# 中国水蜜桃高质量参考基因组发布

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14302.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！*

**中国水蜜桃高质量参考基因组发布**。近日，北京市农林科学院在《自然·通讯》上发表了研究论文，公布了具有独特浓郁风味的中国水蜜桃高质量参考基因组，阐释了以水蜜桃为代表的优质资源对于全球桃现代育成品种遗传贡献；揭示了桃风味改良过程中，东、西方对甜度趋同选择和酸度分化选择的模式，解析了重要基因在果实有机酸和可溶性糖积累中的功能。该研究提供了高质量参考基因组和丰富的遗传资源，为进一步深入解析桃果实风味形成的遗传机制和促进重要品质性状的遗传改良奠定了基础。

目前，国际上桃的参考基因组来自于西方Lovell品种的双单倍体材料PLOV2-2N，然而Lovell在生产中被广泛用作砧木材料。为揭示果实重要农艺遗传基础，本研究选取了中国水蜜桃代表材料之一的龙华水蜜，采用三代单分子测序，辅以Hi-C挂载的策略对龙华水蜜基因组进行了高质量组装（基因组大小257.2 Mb，Contig N50 =为5.17 Mb）。进一步的比较基因组研究显示了这两个参考基因组在基因组序列上有丰富的变异。

研究人员利用桃群体基因组数据，通过群体结构结合糖、酸相关表型的分析，揭示了桃风味改良过程中东、西方对甜度的趋同选择和酸度的分化选择的模式，进一步通过结合有效群群体变化（MSMC）和群体结合渗透（rIBD）的分析，显示了我国东部优良品种的产生及其对桃现代育成品种的遗传贡献，分析了渗透区内与糖酸品质相关的候选基因及其对现代品种形成的潜在贡献。

团队结合桃材料多年表型数据，发现在桃改良过程中，东、西方群体的选择区间富集了与苹果酸、柠檬酸合成和转运相关的基因，为揭示二者有机酸表型分化提供了候选基因；差异表达的候选基因瞬时过表达结果证实PpALMT1可促进苹果酸在果实中的积累。

果实甜度是桃风味的重要决定因子和遗传改良目标。研究人员基于全基因组GWAS分析，发现了多个控制果肉主要糖类（蔗糖、果糖、葡萄糖和山梨醇）含量的QTLs位点及其遗传效应，为桃风味遗传改良提供了分子位点。相对于蔗糖和葡萄糖，东、西方桃甜度改良主要体现在果糖含量的提升上，位于1号染色体上控制果糖含量的主效位点受到了强选择。

通过对控制果糖主效SNP位点单体型块的构建，结合单体型块区间内基因表达分析，筛选到一个候选基因PpERDL16，该基因的表达量与果糖含量呈显著负相关，其同源蛋白在拟南芥和苹果中的研究中被证明与单糖（葡萄糖）跨液泡膜外转运相关；瞬时过表达证实定位于液泡膜上的PpERDL16可促进桃果肉果糖和葡萄糖的外运；基因单体型分析显示，现代东西方桃育种导致了对高果糖基因单体型的高频利用。

值得一提的是，此前北京市农林科学院院已分别在桃果实可食用演化机制和蟠桃果形遗传调控机

制基础研究方面陆续取得突破性进展，相关研究结果分别发表在《自然·通讯》和《基因组生物学》上；两项研究成果为桃野生资源利用和蟠桃育种提供了坚实的理论基础。

北京市农林科学院已推广了一批市场认可的好品种，如：绿化九号、北京24号、瑞光、瑞蟠系列品种等，并积极发挥区位优势，协同京津冀地区农业科技发展，为我国桃产业振兴发挥了积极的作用。

该研究得到了国家重点研发计划主要经济作物优质高产与产业提质增效科技创新项目和北京市农林科学院基因组育种协同创新项目等的资助。（来源：中国科学报 张晴丹）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41467-021-23879-2

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：谢华等 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转发