

拟提名 2024 年度云南省科学技术奖项目公示内容

一、项目名称

茶树基因组的变异与进化

二、提名者及提名等级

提名者：中国科学院昆明分院

提名等级：自然科学一等奖

三、项目简介

频繁的种间杂交和多倍化这两股重要进化力量的交织，使得山茶属成为有花植物中分类鉴定与系统发育研究十分困难的著名类群。该类群中有许多举世闻名经济植物，包括世界三大饮料植物之一的茶树、世界四大木本油料植物之一的油茶、世界十大名花之一的山茶花和被誉“植物大熊猫”的金花茶等。该成果在国家自然科学基金(NSFC)-云南联合基金重点项目：“油茶、云南大叶茶和云南山茶种质资源的保护和比较功能基因组学研究”(U0936603)、云南省高端科技人才引进项目：“云南大叶茶重要品质相关基因的比较功能基因组学研究”(2008OA009)、云南省“百名海外高层次人才引进计划”：“云南大叶茶重要品质相关基因的比较功能基因组学研究”、中国科学院“百人计划”择优支持项目：“云南大叶茶、云南山茶花和油茶的比较功能基因组学与种质资源的初步研究”以及云南省自然科学基金重点项目：“云南大叶茶的起源及其重要品质相关基因的比较功能基因组学研究”(2008CC016)等多个项目的支持下，对山茶属植物基因组的变异与

进化开展了历经 18 年的整合组学研究，取得的重要成果如下：（1）在国际上首次破译了茶树基因组。率先获得了栽培茶树大叶茶变种云抗 10 号的核、线粒体和叶绿体的高质量参考基因组序列，率先完成了栽培茶树小叶茶变种碧云的染色体级别的参考基因组序列，为山茶属植物的分类学、进化及其遗传资源的保护与发掘利用研究奠定了里程碑式的重要科学基础，推动茶学及相关研究成为世界植物科学的热点前沿；（2）揭示了茶叶适制性与风味形成的遗传学基础。发现茶树的三大特征性成分（茶多酚、咖啡因和茶氨酸）的生物合成途径起源于山茶属植物的共同祖先并高度保守至今；发现与茶叶的香气、风味与品质密切相关的诸如黄酮、萜类等生物合成相关的基因家族在茶树基因组显著地扩增；发现茶多酚和咖啡因而非茶氨酸代谢通路相关基因的不同表达模式决定了山茶属植物作为茶饮的适制性与茶叶的品质和滋味；发现茶多酚和咖啡因代谢通路相关基因表达模式的显著差别导致茶组物种茶多酚和咖啡因的不同富集进而形成了多样化的茶叶风味；发现与茶氨酸及咖啡因生物合成相关的基因在花中强烈地高表达；纠正了咖啡基因组里报道的咖啡因生物合成途径在咖啡、可可和茶树中协同进化的观点，首次证实咖啡因生物合成途径在山茶属发生了快速而独立的进化；通过代谢组学和转录组学的整合分析揭示了不同氮水平和氮形态对茶叶风味物质积累模式的调控机理；通过比较转录组学鉴定得到与大理茶独特的风味形成相关的 *TCS*、*FNSII* 等基因；（3）诠释了茶树适应全球气候和生态环境而成为世界性饮料植物的基因组学基础。发现强烈的自然选择促进了茶树抵抗生物和

非生物逆境的抗病基因家族以及黄酮等生物合成相关的基因家族的快速扩增；通过比较转录组学发现与大理茶更强的适应性相关的 *LEA*、*ERF* 等基因家族特异性地大量扩增；**(4) 通过比较叶绿体基因组学研究获得了山茶属系统发育关系的新认识。**通过对山茶属代表物种比较叶绿体基因组学分析，发现山茶属植物叶绿体基因组高度保守，物种间 IR 区的扩张与收缩变异微小；对山茶属代表组物种 (*Camellia sinensis* var. *assamica*, *C. oleifera*, *C. reticulata*, *C. petelotii*) 以及分类位置一直存在颇多争议的毛肋茶 (*C. pubicosta*) 进行了叶绿体基因组的比较分析，获得了山茶属系统发育关系的新认识；筛选出 15 个分歧度超过 1.5% 的叶绿体基因组序列为山茶属植物的进一步分类鉴定与系统发育研究提供了重要的数据基础；**(5) 揭示了山茶属植物基因组大小变异与进化的机制。**通过对山茶属代表物种流式细胞实验以及基于全基因组测序的 *k-mer* 分析，揭示了山茶属植物种内与种间基因组大小的变异式样；发现因倍性变异导致了山茶花组物种间基因组大小变异较大；发现频繁的种间杂交和多倍化使得山茶属不同组的物种间呈现基因组大小的复杂变异式样；首次报道了自治的 LTR 反转录转座子家族多轮爆发以及非自治的 LTR 反转录转座子家族长期、缓慢地扩增但缺少有效的 DNA 删除机制导致了茶树如今庞大的基因组。

该项成果 8 篇代表 SCI-E 收录论文总影响因子达 88.1，2 篇为 0.1% ESI 高引论文和热点论文，1 篇荣获 2017 年中国科协优秀论文奖；研究成果被国内外同行在 *Nature*、*Science*、*Nature Genetics*

等 TOP 期刊上重点关注和正面评价。该成果相关代表论文一经发表后引起了非常强烈的反响,被 CCTV(新闻联播)、新华社、英国 BBC、美国 CNN、华盛顿邮报等几乎所有国内外重要新闻媒体报刊采访、报道或转载;入选中国茶行业 2017 年十大新闻事件;该成果取得的突破性进展使得茶学及相关研究成为中国科学院发布的 2021 年植物科学的热点前沿。项目组 2014 年入选“热带作物种质资源与基因组学”云南省创新团队,团队中一人入选 2023 年中国科学院院士有效候选人。该项成果的获得奠定了我国科学家在植物种质资源与基因组学领域的国际领先地位,为世界山茶属植物的分类与进化研究奠定了重要基础,对未来开展茶树、油茶、山茶花等山茶属植物重要遗传资源的科学保护与生物育种产业化发掘利用也具有重大意义。

四、代表性论文专著目录

1. Enhua Xia[#], Haibin Zhang[#], Jun Sheng[#], Kui Li[#], Qunjie Zhang[#], Changhoon Kim, Yun Zhang, Yuan Liu, Ting Zhu, Wei Li, Hui Huang, Yan Tong, Hong Nan, Cong Shi, Chao Shi, Jianjun Jiang, Shuyan Mao, Junying Jiao, Dan Zhang, Yuan Zhao, Youjie Zhao, Liping Zhang, Benying Liu, Yue Yu, Shengfu Shao, Dejiang Ni, Evan E. Eichler, Lizhi Gao*. 2017. The Tea Tree Genome Provides Insights into Tea Flavor and Independent Evolution of Caffeine Biosynthesis. *Mol. Plant. A publication of the Cell Press*, 10:866-877

2. Qunjie Zhang[#], Wei Li[#], Kui Li[#], Hong Nan[#], Cong Shi[#], Yun Zhang, Zhangyan Dai, Yanglei Lin, Xiaolan Yang, Yan Tong, Dan Zhang, Cui Lu, Liying Feng, Chenfeng Wang, Xiaoxin Liu, Jianan Huang, Wenkai Jiang, Xinghua Wang, Xingcai Zhang, Evan E. Eichler, Zhonghua Liu*, Lizhi Gao*. 2020. The Chromosome-Level Reference Genome of Tea Tree Unveils Recent Bursts of Non-autonomous LTR Retrotransposons to Driving Genome Size Evolution. *Mol. Plant. A publication of the Cell Press*, 13:935-938.

3. Hui Huang, Chao Shi, Yuan Liu, Shuyan Mao, Lizhi Gao*. 2014. Thirteen *Camellia* Chloroplast Genome Sequences Determined by High-throughput Sequencing: Genome Structure and Phylogenetic Relationships. BMC Evol. Biol. A publication of the BioMed Central, 14:151.

4. Fen Zhang, Wei Li, Chengwen Gao, Dan Zhang, Lizhi Gao*. 2019. Deciphering Tea Tree Chloroplast and Mitochondrial Genomes of *Camellia sinensis* var. *assamica*. Sci. Data. A publication of the Springer Nature, 6:209

5. Hui Huang, Qiuyang Yao, Enhua Xia, Lizhi Gao*. 2018. Metabolomics and Transcriptomics Analyses Reveal Nitrogen Influences on the Accumulation of Flavonoids and Amino acids in Young Shoots of Tea Plant (*Camellia sinensis* L.) Associated with Tea Flavor. J. Agric. Food Chem. A publication of the American Chemical Society, 66, 9828-9838

6. Haibin Zhang#, Enhua Xia#, Hui Huang, Jianjun Jiang, Benying Liu Lizhi Gao*. 2015. *De novo* Transcriptome Assembly of the Wild Relative of Tea Tree (*Camellia taliensis*) and Comparative Analysis with Tea Transcriptome Identified Putative Genes Associated with Tea Quality and Stress Response. BMC Genomics. A publication of the BioMed Central, 16:298.

7. Hui Huang#, Yan Tong#, Qunjie Zhang, Lizhi Gao*. 2013. Genome Size Variation among and within *Camellia* Species by Using Flow Cytometric Analysis. PLoS ONE. A publication of the Public Library of Science, 8(5): e64981.

8. Hong Nan, Yanglei Lin, Xinghua Wang*, Lizhi Gao*. 2021. Comprehensive Genomic Analysis and Expression Profiling of Cysteine-Rich Polycomb-Like Transcription Factor Gene Family in Tea Tree. Hortic. Plant J. A publication of the Elsevier, 7(5):469-478.

五、主要完成人基本情况

姓名	职称	职务	工作单位（完成单位）
高立志	教授	教育部工程研究中心主任	海南大学 (中国科学院昆明植物研究所)

黄荟	副研究员	无	怀化学院 (中国科学院昆明植物研究所)
张芬	无	无	海南大学 (华南农业大学)
张海宾	讲师	无	榆林学院 (中国科学院昆明植物研究所)
李伟	特聘教授	无	河北大学 (华南农业大学)
夏恩华	教授	无	安徽农业大学 (中国科学院昆明植物研究所)
佟岩	助理研究员	无	中国科学院昆明植物研究所