

新闻动态

图片新闻

头条新闻

工作进展

学术活动

科研进展

传媒扫描

推荐视频

视频新闻

科研进展

种质资源库团队解析核心十字花科植物的系统发育关系

文章来源:中国西南野生生物种质资源库 | 发布时间: 2020-09-14 | 作者:刘良敏 | 浏览次数: | 【打印】 【关闭】

十字花科 (Brassicaceae或Cruciferae) 植物约有351属3977种, 是一个全球分布的自然类群, 包括常见绿叶类蔬菜、油料作物油菜、园艺观赏植物香雪球等。该科有模式植物拟南芥, 也是被子植物全基因组序列数据发表最多的科之一, 为研究全基因组加倍、环境适应机制、基因功能进化等重要生物学问题提供了不可多得的机会。十字花科的分系统学研究历史悠久, 近年来的分子系统学研究重新界定了十字花科族的划分, 并由较早系统的19个族逐步扩增至划分为52个族。由于十字花科复杂的进化历史, 且已有研究取样代表不足, 核心十字花科的主要分支间以及族间的系统发育关系仍然存在不少问题。

中国科学院昆明植物研究所植物多样性与基因组学团队李德铎研究组依托中国西南野生生物种质资源库, 选取核心十字花科31族71属199种以及4个未划分至族的属进行全面分析, 以该科基部类群岩芥菜族中的三个代表种为外类群, 共囊括222个叶绿体基因组数据以及235个核糖体 (nr) DNA (其中106个叶绿体基因组数据以及112个nrDNA数据为该研究中新获取)。在基于nrDNA序列进行的系统发育分析中, 将核心十字花科划分为4个分支, 即clades a-d (图1)。该研究还基于叶绿体全基因组数据以及蛋白编码基因构建了两种矩阵, 移除比对存疑的区域或去除替换饱和的基因后, 利用贝叶斯法以及最大似然法重建了核心十字花科的系统发育关系。研究结果支持将核心十字花科划分为三个高支持率的分支: Lineage I (LI), Lineage II (LII) 和Lineage III (LIII), 其中LI与LII + LIII构成姐妹群 (图2和3)。该研究将备受争议的LII分支解析为单系分支, 阐明了一些难以解析的深度分支的系统发育关系, 确定双盾芥族为该分支最早分化的类群, 岩芥族与高河菜族+含生芥族互为姐妹类群 (图3)。LIII分支与基于nrDNA序列研究划分的clade d分支表现出高度的一致性, 两组数据集的分析结果都支持离子芥族、花旗杆族以及乌头芥族为并系类群。此外, 该研究综合比较核质之间的系统发育关系, 还发现了大量的冲突节点, 进一步证实了十字花科经历了复杂的进化历史, 为十字花科的起源与进化历史提供了研究基础。另一方面, 该研究还发现叶绿体编码基因*rps16*的丢失可能是南芥族和庭芥族的共衍征 (图2)。

研究成果以“Resolving robust phylogenetic relationships of core Brassicaceae using genome skimming data”为题在线发表于国际植物系统与进化领域重要期刊*Journal of Systematics and Evolution* (<https://doi.org/10.1111/jse.12666>)。该研究团队刘良敏硕士为论文的第一作者, 李德铎研究员为论文的通讯作者。该研究由中国科学院B类战略性先导科技专项 (XDB31010000) 资助完成, 整个研究过程得到了国家重大科技基础设施中国西南野生生物种质资源库采集、保藏、分子生物学实验和分析平台的大力支持。

文章链接

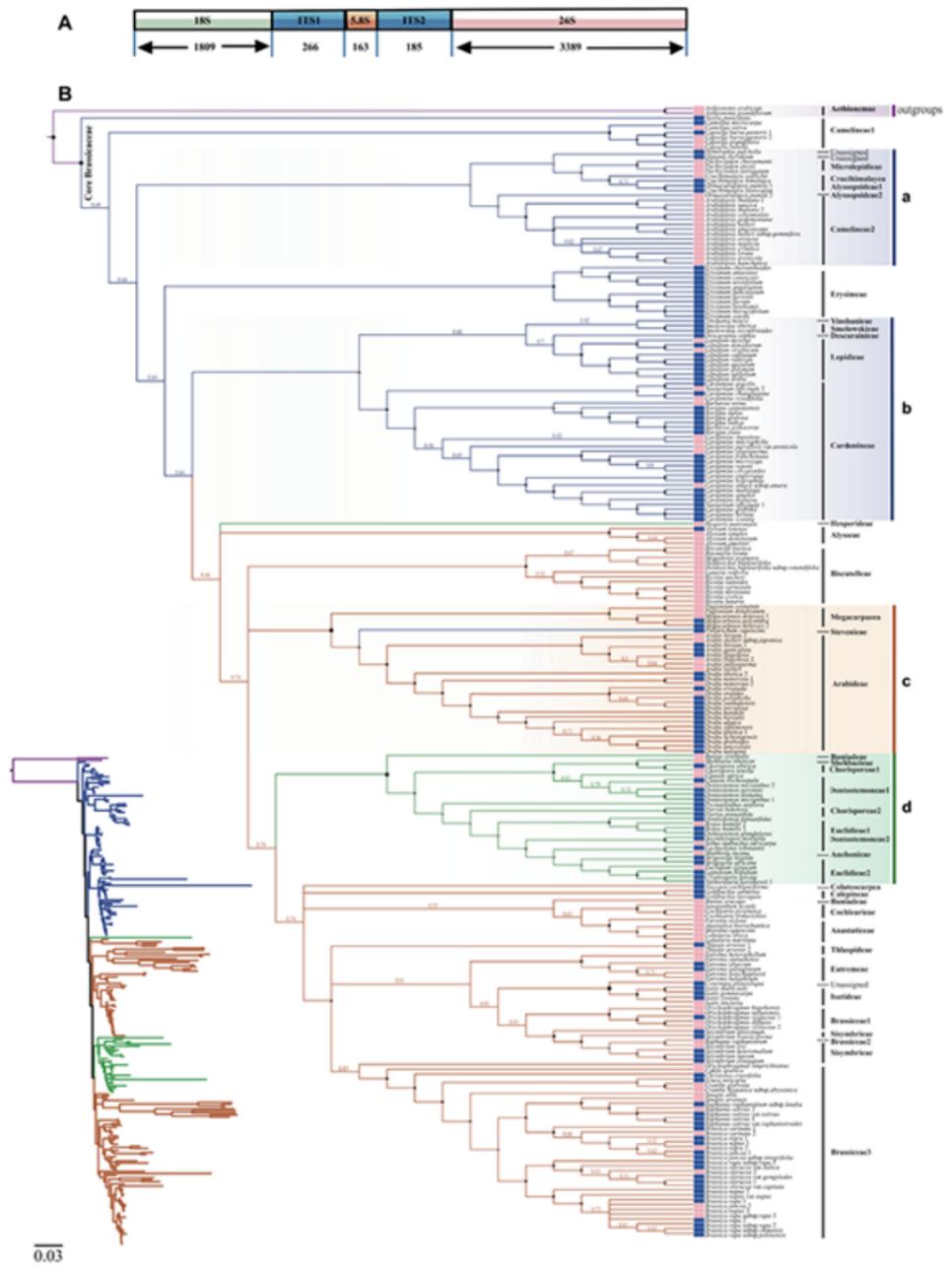


图1 核心十字花科基于nrDNA序列构建的贝叶斯树，右侧为得到支持的a - d分支

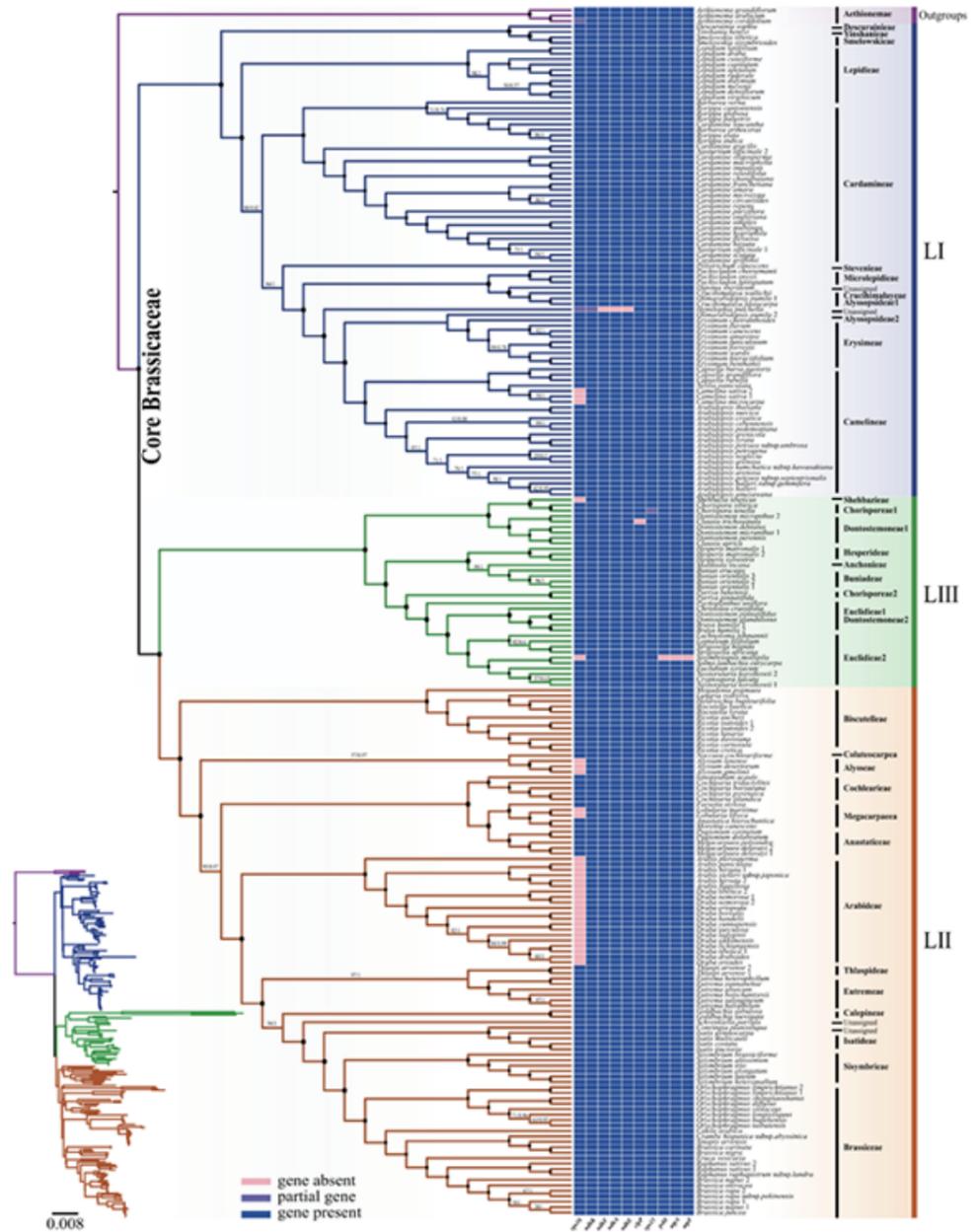


图2 基于叶绿体77个串联编码基因构建的最大似然法树揭示核心十字花科3大分支

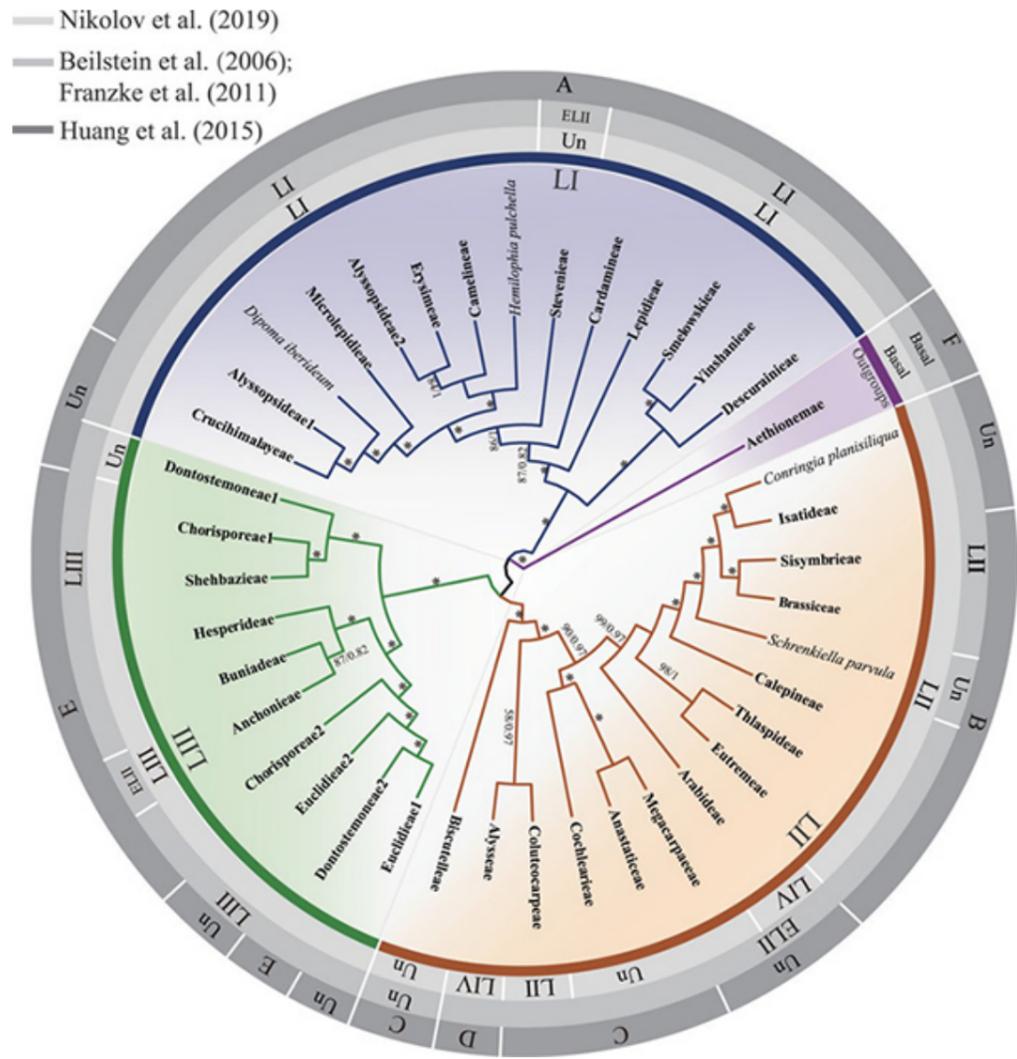


图3 核心十字花科基于叶绿体77个串联编码基因构建的最大似然法树以及其它相关研究对十字花科主要分支划分比较图（族级水平）

（责任编辑：李雪）