

武汉植物园发现蕨类植物叶绿体基因组进化的过渡形态

文章来源：武汉植物园

发布时间：2013-07-09

【字号：小 中 大】

目前已知的蕨类植物叶绿体基因组在组织结构上表现为两种基本类型：一是核心型，高等核心薄囊蕨类水龙骨科和树蕨目具此类型；另一是基部型，见于其他蕨类基部类群。与基部型相比，核心型叶绿体基因组的反向重复区和大单拷贝区的 *rpoB-psbZ* 区（BZ区）发生过复杂的基因组重排，同时它们还丢失了5个相同的tRNA基因。但是，处在这两种类型之间的中间演化类型却一直未被发现。

近日，在中国科学院“百人计划”王艇研究员指导下，中科院武汉植物园高磊博士等人分别选取核心薄囊蕨的基部类群异型孢子蕨目和其姊妹群海金沙目的代表植物南国田字草和海金沙，测定了它们叶绿体基因组的全序列。随后，他们基于比较基因组学分析发现：南国田字草叶绿体基因组的组织结构与水龙骨科和树蕨目基本一致，都表现为核心型；而海金沙的BZ区基因顺序虽与基部型相同，但反向重复区却与核心型一致，同时也丢失了5个相同的tRNA基因。据此确定，海金沙的叶绿体基因组组织方式代表的是蕨类植物从基部型向核心型演化的过渡形态。

此外，该项研究还对 *ndhB* 基因两外显子进化速率的异质性做了分析，首次在基因内水平证明了反向重复区对叶绿体DNA序列进化的限制作用。

研究结果以 *Plastome sequences of Lygodium japonicum and Marsilea crenata reveal the genome organization transformation from basal ferns to core leptosporangiates* 为题发表在国际期刊 *Genome Biology and Evolution*。

该研究获得国家自然科学基金、中科院知识创新工程等项目的资助。中山大学苏应娟教授课题组参加了部分工作。

[论文链接](#)