中国种茶树全基因组获解密

作者：writer 来源：本站

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/373.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！

安徽农业大学茶树生物学与资源利用国家重点实验室(安徽省实验室)宛晓春教授研究团队，联合深圳华大基因和中国科学院国家基因研究中心(上海)等相关研究团队，破解了世界上分布最广的中国种茶树的全基因组信息，相关成果4月21日在线发表于美国《国家科学院院刊》。

世界主栽茶树分属两个变种: 中国种和阿萨姆种，前者叶小，分布广，适制绿茶等六大茶类;后者叶大，主要分布在热带和冬季温暖的亚热带地区，适制红茶和普洱茶。研究团队以国家级茶树品种舒茶早(中国种)为材料，用二代和三代测序技术对其进行测序，采取杂合组装策略，获得覆盖基因组93%区域的高质量序列草图，注释出33932个高可信度的茶树基因。

结果显示，中国种基因组大小为3.1Gb，重复序列含量为64%，基因组组装的完整性和质量远高于现有同类已测序物种组装水平。研究发现，茶树祖先种大约在8000万年前与亲缘关系最近的猕猴桃物种发生分化，继而在154~38万年前，又分化形成中国种和阿萨姆种。

研究发现，茶树基因组发生过两次全基因组复制事件，最近一次发生在4000~3000万年前，该事件及后续串联复制导致了与儿茶素类物质和咖啡碱生物合成相关的基因拷贝数显著增加。而儿茶素的生物合成受到复杂的转录调控，许多与生物逆境和非生物逆境相关的转录因子都与儿茶素含量高度相关。研究发现了一个参与茶氨酸合成的关键酶基因(CsTSI)，并通过转录组学和转基因分析，证明CsTSI具有合成茶氨酸的酶活性。比较基因组分析发现，萜烯类等物质的合成酶基因拷贝数在茶树基因组中也发生显著扩增，有助于解释茶叶独特的香气。这些发现首次从基因组层面系统解开了茶叶中富含独特的风味物质之谜。(来源：中国科学报 记者杨保国、朱汉斌 通讯员吴丹丹、曹雷)

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转发