
“桃李满天下”的遗传学证据找到了

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12997.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！

“桃李满天下”的遗传学证据找到了。

中国人常用桃李满天下比喻长者或老师所培养的众多精英后辈遍布天下各地。

3月10日，《基因组研究》（Genome Research）在线发表了中国农业科学院郑州果树研究所研究员王力荣团队领衔完成的多个环境因子对桃基因组影响的遗传分析，给桃李满天下赋予了遗传学含义，可帮助育种家建立应对气候变化品种适应性改良的新模式。

来自气候变化的压力



不同生态型桃果实拥有丰富的遗传多样性。中国农科院郑果所供图

论文共同通讯作者王力荣长期从事桃树研究。在河南省郑州市，她带领团队建立的国家园艺种质资源库桃资源圃，保存有1430份桃种质资源，是全世界保存桃种质最多的资源库。

通过对资源圃中89个桃种质长期监测数据进行分析，王力荣团队发现，桃的开花时间较30年前提前了10天。

桃对环境变化十分敏感，花期提前会受到‘倒春寒’的威胁。王力荣说，气候变化对农业生产影响巨大。在过去几十年中，气候变化降低了许多粮食作物的产量，改变了农作物的物候期，并使得一些作物的分布范围缩小。

许多研究已经鉴定出使水稻、大豆和其他粮食作物适应当地环境的基因。但是，很少有研究关注水果作物，例如桃树，而桃的全球年产量为2450万吨，是世界主要果树种类。

现在的桃树品种能不能适应未来的气候变化？这让王力荣产生了研究桃这种适应性强的果树如何与环境发生相互作用的想法。

她告诉《中国科学报》，桃起源于我国，适应性强，是研究植物环境适应性的良好材料。桃分布范围广泛，在我国，除东北地区仅有野生近缘种以外，大部分地区都种植栽培桃。由于桃分布地涵盖多种环境类型，如高原、平原，寒带、温带、热带，干旱、潮湿等，能够体现出对不同环境适应性的进化。

此外，桃基因组较小，是二倍体，倍性低；桃树自花授粉结实，因而基因组杂合度低；童期短，仅为2~3年，育种所需时间较其他果树短；桃进化史上没有发生过全基因组复制事件，基因组简单，冗余基因相对较少。因此桃被认为是蔷薇科果树研究的模式物种。王力荣说。

桃树的特殊地位和特点，使得在桃树研究中获得结论有可能给其他果树研究提供借鉴。这也是王力荣团队坚持研究桃树的原因之一。

基因是分子育种的关键，发掘桃适应不同环境条件的基因，明确桃响应气候变化的基因，能够促使新培育的品种适应能力始终领先于环境变化的速度，进而减小环境变化对粮食安全带来的威胁。王力荣说。

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》，研究桃树和环境互作的遗传基础可以帮助人们培育在许多不同的恶劣环境中生长的桃树新品种，将其地理范围扩展到新的地区，从而促进当地经济发展，并为当地市场带来更多优质果品。

追溯桃子的原生地环境

由于人们专注于风味、甜度和其他口感品质，许多桃品种中与环境适应相关的基因已经丢失。

费章君说，不过，桃子的野生近缘种和地方品种很多，并且它们长期以来已适应特定的当地条件，具有巨大的遗传多样性，这可为改善其表亲的适应力提供资源。

但是，通过什么方法可以更快的找到这些基因呢？

通常，科学家研究作物与环境的互作关系，会选择在几个不同的典型环境下，同时种植若干种质资源，观察并记录这些作物种质在三到五年间呈现出的不同的表型性状，然后通过大数据分析和基因组分析，获得表型与基因型之间的对应关系，从而筛选出与环境适应的相关基因。

如果采用上述方法研究桃树与环境的互作，成本高、周期长。

我们的种质资源库中保存了非常完善的基本信息。王力荣说，每一个桃种质都可以追溯到其采集地点，也就是说，科学家能够借此知道它的适生环境在哪里。

传统上，桃品种按照地理分布和性状特征划分为7个类型，分别为云贵高原生态型、华南亚热带生态型、长江中下游生态型、华北平原生态型、东北高寒生态型、西北干旱生态型、青藏高原生态型。

王力荣认为，利用当地的气候条件和当地品种的基因型进行关联分析，就能找到其中适应当地环境的相关基因。这大大降低了实验难度，也能保证实验结果的准确性。

2700个环境相关位点

于是，该团队研究人员对覆盖上述7个地理区域的263种桃种质资源进行了全基因组环境关联研究（GWEAS）。

结果证实，这些种质确实可以划分为7个与地理分布匹配的类群。论文第一作者李勇告诉《中国

科学报》，进一步分析环境、基因组和地理位置三者之间的相关性，发现环境与基因组具有很高的相关性，说明基因组之间的差异是由环境造成的，基因组随着环境的变化而变化。



高原



干旱



山地

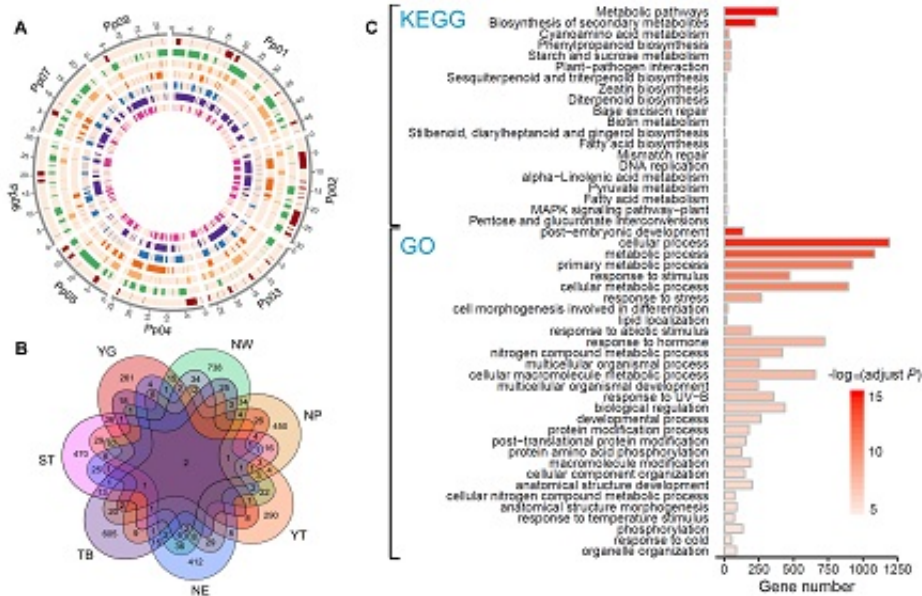


湿地

桃不同分布环境对比 中国农科院郑果所供图

也就是说，由于受到环境的自然选择，桃为了适应不同的环境发生不同的变异，导致7个生态型的桃品种的基因组特点不同，形成了适应不同环境条件的基因组模式。李勇说。

他们还确定了2700多个环境关联基因位点，这些位点与影响这些地区气候的51个环境因素密切相关。



桃适应性相关基因及其功能分析 中国农科院郑果所供图

例如，发现来自东北高寒地区的桃树在组氨酸磷酸转移蛋白基因AHP5中有一个特有的遗传变异，该变异赋予了这些品种抵御严寒的能力。

来自干旱地区的桃树中，与抗旱密切相关的脱落酸调控途径的一系列基因受到自然选择。进一步实验表明，在干旱胁迫下，脱落酸诱导了更高水平的蔗糖合成酶，从而解释了为什么干旱地区桃果实的糖含量高于其他地区桃子。

费章君说：当桃子这样的果树在干旱等胁迫条件下生长时，果实就会变得更甜。在这项研究中，我们发现了干旱与桃子糖含量之间的直接遗传联系。

而在青藏高原的桃样本中，研究小组发现了查尔酮合酶基因CHS2的一个变异，导致其对高海拔地区强烈的紫外线辐射具有耐受性。该基因高表达增加了植物新生组织中花色苷的含量，从而保护了它们免受紫外线辐射伤害。

他们也提出了桃树花期提前的潜在遗传学解释：昼夜节律基因LNK1的变异。该变异在温度升高时上调表达，从而导致花开。费章君说：这一发现最终可能使育种者控制果树的开花时间，以便在种植者和市场准备就绪时收获桃子。

千桃基因组计划

我们的研究提供了许多候选基因，表明桃子如何适应各种环境压力和刺激。王力荣说，育种者可以利用这些信息培育出更具广泛适应性的桃树品种，从而更好地应对极端温度、干旱和气候变化。

这项工作是王力荣团队发起的千桃基因组（1000 Peach Genome）计划的阶段性成果之一。王力荣告诉记者，该计划以1000余份全球范围内分布的桃野生近缘种、地方品种和培育品种为材料，对

其进行全基因组测序，发掘控制重要农艺性状、抗性性状和环境适应性的关键基因，解析桃进化驯化机理、重要农艺性状形成机制和环境适应性遗传基础，开发实用分子育种标记，为分子设计育种奠定基础。

此前，该团队已经在桃基因组变异特征、人工选择对桃基因组的修饰、驯化和农艺性状关联分析方面取得重要进展。

而这项最新研究则主要揭示了自然选择对桃基因组的影响，以及桃适应不同环境的遗传学基础。

王力荣表示，下一步，他们将利用丰富的种质资源，开展蔷薇科果树如何适应环境的遗传学研究，为培育适应气候变化的果树新品种奠定理论基础。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1101/gr.261032.120>

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：王力荣等 来源：《基因组研究》

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](https://www.iikx.com)转发