高质量泛基因组图谱全方位赋能黄瓜种业创新

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/41287.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！

高质量泛基因组图谱全方位赋能黄瓜种业创新。近日，中国农科院蔬菜花卉研究所研究员张圣平团队在国际期刊《自然—遗传学》发表论文，建成当前规模最大、组装质量最优的黄瓜染色体级泛基因组，系统解析结构变异调控黄瓜地域适应与农艺性状分化的遗传机制，成功克隆黑星病抗性基因CsCcu、果长调控基因CsSPL1，搭建起完整黄瓜分子设计育种基因组工具箱，为我国蔬菜种业自主创新提供核心理论支撑与可复制技术范式。



影响黄瓜果实长短的基因研究。中国农科院蔬菜所供图

黄瓜是全球广泛种植的大宗蔬菜，也是研究植物性别分化、果实发育的经典模式作物。黄瓜起源于喜马拉雅南麓，历经两千余年跨洲传播，分化出适配多样气候、栽培模式与消费习惯的生态类型。长期以来，单一参考基因组无法完整捕获群体全部遗传变异，极大限制了黄瓜分子育种技术突破。

研究整合全球422份黄瓜种质重测序数据，从中筛选覆盖全球各大产区的125份代表性材料完成染色体水平基因组组装，共鉴定39067个共线性基因家族，新增28890个此前从未被报道的非冗余新基因，证明黄瓜物种遗传多样性水平高于水稻、番茄、甘蓝等主流作物。

研究依据全基因组SNP标记将全球黄瓜划分为印度、西双版纳、欧亚、东亚四大地理类群，证实

黄瓜自印度原产地向外扩散过程中经历强烈纯化选择，完整绘制出覆盖全球的黄瓜遗传多样性全景图谱。

团队全面系统解析两类关键变异，揭开黄瓜关键农艺性状形成的底层分子逻辑，筛选出43225个跨类群分化结构变异，直接关联果实品质、抗病、开花周期等核心性状，清晰印证结构变异是塑造黄瓜表型多样性的关键因素。

群体演化分析显示，欧亚区域偏好短果黄瓜、东亚区域偏好长果黄瓜，两类等位基因在不同产区高度分化，完整还原人类消费选择长期驯化塑造黄瓜品种性状的演化历程。

研究产出三大核心实用成果，全方位赋能蔬菜种业创新：一是建成全球规模最大、质量最优的黄瓜泛基因组公共资源，填补黄瓜完整遗传变异数据库空白，为全球黄瓜基础研究提供共享平台；二是成功克隆CsFT、CsCcu、CsSPL1三大具备极高育种价值的功能基因，可快速开发配套分子标记，直接应用于早熟、抗病、优质果型黄瓜新品种定向选育，大幅缩短育种周期；三是建立高质量泛基因组构建+亚群体分层关联分析+基因编辑功能验证的完整标准化研究流程，为西瓜、甜瓜、番茄等其他果蔬作物种质资源挖掘、新品种选育提供通用技术路线。

中国科学院院士钱前评价，该研究打通基因组结构变异与农艺性状的关联通路，挖掘抗病、果长关键功能基因，为黄瓜精准分子育种筑牢基础。

研究由中国农科院蔬菜花卉研究所牵头，联合青岛农业大学、国内外多所高校及海外科研机构协同攻关。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息： https://doi.org/10.1038/s41588-026-02682-z

作者：张圣平等 来源：《自然—遗传学》

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转发