

桑树驯化、扩张和芦丁生物合成的遗传基础

王丹¹, 王振江^{1,2}, 戴凡炜^{1,2}, 林森¹, 陈莲¹, 罗国庆^{1,2}, 钟建武¹, 李智毅¹, 王圆¹, 唐翠明^{1,2*}

(1. 广东省农业科学院蚕业与农产品加工研究所, 广州 510610; 2. 农业农村部华南都市农业重点实验室, 广州 510610)

摘要: 桑树 (*Morus spp.*) 是一种起源于我国、具有多用途的特色经济林树种, 在生态环境治理、区域经济发展和贫困人口脱贫致富中占有重要地位。目前, 桑树的系统分类、群体演化和驯化历史仍属未知, 关于全基因组关联分析 (GWAS) 解析桑树重要农艺性状的遗传基础研究未见报道。本研究基于 425 份桑树种质资源的全基因组测序数据, 揭示了中国主要栽培桑树可分为广东桑 (*M. atropurpurea*) 与白桑 (*M. alba*) 两个种, 它们可能由不同祖先分别在中国南部和北部独立驯化而成; 通过 HPLC 鉴定了 207 份桑树种质资源叶片中的芦丁含量, 发现不同品种间芦丁含量存在明显差异, 其中编号为 G172 品种含量最高 (8.84 mg/g), 而编号为 G309 品种含量最低 (0.36 mg/g)。进一步利用 GWAS 和选择性清除分析鉴定到调控桑叶芦丁生物合成的潜在基因组变异位点 32 个和潜在候选基因 1 个 (分布在 7 号染色体上), 为桑叶芦丁含量改良提供了重要遗传基础。

关键词: 桑树; 驯化; 扩张; 芦丁生物合成

基金项目: 国家重点研发计划课题 (2019YFD1001202); 国家现代农业产业技术体系项目 (CARS-18-SYZ12); 广东省重点领域研发计划现代种业专项 (2022B0202110003); 广东省乡村振兴战略专项种业振兴项目 (2022-NPY-00-037); 广东省现代农业产业技术体系项目 (2023KJ124)。

通信作者: 唐翠明, 研究员。Email: tanguiming@126.com