

# 揭开马铃薯身世之谜

周殊芸

餐桌上,马铃薯似乎只是再平常不过的一道食材。然而,在科学家眼中,马铃薯的来历是一段跨越千万年的故事。日前,中国农业科学院深圳农业基因组研究所首次揭示了马铃薯组的杂交起源、薯块形成和辐射分化。

研究发现,马铃薯组起源于 900 万年前番茄组和类马铃薯组的一次古杂交事件,杂交产生了新器官(薯块)。该研究是“优薯计划”的又一重大突破,为马铃薯遗传育种提供了全新的理论视角。

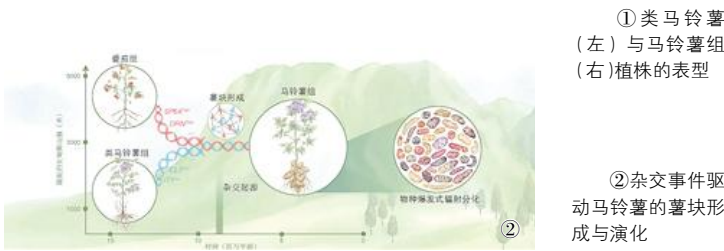
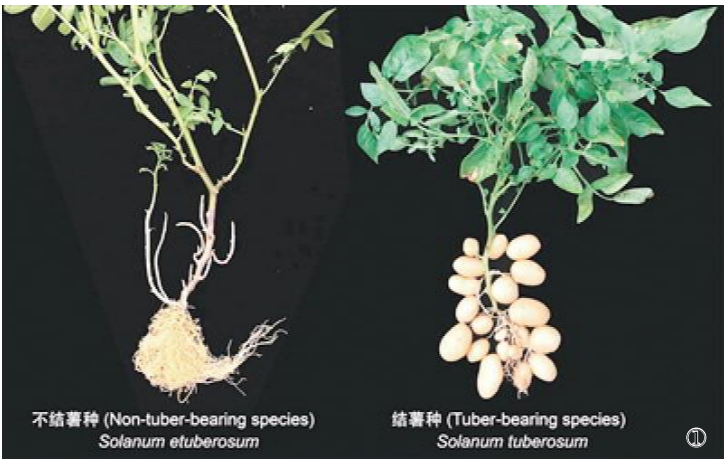
## 突破马铃薯育种难题

“马铃薯是全球 13 亿人的主食之一,也是重要的无性繁殖作物。”中国农业科学院深圳农业基因组研究所研究员黄三文介绍。作为无性繁殖的代表作物,马铃薯拥有高度杂合的基因组和自交不亲和的特性,这让它在育种过程中常常陷入困境:遗传分析复杂,难以突破新品种选育。

团队早在前期研究中,就培育出了第一代高纯合度马铃薯自交系和杂交品系“优薯 1 号”,一定程度上缓解了育种的难题。然而,他们发现,真正阻挡在面前的,还有另一个未解之谜——马铃薯的物种起源。

长期以来,科学界普遍认为现代栽培马铃薯源自南美安第斯山脉或智利的野生马铃薯,这些野生种经过长期驯化和杂交形成了今天的品种。但“野生马铃薯的祖先是谁”一直没有答案。形态学的线索一度让科学家认为,与马铃薯长相极为相似的“类马铃薯”是它的直接祖先。然而,分子进化学的证据却抛出一个反直觉的结论:马铃薯和番茄之间的亲缘关系更近。

研究团队决定,重新审视马铃薯组(栽培与野生马铃薯)、番茄组和类马铃薯组三者之间的进化关系。他们系统分析了来自 101 份马铃薯组、15 份番茄组、9 份类马铃薯组,以及 19 份其他茄科物种的高质量基因组数据。其中大部分基因组数据已经存在,这项研究对数据进行了再利用。



① 类马铃薯(左)与马铃薯组(右)植株的表型

② 杂交事件驱动马铃薯的薯块形成与演化

答案在进化基因组学和分子生物学的交叉中浮现:900 万年前,一次发生在番茄组与类马铃薯组之间的远古杂交,诞生了马铃薯组。按照质体基因组的亲缘关系,番茄为母本,类马铃薯为父本。这是一场跨属的“基因联姻”,而且结下了一个演化史上罕见的果实——新器官“薯块”。

## “薯块”带来生存优势

基于此,研究团队进一步追溯了马铃薯关键薯块形成基因的起源。

“薯块的身份基因 IT1 来自类马铃薯组,而结薯所需的移动信号因子 SP6A 则来自番茄组。”研究团队成员、论文第一作者张智洋解释道,“我们还在基因组中发现了两个此前未被注意的与薯块功能相关的重要基因——DRN 和 CLF。这些来自

双亲的等位基因重新组合,构建起一个全新的调控网络,推动了薯块的出现。”

研究团队进一步发现,现今马铃薯组内部物种仍约有 24% 的遗传组随机固定了不同亲本的等位基因,呈现出亲本镶嵌的“马赛克式”模式。即,不同个体携带不同亲本的遗传信息,就像一幅由不同颜色小瓷砖拼成的马赛克画一样,导致表型呈现不均一性。

这种马赛克式的遗传组合带来的结果是惊人的:它极大提升了后代的遗传多样性,让它们拥有适应多种环境的能力。在生态学上,这意味着新生的马铃薯群体能够迅速占据新的生态位,并在与亲本逐渐形成生殖隔离的同时,展现出超强的杂种优势与适应性。

薯块的形成也给马铃薯带来了地下生存优势。薯块不仅能够储存水分和淀

粉,帮助马铃薯度过干旱、寒冷季节,更赋予了马铃薯无需种子或授粉即可繁殖的能力,通过薯块上的芽直接萌发新植株。

## 从考古化石到未来种子

破解 900 万年前的故事,科学家们用的是一种被称为“分子钟”的技术。它的原理类似于通过基因“进化沙漏”计时:DNA 会以相对稳定的速率积累突变,通过比较不同物种的 DNA 差异,并结合化石年代数据进行校准,就能推算出它们分化的时间。团队选取了距今约 5200 万年的茄科化石作为校准点,最终确认马铃薯的杂交起源时间节点。

然而,团队并不满足于停留在“揭示过去”。他们已经将这一发现转化为面向未来的育种新思路。

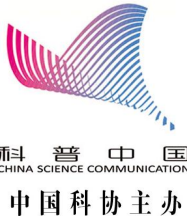
目前,马铃薯的种植运输、储存成本高且易带病虫害。团队的目标,是将马铃薯从无性繁殖的块茎作物变革为种子繁殖作物——每亩只需 2 克种子。这不仅能降低种植成本,还能显著减少病害传播风险。

“由于番茄是自交的有性繁殖作物,几乎没有有害突变。”黄三文表示,这次起源研究提供了一个大胆设想:以番茄作为合成生物学的“底盘”,导入薯块形成所需的关键基因,让番茄在地下长出马铃薯。这意味着,未来或许会出现一种全新的“种子型马铃薯”,既继承番茄的繁殖优势,又保有马铃薯的食用价值。

对科研人员来说,挑战仍在继续。他们需要在基因组选择的过程中淘汰更多的有害突变,以确保新型马铃薯的稳定性和产量。

“在演化史上,杂交常被视为基因流动的‘边缘事件’。”黄三文总结,“但这次研究告诉我们,它也可以是物种创新的核心驱动力。”

该研究得到了国家自然科学基金、广东省基础与应用基础研究重大项目、中国农业科学院科技创新工程等项目支持。研究首次揭示了马铃薯起源于番茄与类马铃薯祖先种之间的一次古老杂交事件,并导致新器官薯块的形成,加速马铃薯物种爆发式的辐射分化。



中国科协主办

科普中国APP

## 科学家开发出水下超黏水凝胶

近日,深圳大学化学与环境工程学院特聘副教授范海龙联合日本北海道大学教授龚剑萍等人在水凝胶领域取得重要突破。研究团队基于蛋白质数据库,创新性提出一种融合数据挖掘、仿生实验设计与机器学习的“三位一体”设计策略,成功预测并开发了水下黏附强度达到兆帕级的超黏水凝胶,展示了一条从“仿生经验”走向“数据驱动”的完整材料设计路径。

设计凝胶与弹性体等软材料是一项复杂任务,这需要筛选合适的结构单元类型与用量,并确定其在材料中的排布方式,由此产生的设计空间包含近乎无限的可能组合。更复杂的是,由于弱分子相互作用与热涨落的共同影响,软材料会呈现出精细的多尺度行为,其结构-性能关系跨越多个时空尺度,其中介观尺度结构起着关键作用。

数据驱动方法通过标准化数据集,改变了具有明确原子结构的硬质材料的发现与预测范式,实现了精确的性能预测并促进设计空间的高效探索。然而,由于软材料存在复杂的多尺度结构-性能关系,相关应用仍面临挑战。

在该研究中,科研人员提出一种融合数据挖掘、实验验证与机器学习的驱动策略,从头设计适用于严苛水下环境的高性能黏附水凝胶。通过挖掘蛋白质数据库,研究团队开发出描述符策略,利用理想共聚在聚合物链中统计复现蛋白质序列模式,从而实现了水凝胶的定向设计与数据集构建。研究结果显示,基于 180 种仿生水凝胶的初始数据集,采用机器学习优化配方后实现的黏附强度显著提升,最高值突破 1 兆帕。

刁雯蕙

## 山东滨州:科技点亮“第一课”



9 月 1 日,山东省滨州市博兴县乔庄镇中心小学,小学生在观看滨州市科技馆的智能机器狗进行表演,学习智能科技知识。

陈彬

## 广东鹤山:西江运输不停歇



9 月 2 日,鹤山市西江水域呈现现代运输画卷,货船往来不息,一派繁忙景象。

刘国兴

## 浙江温州:“海上菜园”秋耕忙



9 月 2 日,浙江省温州市乐清湾大门大桥两侧浅海海域“海上菜园”一派繁忙景象,养殖户驾驶养殖船在紫菜养殖区域开展“秋耕”作业。

蔡尧元

## 新研究揭示大豆种子粒重及品质的调控机制

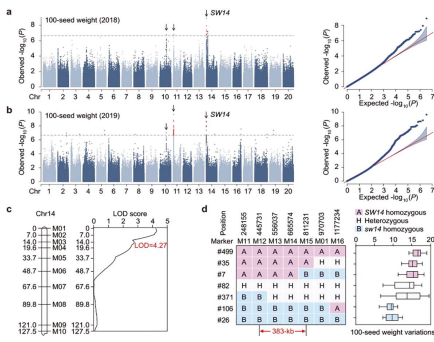
中国科学院华南植物园研究员侯兴亮团队研究通过全基因组关联分析及数量性状基因定位,克隆了大豆种子粒重及品质的重要调控基因 SW14 并揭示了其调控机制。

在国家重点研发计划、国家自然科学基金等项目的资助下,侯兴亮团队在 14 号染色体上鉴定出一个与百粒重显著相关的稳定信号区间,并确定了一个调控大豆百粒重及品质的关键基因 SW14。进一步研究发现,SW14 与植物种子发育核心调控因子 Leafy Cotyledon1 (LEC1) 在大豆中的同源基因 GmLEC1a/b 发生互作,抑制了 GmLEC1 在种子发育过程中介导的转录激活功能。进一步分析显示,优良等位基因 SW14H3 在大豆驯化过程中经历了人工选择,并展现出提高大豆产量的应用潜力。

“该研究发掘了大豆种子粒重与品质的重要调控基因,并进一步解析了其分子调控机制。”论文共同第一作者兼共同通讯作者、中国科学院华南植物园副研究员张春雨表示,近年来,侯兴亮团队致力于大豆种子发育及环境适应性研究,并取得了一些重要进展。

值得一提的是,张春雨长期从事 NF-Y 类转录因子在植物生长发育中的功能研究,其研究方向已从模式植物拟南芥延伸至重要农作物大豆,并将聚焦于大豆种子发育的相关研究。

朱汉斌 周飞



大豆 SW14 的定位及克隆 资料图

## 衰老如何改变我们的基因

——庞大的表观遗传图谱揭示迄今为止最清晰的图景



一项针对人体组织中 DNA 甲基化的大规模分析,揭示了新的抗衰老靶点 资料图

一项针对 17 种人体组织整个成年期表观遗传变化的荟萃分析,提供了迄今最全面的衰老如何改变人类基因的图景。这项研究近日公布于预印本平台 Research Square。

衰老对人体产生的影响有时与基因活性的变化有关。DNA 甲基化的表观遗传过程,即甲基基因的添加或移除会随着年龄增长变得不再精确,由此造成的基因表达的变化与器官功能衰退和疾病易感性增加有关。这项研究评估了人体组织样本的 DNA 甲基化模式,发现某些组织似乎比其他组织衰老得更快。例如,相比子宫颈或皮肤,视网膜和胃部积累了更多与衰老相关的 DNA 甲基化变化。研究还发现了在不同器官中普遍存在的衰老表观遗传标记。这一表观遗传图谱可能有助于科学家研究

DNA 甲基化与衰老的联系,并帮助确定抗衰老治疗的分子靶点。

英国伯明翰大学的 Joao Pedro Magalhaes 认为,这是理解衰老的一个“绝佳资源”。“这项跨器官甲基化数据的荟萃分析提供了迄今最大的资源,我相信它对研究人员颇有价值。”

为厘清甲基化与衰老的关系,论文第一兼通讯作者、澳大利亚蒙纳士大学的 Nir Eynon 及同事对 1.5 万多个人体组织样本进行了荟萃分析,描绘了 DNA 中 90 万个潜在位点的甲基化变化,并创建了一个开放获取图谱。

“我们的样本来自 18 岁~100 岁的人群。”Eynon 说,“因此我们可以观察表观遗传标记及其在整个人类生命周期中的变化。”

总体而言,研究人员发现不同组

织间的平均甲基化程度差异很大。论文作者之一、蒙纳士大学的 Macsue Jacques 表示,几乎所有组织的 DNA 甲基化都会随着衰老而增加,但骨骼肌和肺是个例外。“它们更多地表现出随年龄增长的甲基化减少。”

研究人员还发现,不同器官具有不同的 DNA 甲基化衰老模式。Jacques 指出:“每种组织发生的变化都不同。”

除了测试组织间的差异,研究人员还筛选了每种组织基因组中的单个基因位点。Jacques 表示:“我们想找到一个适用于所有组织类型的共性衰老机制。”

Jacques 认为,该图谱是一种可以加速发现全身及各组织核心衰老分子机制的资源。她希望这可以成为一个促进抗衰老疗法探索的工具,因为它提出了一个诱人的想法,即不再单独治疗心血管疾病等衰老相关疾病,而是将衰老作为一个整体进行治疗。

德国莱布尼兹衰老研究所的 Holger Bierhoff 表示,一直以来,研究表观遗传时钟的一大难题是“什么导致了衰老”。“这项研究探讨了甲基化的功能相关性,而不只是将其作为衰老的计时器。”

Bierhoff 同时指出,尽管这项研究规模很大,但仍然只是人类基因组约 3000 万个表观遗传位点中的一小部分,因此可能无法呈现与年龄相关的 DNA 甲基化全貌。Eynon 承认这一点,但他表示,图谱中的数据仍有助于识别衰老背后的机制并揭示延缓衰老的方法。

王体瑶