



科研进展

昆明植物所与合作者揭示罂粟属物种的网状异源多倍化起源

昆明植物研究所 张仁纲, 马永鹏 2023-04-20 小中大

自然杂交和多倍化是物种形成和演化的重要驱动力，尤其对于被子植物，其导致的网状进化对基于二叉分枝理论的“生命之树”提出了挑战。然而，在全基因组水平解析植物网状演化的研究案例缺乏，究其原因在于具有全基因组序列的物种在属、科级水平的覆盖度与代表性不足。

罂粟属植物因其重要的药用、经济和观赏价值而备受关注，目前该属植物已经发表3个高质量基因组物种。其中，鸦片罂粟 (*Papaver somniferum*) 和渥美罂粟 (*Papaver setigerum*) 的形成涉及多倍化过程。该研究以三种罂粟属植物基因组为基础，结合亚基因组分型技术，对罂粟属植物的多倍体起源进行了细致的解析。研究发现，罂粟属植物的多倍化事件并非已经报道的简单的全基因组加倍，而是涉及复杂的网状异源多倍化 (图1A-D)。此外，研究人员还利用LTR插入时间估计了各个物种的形成时间并进一步推断了物种形成过程 (图1E, 图2)。

基于该研究提出的基因组网状演化模型，*STORR* (吗啡合成的关键基因) 的融合事件最有可能发生在A和C的祖先中，甚至最早可能发生于这个物种复合体的最近共同祖先中，并通过杂交方式传入鸦片罂粟和渥美罂粟的基因组中 (图2)。总体而言，该研究不仅对于理解网状演化在生物多样性中的作用具有重要意义，还对理解吗啡生物合成途径的演化具有意义。

近日，中国科学院昆明植物研究所、山东省农科院和于默奥大学等单位的研究团队合作，在国际知名期刊 *Nature Communications* 在线发表了题为 *Subgenome-aware analyses suggest a reticulate allopolyploidization origin in three Papaver genomes* 的研究论文。中国科学院昆明植物研究所极小种群野生植物综合保护团队保护园艺学与种质创新专题组博士研究生张仁纲、山东省农科院博士后曹朝霞、源宜基因李光远为论文的共同第一作者。中国科学院昆明植物研究所马永鹏研究员、山东省农科院贾凯华博士和瑞典于默奥大学赵伟博士为论文的共同通讯作者。该工作还包含来自北京化工大学、济南大学、石家庄人民医专、扬益信孚 (济南) 生物科技有限公司、山东省林草种质资源中心、北京林业大学等合作者的贡献。该研究得到了国家重点研发计划 (2022YFF1301702)、云南省自然科学基金重点项目 (202001AS070019)、中科院西部之光及山东省农科院创新工程及瑞典研究理事会等项目的资助。

文章链接

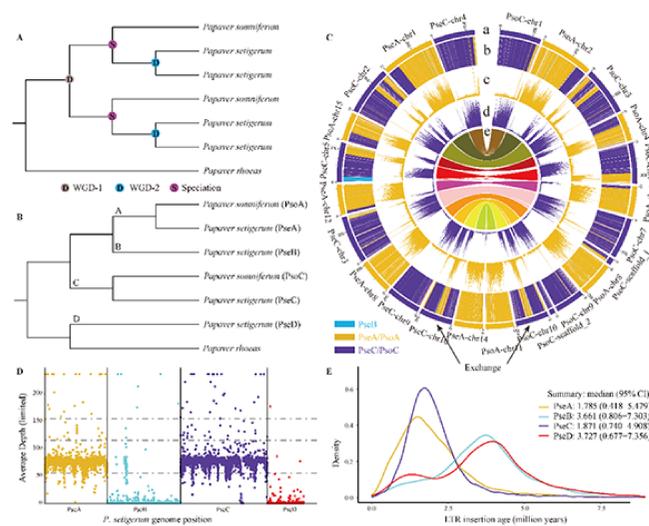


图1 罂粟属物种亚基因组的起源和演化

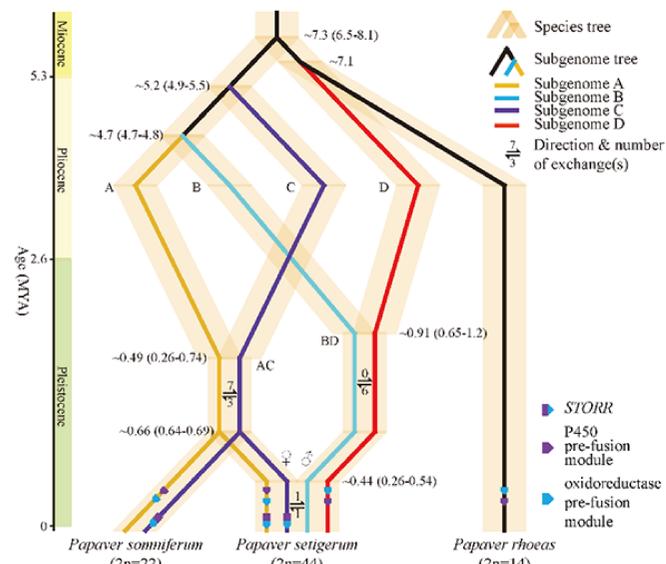


图2 罂粟属物种的网状异源多倍化模型以及 *STORR* 基因的演化

-----相关链接-----

-----院属机构-----

-----友情链接-----