
橙子为何可酸可甜？

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14350.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！

橙子为何可酸可甜？。



甜橙芽变（体细胞变异）群体的表型 徐强供图

冰糖橙、锦橙、甜橙、血橙、夏橙……这些酸甜度不同的橙子在植物分类学中都属于甜橙。世界上甜橙的基因组背景完全一致，风味多样的品种主要来源于体细胞变异。

近日，《自然—植物》在线发表了华中农业大学园艺林学学院教授徐强课题组构建的高质量的甜橙参考基因组。他们首次阐明了甜橙体细胞变异的基因组基础，为芽变机制提供了理论支撑，同时也为果实风味育种提供了基因资源。

果实品质是甜橙选育的主要因素

论文通讯作者徐强介绍，我国是世界上柑橘属植物的起源演化中心之一，拥有丰富的种质资源。大部分低酸芽变材料分布在亚洲地区。甜橙在历史上数次从中国经过海上丝绸之路、陆地茶马古道等传播到外地。

据报道，最初被波斯（今伊朗地区）、地中海地区商人引进的中国甜橙是高酸类型，这类高酸的果实易于长途储运但风味不好。或许与果实的品质有密切关系。论文第一作者、华中农业大学园艺林学学院王论说，在长途海运中，为防治坏血酸症，医生建议食用甜橙补充维生素C。而由于当时保鲜技术的限制，最初的甜橙应该是耐储存的高酸品种。后来从中国引进了酸含量中等、风味更好的甜橙类型。随后，甜橙群体数次经过海运、陆运到达世界各地，

人们对果实品质尤其关注，果实风味是鲜食水果品系市场价值的重要因素。而野生柑橘资源或原

始材料大多是高酸材料。徐强说，近现代的果树芽变育种主要关注果实中柠檬酸的变异，柑橘驯化过程中主要降低了柠檬酸含量而改良了口感。

王沦说，经过长期栽培和选育，柑橘有丰富的品种资源和变异类型，柑橘新品种也不断涌现。例如，地中海地区选育的柑橘品种大部分是中等酸度的品种。

研究发现，基因组中造成甜橙芽变品种果实柠檬酸降低的遗传因子主要是由于转座子引起。通过大规模的体细胞芽变品系与低酸的关联研究，可以为培育低酸的柑橘品种提供新思路。徐强说。

影响甜橙风味的体细胞变异

徐强介绍，大多数果树是无性繁殖的，无性繁殖能够固定杂交优势，迅速扩大群体，因而基于体细胞变异的芽变育种就成为果树重要育种途径。据统计，甜橙所属的柑橘家族60%的品种来源于芽变育种，而80%的甜橙品种都来源于芽变育种。

甜橙在全世界114个国家栽培，绝大多数品种来源于体细胞变异。同时，由于甜橙具有无融合生殖的特点，自然条件下进行严格的无性繁殖，所以成为了体细胞变异研究的模式物种。徐强说。

论文第一作者、华中农业大校园艺林学学院王沦解释说，真核生物每次细胞分裂，遗传物质DNA复制和修复过程中有一定概率产生突变。除了生殖细胞，体细胞数量庞大，也会产生体细胞变异。在人类疾病中，体细胞变异累积与癌症发生密切相关。在植物中，体细胞变异可以传递给下一代，然而人们对植物体细胞变异认知较少。尽管如此，在果树育种中，体细胞变异被广泛利用于芽变选种。

王沦告诉《中国科学报》，体细胞突变使得果实形态、颜色、酸度、成熟期，花器官的育性、花期变化、树体结构等方面表现出丰富多样的表型。

柠檬酸是柑橘果实风味的关键因子，该团队前期研究发现，糖酸比是柑橘果实风味的决定因子。

论文并列第一作者、博士生刘子昂介绍，甜橙114个芽变材料的果实柠檬酸含量变化十分显著，如我国湖南南部收集到的自然高酸甜橙，其果实的酸含量接近于柠檬，而无酸甜橙的柠檬酸含量接近为0。

寻找体细胞变异是研究芽变机制的重要方式。徐强说，但是，高精度的体细胞变异检测难度很高，这为研究无性繁殖群体的群体演化制造了困难。

徐强认为，对于植物，覆盖全基因组的体细胞变异检测和精准预测位置是打开芽变研究的金钥匙，可以为后期芽变材料的分子标记设计，揭示各种重要芽变的真面目。

如何提高变异位点的预测精度

甜橙为橘柚杂交后代，基因组高度杂合。高质量基因组可以促进高质量体细胞变异的检测。徐强告诉《中国科学报》，为了解析甜橙体细胞变异的遗传基础，挖掘影响果实酸味的关键基因，他们采用了芽变群体结合基因组学的策略，提高了体细胞变异位点的预测精准度。

首先，该团队建立了高质量的甜橙参考基因组，将组装的序列挂载到甜橙的9条染色体上，平均

每条染色体仅包含3个缺失。他们共鉴定出29875个基因。

目前，该基因组为目前柑橘属最好的基因组，其质量在所有果树基因组中也位居前列。论文并列第一作者黄跃说。

同时，他们还完成了5个甜橙芽变系的基因组，通过基因组比较，发现芽变系之间存在大片段的结构变异，多达2321个。进一步鉴定到877个转座子跳跃事件。这些转座子在低酸和无酸的突变体中插入到相关基因中，从而影响了果实的pH值及柠檬酸含量。

其次，他们收集到114个甜橙芽变群体，数量丰富，覆盖国内外各种芽变资源，对芽变研究具有足够的代表性。论文作者、西南大学柑橘研究所研究员江东说，这些品种包括位于我国南方栽培历史悠久的地方品种、来源于地中海沿岸以及美洲的栽培品种。

通过分析和鉴定，该团队确定了这些芽变材料为严格的克隆材料。背景相似度高达99.99%，没有发生杂交事件，没有染色体重组，基因组之间的差异仅仅来源于体细胞变异。王纶说。

接着，他们开发了适合甜橙芽变群体的大数据分析方案。王纶介绍，他们将114个甜橙材料随机分成4组。通过构建群体比较模型，精细挑选了体细胞变异在基因组中的信号，基于统计分析的显著性筛选高质量的候选变异，将变异信号范围缩小。

最后，基于以上结果设计PCR实验验证了转座子在芽变品种的多态性。结果表明，验证率达87%以上，一步一步将预测结果变为实际可用的数据。徐强说，这些数据成为甜橙群体研究的重要基础数据，为研究甜橙克隆进化规律、芽变机制、无性繁殖作物育种等提供了可靠的数据库支持。

同时，他们的研究结论也支撑甜橙在历史上的传播路线，并在地中海品种和美洲品种检测到了更多的体细胞变异。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-021-00941-x>

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：徐强等 来源：《自然—植物》

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