
悬钩子属遗传分化与果实发育研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36142.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！

悬钩子属遗传分化与果实发育研究取得进展。蔷薇科悬钩子属 (*Rubus*) 包含树莓、黑莓等700多个物种，是分类学上公认的复杂类群，其物种亲缘关系长期存在争议。此前针对悬钩子属的多组学研究主要聚焦于栽培种，野生树莓的基因组信息相对匮乏，导致其起源进化历史、果实品质调控等科学问题尚未得到充分解析，限制了野生资源的开发与利用。

中国科学院昆明植物研究所等首先解析了4种野生悬钩子高质量基因组。基于新组装以及已发表的基因组，团队构建了悬钩子属泛基因组，鉴定出10243个核心基因家族，这些基因是树莓生长发育的基础遗传保障。值得注意的是，该研究在高杂合度的二倍体野生树莓中区分出A/B亚基因组，并发现着丝粒区域含有亚基因组特异性的k-mer序列，这些序列富集了不同的Gypsy/Athila类LTR反转录转座子，推测着丝粒序列差异可作为亚基因组分型以及追溯起源演化的“进化指纹”。

研究进一步对涵盖悬钩子属80个物种的125份材料进行系统发育基因组分析，发现属内存在复杂的核质基因组冲突，印证了种间杂交与不完全谱系分选导致复杂进化历史。通过亚基因组与系统发育分析，研究发现库页悬钩子位于红树莓分支的基部，两者的亚基因组间存在古老重组抑制，并存在共同祖先的同源杂交起源。另外，红树莓不同品种间的广泛遗传渐渗现象尤为突出。基于着丝粒单倍型覆盖度分析，追溯17个红树莓品种的祖先成分，发现北美与欧洲品种携带较为单一的亚基因组 (i型)，而中国分布的野生类群保留了更多祖先遗传多样性 (i和I型)，成为改良广布品种遗传背景的宝贵资源。

通过整合红、黄、黑三种果实颜色的不同悬钩子物种主要发育阶段的代谢与表达谱数据，研究团队揭示了果实品质性状形成的遗传机制。代谢分析显示，在果实成熟过程中药用成分（黄酮、酚酸、萜类）逐渐减少，而营养成分持续积累，提示“未成熟果侧重防御、成熟果吸引传播者”的生态策略，为优化药用与食用采收期提供了理论依据。整合转录组分析发现，椭圆悬钩子的黄色果实虽然

能够正常合成花青

素（如飞燕草素、矢车菊素），但因

谷胱甘肽转移酶基因 (*RelGST*

) 表达受抑，导致花青素无法有效转运至液泡积累，而叶黄素等类胡萝卜素的积累使得果实呈现黄色。通过瞬时过表达*RelGST*

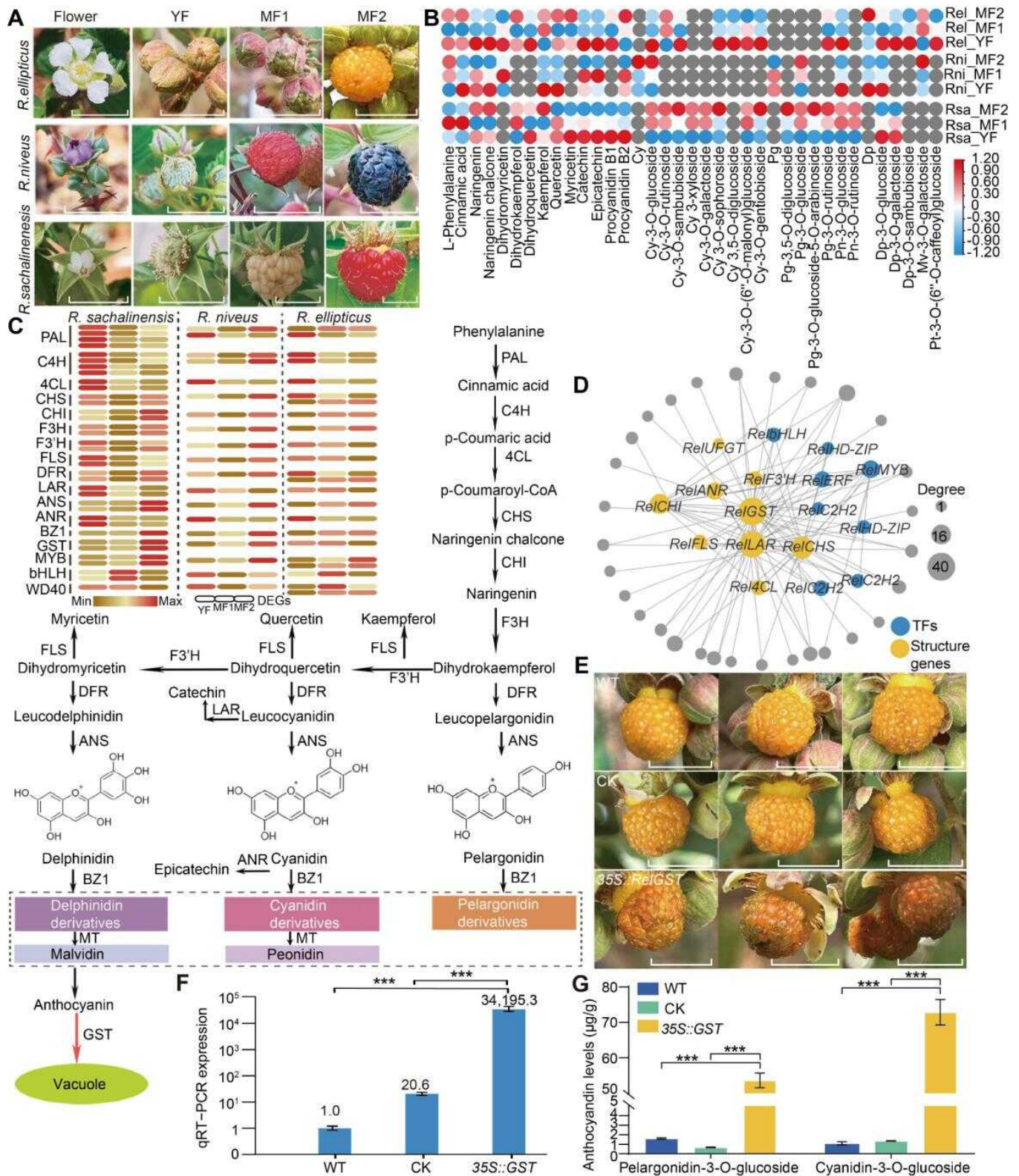
可使黄果显著变红，且花青素类化合物的含量提升近200倍，证实了其果实颜色限制因子，为树莓果实颜色育种提供了候选靶基因。

该研究探索了悬钩子属的分类学争议与进化脉络，挖掘了着丝粒用于遗传溯源的应用潜力，明确

了中国西南地区野生悬钩子是珍贵的种质资源，为野生资源驯化、优异基因挖掘、药用食用代谢调控、分子育种提供了理论依据。

相关研究成果以 *Multi-omics Analyses Shed Lights on the Evolution and Fruit Development of Chinese Raspberries (Rubus spp.)* 为题，发表在《植物学报（英文版）》（*Journal of Integrative Plant Biology*）上。研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金等的支持。

[论文链接](#)



三种果实颜色悬钩子花青素代谢的分子调控网络

研究团队单位：昆明植物研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发