

丁香属全基因组演化、地理起源、物种分化及花香形成机制解析

王毅^{1,2†} 鲁丽敏^{3†} 李靖锐^{1†} 李华阳^{1,4} 尤奕晨^{3,4} 臧淑英¹ 张永清⁵ 叶建飞¹ 吕泽民⁶ 张照宇⁵ 秦永生⁷ 张鸿翎⁶ 夏菲¹ 李慧¹ 张会金¹ 范培格^{1,2*} 石雷^{1*} 梁振昌^{1,2*} 崔洪霞^{1*}

(1. 中国科学院北方资源植物重点实验室/北京植物园 北京 100093; 2. 中国科学院植物研究所 北京 100093; 3. 中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室 北京 100093; 4. 中国科学院大学 北京 100049; 5. 山东中医药大学 济南 250300; 6. 内蒙古农业大学 呼和浩特 010019; 7. 呼和浩特园林科研所 呼和浩特 010030) †共同第一作者

摘要:【目的】丁香属为温带起源的木本芳香植物，是木犀科 (*Oleaceae*) 中较为古老的类群。全属 30 余种 (变种)，除 3 种在巴尔干半岛和北海道分布以外，其余在中国均有野生分布。丁香属全基因组演化历史及花香形成机制的研究旨在解析染色体水平的时空演化格局、阐述谱系演化关系、揭示花香形成机制，为有着 1400 年的栽培历史、东亚、欧洲和北美经典的观赏植物种质创新和功能挖掘提供详实依据，成为国家丁香种质资源库科学研究价值的重要体现。【方法】通过基因组测序组装获得了广布种华北紫丁香全基因组序列；基于覆盖全属的 26 个野生种 (变种) 的重测序及地理分布数据集进行植物区系演化分析，并形成了至今最为完整的丁香属种间系统演化图谱；通过对广布种华北紫丁香从花蕾到凋谢的开花进程花香转录组分析，以及对包括其在内的 14 种具有花香或果香的物种进行了比较基因组分析获得了差异表达基因。【结果】研究发现丁香基因组为 1.2G，杂合度为 1.9%。木犀科的祖先具有 20 条染色体，在渐新世中期前经历了一次二倍化事件，随后加倍的部分染色体发生了断裂重组，最终形成了木犀科植物的 46 条染色体。华北紫丁香的祖先分化于渐新世后期，早于木犀科中桂花和油橄榄的分化；丁香属内五个组 (系) 的祖先在中新世后期开始分化。丁香属在中新世中期起源于以中国北方为核心的东亚北部，此后分别向欧洲、中亚，以及中国中部及西南扩散，在秦巴山区和横断山区之间曾存在复杂的基因渐渗，由此形成了丁香属的物种多样性。比较基因组分析发现华北紫丁香 *TPS* 和 *MYB* 基因家族呈现显著扩张；在花开进程中芳樟醇、 β -罗勒烯和 α -法尼烯等是构成华北紫丁香盛花期花香的主要单萜和倍半萜成分。基因共表达网络预测显示，33 个 *TPS*-a 和 34 个 *TPS*-b，以及 195 个 *MYB* 家族基因参与了丁香萜类的合成与调控。【结论】丁香属的远古祖先分化于 27Mya；丁香属起源于中国北方，秦巴山区与横断山区存在基因渐渗；广布种的花香由于 *TPS*-a 和 *TPS*-b 以及个 *MYB* 家族基因调控形成。

关键词: 丁香；基因组；物种分化；花香；地理扩散