
解码“液体黄金”合成的油茶遗传密码

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/17172.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！

解码“液体黄金”合成的油茶遗传密码。



油茶果实。王开良摄

油茶是我国传统的木本油料树种，具有2300余年的栽培和食用历史。自上世纪起，经过四代科技工作者的艰苦努力，我国油茶主栽良种衍生出数百个品种。但受制于多倍性、长时效的特性，油茶育种工作效率不高。

2022年1月10日，中国林业科学研究院亚热带林业研究所（以下简称亚林所）研究员姚小华团队和殷恒福团队在《基因组生物学》（Genome Biology）上在线发表了最新研究论文。

该研究成功组装了全球首个染色体级别高质量油茶基因组，揭示了油茶物种进化历史及其种子含高油脂、高不饱和脂肪酸的驯化机制，建立了油脂性状早期选择技术体系，为加快良种选育效率、保障我国粮油安全奠定了基础。

抱子怀胎的油茶良种选育缓慢

良种是农业生产的芯片。中国科学院院士钱前告诉《中国科学报》，作为我国四大油料作物之一，油茶是农民增收、粮油安全、生态建设的重要法宝。我国油茶育种历经了选择育种和定向杂交育种阶段，主栽良种由家系品种、农家品种走向无性系良种，衍生出数百个品种，构成了我国油茶产业的发展基础。

但由于油茶结实之前要经历漫长的童期，而且从开花到果实成熟需要整整1年时间，俗称‘抱子怀胎’，导致油茶育种年限长，新品种选育缓慢，良种选育速度无法满足产业发展的需求，已成为阻碍油茶产业发展的重要因素。钱前说。

论文共同通讯作者姚小华在接受《中国科学报》时说，我国长期面临食用油供需压力，对外依存度高达60%。油茶能够利用我国亚热带区域的宜林山地种植，不与粮争地，是保障我国粮油安全、实现乡村振兴的重要抓手。

论文通讯作者殷恒福介绍，油茶泛指山茶科山茶属植物中油脂含量高，具有一定栽培面积的，有经济栽培价值的物种的总称，是我国主推的重要木本油料树种。我国现有油茶种植面积7000万亩，以普通油茶（*Camellia oleifera*）为主，年总产值1200亿元左右。

油茶籽油中不饱和脂肪酸达90%以上，其中以单不饱和脂肪酸油酸为主，富含角鲨烯、维生素E、甾醇、多酚等功能成分，具有极高的保健价值，被誉为液体黄金。

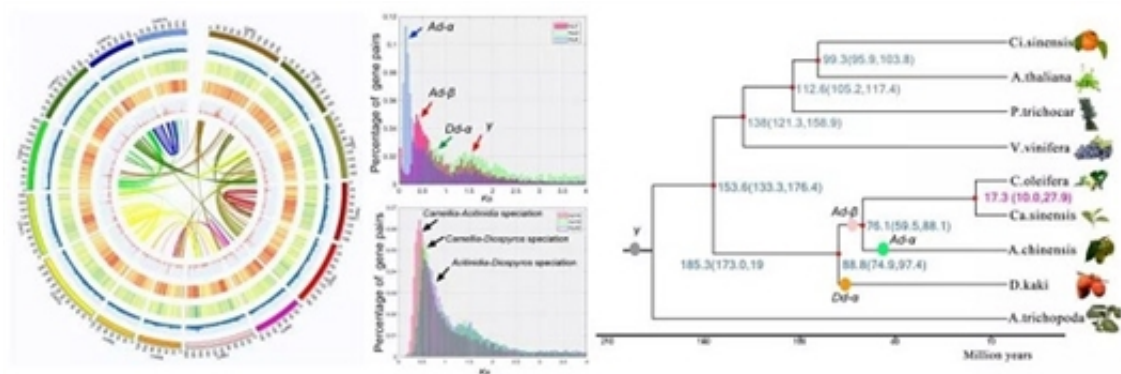
然而，研究发现，油茶基因组具有杂合率高、重复序列占比大的特点，其杂合率达到了2.52%，远高于大部分已测序的物种，这为基因组组装带来了巨大挑战。殷恒福说。



油茶果实。王开良摄

首个染色体级别高质量油茶基因组

论文第一作者、亚林所副研究员林萍说，经过四年多的努力，该团队获得了大小为2.95 GB，Contig N50为1.002 MB的二倍体油茶（CON）的基因组图谱，并将基因组锚定到15条染色体上，锚定率达到91.33%，获得了质量优良的油茶基因组图谱。

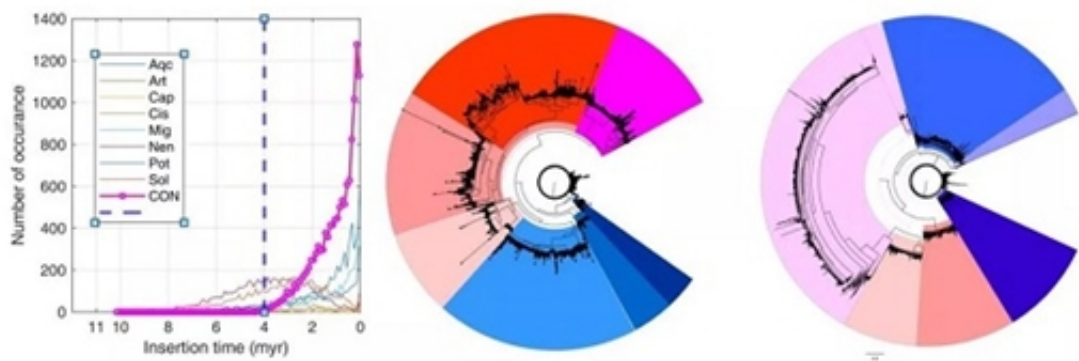


油茶基因组图谱及其进化。林科院亚林所供图

同时，他们利用控制杂交的群体建立了高密度的遗传标记连锁图谱，对基因组图谱组装进行了进一步的校正，为未来重要性状的基因定位提供了支撑。

殷恒福说，油茶物种起源与分布主要集中在我国南方亚热带地区。通过对油茶基因组的比较分析，他们发现，油茶基因组共发生了两次全基因组复制事件：第一次为古老的 γ 复制，第二次发生在山茶属与猕猴桃属分化前不久。

而山茶属形成之后并没有发生特殊的全基因组复制事件。林萍说，他们通过山茶—猕猴桃、山茶—柿、柿—猕猴桃属间同源突变率的比较印证了这一观点。



油茶基因组重复序列分析。林科院亚林所供图

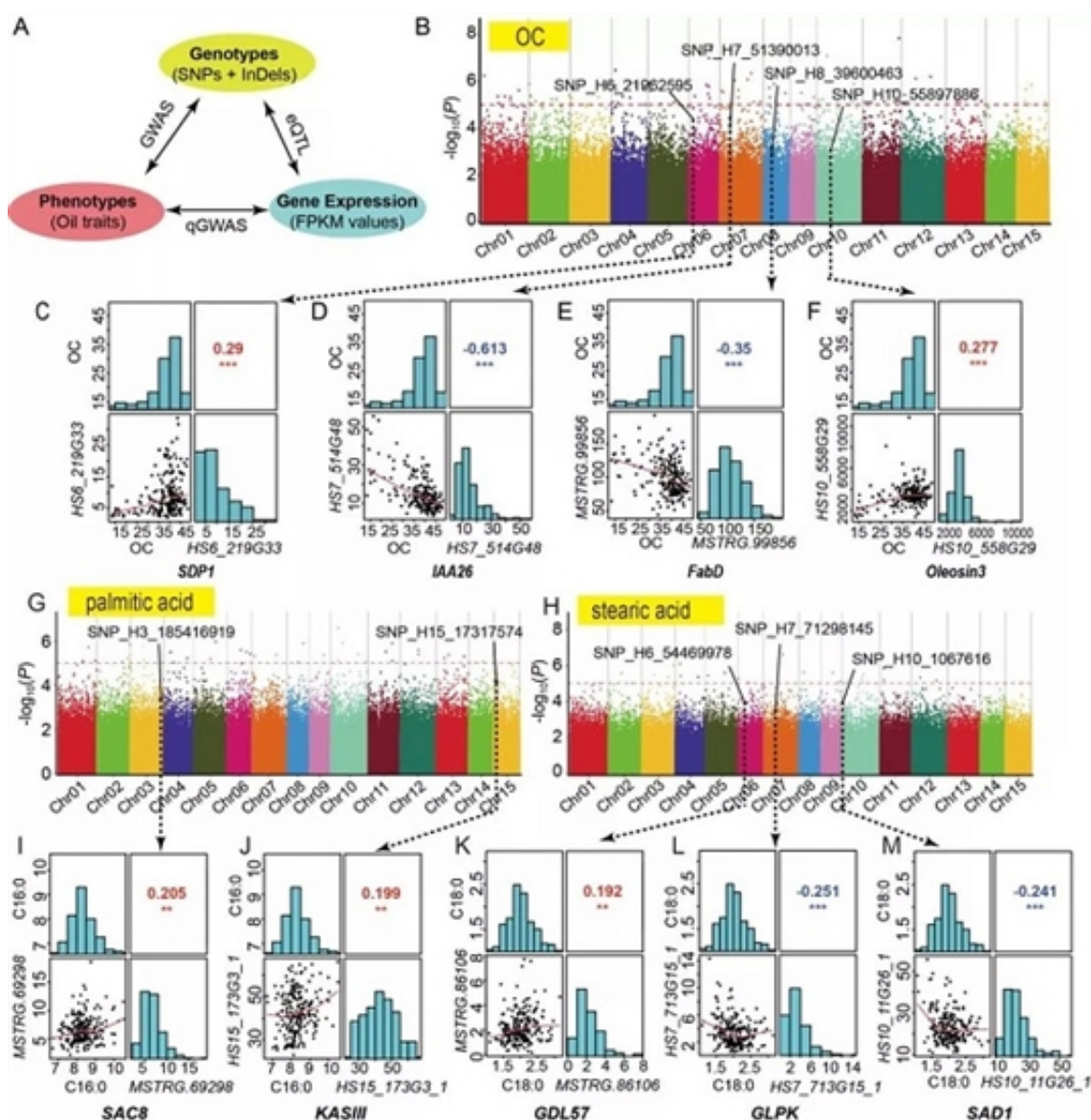
姚小华介绍，山茶属包括200多个物种，包括以普通油茶为代表的油茶组、以茶为代表的茶组和以山茶花为代表的山茶组等。系统发育和分子钟标定分析发现，油茶和茶的分化发生在大约17.3百万年前。

在长期的栽培驯化中，区别于以叶用为目的的茶和以观赏为目的的山茶，油茶在人工选择作用下进化成以种子油脂为主要栽培目的的木本油料树种，使得油茶成为研究植物种子油脂性状驯化的绝佳材料。姚小华说。

为进一步揭示油茶油脂性状驯化的分子机制，该团队利用全国分布区内的221个代表品种开展了群体转录组测序和关联分析。结果发现，在长期驯化过程中，油茶果实逐渐增大，种仁油脂含量显著提高，油脂品质不断优化，形成了目前主栽的果大、含油率高、油脂品质优良的栽培类型。

进一步分析发现，在驯化过程中，油茶基因组中油脂代谢通路中的多个基因受到了显著的人工选择。此外，胁迫应答、激素生物合成等通路也受到显著选择。林萍说。

为了挖掘高度可信的油脂代谢关键基因，他们联合采用基因组遗传变异、基因表达水平和表型性状变异关联分析。令人惊讶的是，在筛选出的21个候选基因中，有14个属于油脂合成和分解代谢通路基因。



油茶品种群体关联分析发掘油脂产量与品质的调控基因。林科院亚林所供图

其中，油脂代谢通路中的8个基因和植物激素相关转录因子IAA26在长期栽培驯化过程中形成了显著的单核苷酸多态性和表达水平差异。这8个基因既包括油脂合成基因，也有油脂分解代谢基因，这表明油茶油脂性状是由参与合成和分解的两类基因协同调控的结果。殷恒福告诉《中国科学报》。

构建油茶特异的早期选择技术体系

油茶童期长的特性导致油茶良种选育时间长、效率低。应用分子标记辅助选择可从苗期开始选择，大幅缩短育种进程，对以果实为主要目的的油茶育种而言，优势尤其明显。姚小华说。该团队利用该研究中获得的油脂代谢关键基因内的单核苷酸多态性位点基因型与油脂性状的相关性，筛

选出10组可用于高含油率、高油脂品质种质资源早期鉴别的单核苷酸多态性基因型。

林萍说，这是首次构建油茶油脂性状早期选择技术体系，苗期选择效率可达到68.42%~86.96%。相关内容已申报国家发明专利，有望有效缩短油茶育种周期，提高油茶育种效率。

钱前指出，亚林所油茶团队以二倍体油茶为对象，构建了油茶全基因组图谱并明确了油茶的起源和演化机制，挖掘了油脂性状的关键基因及变异位点，揭示了油茶在人工选择作用下进化为以种子油脂为栽培目的的本油料树种的驯化遗传机制。

该研究有效促进了对油茶油脂合成调控的解读，对指导油茶遗传育种，加速分子育种进程，提高育种效率奠定了扎实的基础。油茶基因组的破译，实现了油茶从传统育种向基因组育种的跨越，开启油茶精细育种时代，为分子设计高产抗性强的油茶新品种提供了物质基础。钱前说。

林萍表示，未来将在二倍体油茶基因组的基础上，进一步解析多倍性油茶种质资源的基因组，挖掘和鉴定油脂产量与品质、重要功能性成分等性状的主效基因或基因型，开展重要经济性状的分子标记辅助精准预测，为油茶分子育种提供工作基础。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-021-02599-2>

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：姚小华等 来源：《基因组生物学》

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