

[首页](#) > [科研进展](#)

## 植物所科研人员在翠雀族植物复杂花发育和进化机制研究中取得新进展

发布时间: 2022-12-26 | 【大 中 小】

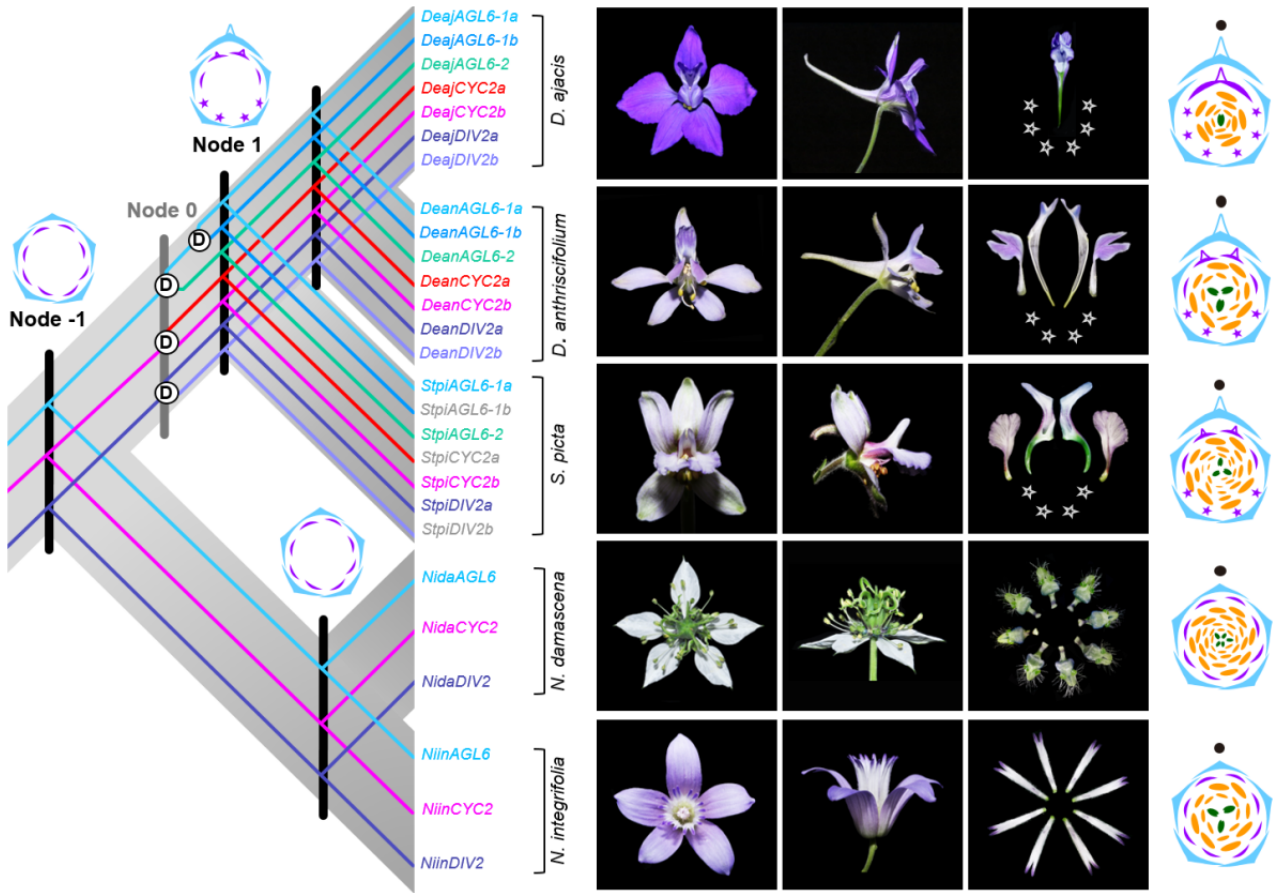
在被子植物中，由于植物与传粉者之间的相互作用，很多类群（如豆科、唇形科、毛茛科、兰科和姜科）演化出了形态和结构高度特化的复杂花。决定花器官身份的ABCE和四聚体模型以及决定花两侧对称性的极坐标模型（the polar coordinate model）为理解不同类型花发育的分子机制奠定了基础，但是关于复杂花发育和进化的分子机制在很大程度上仍不清楚。毛茛科翠雀族（Delphinieae）植物的花高度特化，为近两侧对称的螺旋状花，且背部带距萼片和背部带距花瓣形成嵌套的距中距结构，侧部和腹部萼片和花瓣不带距或退化，是研究复杂花发育和进化机制的理想体系。

中科院植物所孔宏智研究组长期从事花的发育与进化研究。最近，科研人员以翠雀族的代表物种为研究材料，通过深入的系统发育、比较转录组、表达和功能研究，全面探究了复杂花发育和进化的分子机制。研究发现，花器官身份基因AP3-3和AGL6以及花对称性基因CYC和DIV类的重复和/或分化与翠雀族植物花的起源密切相关；与外类群黑种草族（Nigelleae）相比，AGL6亚家族的一个拷贝（即AGL6-1a）和CYC2亚家族的两个拷贝（即CYC2a和CYC2b）在翠雀族中获得了决定花两侧对称性的新功能。有意思的是，研究还发现花的背部身份基因CYC2b是花瓣身份基因AP3-3的正调控因子，而花的侧部-腹部身份基因CYC2a与AGL6-1a和DIV1形成复杂的调控反馈环。这些结果表明，花对称基因的重复和分化，以及重复拷贝被招募到已有花发育调控网络中，可能是翠雀族植物复杂花起源的关键。此外，结合CYC2类基因的序列和功能分化特点，科研人员推测翠雀族植物花的起源可能经历了一个全部萼片和花瓣均带距的、近辐射对称的中间状态。该研究不仅为理解复杂花进化的机制提供了新思路，而且强调了基因重复对性状创新的重要贡献。

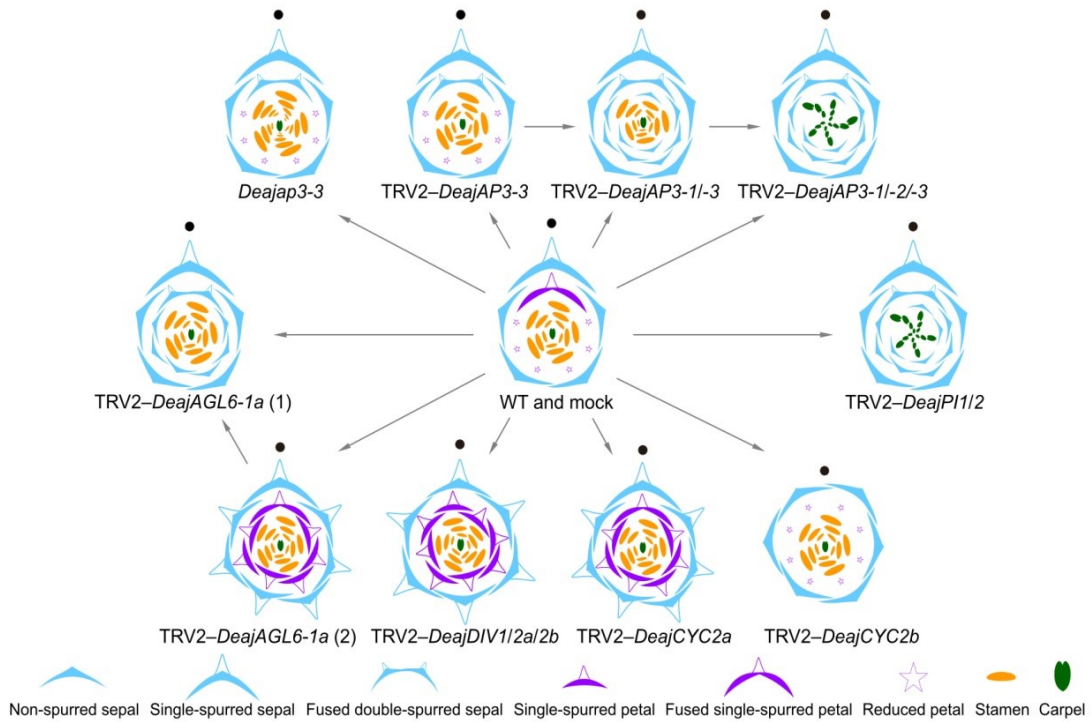
该研究成果于2022年12月23日在线发表于国际学术期刊*The Plant Cell*上。植物所已毕业博士研究生赵慧琪、廖虹和在读博士研究生李水仙为本文共同第一作者，孔宏智研究员和山红艳副研究员为共同通讯作者。该研究得到了中国科学院和国家自然科学基金委项目的资助。

文章链接: <https://doi.org/10.1093/plcell/koac368>

(进化实验室供稿)



AGL6、CYC2和DIV2类基因的进化与翠雀族植物近两侧对称花的起源密切相关



花图示展示翠雀族代表物种飞燕草中花器官身份基因和花对称性基因VIGS处理后花的表型变化



版权所有 © 中国科学院植物研究所 备案号: 京ICP备16067583  
号-24 文保网安备案号: 1101080078  
地址: 北京市海淀区香山南辛村20号 邮编: 100093  
电话: 010-62590835

