



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展,
率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 > 科研进展

成都生物所在蔷薇属研究中获系列进展

文章来源: 成都生物研究所 发布时间: 2015-12-07 【字号: 小 中 大】

我要分享

蔷薇属是一个极其复杂的类群, 大约有150-200种, 广泛分布于北半球的温带和亚热带地区, 个别种类分布到热带。该属中众多物种作为观赏植物长期以来受到大家的喜爱, 作为中国原产的月季花 (*Rosa chinensis*) 不仅成为了表达爱情的象征, 而且还成为了英国国花 (在中国由于翻译的原因, 长期以来把西方表达爱情的 rose, 简单地翻译成玫瑰, 成为了语言习惯, 实际上人们送的花仍然是月季)。玫瑰精油更是成为了重要的化妆品、食品和药物生产加工的重要原料。

中国科学院成都生物研究所研究员高信芬课题组对全国的野生蔷薇属植物资源进行了广泛的调查采集和迁地保育, 并对欧洲的部分野生蔷薇进行了标本和实验样品的收集。历时8年, 通过在分子水平上对蔷薇属级水平、属下分类群和物种复合群等三个不同层次的研究, 课题组在蔷薇属的研究中取得了突破性进展。

该项目获得国家自然科学基金面上项目no. 31070173, 中科院知识创新项目KSCX2-EW-J-22、KSCX2-EW-Z-1, 科技部基础专项2007FY110100, 四川省植物资源平台项目和中科院外籍青年科学家奖学金项目的共同资助。

1. 蔷薇属的分子系统学研究

作为中科院首批外籍青年科学家奖学金获得者, Marie Fougère-Danezan从2008年来到了成都, 进行蔷薇属野生蔷薇物种的分子系统学研究。利用叶绿体DNA的psbA-trnH、trnL-F、trnS-G三个间隔基因和trnG及trnL两个内含子的基因序列, 对蔷薇属101个野生种类进行系统重建, 估算支系分异的大概时间及可能的祖先起源区域; 利用低拷贝的核DNA基因GAPDH鉴别异源多倍体以及推断多倍体可能的起源。

结果显示大多数以形态学特征建立的属下分类等级——亚属和组, 都不是单系类群, 异源多倍体在组间杂交起了重要作用, 生物地理学的分析显示亚洲是蔷薇属起源进化中心。该研究为丰富而复杂的蔷薇属的未来研究提供了一个系统学框架。

这部分研究结果以Phylogeny and biogeography of wild roses with specific attention to polyploids 为题发表于Annals of Botany, 115: 275-291, 2015。

2. 蔷薇属下类群的分子系统学研究——以合柱组和月季组组成的单系分支为例

重建后的蔷薇属分子系统显示该属合柱组和月季组成一个单系, 在此基础上, 朱章明利用四个叶绿体DNA基因 (ndhC-trnV, ndhF-rpl32, ndhJ-trnF and psbJ-petA) 和两个核基因 (ITS和GAPDH) 对这个单系中包含的全部物种126个个体进行了序列测定, 并对ITS和GAPDH进行了克隆, 以探讨该单系类群的种间进化历史。结果显示该类群叶绿体基因与核基因的系统树不一致, 其原因可能是该类群物种早期的杂交起源, 并发现了狭域分布物种的杂交起源以及自然界客观存在的一些种间杂交个体。

这部分研究结果以Phylogeny of Rosa sections Chinenses and Synstylae (Rosaceae) based on chloroplast and nuclear markers 为题发表于Molecular Phylogenetics and Evolution 87: 50-64。

3. 物种复合群的研究——以绢毛蔷薇复合群为例

绢毛蔷薇复合群 (*Rosa sericea* complex) 在中国植物志中为蔷薇属蔷薇亚属芹叶组的四数花系, 包含绢毛蔷薇 (*R. sericea*)、毛叶蔷薇 (*R. mairei*)、玉山蔷薇 (*R. morrisonensis*)、峨眉蔷薇 (*R. omeiensis*)、西康蔷薇 (*R. sikangensis*)、倭江蔷薇 (*R. taronensis*) 和中甸蔷薇 (*R. zhongdianensis*) 等7种及其种下分类群, 种间形态特征变异大, 相互钩连难以区分。

高云东和张羽利用三个叶绿体DNA基因 (trnL-trnF, ndhF-rpl32和ndhJ-trnF) 以及核DNA基因的微卫星 (nSSR) 的8个突变位点对绢毛蔷薇复合群7个物种共62个居群763个个体进行了序列测定, 分析了该类群在更新世晚期的分布扩张和可能的迁移路线。指出该复合体对冰期的适应和耐受能力使其在冰期得以保存和扩张, 并在间冰期退缩到高海拔区域的种群历史。该研究揭示了具有冷适应能力类群在应对气候变化时的策略与大部分温带植物不同, 有较大的创新性和普遍性的科学意义。

这部分研究结果发表在Nature子刊Scientific Reports 5, 2-15. 2015上。

热点新闻

中科院江西产业技术创新与育成...

中科院西安科学园暨西安科学城开工建设
中科院与香港特区政府签署备忘录
中科院2018年第三季度两类亮点工作筛选结...
中科院8人获2018年度何梁何利奖
中科院党组学习贯彻习近平总书记致“一...

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【江西卫视】江西省与中国科学院共建中科院“江西中心”

专题推荐



4. 蔷薇属野生物种的迁地保育

成都生物所蔷薇属野生物种的迁地保育始于上世纪九十年代，曹亚玲开始建设了成都生物所第一个野生蔷薇植物园，占地十余亩，位于中科院茂县生态定位站。在2008年汶川大地震后，由于前往茂县的公路经常被泥石流冲毁，前往茂县不太方便，高信芬在什邡农场建设了成都生物所第二个野生蔷薇植物园，也是占地十余亩。两个植物园收集了共有400余个野生居群，野生蔷薇物种达到了我国野生蔷薇物种数的90%以上。

每年春暖花开的时候，蔷薇园里花开满园，芳香四溢。什邡蔷薇园从三月中下旬开始，不同的物种陆续开花，从三月下旬单瓣月季开花开始，不同的种类陆续开花（金樱子、香水月季、野蔷薇、粉团蔷薇、木香、粉蕾木香、光叶蔷薇等），四月悬钩子蔷薇、软条七、绢毛蔷薇、川滇蔷薇、重齿蔷薇、刺梨等等，花期一直持续到六月初。而从新疆引种的几种蔷薇，由于成都的早春比较温暖，花期比新疆要早几周。茂县蔷薇园由于海拔比什邡蔷薇园高，花期比什邡蔷薇园要晚2-3周。

文章链接: 1 2 3

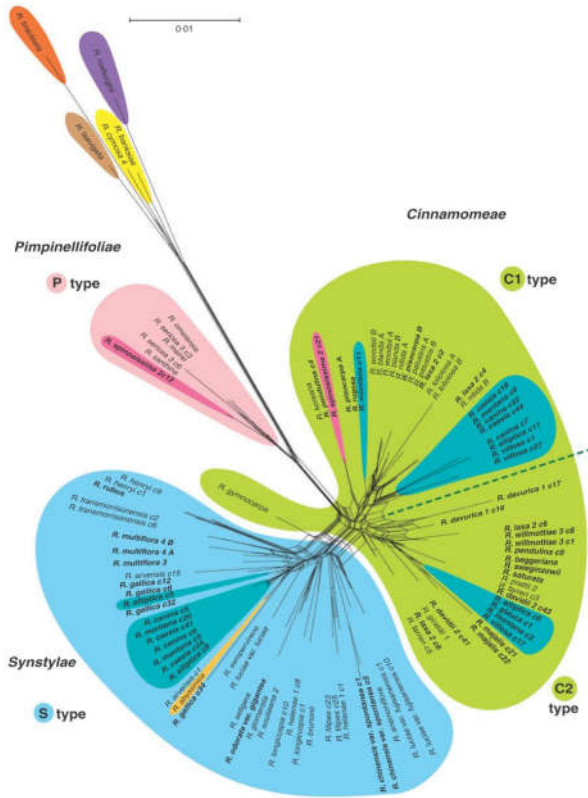


FIG. 3. Network representing the relationships among copies of GAPDH obtained from *Rosa* species. A 'c' followed by a number indicates the number attributed to one particular clone sequenced. The groups are compared with our main clades from the chloroplast analyses. Purple is attributed to *Rosa* subgen. *Platyrhodon*, yellow to *R. sect. Bursianiae*, bright orange to *R. sect. Bracteatae*, brown to *R. sect. Laevigatae*, light pink to *Pimpinellifoliae* clade, green to *Cinnamomeae* clade, light blue to *Synstylae* clade and a deeper blue to *R. sect. Caninae*. Two species have a particular colour, *R. spinosissima* is highlighted with a deeper pink colour and *R. abyssinica* with a light orange colour. Two types of copies, C1 and C2, are distinguished in our *Cinnamomeae* group. Some polyploids have several copies with different affinities. The names of known polyploids are in bold (in *R. sect. Caninae* all species are presumed to be polyploids even when the ploidy number is not exactly known).

蔷薇属核基因GAPDH构建的网状图

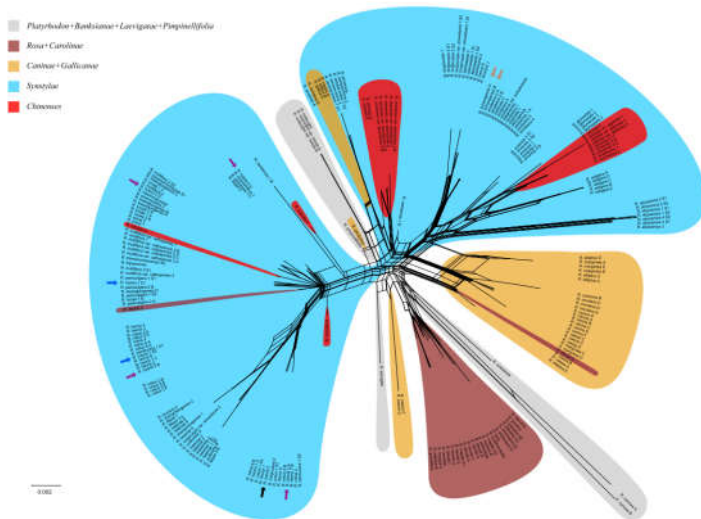


FIG. 4. Phylogenetic network from NeighbourNet analysis of nrITS dataset. Different colors indicate subgenus or sections in traditional taxonomy.

由核基因ITS序列构建的蔷薇属系统发育关系

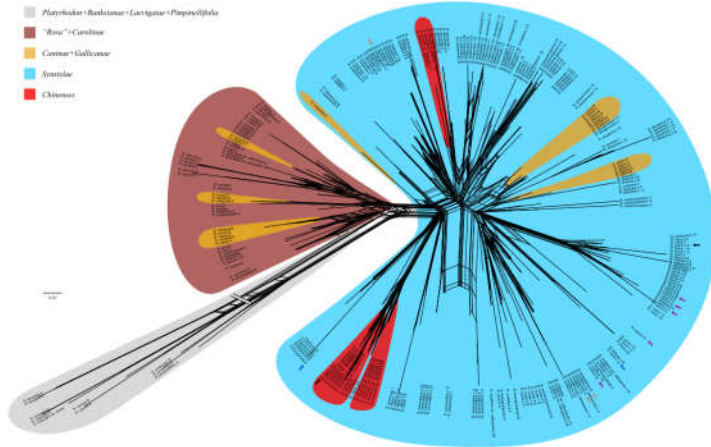


Fig. 5. Phylogenetic network from NeighborNet analysis of GAPDH dataset. Different colors indicate subgenus or sections in traditional taxonomy.

由核基因G A P D H构建的蔷薇属系统发育关系

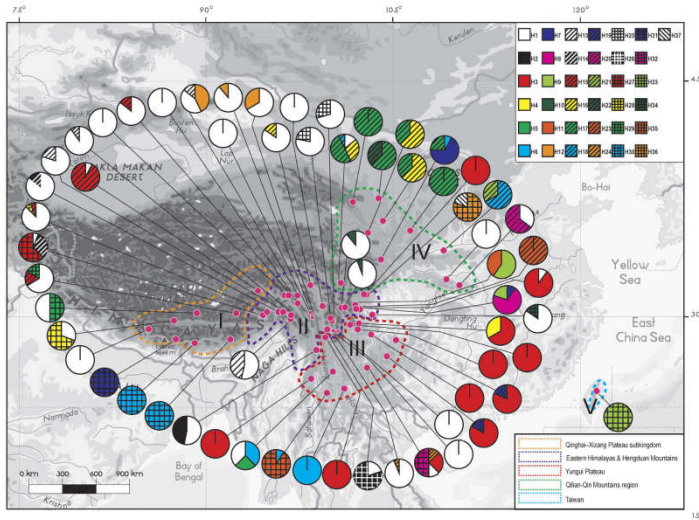


Figure 1. Geographical distribution of 37 chlorotypes (H1-H37) identified in 62 populations of *Rosa sericea* complex. Dashed lines delimit five population groups (I-V) divided by geographic features by Wu et al.³⁴. The map generated by ESRI ArcGIS 9.3 (ERSI co., USA).

绢毛蔷薇复合体的叶绿体单倍型及其分布

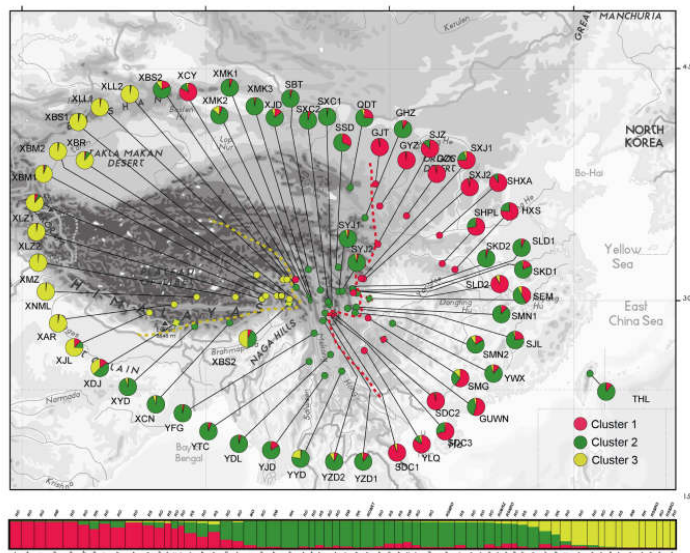


Figure 2. Geographic origin of the 62 *R. sericea* complex populations and their colour-coded grouping according to the STRUCTURE analysis. Population codes are identified in Table 1. The bottom showed a histogram of the STRUCTURE assignment test for 62 populations (763 individuals) of *R. sericea* complex based on variation at eight nuclear microsatellite (nSSR) loci. Population codes and abbreviation for species are identified in Table 1. The map generated by ESRI ArcGIS 9.3 (ERSI co., USA).

利用核基EST-SSR构建的绢毛蔷薇复合体群体结构关系及其地理分布样式



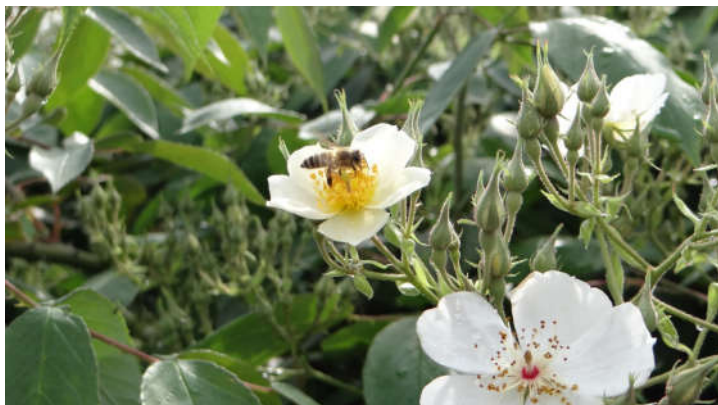
单瓣月季花 (*Rosa chinensis* var. *spontanea*)



野蔷薇 (*R. multiflora*)



金樱子 (*R. laevigata*)



悬钩子蔷薇 (*R. rubus*)



黄刺玫 (*R. xanthina*)



玫瑰 (*R. rugosa*)



香水月季 (*R. odorata*)



宽刺蔷薇 (*R. platyacantha*)



中国分布新纪录柔毛蔷薇 (*R. villosa*)

(责任编辑: 叶瑞优)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864