

# 葡萄育种 研究的新 武器

撰文·供图  
梁振昌

葡萄是一种多年生木本作物，实生苗第一次开花结果需要3~5年的时间，经过优系初选、优系复选、品系的区试到品种的成功审定，传统新品种选育过程历时长，耗费大，效率低。通常，一个鲜食葡萄品种从配制杂交组合到品种审定，需要12~20年，而酿酒品种则

至少需要15~25年。育种家为了提高育种效率，必须要了解葡萄的各种性状，如品质、产量、抗病虫害等遗传特点，才能够更有针对性地选择育种的亲本。

在配制杂交组合以后，育种家会获得数百乃至成千上万株杂种实生苗。之后，进行庞大数量的实生苗栽种，并开展生物学特点的调查，工作量巨大，成本昂贵，占到整个育种过程总费用的80%。如果在获得实生苗早期就能精确地把符合育种目标的单株筛选出来，淘汰掉绝大多数不需要的实生苗，则会极大地降低成本，提高育种效率。而如何筛选呢？现代生物技术的发展尤其是正向遗传学的进步，为这种操作提供了可行性。利用正向遗传学挖掘分子标记进行分子辅助育种，已成为葡萄育种的主要趋势。

葡萄的性状多为多基因控制的数量性状。QTL定位主要是利用统计学技术，解析杂交群体中染色体上分子标记与表型差异的关系，通过构建遗传图谱挖掘控制相应性状在基因组上的位置以及其遗传效应，并把该位置作为分子辅助育种的标记。优质高抗逆新品种是育种者永恒的追求，因此葡萄QTL定位研究主要集中在两个方面：

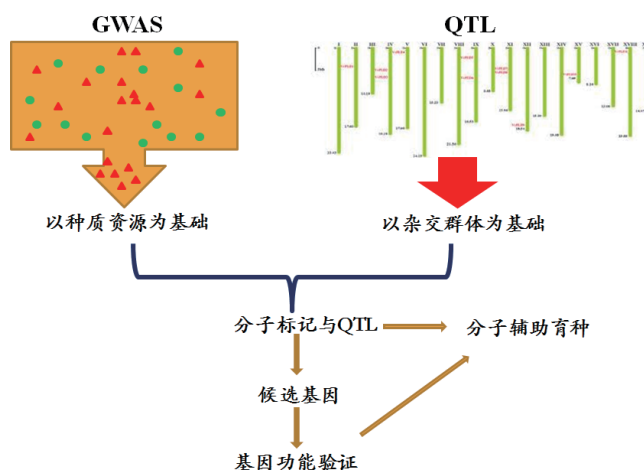


‘京秀’日光温室结果情况

首先是葡萄果实品质性状包括果实硬度、糖、酸、颜色、香气、种子数量等；其次是葡萄抗逆性状，包括抗病、抗虫、抗寒、抗旱等。另外，在葡萄植物学性状如花期、花性和成熟期等领域，也开展了部分QTL定位研究。这些研究都取得了一定的进展，为将来的分子辅助育种奠定了基础。

全基因组关联分析 (genome-wide association study, GWAS) 是另一种正向遗传学挖掘分子标记的技术手段，主要是利用新一代基因组测序技术，寻找植物基因组中单核苷酸多态性 (SNP) 和表型变异的相关性，能够更加直接有效和精确地挖掘控制相应性状的分子标记。目前，GWAS已逐渐成为开发葡萄分子标记的主流手段，已经挖掘了果实品质性状如果实硬度、香味等18个性状，以及花期、萌芽期等14个植物学性状的分子标记。

同时由于QTL定位与GWAS发掘了大量葡萄性状相关的基因，通过解析这些基因的调控机制，为未来葡萄的分子设计育种奠定了良好的基础。这些遗传学技术手段的应用，将会促进葡萄科学基础研究的发展，也会提高葡萄育种效率，增强整个葡萄产业的可持续发展能力。

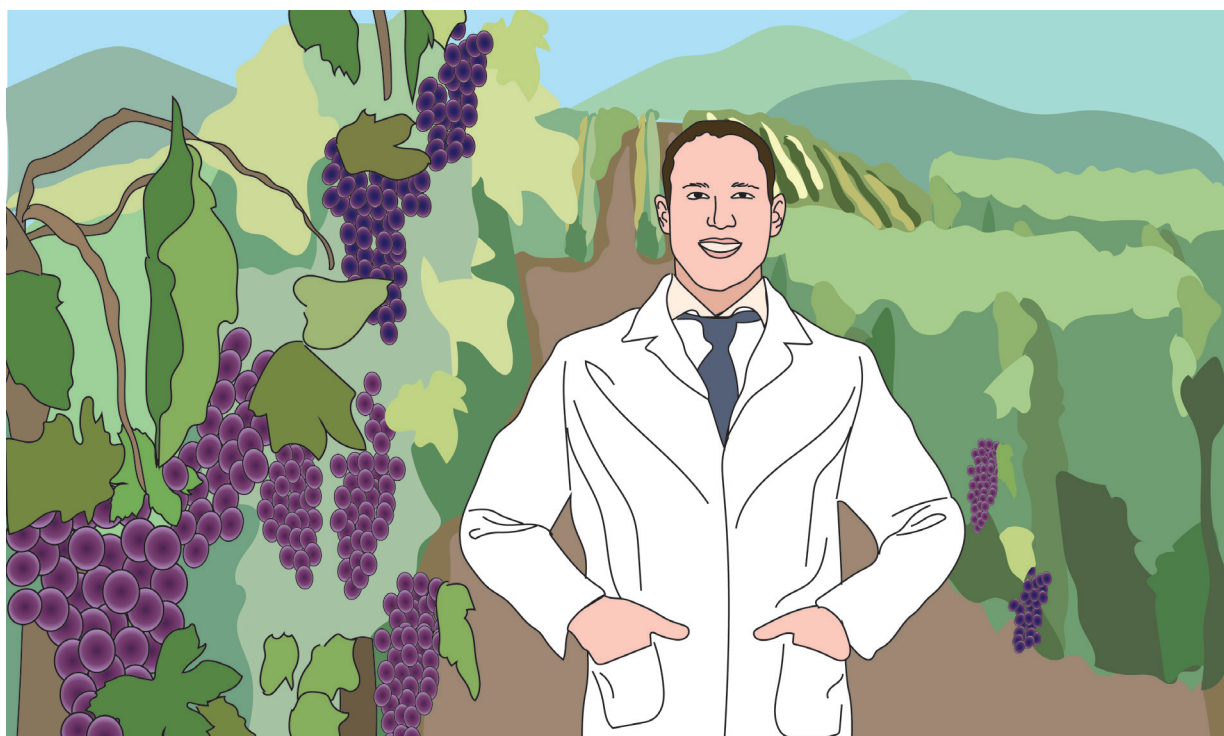


葡萄QTL和GWAS育种思路

#### 作者简介

梁振昌，中国科学院植物研究所研究员，主要研究方向：葡萄分子遗传与育种，主要开展果树/葡萄育种与分子遗传研究。探索葡萄果实成熟的调控机制，解析果实品质形成的分子机理，开展葡萄基因组与功能基因组学的系统研究，构建葡萄大数据平台，为葡萄分子辅助/设计育种提供理论依据，同时采用常规育种体系选育高抗优质葡萄新品种。

(责编 桑新华)



绘图 / Tianyi