



● 植物基因组进化中的“关键”事件 ●

发布日期: [2003. 4. 9]

文章以 [[大字](#) [中字](#) [小字](#)] 阅读

作者:

出自: <http://www.ebiotrade.com>

自150多年前达尔文发表了“物种起源”以来,科学家们一直在寻求更好地了解现今种类丰富的植物是何时、又如何从同一祖先分化来的。

乔治亚大学发表在《自然》上的一篇新研究揭示了植物进化中的关键事件。这些新发现时科学家可以推测高等植物的共同祖先中基因序列。研究还揭示了区分植物彼此及其祖先的一个方法。

“通过研究最小开花植物—拟南芥Arabidopsis的基因组序列,我们证明,其大多数基因都是2亿多年前复制出来的,并且在8千万年前左右又一次发生复制。”这项研究的领导人、乔治亚大学的植物遗传学家Andrew Paterson说。“继而发生的‘额外基因’丢失导致了现代植物的诸多差异。”

两年前,科学家完成了拟南芥基因组的测序。拟南芥是一种小型杂草植物,被广泛用于植物遗传学研究。拟南芥是首个被测序的植物,之所以选定拟南芥是因为科学家以为测序拟南芥基因组会相当简单,因为它的基因组很小。但有时候小并不意味着简单。

遍布拟南芥5条染色体上的是成千上万个好像没有用处的“垃圾”基因。当乔治亚大学的科学家比较所有的基因时,他们发现了相似的基因组合在染色体上的2个、4个甚至8个不同区域复制的证据。

许多植物中的大多数基因都有两个甚至更多拷贝,这已广为人知。但为什么会存在这些拷贝以及这些拷贝是何时产生的还是一个谜。这些基因拷贝在小小的拟南芥中惊人的丰富度表明,基因组复制在进化中所起的作用可能比我们早先认为的还要大。

为什么这些基因会复制?它们何时复制?要回答这些问题需要许多计算机比较和差异分析。

科学家们反复比较了拟南芥基因拷贝与其它植物中的基因,试图查明哪些基因曾经“共同生活在一起。”该研究的作者之一、乔治亚大学的研究生Brad Chapman说。“具有类似基因组合的复制、并且以类似方式排列的基因组,可能已长期共同存在了很长时间,Chapman说。

“我们检查了许许多多组合。”Paterson说。“我们检查了拟南芥与棉花、花椰菜、苜蓿、大豆、马铃薯、水稻、松树以及苔藓的组合。”

经过22000多次这样的比较,研究结果已只有一步之遥,科学家们寻找了关键点。关键点表明了复制时间何时发生,Paterson说。这项研究证明,拟南芥的基因组至少复制了两次,也许还有第三次。

每次复制事件发生时,拟南芥的全部遗传序列都加倍。所有植物的遗传材料都有许多多余拷贝。随着时间的推移

移，这些多余基因被重新组合或丢失。研究人员怀疑这个机制或许可以解释不同物种的出现。

“2亿多万年前发生的基因组复制事件事实上发生于所有植物中。” Paterson说。“8千万年前发生的复制对许多植物有影响，但不是所有植物。”

这项研究引起了科学界的注意，因为它将进化方法与基因组数据结合在一起，对自然世界有了更多的了解。

这些信息将产生重要的经济影响，因为科学家可以更好地利用拟南芥序列。科学家可以研究和改进其它DNA还没有完全测序的植物，如花生、棉花、小麦等，节省了时间或金钱。

“例如，我们可以抽取2000个已知棉花基因，与拟南芥序列进行比较，通过分析，可以更好地推测其它48000个基因。” Paterson 说。

信息来源 <http://www.ebiotrade.com>

[[关闭窗口](#) [打印文本](#)]

相关主题:

[幼年地球拥有强大磁场](#)

[美完成两千多种流感病毒基因组测序](#)

[帝斯曼发布黑曲霉基因组DNA序列](#)

[研究发现了生物进化速度加快的原因](#)

[昆明植物所在鼠尾草属植物化学成分研究中取得进展](#)

[气象专家盘点2006全国十大气象事件](#)

[西北农科大葡萄属植物野生种抗白粉病基因克隆研究进展](#)

[我国高产优质燃料油植物种质资源研究工作进展顺利](#)

[蜜蜂进化的最新研究进展](#)

[星系的发展符合达尔文进化论吗？法国和意大利天文学家对此提出新的看法](#)
