

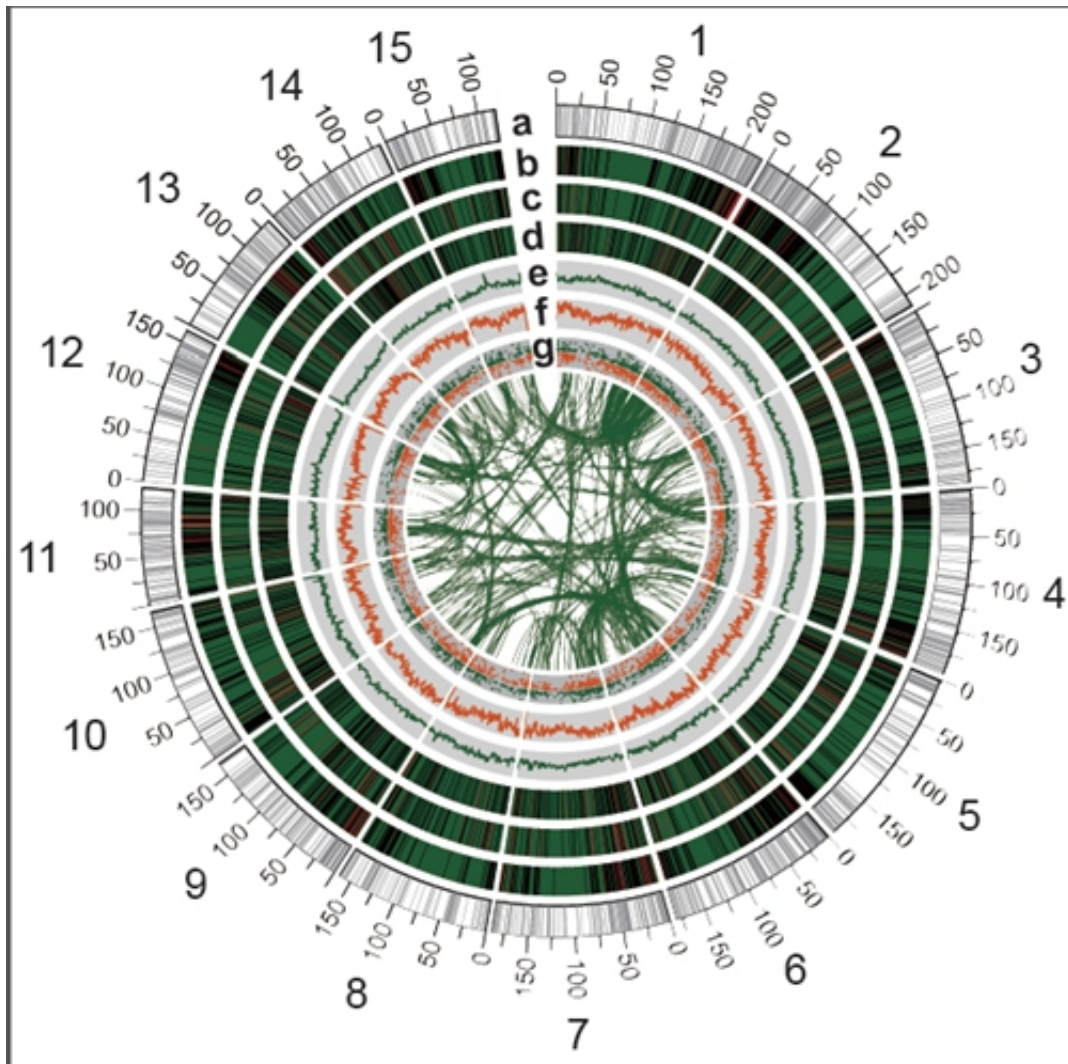
茶香之谜的“前世今生”

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9584.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！

茶香之谜的“前世今生”。



舒茶早茶树基因组景观图 韦朝领供图

为什么一杯清茶会有一种令人愉悦的香气？我国栽培茶树起源于何处？许多关于茶树的科学谜题尚待解开。

作为全世界最早利用茶叶和最大的产茶国，我国茶树领域的科研工作者倍感责任重大，迫切想要探明茶树的基因组秘密。

近日，安徽农业大学茶树生物学与资源利用国家重点实验室教授宛晓春和韦朝领研究团队找到了答案，他们获得了茶树染色体级别的高质量参考基因组，并揭示了栽培茶树适应性进化机制。相关研究成果在线发表于《分子植物》。这将大力推动茶树生物学基础研究。

种茶历史悠久 基因测序争先

中国是茶树的原产地，是世界上茶树种质资源最为丰富的国家，是茶叶生产和消费大国。目前我国茶树种植面积和茶叶产量均居世界首位。作为世界上最早种茶、制茶、饮茶的国家，我国人工栽培茶树有3000多年历史。

不过，由于茶树中很多重要基因及其位置信息知之甚少，大大地限制了茶学方面的基础和应用研究。

如果我们不做茶的基因组研究，而让外国科研人员抢先，这对于一个种茶历史悠久的国家来说是一件很遗憾的事情。宛晓春在接受《中国科学报》采访时表示。

为了争口气，他们在12年前就启动了茶树基因组研究工作。但由于当时测序技术的局限性，相关工作进展缓慢。

他们以国家级茶树品种舒茶早（属于中国种）为测序材料，开始了一场科研长跑。由于茶是自交不亲和的植物，基因组大且杂合度和重复性序列含量高，为基因测序和组装带来了很大的困难。

2018年4月，该团队在美国《国家科学院院刊》上发表基于二代和三代测序技术获得的覆盖基因组93%区域的第一版高质量舒茶早茶树基因组草图。

不过，因为茶树基因组非常复杂且庞大，重复序列很多，第一版的组装质量还存在很多不足。为此，在测序技术和基因组组装水平迅速发展的背景下，为了给世界上茶叶学术界和产业界提供高质量的茶树基因组版本，他们开始了新的征程。

在舒茶早基因组草图基础上，利用单分子测序（PacBio）和染色体构象捕获（Hi-C）技术，我们最终获得了更加精准的染色体级别的茶树高质量参考基因组序列。特别是注释了更多完整和准确的长末端重复序列反转录转座子序列（LTR）。韦朝领告诉《中国科学报》。

与前期报道的茶树基因组草图相比，该基因组组装的准确性与完整性都得到了极大的提升。

随后，研究团队发现，高含量的重复序列不仅是茶树基因组庞大的主要原因，还可通过内含子插入使得基因平均长度增加和部分重复基因的功能发生分化。茶树基因组杂合区域占全基因组的18.8%，该区域包含3440个蛋白编码基因，它们主要参与氮化合物转运活性、组蛋白修饰、激素合成过程等生物学过程。

破解风味之谜 探寻前世今生

目前，全世界有近60个国家种茶，五大洲有150多个国家和地区饮用消费茶叶，20多亿人钟情于茶饮，人们迷恋的是茶叶的滋味和香气。

那么，是什么决定了茶叶独特的风味和香气呢？

决定茶叶滋味和香气的是次生代谢产物，比如多酚类化合物、茶氨酸、咖啡碱和挥发性化合物等，这也是我们关注最多的。利用茶、饮用茶以及茶的健康功能主要依靠次生代谢产物。而茶多酚在茶树的积累是非常高的，在不同品种中，茶多酚约占茶叶干重的20%~40%左右。宛晓春介绍。

这类化合物之所以含量如此之高，通过基因精确组装，我们发现是萜烯类合成酶基因通过近期串联复制使得这些关键基因的拷贝数明显增加，而且是成簇地分布于不同染色体，为解释茶叶含有丰富的香气物质提供了重要线索。韦朝领说，而且，萜烯类合成酶基因还与茶树的抗性有关系。

除此之外，关于一个物种的前世今生，植物学家总想探寻清楚。对于他们来说，研究很多关键基因的进化十分有趣，比如这些基因从哪来、和其他物种的基因有没有渗透、会不会互相影响，等等。

我们对国内外81份茶树样品进行深度测序，构建了首张代表性栽培型和野生型茶树的基因组变异图谱，发现所选取样品分为阿萨姆类型、中国种类型和野生类型。宛晓春介绍。

团队还通过比较基因组对茶树栽培种的进化和起源进行了分析，发现茶树祖先种大约在6400万年前与亲缘关系最近的猕猴桃物种发生分化，随后又在439万年前分化成为阿萨姆种和中国种。

不仅如此，来自国内不同地区的茶树遗传多样性研究结果，支持了我国西南地区是我国栽培茶树的起源地的学说。他们还鉴定得到一些在茶树品种选育和改良过程中受到强烈选择的人工驯化基因。

选到品质特征更优的品种

最近的人类、动物和植物的全基因组计划研究结果证明，一个物种的全基因组序列解析是基因的图位克隆和重要性状相关候选新基因的发现和功能鉴定的最有效途径。

比如，拟南芥、水稻、玉米、酿酒葡萄等基因组测序的完成，正为各自物种的基因发掘提供非常重要的信息，同时也推动植物学的研究。

在韦朝领看来，这项成果将为我国未来茶树优异种质资源的科学保护、茶树重要农艺性状基因发掘和遗传育种研究提供高质量数据资源和理论依据，也将进一步推动山茶属植物基因组进化、茶树起源和遗传多样性等重大基础生物学问题的研究进程。

茶叶是我国的国饮，也是世界公认的最重要的天然健康饮料。

有了高质量的参考基因组，又破解了滋味和香气的密码，我们可以利用茶树独特的次生代谢物质形成机理，控制这些代谢物质的基因簇开发其保健功能，这将成为茶树功能基因组研究的重要方向。宛晓春指出。

不久，我们会选到具有更适合人饮用的品质特征的品种。韦朝领表示，这将促进世界对茶的认识、传播和利用。（来源：中国科学报 张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.04.010>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：宛晓春等 来源：《分子植物》

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