
破译花椒“地图”，寻找麻香味的秘密

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15952.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！

破译花椒“地图”，寻找麻香味的秘密。



陕西省宝鸡市凤县花椒示范试验站种植的凤椒。受访者供图

被誉为八大调味品之一的花椒，是我国特色的药食同源植物，具有重要的经济、药用及生态价值。但是，目前花椒育种仍处于传统育种阶段，相关基因组学和分子生物学研究进展缓慢，遗传育种工作一直停滞不前。

近日，西北农林科技大学教授魏安智团队在花椒研究上取得新突破。他们成功组装了花椒染色体

级别的参考基因组，并且在该基因组信息基础上，初步摸清了花椒麻味、香气以及色泽这三个主要特征的合成通路。

该参考基因组为研究近期转座子扩增和全基因组复制事件对基因得失和基因组重建的影响提供了有价值的模型，并为加速花椒遗传改良提供了理论基础。相关成果发表于《园艺研究》。

无融合生殖导致育种进度慢

花椒为芸香科花椒属植物，我国是花椒的原产国和主产国，栽培历史悠久，种质资源极为丰富，产量和种植面积均居世界首位。

近年来，花椒种植规模以每年20%~30%的速度递增，栽培总面积已达2500万亩左右，年产干椒约40万吨，形成了一个年产值约300亿元的巨大特色农产品产业。

花椒的价格这些年一直在上升，最近三年才逐渐趋于平稳，花椒是经济林里经济效益比较高的，对于脱贫致富有着重要意义。随着市场需求的增大，对花椒研究的关注度也越来越高。该论文通讯作者魏安智在接受《中国科学报》采访时表示。

魏安智指出，由于花椒是无融合生殖，因此育种进度比较慢。

无融合生殖是一种不需要雌、雄配子结合而直接由母本产生后代的生殖方式。这种特性注定了花椒不能杂交育种，要想培育出优良的、满足市场需要的品种，破译基因组成了当务之急。

染色体数目多、杂合度和重复序列高

花椒基因组庞大、染色体数目多，杂合度和重复序列高，导致组装难度很大。该论文第一作者、西北农林科技大学博士后冯世静在接受《中国科学报》采访时说。

基于此，研究团队以凤椒作为测序材料，采用二代、三代的测序策略，同时结合Hi-C染色体构象捕获技术，组装了花椒染色体级别的参考基因组，组装的参考基因组大小为4.23Gb。

这是目前能够做到的比较完整的花椒基因组，大小是其同科植物甜橙的10倍之多，有了这张‘地图’，后续才能开展更加深入的研究。魏安智表示。

进化分析显示，花椒和甜橙之间的亲缘关系最近，它们的物种分化大约发生在3500万年前，之后，花椒在约2600万年前经历了一次独立的全基因组复制事件，并在640万年前发生了转座子爆发事件，此后经历一系列染色体断裂及融合，最终形成了如今的染色体。

找到关键的合成基因

人们钟爱花椒，更多的是因为其带来的麻感。麻、香味是花椒主要的风味特征，是其重要的品质评价指标，也是吸引消费者和提高市场竞争力的重要因子。

现在许多关于‘麻’的研究，还停留在提取花椒的麻味物质，或者研究人吃了花椒后是如何感知麻味的，也有人在研究麻味的化学合成，但是生物合成研究工作鲜少有人开展，我们便以此为突破口。冯世静说。

研究团队利用获得的基因组信息，结合转录组和代谢组，鉴定出与花椒麻味物质、果皮颜色和香气物质成分相关的关键合成基因，并分析这些基因在果实不同发育时期的表达模式，初步绘制了花椒麻味物质合成的代谢通路图。



四川汉源花椒 受访者供图

花椒的种植区域非常广泛，目前我国主要栽培区包括四川、陕西、甘肃、山东、河北等多个省份。在栽培驯化以及引种过程中，花椒形成了诸多品种（系），如大红袍、小红袍（小红椒）等。

不同的种源地，具有不一样的气候条件和自然环境，这也导致各产地花椒在香味、麻味以及颜色上有所差异。而且花椒树枝有刺，影响采摘效率。

大家都想培育出无刺、香味好、麻味浓、颜色好、产量高的花椒品种，这在以前完全是一种奢望，现在我们破译了基因组‘地图’以后，可以开展分子育种，真正实现集万千优点于一身了。魏安智说。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41438-021-00665-1>

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：魏安智等 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](http://www.iikx.com)转发