

## 版纳植物园转录调控因子Alfin-like基因家族研究获进展

文章来源：西双版纳热带植物园

发布时间：2013-07-19

【字号：小 中 大】

通过比较基因组学，在基因组层次上研究特定基因家族的进化，进而揭示其变化的原因和机制，已成为目前进化生物学关注的热点问题。中科院西双版纳热带植物园生态进化生物学研究组研究人员利用模式植物拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*) 及其近缘物种琴叶拟南芥 (*A. lyrata*) 和小盐芥 (*Thellungiella halophila*) 的基因组信息，研究了转录调控因子Alfin-like基因家族在三个近缘物种中的进化历程、重复基因的丢失、及功能分化的分子机制。研究结果以 [Molecular Evolutionary Analysis of the Alfin-Like Protein Family in \*Arabidopsis lyrata\*, \*Arabidopsis thaliana\*, and \*Thellungiella halophila\*](#) 为题发表在 *PLoS ONE* 上。

Alfin-like蛋白是一类含锌指结构的转录调控因子，在植物抗逆过程中扮演着重要的角色。迄今为止，从全基因组层次上研究基因家族在较小的进化尺度上的进化模式和机制的研究较少。由于拟南芥、琴叶拟南芥和盐芥三个物种亲缘关系较近，分化时间约10-12个百万年，具有明显的微共线性，为研究种系特异的基因重复事件和基因分化的进化模式及其分子机制提供了良好的素材。

为此，研究人员鉴定得到拟南芥及其近缘物种琴叶拟南芥和小盐芥的Alfin-like蛋白家族成员，通过基因结构、基因的重复和丢失、蛋白结构域间的共进化、密码子的偏好性、及选择压力的测试且结合相应的功能研究验证得出以下结论：Alfin-like蛋白序列两端的DUF3594和PHD-finger结构域存在显著的共进化关系，后者在结构上可能倾向于结合DNA双螺旋而前者倾向于和其他抗逆蛋白结合而实现抗逆功能，二者的共进化关系揭示了两个蛋白结构域功能上的统一；三个物种的Alfin-like基因家族成员在物种分化前发生了通过大片段重复产生的基因倍增事件，在物种分化后又在小盐芥中发生了基因丢失事件；选择压力检测在七个分支中的四个上检测到正向选择，说明四个基因在三个物种分化前就受到了自然选择；值得注意的是，四个基因中只有AL7的正选择位点落在了PHD-finger结构域上，且AL7的分化情况与另外三个显著不同，前三个基因的分化是通过改变密码子偏好和第三位密码子GC比例而实现，但AL7则在三个物种间表现出了密码子偏好和第三位密码子GC比例的保守；对模式植物拟南芥的AL7进行基因敲除与基因过量表达的遗传学实验揭示AL7在盐胁迫条件下发挥了负调控的作用，而作为对照的发生基因丢失事件的AL3则没有表现出明显的调控作用。