
东西方梨“身世之谜”破解，定制化育种提速

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/34962.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！

东西方梨“身世之谜”破解，定制化育种提速

。长得既像亚洲梨又像西洋梨，口感既像亚洲梨那样酥脆多汁，又兼具西洋梨的细腻肉质和浓郁风味……当你在吃一个库尔勒香梨时，你吃的不是新疆梨，而是东西方梨文化的交融。

8月6日，《自然—遗传》在线发表的由南京农业大学教授吴俊团队领衔的研究成果，不仅证明我国的新疆梨是西洋梨和亚洲梨的杂交后代，而且以亚洲梨和西洋梨的代表性品种‘砀山酥梨’和‘红巴梨’为试材，分别构建了高质量无缺口单倍型分型基因组，深度探究了亚洲梨与西洋梨长期分化与驯化选择的特征，挖掘到控制亚洲梨和西洋梨果实大小、成熟软化差异的关键结构变异。



亚洲梨和西洋梨。吴俊供图

?

研究结果不仅为解析多年生果树复杂性状的遗传变异和分子基础提供了新范式，也为梨分子设计育种和优异性状的高效聚合奠定了坚实的理论基础与数据资源。

美国康奈尔大学教授费章君长期致力于生物信息学和植物基因组功能分析研究，他告诉《中国科学报》，这项成果为梨的功能基因挖掘和分子育种提供了全新的组学平台。该研究特别揭示了果实成熟软化等性状在亚洲梨与西洋梨之间分化的基因组结构变异机制，建立了从遗传变异到表型调控的理论框架，推动了梨育种从“经验育种”向“分子设计育种”转型，具有重要的理论创新意义和广泛的实践应用价值。

亚洲梨和西洋梨各有千秋

梨是世界性广泛栽培的重要果树，其栽培历史可以追溯到3000多年前。根据地理分布，主要分为亚洲梨和西洋梨两大栽培种群。

论文通讯作者吴俊告诉《中国科学报》，亚洲梨主要包含砂梨、白梨、秋子梨及新疆梨四大栽培种。亚洲梨的果实偏圆形、肉质酥脆、味甜汁多，除秋子梨以外，多数为采收后即可食用。

而欧美主栽的西洋梨均属于一个栽培种，其果实呈葫芦型，色泽丰富、口感细腻、风味浓郁，但多数在采收后需要后熟软化才可食用。

这两类梨看起来非常不一样，实际上却是同一个物种。它们分别具有消费者喜爱的独特性状，深受不同地域人们的喜爱。“如何将亚洲梨和西洋梨中优异独特性状聚合，并快速导入到新品种中去？”吴俊说，这是梨育种研究的重要课题。

“对于梨这样的多年生果树，通过传统的杂交育种，培育一个优良新品种，需要15到20年左右的时间，不仅周期长，效率低，而且要投入大量的土地和劳动力，很难在短时间内培育出满足市场和消费者需求的高质量梨果。”于是，吴俊团队打算以解析梨的遗传密码和变异信息，提高育种效率为目标。



亚洲梨和西洋梨的果实。吴俊供图

?

然而，梨属于典型的自交不亲和性物种，也就是说同一品种梨树的雄花无法让雌花受精并结出果实。吴俊说，这种必须依靠别的品种授粉的“操作”，使得梨的品种资源间存在广泛的基因交流和遗传重组，也造就了梨的多样性。

尽管这种多样性为梨育种提供了丰富的种质资源库，但要想充分利用它培育出优良新品种梨，却不是一件容易的事。

吴俊说，广泛的基因交流导致了梨基因组高度杂合，不仅增加了基因组组装复杂度，也影响了组装结果的连续性。而且，由于亚洲梨和西洋梨遗传差异很大，如果以其中一个栽培种为参考基因组，另外一个栽培种的比对率就低，导致部分遗传信息缺失，无法研究利用。

“所以我们决定同时选取亚洲梨和西洋梨进行研究，旨在挖掘出控制亚洲梨和西洋梨表型差异的重要遗传差异和功能基因，开发分子标记，为后续亚洲梨和西洋梨新品种选育和优异性状聚合育种提供重要的遗传信息。”吴俊说。

近乎完美的基因“书”

作为白梨的代表性栽培品种，“砀山酥梨”栽培历史悠久，是中国也是全球栽培面积最大的梨品种，以其汁多味甜、酥脆爽口，耐贮存而闻名。而“红巴梨”作为西洋梨的主栽梨品种，其果皮色泽鲜红、果肉多汁、味浓香甜、肉质细腻。同时，这两个栽培品种作为优异亲本被广泛用于梨育种，具有重要的应用价值。

“这就是我们选取‘砀山酥梨’‘红巴梨’做完整单倍型基因组构建的原因。”论文共同第一作者、南京农业大学园艺学院已毕业博士孙满意说。

受限于早期的基因组组装技术条件，以往发表的梨基因组通常为嵌合组装。嵌合基因组指的是在基因组拼接过程中，由于序列重复、杂合度高等原因，将来自不同父母本的染色体或不同来源的DNA片段拼接在一起，形成一个“混合体”基因组。

论文共同第一作者、南京农业大学园艺学院已毕业博士曹贝贝向记者解释道，如果把二倍体基因组看作两本内容相近的书，解析基因组的过程就像把这两本书打散后重新组装。因分辨困难，把本该属于不同书的章节拼在一起，本该两本书中都有的章节却只留下一份，导致一些信息丢了。

最后，拼接重组得到的书看似完整，却内容有缺失、序列有误。这种错误会导致基因位置、功能注释和进化分析出现偏差，导致基因锚定错误或拼接出“假基因”，无法正确定位那些调控重要性状的基因，影响后续的基因发掘和功能研究。

因此，“构建完整单倍型基因组，并借此挖掘优势表达基因，对梨的农艺性状解析具有重要的价值和意义。”论文共同第一作者、南京农业大学副研究员李甲明说。

所谓单倍型完整基因组指的是将物种基因组中每一套染色体的等位基因信息分别、完整的拼装出来。例如，梨是二倍体，其拥有两套遗传物质，一套来自父本，一套来自母亲，单倍型完整基因组完整还原了这两套遗传信息的所有内容，告诉人们哪些遗传信息来自父本，哪些信息来自母本。

“拥有单倍型完整基因组，有助于更好的理解物种来自父母本的基因如何控制重要性状，如果实品质、抗病性、抗逆等，是哪个来源的基因表达调控占优势，是否存在杂种优势等，为后续育种利用优异单倍型提供重要信息。”李甲明说。

采用先进的测序技术，他们成功构建了“砀山酥梨”与“红巴梨”两个染色体级、无缺口的二倍体分型基因组，“这就相当于得到了两本完整无误的基因‘书’。”李甲明说，其基因组覆盖率达99.99%，锚定到染色体水平100%，达到参考基因组的金标准，为梨属植物基因组学研究提供了关键资源。

新西兰皇家植物与食品研究院、奥克兰大学教授Andrew Allan表示，亚洲和西洋梨的高质量图形基因组构建，为两大种群基因组遗传变异解析提供了解决路径，避免了之前因种群间遗传差异大、以其中任何一个为参考基因组时都会出现序列比对率低而丢失大量遗传信息的难题。

实现梨品种“定制化”培育

获得了两套单倍型基因组后，他们开始进行分析比较，逐渐揭开了亚洲梨和西洋梨驯化历史，以

及诸多重要性状背后的分子机制。

“我们的研究发现，大约在360万年前，亚洲梨和西洋梨就分化成了两个‘家族’。之后，由于人类对梨的不同选择偏好，在不同的地方分别改良这两类梨，选择了不少与果实大小、甜度、酸度、口感等相关的性状和有利基因，让梨更符合当地人的喜好。这就是所谓的独立驯化。也就是说野生梨种群先分化，再人工驯化成不同的栽培种。”吴俊说。

“通俗讲就是两个兄弟从小就分开生活，一个在东方，一个在西方，由于地理环境和培养模式不同，他们形成了不同的习惯和爱好。长期分开成长加上培养模式不同，让亚洲梨和西洋梨具有不同的遗传组成，相应地，在果实品质和抗性等特征方面也存在显著差异。”论文共同第一作者、北京大学现代农业研究院研究员李奎说。

他们进一步研究发现，新疆梨是亚洲梨和西洋梨的栽培种间杂交后代，而且在梨种质中具有最高的遗传多样性。新疆梨的形成与2000多年前丝绸之路的文化物资交流有关，其果型居于两者之间，继承了东西方梨的优异性状，既保留了亚洲梨脆肉多汁、采后即食、耐储藏等特点，又兼具西洋梨有香气、肉质细腻的特点。

他们在“砀山酥梨”基因组中，发现了与石细胞形成密切相关的漆酶（laccase）基因家族扩张，这可能是造成亚洲梨与西洋梨石细胞含量显著差异的重要遗传基础。

在16号染色体上，他们鉴定到一个重要的亚洲梨驯化区间，包含与糖分、酸度和果实大小相关的重要基因。其中的酸度和果实大小基因也位于苹果的驯化区间，表明梨与苹果在果实性状改良中可能发生了趋同驯化。

他们还在“砀山酥梨”单倍型基因组中找到了其特有的1703个基因，在“红巴梨”单倍型基因组中鉴定了1994个特异基因，这些特异基因与“植物—病原体相互作用”及“环境适应”高度相关。

而梨的自交不亲和性与“砀山酥梨”单倍型基因组上一个结构变异有关；梨果实横径则与一个缺失片段有关；西洋梨采后软化性状由果实成熟关键基因启动子区的一段插入序列调控……高达35000多个结构变异可能与东西方梨的环境适应性及性状形成有重要关联。

吴俊说，他们的研究还提供了开发分子标记的重要序列信息。有了这些信息，育种家可以进行精准筛选和定向改良，高效选育优良品种，甚至通过分子设计，实现梨品种的“定制化”，大幅缩短育种周期，更好的满足消费者不断提升的产业需求。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-025-02273-4>

作者：李晨 来源：中国科学报

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