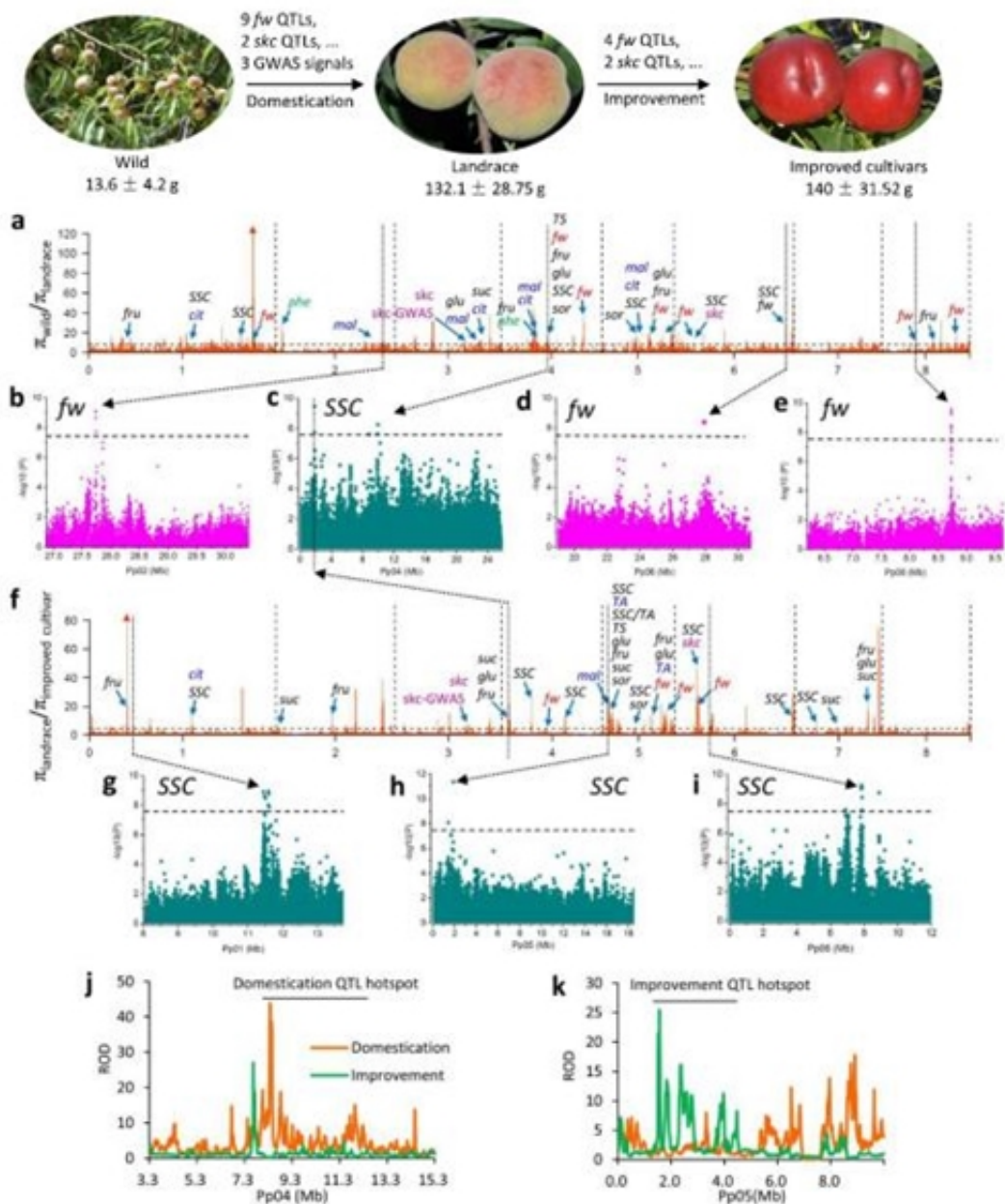


桃分子进化遗传机制获破解

作者：王方 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/4148.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！



桃分子进化遗传机制获破解。桃驯化和育种的基因组印记日前，中国农业科学院郑州果树研究

所研究员王力荣团队与华中农业大学教授郭文武、美国康奈尔大学Boyce Thompson研究所教授费章君合作完成基于480份桃全基因组重测序解析桃育种历史的研究成果，在线发表于《基因组生物学》。

该研究采用目前最大规模的桃重测序，揭示了桃驯化和改良的基因组印记，阐明桃果实大小和风味性状的分子演化机制，为桃全基因组选择育种提供支撑。桃起源于我国，种质资源丰富。该研究团队对480份野生和栽培桃样本进行全基因组重测序，涵盖国家桃种质圃(郑州)1410份种质95%以上的遗传多样性，构建了迄今为止世界上最大的桃变异组数据库。利用变异组数据，对11个重要农艺性状进行全基因组关联分析，发现多个新位点，为分子标记的开发和分子育种提供了材料。

野生桃经过驯化和改良阶段的进化，果实外观、大小和品种均发生剧烈变化。通过比较基因组学，该研究阐明桃驯化和改良中人工选择的基因组区段，揭示桃如何由野生状态进化成为现今栽培状态的分子机制。研究发现，桃果实大小的增加主要发生在驯化阶段，而果实风味相关的位点在驯化和改良阶段均受到强烈选择作用，但改良阶段选择的位点数目更多;苦涩味相关位点在驯化中基本已经丢失。

另外，该研究还鉴定了低需冷量育种的目标区段，发现东方、西方桃改良阶段约50%的受选择基因组区段不同，从基因组层面解析了需冷量、肉质和风味相关基因的演化规律。

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