



武汉植物园蕨类叶绿体基因组学研究再获进展

文章来源: 武汉植物园

发布时间: 2011-04-15

【字号: 小 中 大】

中科院武汉植物园高磊博士等人在王艇研究员指导下,发现蕨类叶绿体基因组的进化动态远比以往设想的更为复杂。研究结果已于4月13日发表在国际学术刊物*BMC Plant Biology*。

武汉植物园在前期的研究中测定了我国首个蕨类植物叶绿体基因组全序列(*BMC Evolutionary Biology*, 2009, 9:130),并注意到位于蕨类叶绿体基因组大单拷贝区的*rpoB*和*psbZ*间区(BZ区),其基因顺序可归为两类:一是以观音座莲和松叶蕨为代表的祖先型,即座莲型;一是以桫欏和铁线蕨为代表的衍生型,称为铁线蕨型。分析认为,从座莲型到铁线蕨型的转变可能是借助两条进化途径、依靠两次部分重叠的倒位得以实现,但是对该结构性重组的具体进化过程尚不了解。

为解决此问题,武汉植物园高磊博士等人在王艇研究员指导下,以BZ区为对象,对涵盖现存蕨类所有11个目的植物进行了测序和进化基因组学分析,发现除树蕨类、水龙骨科和异孢蕨类组成的核心薄囊蕨以外,所有其他蕨类均表现为座莲型;而绝大多数核心薄囊蕨类则拥有铁线蕨型。出乎意料的是,树蕨类华东瘤足蕨(*Plagiogyria japonica*)的基因顺序(瘤足蕨型)与前二者均不相同,有可能是在铁线蕨型基础上再发生一次小型回复倒位所致。在膜蕨类的南海瓶蕨(*Vandenboschia radicans*)和木贼类的问荆(*Equisetum arvense*)及节节草(*Equisetum ramosissimum*)的

此外,该研究还证实蕨类的

中山大学生命科学学院苏应娟教授课题组参与了部分研究工作。

[打印本页](#)
[关闭本页](#)