关系。水平线上方和下方分别代表基于蛋白质和核酸序列推断出的支持率。）“*”代表支持率为PP=1.0或者BP=100。“#”代表所有支持全为1.0和100. 基于蛋白质超矩阵，MrBayes估计了各分支的长度。

打印本页 关闭本页

© 1996 - 2013 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 可信网站身份验证 联系我们
地址：北京市三里河路52号 邮编：100864