
揭开“不育”之谜 老姜期待新生

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15196.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！

揭开“不育”之谜 老姜期待新生。



张良姜大田栽培。受访者供图

冬吃萝卜夏吃姜，不劳医生开药方。药食两用的姜一直有着非常重要的地位，在世界范围内都有显著的经济价值。但是，由于姜有性繁殖困难，基因组庞大、杂合度高，相关的分子生物学和遗传选育工作一直停滞不前。

近日，平顶山学院植物遗传育种研究组联合北京林业大学等单位开展姜的相关研究取得了突破性

进展。他们解析了我国重要的传统品种张良姜单倍型基因组序列，揭示了单倍型基因组间差异，推断出姜高度不育的基因组基础，初步澄清了姜辣素生物合成通路。

相关成果发表于《园艺研究》，为后续的功能研究和分子设计育种奠定了重要基础。

产量低制约姜中之王发展

生姜是传统中药的重要成分，同时也是重要的调味料，是一种极具价值的药食两用园艺作物，在我国有悠久的栽培历史。姜之所以深受市场青睐，是因为其含有多种营养成分，除了蛋白质、碳水化合物、多种维生素和矿物质外，还含有姜油酮、姜酚等生物活性物质。

姜中也有佼佼者，不仅色泽深黄、辛辣芳香、气浓味长，而且质实丝多、久贮不腐，这便是享有姜中之王美称的张良姜，现保存在河南省平顶山市鲁山县张良镇，是国家农产品地理标志登记保护的生姜品种。

张良姜已有2000多年的种植历史，自古便享有盛名，在汉代曾被列为贡品，《鲁山县志》中有相关记载。论文第一作者、平顶山学院副教授程世平在接受《中国科学报》采访时介绍，张良姜已入选首批中原贡品保护名录，而且鲁山县张良蔬菜专业合作社生产的张良姜在第八届中国国际农产品交易会荣获金奖。



张良姜。受访者供图

除具有一般姜的营养成分外，张良姜的蛋白质、糖类、粗纤维素和矿物质元素硒的含量也比较突出。张良姜有其独特的药用价值；并且除腥、去臊、去臭的作用明显；它还能加工成姜汁、姜油、姜酒等多种食品，用途广泛。然而，如此优异的品种现今却很少有人识得它的特性，千年品牌正面临产业发展困境。

程世平指出，虽然这个品种有其独到之处，但产量低，在市场上缺乏竞争力，当地部分农户更愿意选种产量更高的山东大姜。张良姜的发展现状并不乐观。

整个鲁山县的种植面积也就1000亩左右，产量大概每亩地3000~4000斤，而像山东大姜的产量可以达到每亩地上万斤，其中的差距可想而知。在程世平看来，把张良姜的亩产提升到8000~10000斤，提高品质和抗逆性等，才有市场竞争力，推广前景才会更好。

因此，研究组多年来一直与鲁山县张良姜研究所、平顶山市农业科学院等单位合作开展张良姜的育种工作。然而，由于姜有性繁殖困难，使得传统的杂交育种技术无法施展拳脚。

全球的姜都是不育的，河南、山东的姜几乎都不开花，南方极少能开花的姜，也同样不结种子。就像骡子一样，所有的姜都不能‘生孩子’，这对于育种来说十分棘手。论文通讯作者、北京林业大学教授毛建丰在接受《中国科学报》采访时说。

破译基因组，寻找更多宝藏

现代生物科技的高速发展，为科研人员提供了另一种破解途径。

我们可以利用基因组学去破译姜，基因组学就像一扇门，进去以后可以找寻更多‘宝藏’。一旦我们知道了内在的生物学机制、分子调控机制、基因表达机制，我们就可以结合现在的生物技术手段去‘改造’它，让它更高产、更抗病虫害等。毛建丰说。

张良姜实际上是二倍体，有两套基因组，我们利用先进的长读长测序技术，组装并注释了张良姜的两套单倍型基因组序列。论文共同第一作者、北京林业大学博士贾凯华告诉《中国科学报》。

两套基因组分别有11条染色体，两套单倍型基因组的总长度为3.1Gb，共注释获得73006个编码基因。通常情况下，其等位基因在基因表达上往往有差异，到底是什么因素决定了是否存在差异？

为此，团队做了相应的探索。他们揭示出两套基因组间等位基因表达差异可能与基因顺式调控区、编码区序列差异、转座子的临近效应以及选择压有关，到底谁的影响更大，还有待进一步研究。

姜辣素是生姜多种功能活性的主要功能因子，是姜风味和药用价值的重要基础，在调味品、化妆品和医疗保健等领域具有广阔的应用前景。因此，掌握姜辣素的合成通路至关重要。

我们利用基因共表达网络分析，初步解析了姜辣素生物合成相关的基因调控机制。毛建丰说。在生姜的基因组中，他们总共注释到两套单倍型基因组共70个等位基因可能参与到了姜辣素的生物合成途径。

石蒜素羟基肉桂酰转移酶的催化反应是姜酚生物合成通路的限速步骤，我们检测到了7编码该限速酶的结构基因。基因表达的调控网络分析共识别到60个转录因子基因参与了姜酚生物合成的表达调控，其中两个分别来自HD-ZIP和ERF转录因子家族的基因可以靶定其它两个转录因子上并进一步靶定到姜酚生物合成通路基因上，这几个转录因子可能主导着整个姜酚的合成积累。程世平表示。

重要生物合成酶编码基因和转录因子基因的识别、基因调控网络的确立，为后续基于基因编辑技术精准的突变体诱导、基因功能研究和新种质开发提供了重要信息。

有望实现种子繁育

值得一提的是，团队还找到了导致姜不育的原因。

通过解析的基因组，团队研究发现姜的基因组内杂合度很高，而且基因组庞大，这都是育种工作的难点。

程世平介绍，两套单倍型基因组间有相似的基因构成和较高的同源性，但也存在数万个倒位、异位、重复等结构变异，其中4号染色体上的两个较长的倒位最为显著，这可能是生姜减数分裂中特殊的染色体构型、配子败育率高和高度‘不育’的主要原因。

不结种子的缺点导致姜的育种手段比较单一。我们的研究成果为种质资源开发、高效遗传改良提供了更好的基础。后续，我们要想办法把姜基因组内部的杂合度降低，实现杂交可育，然后去挖掘姜的杂种优势。毛建丰说。

除此之外，为了给张良姜加分，我们还可以通过分子设计育种来调控姜的辣味，或者调控其他有益次生代谢物的含量，提升姜的品质，这将会对产业发展起到很大的推动作用，提高当地经济效

益，真正帮助擦亮张良姜这个名牌。程世平表示。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41438-021-00599-8>

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：毛建丰等 来源：《园艺研究》

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