

利用线粒体基因组揭示钻天柳的进化地位

渠堰墅^{1,2} 毕长伟² 温强¹ 徐立安^{2,*}

(1.江西省林业科学院 南昌 330013; 2.南京林业大学 南京 210037)

摘要:【目的】线粒体作为独立携带遗传信息的重要细胞器,其基因组是植物比较基因组学、系统发育学等研究的重要数据来源。钻天柳(*Chosenia arbutifolia*)形态介于杨属和柳属之间,既具有杨属植物雄花序下垂,雌雄花均无腺体等特点,也具有雌花序直立、顶芽分化成花芽、叶片细长等柳属植物的特点,因此传统分类学中根据形态特征将钻天柳单独列为一个属。然而近年来基于分子数据和系统发育分析的研究对钻天柳在杨柳科中的进化地位提出了质疑,认为其应当归并柳属。为了更好地揭示钻天柳在杨柳科中的系统发育地位,从而更好地对这一濒危物种进行保护,对其线粒体基因组进行组装并进行系统发育分析。

【方法】以钻天柳叶片为材料进行从头测序,通过高精度的 Pacbio HiFi 数据,组装并注释了钻天柳线粒体基因组的完整序列,并分析了其基因组组成特征、重复与重排事件、重复序列、RNA 编辑位点、基因组共线性以及不同基因组之间的序列水平转移,最后基于杨柳科植物线粒体共有的保守基因进行了系统发育分析。【结果】钻天柳线粒体基因组的总长度为 719,377 bp,为典型的单分子主环结构,包含 60 个基因(3 个蛋白质编码基因(PCGs)、24 个 tRNA 基因和 3 个 rRNA 基因),编码区占线粒体基因组总长的 9.16%,与柳属物种更为接近(所有已知杨属物种线粒体基因组的编码区占比均小于 9%(8.04 ~ 8.25%),杨属植物则均大于 9%(9.02 ~ 10.46%))。结合多种物种的 RNA 分析表明,钻天柳与柳属植物在 RNA 编辑方面相似度更高。钻天柳散布重复序列占比 1.78%,在目前已研究柳属植物线粒体散布重复序列占比范围内(1.7%~1.8%)。钻天柳线粒体基因组与核基因组的每条染色体都发生了基因交流,检测到了 852 个与线粒体基因组共享的序列片段,覆盖了 154.55 kb 的核基因组和 108.51 kb 的线粒体基因组,共享序列的长度占钻天柳线粒体基因组总长的 15.08%。钻天柳线粒体基因组与两种已发表杨树共线性程度(82.70%, 83.02%)显著低于两种柳属植物(91.29%, 97.43%),与杨属植物线粒体之间的重排现象也显著多于柳属植物。通过 26 个共有的线粒体核心基因对 11 个杨柳科物种的系统发育分析,基于 ML、MP、NJ 和 UPGMA 的系统发育分析均支持钻天柳与柳属植物聚为一支。【结论】针对杨柳科系统发育学研究中一直存在的钻天柳归属问题,基于线粒体比较基因组分析,推断钻天柳在进化上可能与柳属植物更为接近,最后对基于多种杨柳科植物线粒体的系统发育分析同样支持钻天柳划归入柳属。

关键词: 钻天柳; 线粒体基因组; 系统进化; 比较基因组; 重排