

植物所揭示丁香属全基因组、演化历史及花香形成机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18783.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！

丁香属为温带起源的木本芳香植物，是木犀科（Oleaceae）中较为古老的类群，全属30余种（变种），除3种在巴尔干半岛和北海道分布以外，其余在中国均有野生分布。作为观赏植物，丁香拥有约1400年的栽培历史和约200年的育种历史，其药用功能的开发和芳香精油的利用由来已久。然而，丁香属全基因组信息的缺乏，限制了科学家解析其时空演化格局，并阻碍了其药用功能的深度挖掘与定向育种目标的高效实现。

中国科学院植物研究所石雷研究组致力于丁香属野生和栽培资源的保育研究。研究组与梁振昌研究组合作，在东亚广布种华北紫丁香（*Syringa oblata*

）全基因组测序组装的基础上，开展了包括其近缘种在内的比较基因组分析，发现木犀科的祖先具有20条染色体，在渐新世中期前经历了一次二倍化事件，随后加倍的部分染色体发生了断裂重组，最终形成了木犀科植物的46条染色体。华北紫丁香祖先的分化早于木犀科中桂花和油橄榄的分化；丁香属内五个组（系）的祖先在中新世后期开始分化。基于全基因组序列和覆盖全属的26个野生种（变种）的重测序，该研究形成了迄今最完整的丁香属种间系统演化图谱。基于该数据集的生物地理重建表明，丁香属约在中新世起源于以中国北方为核心的东亚北部，此后分别向欧洲、中亚以及中国中部及西南扩散，在秦巴山区和横断山区之间曾存在复杂的基因渐渗，由此形成了丁香属的物种多样性。针对华北紫丁香花香四溢的典型特征，研究对包括其在内的14种具有花香或果香的物种进行比较基因组分析，发现其TPS和MYB

基因家族呈现显著扩张；进一步开展花开进程中的香气分析，发现芳樟醇、 β -罗勒烯和 α -法尼烯

等是

构成华北

紫丁香盛花期花香

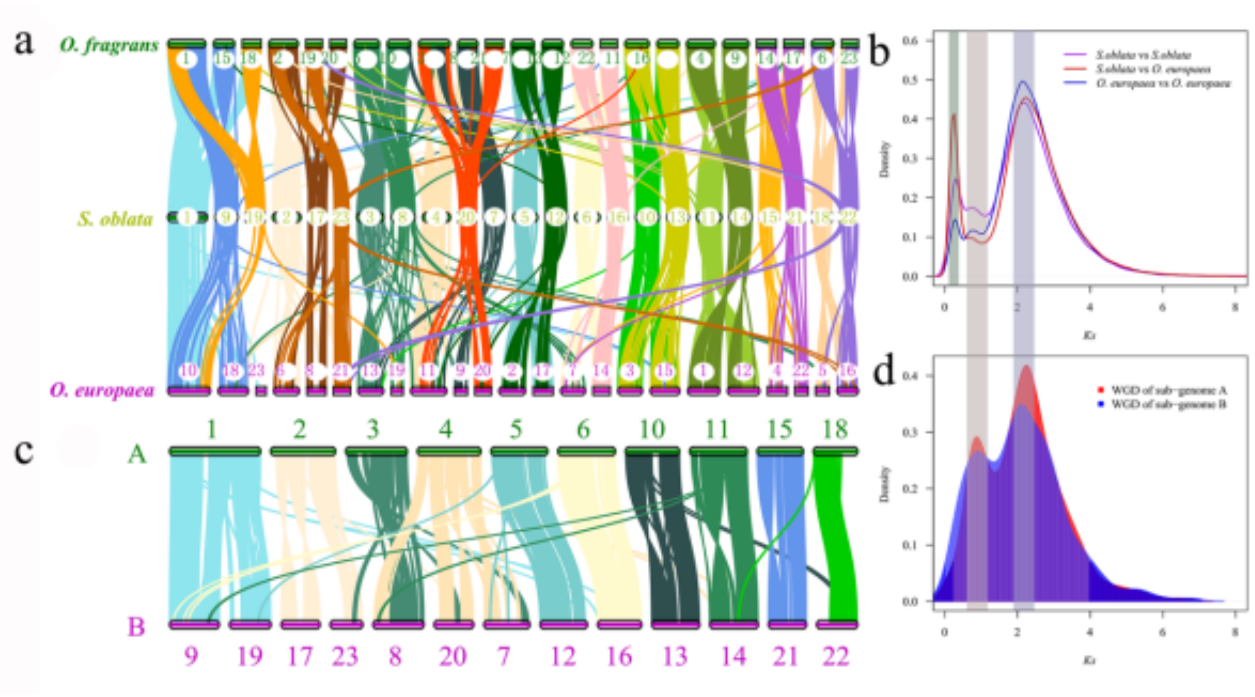
的主要单萜和倍半萜成分。基因共表

达网络预测显示，33个TPS-a、34个TPS-b以及195个MYB家族基因参与丁香萜类的合成与调控。

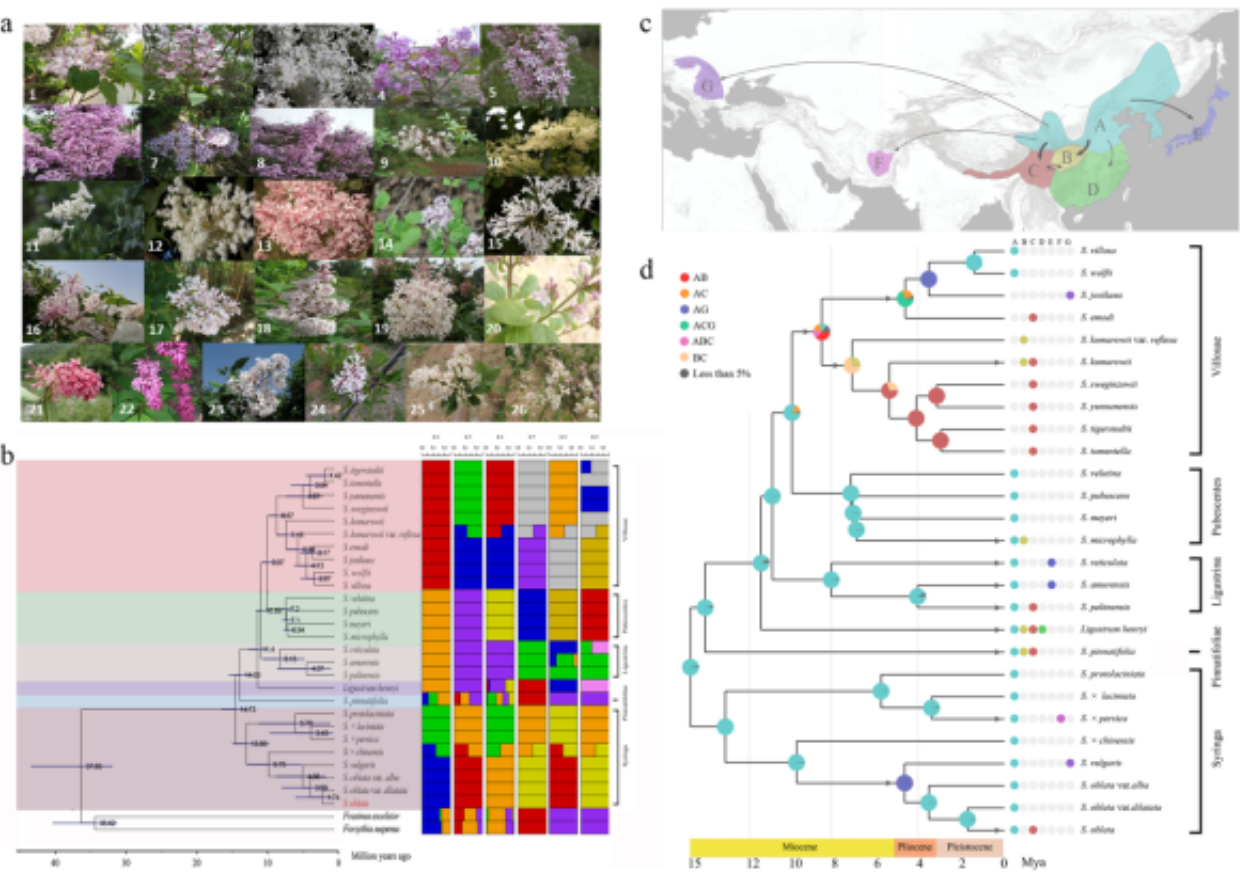
当前，基于全属资源收集而获得的研究成果，避免了既往研究中部分取样所带来的局限性，为丁香属植物的深度认知提供了重要信息，并为丁香功能研发提供了科学支撑，这是国家丁香种质资源库科学研究价值的重要体现。

6月8日，相关研究成果在线发表在The Plant Journal上。研究工作得到国家自然科学基金的支持。

论文链接



华北紫丁香（*Syringa oblata*）的基因组演化分析



丁香属植物的遗传多样性和生物地理演化历史分析

研究团队单位：植物研究所

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