

昆明植物所普通油茶转录组学研究取得进展

文章来源：昆明植物研究所

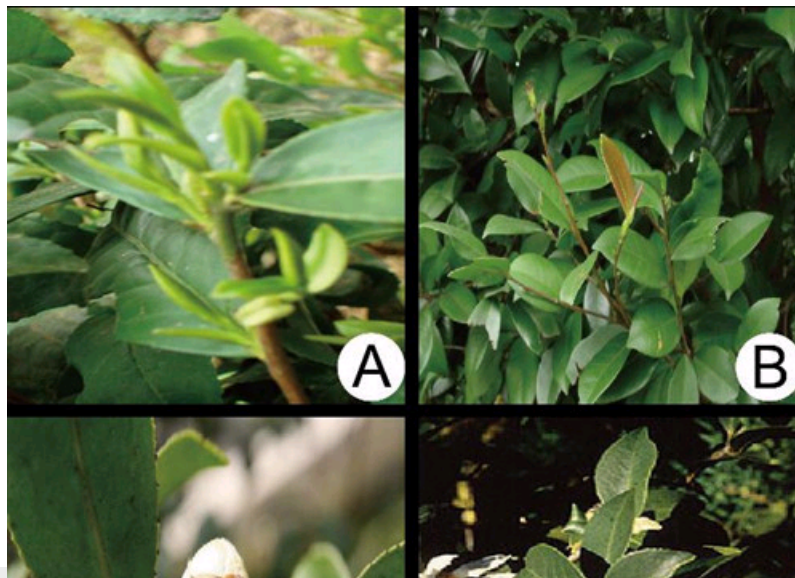
发布时间：2014-08-26

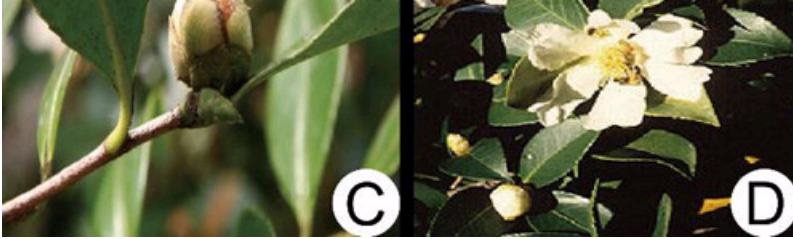
【字号：小 中 大】

普通油茶 (*Camellia oleifera*)，又称白花油茶，隶属于山茶科 (Theaceae) 山茶属 (*Camellia*) 之油茶组 (Sect. *Oleifera*) 植物，是原产我国南方的重要木本油料树种，在中国有长达2000~3000年的栽培历史，与油棕、油橄榄和椰子齐名为世界四大木本油料植物。为了保障我国粮油安全的木本化，油茶产业的发展近年来受到国家和各级政府前所未有的重视。其种子的脂肪油称为茶油，自古为“皇宫御膳”用油，由于富含不饱和脂肪酸而作为一种具有重要保健功能的优质食用油一直受世界人民的青睐，素有“东方橄榄油”之美誉。

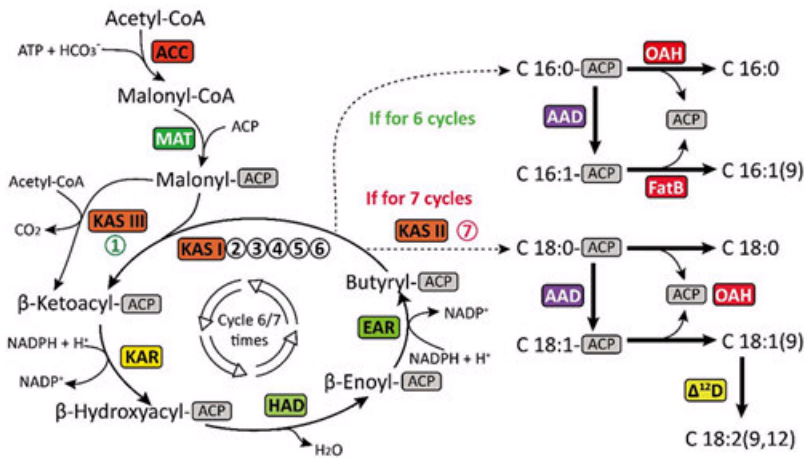
在中国科学院“百人计划”、云南省高端人才项目、云南省海外高层次人才引进计划和国家自然科学基金的联合支持下，中国科学院昆明植物研究所国家大科学装置中国西南野生生物种质资源库植物种质资源与基因组学中心高立志课题组对普通油茶转录组学及其油脂代谢途径进行了研究。采用新一代高通量 454 GS-FLX 测序技术，率先对普通油茶的转录组进行了大规模平行测序，通过拼接和注释，首次获得了油茶高质量的转录组数据，大大地填补了NCBI 公共数据库中的空白。通过分析，在油茶转录组中成功地鉴定出了 2,345 个 SSRs、20,250 个高质量的 SNPs 和 16,906 个 InDels，为加快油茶种质资源的发掘利用研究奠定了基础；与已经发表的小叶茶开展比较转录组学分析发现，两者之间共存 3,022 个直系同源基因对，它们大部分 (~93%) 受到纯化选择 ($Ka/Ks < 1$)，但令人惊讶地检测到 211 个基因对受到了达尔文正选择 ($Ka/Ks > 1$)，其中 38 对受到了强烈的正选择作用；解析了油茶脂肪酸代谢、甘油三酯代谢等油脂代谢途径，挖掘了参与的重要功能基因，揭示了油茶在油脂代谢过程中的调控方式。值得一提的是，通过与其它 21 种油料植物油酰磷脂酰胆碱去饱和酶编码基因 (*FAD2*) 比较分析发现：普通油茶的 *FAD2* 基因与油橄榄最为接近，离油桐最远，暗示着油茶与油橄榄的 *FAD2* 基因之间可能存在着平行进化的关系，使得它们具有相似的功能与结构，从而导致产生相似的脂肪酸含量和比例，最终形成了相似的油脂品质。取得的结果为油茶享有“东方橄榄油”之美誉提供了比较转录组学证据，为将来进一步开展普通油茶的比较功能基因组学研究及分子育种奠定了重要基础。

上述研究结果以 *Transcriptome analysis of the oil-rich tea plant, Camellia oleifera, reveals candidate genes related to lipid metabolism* 为题发表在 *PLoS ONE* 上。

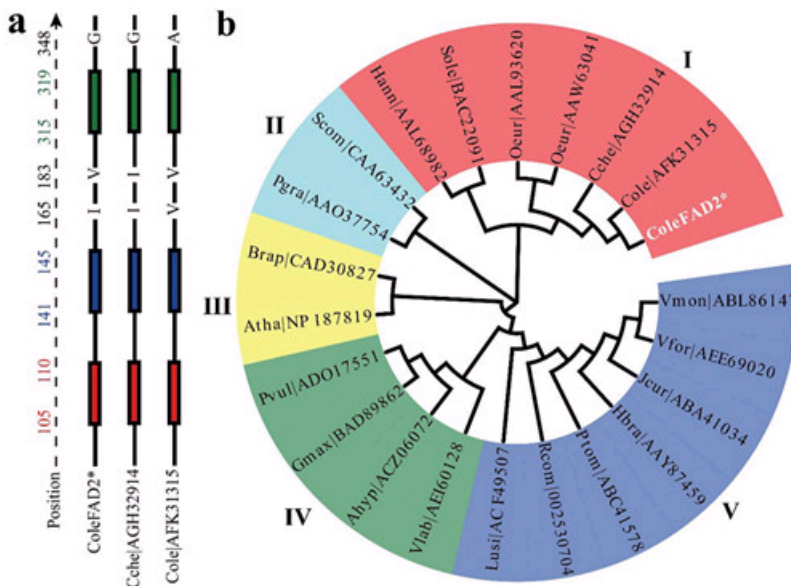
[文章链接](#)



用于研究的四个普通油茶组织。(A)芽 (B)叶 (C)花苞 (D)花



普通油茶脂肪酸代谢途径



20 种油料植物 *FAD2* 基因的进化分析。(a)三个油茶*FAD2* 基因比对结果。实线表示保守的氨基酸残基，带颜色的填充框表示H-盒（红色：HECGH；蓝色：HRRHH；绿色：HVAHH），位置坐标以浙江红花油茶 *FAD2* 基因（AGH32914）为标准。(b) 20 种油料作物 *FAD2* 基因的进化分析。I-V 代表 20 种油料植物 *FAD2* 基因被分为五个类别，星号（*）表示本研究所预测得到的普通油茶 *FAD2* 基因。