



# 中国林业科学研究院林业研究所

Research Institute of Forestry Chinese Academy of Forestry

- 首页
- 研究所概况
- 机构设置
- 科研成果
- 人才队伍
- 条件平台
- 挂靠机构
- 研究生教育
- 国际合作
- 党群之窗
- 产业开发
- 学术期刊

## 新闻信息

综合新闻

通知公告

科研动态

科研成果

重要新闻

新闻摘录



## 科研成果

您当前的位置：首页 > 新闻信息 > 科研成果

### 我所发布尖叶木樨榄高质量基因组图谱

发布时间：2022-05-24 点击率：1956

油橄榄 (*Olea europaea* L.) 是地中海盆地最具标志性的木本油料树种。20世纪60年代，在周恩来总理的倡导和关心下，我国开启了大规模引种栽培油橄榄的试验示范。油橄榄原产地地中海流域，属冬雨型气候，夏季炎热干燥，而我国油橄榄栽培的亚热带地区，则属夏雨型气候，夏季闷热多雨，日照不足，导致栽培的油橄榄病害比较严重，已成为影响我国油橄榄产业健康发展的重要障碍因素。尖叶木樨榄 (*Olea europaea* L. subsp. *cuspidata*) 是油橄榄分布于我国云南怒江地区的一个天然亚种，与地中海特有亚种 subsp. *europaea* 相比，果实小，含油量低，但具有优良的抗病性，特别是对我国亚热带地区气候和酸性土壤的适应性显著优于原变种。因此，尖叶木樨榄是开展油橄榄人工杂交育种的优良亲本材料，对研究油橄榄物种的起源进化、油脂合成和抗性机制也具有重要价值。

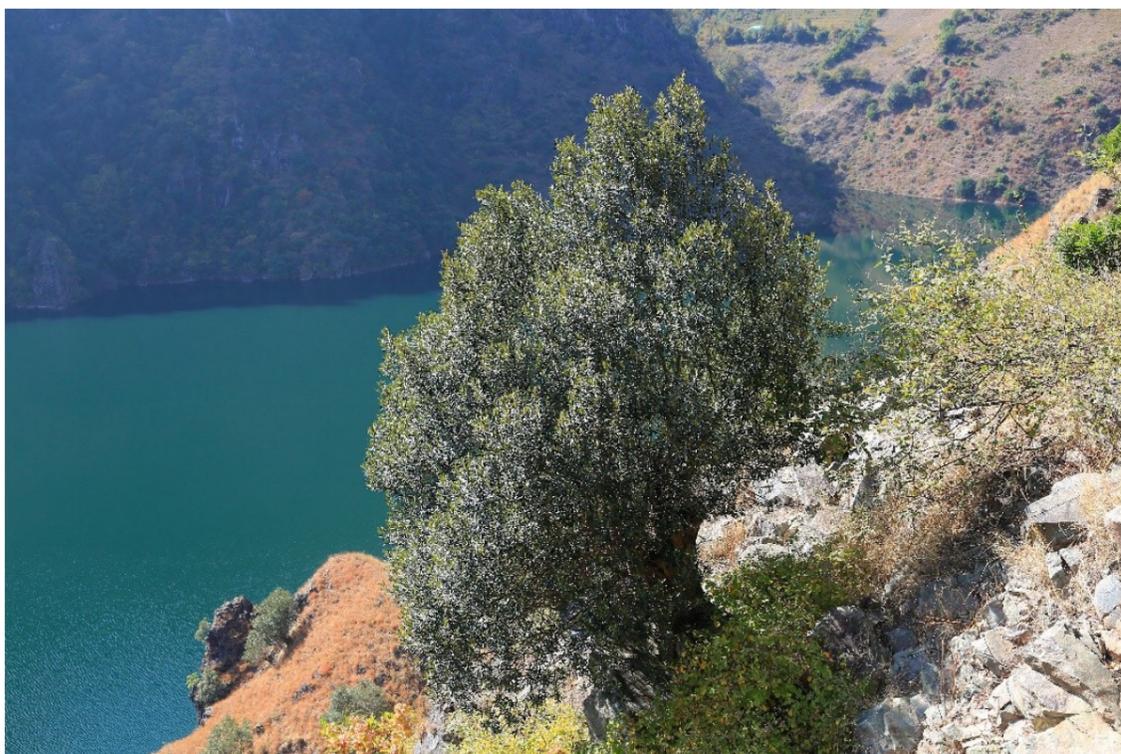


图1 我国尖叶木樨榄野生状态

近日，Frontiers in Plant Science在线发表我院林业所题为“High-quality genome assembly of *Olea europaea* subsp. *cuspidata* provides insights into its resistance to fungal diseases in the summer rain belt in East Asia”的研究论文。研究结合PacBio HiFi测序和Hi-C技术组装了一个大小为1.38Gb高质量的尖叶木樨榄基因组，并将其锚定在23条假染色体上。BUSCO评估基因组组装的完整性达到96.6%，Contig N50为14.72 Mb，Scaffold N50为52.68 Mb，与已发表的油橄榄基因组相比，显著提升了基因组组装质量。

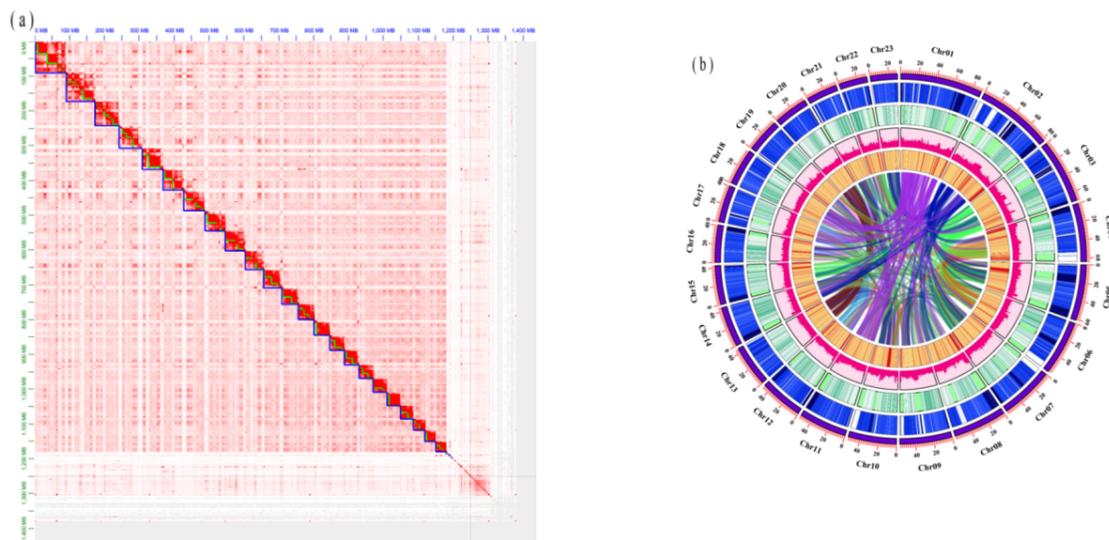


图2 全基因组Hi-C相互作用热图和基因组图谱。(a) subsp. *cuspidata*基因组的23条染色体之间的Hi-C相互作用热图。(b) Circos圈图；从外到内分别代表：染色体、基因密度、GC含量、重复序列含量、SNP密度和基

因共线性。

在基因组组装基础上，该研究通过对豆果（*Olea europaea* L. subsp. *europaea* cv. ‘Arbequina’）和阿尔波萨娜（*Olea europaea* L. subsp. *europaea* cv. ‘Arbosana’）两个油橄榄品种的感病和健康叶片转录组分析，发现引起油橄榄叶斑病的病原菌为 *Cercospora* 属真菌，并结合正选择分析鉴定到基因 *evm.model.Chr16.1133* 为该病害的感病基因，对植物的抗病过程具有负调控作用，这一发现对开展油橄榄抗性育种具有重大现实意义。



图3 感病和健康叶片的叶面特征。(a)和(b)分别代表感病叶片和健康叶片的正面和背面。(c)代表 *subsp. cuspidata* 健康叶片的正面和背面。

我院林业所硕士生王丽为论文第一作者，张建国研究员和王兆山副研究员为通讯作者，研究工作得到了国家重点研发计划项目课题【(2019YFD1000602)】的资助。

论文链接：<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.879822/full>