

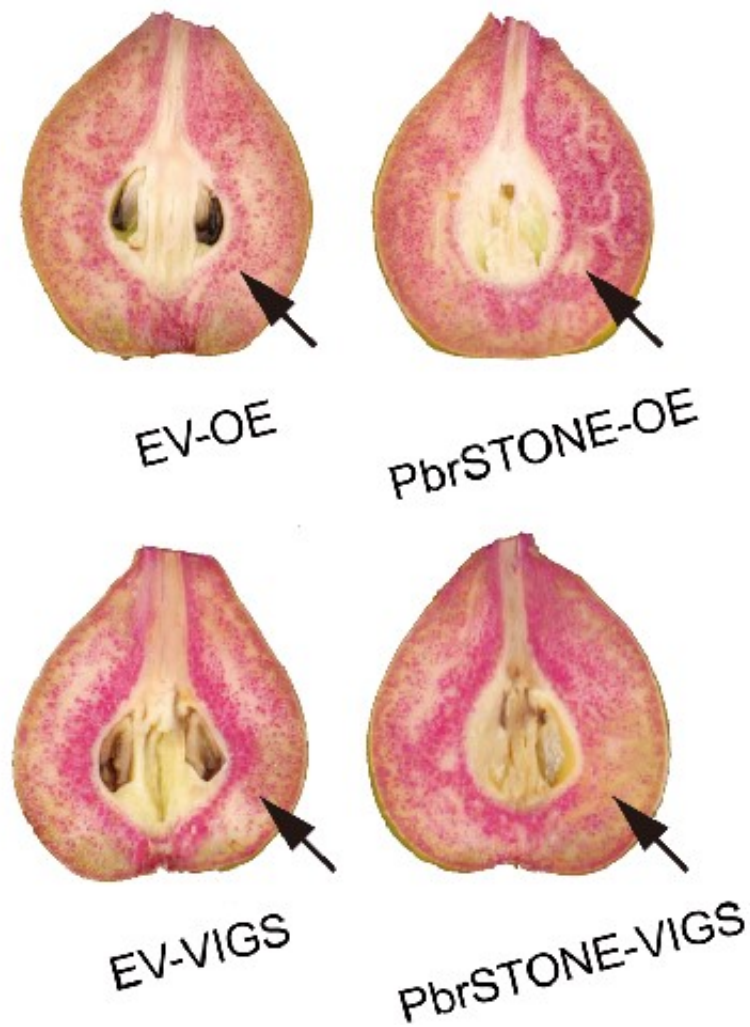
砂梨：请读懂我复杂的基因组

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12758.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

砂梨：请读懂我复杂的基因组。



PbrSTONE基因的瞬时过表达和沉默对梨幼果石细胞形成的影响 吴俊供图

梨是典型的自交不亲和物种，基因组杂合程度高，用传统杂交手段选育新品种的周期长、效率低

2月18日,《自然—通讯》在线发表南京农业大学与美国康奈尔大学最新合作成果。该研究对312份砂梨品种资源进行全基因组关联分析,揭示了梨的驯化和改良过程,并鉴定出调控梨果石细胞形成的新基因。

新基因的发现证明,在一个杂合度较高的物种中,也可以通过全基因组关联分析的手段寻找关键基因,我们的方法是可行的。论文共同通讯作者、南京农业大学教授吴俊在接受《中国科学报》采访时说,研究结果将为多年生果树分子育种技术开发和复杂性状的调控机制解析提供非常有价值的参考,帮助科学家读懂杂合程度高的作物基因组。

砂梨:丰富的遗传多样性

我国西南地区被认为是梨的起源地。我国不仅拥有丰富的梨品种资源,也是世界第一大梨生产国,栽培面积和产量均占世界70%以上。

论文共同通讯作者、南京农业大学教授张绍铃在接受《中国科学报》采访时说,目前,我国生产上的主要栽培品种仍以传统地方品种为主,无法满足消费者对优质梨果的多样化需求。而梨作为多年生果树,不仅具有较长的童期,且表现典型的自交不亲和性,亟待发展分子育种技术实现重要性状的高效遗传改良。

为了在梨的基因组中找到育种需要的控制重要性状的遗传位点或基因,科学家一般会采用群体遗传研究的手段。

群体遗传分析研究的对象是自然群体,也就是某一物种的不同群体。通过对这些不同群体进行基因组测序,从全基因组范围内找到大量单核苷酸多态性标记,进而开展群体遗传进化、系统发育、种质资源鉴定等分析。

论文共同通讯作者、美国康奈尔大学教授费章君告诉《中国科学报》,多样性丰富的资源含有各种性状差异的品种,因此基因组上相关区域也表现出差异。性状差异以及遗传上的差异是研究植物驯化、改良以及全基因组关联分析的必要基础。

群体遗传研究的自然群体越多、遗传多样性越大,其变异越多,品种之间性状的差异越大,找到的单核苷酸多态性标记越多,能够发现新的遗传位点和基因的概率也就越大。因此,做群体遗传研究要尽量以遗传多样性丰富的群体为对象。论文共同第一作者张明月博士说。

全世界共有5个栽培梨品种,包括砂梨、白梨、秋子梨新疆梨和西洋梨。其中,砂梨是遗传多样性较为丰富的群体。



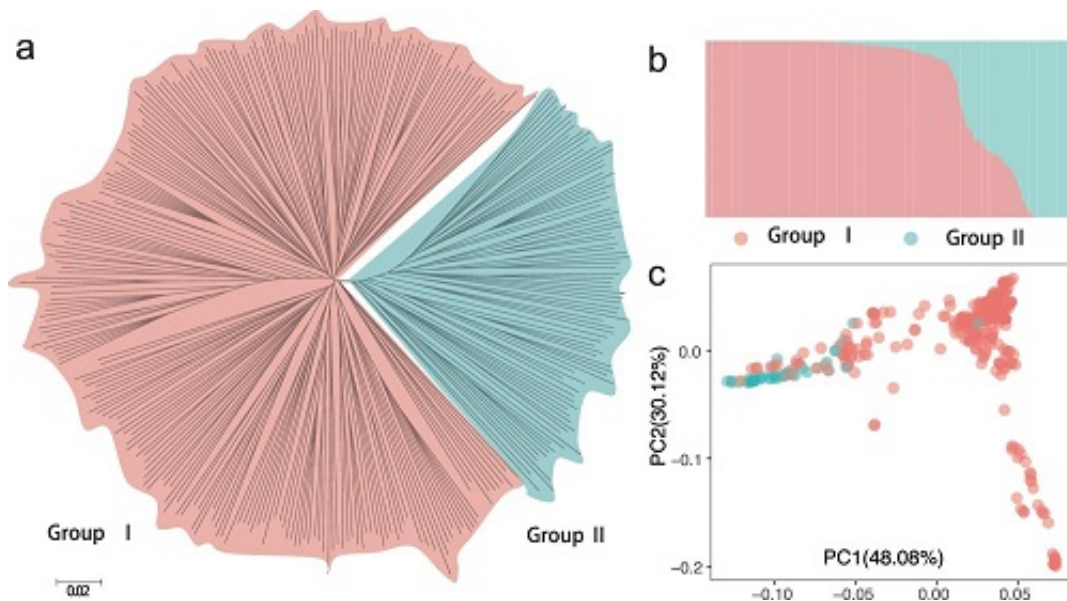
砂梨 吴俊供图

张绍铃介绍，砂梨起源于我国西南地区，目前是中国和东亚等国最重要的主栽品种。根据最新的《中国梨树志》，北方地区普遍栽培的白梨亦是由砂梨演化而来，已归入砂梨品种。所以砂梨是目前种植面积最大的梨栽培种。

同时，砂梨种质资源丰富，保留了比较完整的驯化和人工选择痕迹，不仅有野生资源，还有地方资源和新选育品种，具有非常丰富的遗传多样性。这就是他们选择砂梨作为研究对象的主要原因。

梨的进化：现代人更关心品质

该研究对312份砂梨品种自然群体进行全基因组遗传变异解析，共获得2.15T重测序数据，鉴定出340多万个单核苷酸多态性。



312个砂梨种质的亲缘关系和种群结构 吴俊供图

吴俊告诉《中国科学报》说，通过对地方梨品种和人工选育品种的群体分析发现，梨果实的石细胞、糖、酸等性状在驯化和改良过程中均受到了持续的选择，而果实大小等性状只在驯化过程中受到选择。

费章君解释道，梨的育种可分为驯化和改良两个阶段，其中，驯化是指从野生种到地方品种的过程，而改良是指从地方品种到现代栽培种的过程。

在驯化阶段，果实明显变大，因此果实大小受到选择，从而影响基因组内跟果实大小相关的区域或基因；在改良阶段，果实大小没有什么变化。而其它的性状，如石细胞、糖、酸等在这两个阶段都发生了明显变化。

这也说明在梨的改良阶段，人们对果实大小已经不是很关心，而主要是进一步提高果实的品质。费章君说。

如何在高杂合度水果中寻找关键基因

张明月介绍，研究团队进一步对梨果实单果重、色泽、石细胞等8个品质性状和果实发育天数等3个物候期性状开展全基因组关联分析，共获得42个关联区间，其中包括已知功能基因，并与部分性状的已知数量性状位点的定位相吻合。

张绍铃说，这也是首次成功地对梨这种杂合度较高的水果进行全基因组关联分析。由于梨基因组杂合程度高，很多性状都是复杂性状，即由多基因控制的性状，而且这些基因往往分布在不同的染色体上，这就给寻找关键基因带来了难度。

例如，在梨基因组中，与糖相关的基因大约有100多个，涉及到糖的转化、合成、运输、储藏等，其中尚有很多不清楚分子机制。

做全基因组关联分析的主要目的是找出梨基因组中与这些重要果实性状紧密关联的位点，从而进一步鉴定出调控这些性状的候选基因，为梨的分子育种以提高果实品质提供重要的信息，同时也可以帮助我们进一步理解重要的梨果实性状的分子调控机理。费章君说。

吴俊认为，通过挖掘功能基因，为梨育种的目标性状改良提供重要的基因资源，也可以通过进一步筛选具有这些重要功能基因的亲本进行杂交育种，培育更加优良的品种。

调控石细胞的新基因

通常，科学家关注的果实品质性状包括颜色、甜度、酸度等，而石细胞是影响梨果实口感的一种特殊性状。

植物中都含有木质素，通常存在于枝条中。张绍铃介绍，梨的果实与别的水果不同，其细胞壁会慢慢积累木质素，当木质素沉淀过多，薄壁细胞就死亡了，它们聚合在一堆，让人吃起来感觉粗糙，像石粒一样，因而被称为石细胞。

当果实中的石细胞含量较高时，会产生沙粒感，果实肉质比较粗。但这种木质素的存在又能促进胃肠蠕动和消化吸收。科学家希望果实中含有一定量的石细胞——既能保持健康有益的品质，又能带来讨人喜欢的口感。

费章君认为，降低果肉中石细胞含量应该是现在梨育种中的一个主要目标。

因此，该团队重点研究了与石细胞有关的遗传位点。

论文共同第一作者薛程博士介绍，他们开展了基因功能验证，结合表型数据、转录组、系统进化关系等分析，锁定了一个新基因——PbrSTONE。

通过梨果实的瞬时转化体系和拟南芥的稳定转化体系，他们证实，该基因可以调控梨果实石细胞和主要组分木质素的形成，并明确了其与木质素合成通路中关键基因PbrC3H存在互作关系，从而协同调控石细胞组分木质素的合成机制。

张绍铃说，尽管过去人们在模式植物中研究过木质素相关基因，但新的基因提示，梨果实中存在特殊的基因和分子机制调控植物中木质素的合成。新基因的发现为创制新的优良种质，筛选优异亲本进行杂交育种，改良梨品质奠定了基础。

吴俊认为，发现这个新基因可以帮助我们进一步理解梨果实内石细胞生成的调控网络，同时为梨的现代分子育种提供直接信息，并且为以后运用新的生物技术改良梨的果实品质提供了直接的目标基因。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-021-21378-y>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：吴俊等 来源：《自然—通讯》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发