

## 世界首张梅花全基因组变异图谱问世

这一成果对梅花重要观赏性状的遗传解析具有里程碑的作用

特约记者 铁铮

本报讯(特约记者铁铮)我国科学家完成了首个梅花全基因组重测序研究,构建完成了世界首张梅花全基因组变异图谱。有关研究论文日前在国际著名综合性科学期刊《自然通讯》在线发表。

业内人士评价说,这一成果对梅花重要观赏性状的遗传解析具有里程碑的作用。既为其分子标记辅助育种研究提供了重要的理论框架,又为重要观赏性状基因的遗传选育及品种改良提供了重要平台。

北京林业大学教授张启翔领衔的国家花卉工程技术研究中心,与青岛华大基因研究院、深圳华大生命科学研究院以及美国宾夕法尼亚州立大学等单位通力合作,取得了这一重大进展。张启翔教授指出,梅花全基因组重测序顺利完成有助于开展梅花株型、花色和花型等重要观赏性状的分子标记辅助育种工作,有助于解析诸多重要性状功能基因的遗传机理,为梅花及相关种属的分子育种奠定基础,对我国花卉基础研究有深远的影响。

据悉,我国是世界上重要的梅花起源和栽培中心,已有3000多年栽培历史。梅花栽培品种经长期人工驯化和自然授粉,其遗传背景极为复杂。

为揭示梅花演化历史,研究人员开展了梅花分子标记辅助育种工作,力图揭示梅花重要观赏性状的遗传机理。该项目选取333株梅花品种、15株野生梅花以及梅花的近缘物种山杏、山桃和李,开展全基因组重测序研究,极大推动了梅花群体遗传学分析、全基因组关联分析。

研究者以梅花的近缘物种山杏、山桃和李为外类群,构建了梅花品种的系统发育树,从16个亚群中选择7个梅花品种、1个野生梅花,与山杏、山桃、李进行深度测序和基因组组装,结合已经发表的桃和梅花基因组,开展梅花和李属的泛基因组学研究,得出了一系列重要结论。

研究人员在梅花的4条染色体上分别鉴定了5个显著的候选基因区域与花色、花萼颜色、柱头颜色、花药颜色、花瓣数、花径、木质部颜色和株型等10个性状相关。其研究结果为揭示梅花花色的分子遗传机理奠定基础。