

高等植物果实开裂相关基因的研究进展

杨爱珍^{1,2}, 张志毅¹, 赵福宽², 王有年²

(1. 北京林业大学 生物学院, 北京 100083; 2. 北京农学院 生物技术系, 北京 102206)

摘要:以拟南芥为例, 概述了高等植物果实形成脱落区的相关基因及下游分离基因, 探讨各基因间的互作关系, 以期调控植物果实脱落奠定理论基础, 为尽快解决农业实践问题提供指导。

关键词: 高等植物; 果实; 基因; 激素

中图分类号: Q 944.46 文献标识码: A 文章编号: 1001-0009(2009)05-0114-05

高等植物果实(Fruit)是由子房或连同花的其它部分发育而成的, 可分为果皮和种子两部分。种子是由胚珠发育而来, 由种皮所包被。果皮是由子房壁发育而来, 可分为内、中、外果皮。果实成熟(Maturation)是果实充分成长以后到衰老之间的一个发育阶段。果实成熟后有的可作为大众爱吃的鲜食水果, 例如木本植物核果类果实, 桃、李、杏等; 草本植物果实棉花, 成熟时棉铃裂开, 露出柔软的纤维, 供人们衣着穿用; 还有一些果实成熟后, 种子用来榨油, 例如, 草本植物芸苔属油菜等。

果实成熟后有些开裂是有益的, 例如, 果实的开裂有利于种子的收集; 但果实过早开裂易导致减产, 如经济类作物油类种子蓖麻、油菜等和种子纤维类棉花等。更令人棘手的是, 最近发现, 桃果实内表皮也异常开裂, 严重影响了桃产量和品质。无论是鲜食还是装罐都不能满足市场要求。所以, 很多学者和科学家都致力于此问题的研究。经解剖学结构观察和生理生化指标测定的比较, 十字花科拟南芥属拟南芥果实开裂的部位在瓣片的内表皮^[1], 类似与桃果实内果皮的开裂及棉铃和油菜等的开裂^[2]。

近几年研究模式植物拟南芥的开裂分子机制^[3], 已经有很大进展。现对此进行了归纳总结, 不仅对深入研究高等植物果实脱落机制有所启迪, 更主要的是帮助尽快找到解决生产实际问题的有效途径。

1 调控开裂区(The dehiscence zone, DZ)细胞分

第一作者简介: 杨爱珍(1976-), 女, 在读博士, 讲师, 现主要从事生理与分子生物学研究工作。E-mail: yangaizhen0427@sina.com。

通讯作者: 王有年(1951-), 男, 教授, 硕士, 现主要从事果树学方向的研究工作。E-mail: wynbac@sohu.com。

基金项目: 北京市自然科学基金重点资助项目(6071001); 北京市教委平台建设资助项目(2006); 北京市科委区县专项资金资助项目(2006); 北京农学院青年基金资助项目。

收稿日期: 2008-12-24

化的相关基因

1.1 MADS 盒基因

MADS 盒基因是根据最先克隆的 4 个基因的第一字母命名的, 即, 分别来源于真菌、拟南芥、金鱼草和哺乳动物的 *MCM1* 基因^[4]、*AGAMOUS* 基因^[5]、*DEFICIENS* 基因^[6]和 *SRF* 基因^[7]。MADS 盒基因编码多种具有重要生物学功能的转录调节因子, 以二聚体形式与 DNA 相结合^[8-9], MADS-box 蛋白也能形成多聚体来发挥作用^[10]。植物的 MADS 盒蛋白主要由 M、I、K 和 C 4 个区域组成, M 区高度保守, 编码 DNA 结合区, 其余的 3 个区域都与反应合成有关^[11]。

在植物中, MADS 盒基因调节根、叶、花的发育, 特别在植物的花分生组织和花器官发育中具有不同形式的时空表达模式, 即 ABCD 模型^[12-16]。近来的研究表明, MADS 盒基因家族在决定受精后花分裂组织的分化、调控种子和果实的发育等方面都起着重要的作用^[17]。

1.1.1 *SHP* 和 *FUL* 基因在拟南芥中的表达及其它们间的相关性 2000 年 4 月, Liljegren^[18] 等首次在《自然》上发表关于拟南芥长角果开裂的论文, 他们发现, 拟南芥果实的开裂受 2 个 MADS 基因(*AGL1* 和 *AGL5*)的控制。这 2 个基因从心皮发育的早期就开始表达, 与合成 DZ 细胞有关^[19-20]。这 2 个基因似乎受合成心皮的特征基因—*AG* 基因的直接调控, 他们之中, 单独一个基因的突变不影响长角果的开裂习性, 但 2 个基因的同时突变造成果实干燥后不能开裂, 这 2 基因被重新命名为“防碎”基因 *SHP* (shatterproof)。组织学研究证明 *SHP* 促进瓣片边缘细胞的木质化。即使 *SHP1* 和 *SHP2* 基因在胚珠、蜜管、隔膜和花柱中也有表达, 但在 *shp1shp2* 双突变体角果中, 只观察到分离层细胞发育不正常, 瓣片边缘的木质化程度降低; 在连续表达的 *SHP1* 和 *SHP2* 基因的拟南芥突变体 (35S:: *SHP1* 和 35S:: *SHP2*) 中, 角果的长度接近野生型的, 但角果的直径较

野生型的窄, 种子都挤在窄的角果中, 导致果实提前开裂。这种现象类似于功能缺陷性 *ful* 拟南芥突变体, 但开裂的性质又有所不同^[21]。在功能缺陷性 *ful* 突变体中, 由于抑制了果实瓣片的生长, 角果不能有效伸长, 许多种子都挤在短角果中, 胎座框呈“Z”形卷曲在短角果中。似乎表明 *SHP1* 和 *SHP2* 基因最高级地调控 DZ 的形成。拟南芥 MADS 盒 *FUL* 基因^[22] 是另一与合成分离区有关的基因, 在心皮原基形成时, *FUL* 基因似乎就开始表达, 雌蕊受精后, *FUL* 基因开始转变成调控果实瓣片的伸长和分化, 而 *SHP* 基因调控瓣片边缘细胞的分化和木质化, 所以这 2 基因很可能共同来调控果实的生长和开裂。2000 年 7 月, 在《科学》^[23] 上发表了有关在拟南芥上 *FUL* 基因抑制 *SHP* 基因的表达。在功能缺陷性 *ful* 突变体中 *SHP* 基因异位表达在瓣片中。相反地, 在连续表达的 *FUL* 基因突变体中, 瓣片叶肉细胞异位表达在瓣片边缘及附近, 所有细胞都转变成瓣膜细胞类型, 没有分化 DZ, 靠近分离区的细胞也没有木质化, 植物果实不脱落。这种表现型比 *shp1* 和 *shp2* 突变体更严重, 推测 *FUL* 基因不仅抑制 *SHP* 基因表达, 而且能调控另一些有关 DZ 特征细胞分化的一些因子。在连续表达的 *SHP1* 和 *SHP2* 突变体中, 瓣片叶肉细胞异位木质化, 说明 *SHP* 基因抑制瓣片细胞的分化, 即 *SHP* 也抑制 *FUL* 基因的表达。在桃果实中也克隆到类 *FUL* 和 *SHP* 基因, 初步证明这两基因间的相互关系类似于拟南芥中的表现, 都与内果皮发育和开裂有关, 证明桃果实的开裂与拟南芥角果的开裂有一定的相似性^[24]。

1.1.2 其他相关基因 除 *SHP* 和 *FUL* 基因外, 另一些 MADS 盒基因似乎也参与调控相关细胞分化的过程。例如, 初步的研究结果显示, 珠柄的正常发育和果实的种子脱落, 需要 *STK* MADS 盒基因^[25], 此基因与 *SHP1* 和 *SHP2* 一起抑制了 *FUL* 基因的表达。另外的例子是 *JIONTLESS* 基因^[26-27], 它是控制番茄花梗脱落的 MADS 盒基因。还有 *AGL15* 基因^[28], 它连续不断的表达能阻止花器官脱落。

1.2 编码 bHLH 蛋白家族的基因

bHLH 蛋白在近 60 个氨基酸的一段内携有特征的序列模式, 即 1 个螺旋-环-螺旋模体 (helix-loop-helix motif, HLHM) 及其上游的富含碱性氨基酸顺序。bHLH 蛋白家族是动物、植物和真菌共同的祖先^[29-32], 在动物中主要调控肌细胞、神经细胞和血细胞的生成及性别决定; 在植物中主要调控花色素的生成、脱落酸和水解反应及种子贮藏基因的表达。

目前 bHLH 蛋白家族主要分为以下 3 类: 能够与 E-box 增强子序列结合的 bHLH 蛋白、能够与 N-box 抑制子序列结合的 bHLH 蛋白和不与 DNA 结合的 bHLH 蛋白^[33]。bHLH 蛋白与相对应的基因片段相结

合, 对基因的转录发挥重要作用^[34]。

1.2.1 *IND* 和 *ALC* 基因及其关系 *IND* 和 *ALC* 基因都是编码一个特殊的真核 bHLH 蛋白, 都与拟南芥果实的 DZ 区的正常分化有关, 角果的正常开裂需要这些蛋白来调控, 这 2 个基因的突变都不会导致裂果, 但两者之间又有所不同。在 *ind* 突变体中果实瓣片边缘的细胞不像野生型的那么排列紧凑, 不能看见分离层和木质化的细胞层, 说明 *IND* 基因与果实开裂时需要分化的 3 种细胞类型有关, 即分离层、木质化的瓣片边缘和木质化的瓣片^[35]。而在 *alc* 突变体中, DZ 区的细胞形态和木质化形式都没发生改变, 但却特异性地影响分离层细胞的形成。在该突变体中, 分离层细胞较野生型的大, 延伸到瓣片边沿, 将瓣片和胎座框连在一起, 导致细胞不能开裂, 说明 *ALC* 基因主要与分离层的细胞特异分化有关^[36]。

1.2.2 *SPT* 基因 *SPT* 基因与细胞分离有关, 在花药散开处、珠柄脱落区、角果开裂区都有 *SPT* 基因的表达。在果实发育的最后阶段, *SPT* 基因的表达集中于瓣片边缘, 这种表现形式类似于 MADS 盒 *SHP* 基因。但在 *spt* 突变体中并不影响瓣片的开裂, 说明 *SPT* 基因很可能是 *SHP* 基因的下游调控因子。在此突变体中, 隔膜的发育限制于角果半截处, 种子都挤在顶端, 同时角果的长度比野生型的短, 此种表现型类似于 MADS 盒基因 *ful* 突变体的表现型, 说明这 2 基因可能有共同的调控功能。不仅如此, 在果实整个发育过程中, 都需要 *SPT* 基因来调控特异细胞的分化和生长, 以保证果实正常发育和脱落。应用原位杂交技术可得知, *SPT* 基因在花分生组织的顶部就开始表达, 此部位随后发育成雌蕊原基, *SPT* 基因在雌蕊原基中部表达最强; 随着雌蕊原基的生长发育, 在中间部位的周缘部分呈现出背脊突起, 随后继续分化出隔膜、柱头、花柱和输送管, 在此发育过程中不同组织都有 *SPT* 基因的表达。直至开花前, 在隔膜和柱头上 *SPT* 基因的表达才消失, 但在角果瓣片上却可检测到 *SPT* 基因的表达, 然后随着发育的进程, *SPT* 基因表达渐渐集中到瓣片边缘, 此部位会进一步发育成瓣片分裂区, 保证果实正常开裂^[37]。由此可知, *SPT* 基因在整个果实发育过程中是必不可少的。

1.3 *RPL* 基因

RPL (*REPLUMLESS*) 基因编码同源域蛋白, *rpl* 单突变体在胎座框异位地发育了许多层在形态上类似于瓣片边缘的细胞。通过多突变体 (*rpt*, *shp1*, *shp2* 和 *rpt*, *shp1*, *shp2*, *ful*) 研究表明, *RPL* 基因在胎座框中的作用类似与瓣片中的 *FUL* 基因^[38], 都是将 *SHP* 基因限制在瓣片边缘表达, 以保证瓣片边缘木质化, 从而使果实正常开裂。

1.4 上述各基因之间的关系

IND、*ALC*、*SHP1*、*SHP2* 和 *FUL* 等 5 个基因共同调控 *DZ* 区的形成,他们之间的作用既有所区别又有所重叠,需要共同来参与果实瓣片木质化过程,以保证果实正常开裂。*IND*、*ALC* 和 *SHP* 基因一起来控制拟南芥瓣片边缘细胞的发育。初步的研究已经表明, *IND*、*ALC* 基因是 *SHP1*、2 的下游调控基因。尽管 *ALC* 基因独立于 *IND*、*SHP* 基因时发挥一定的作用,但 *ALC* 基因主要通过 *IND* 基因来起作用。然而, *SHP* 基因主要是独立于 *IND* 和 *ALC* 基因来调控瓣片的发育。*IND* 和 *FUL* 基因的表达与瓣片边缘的木质化有关,但 *FUL* 基因的主要作用并不是直接控制果实角果瓣片的伸长,相反地,主要是抑制 *IND*、*ALC* 和 *SHP* 基因在瓣片的表达,保证这些基因在瓣片边缘正常表达^[39]。

2 调控 *DZ* 中间薄片层开裂的基因

果实 *DZ* 区细胞壁特别是中间薄片层的开裂是确保果实脱落的关键因素^[40-41]。在油菜中首次克隆出在 *DZ* 区表达与角果开裂相关的基因,此基因编码多聚半乳糖醛酸酶,这个酶主要负责降解大多数果胶^[42-43]。依据在调控区和编码区序列上的高度同源性,在拟南芥中也分离出同源基因^[44-45]。这些基因编码的酶能降解 *DZ* 区中间薄片层,从而导致角果开裂,种子脱落。*RDPG1* 和一些在果实脱落和分离区表达的 *PGs*, 有一个游离的 *N*-末端区。存在这个游离的 *N*-末端区,似乎阻止了 *PG* 酶进入细胞壁,一旦由于不明信号导致游离的 *N*-末端区离去,此蛋白质驱动到细胞间隙来行使他的功能^[46]。另一些有关细胞壁变松的酶是 *XET*(木葡聚糖-内转移糖基化酶)^[47]。编码此酶的基因特异地上游调控角果发育末期 *DZ* 的形成^[41]。在拟南芥中,似乎由 *SHP1/2* 正调控 *XET* 基因^[48]。

3 结语

调控种子开裂对于提高油菜等油类种子、棉花等纤维类物质的产量和降低桃果实内果皮的开裂是至关重要的。应用拟南芥来研究果实开裂是一个很好的工具,目前,在国内也有报道克隆出与桃果实发育相关的 *MADS* 基因^[49]。*DZ* 区的形成来源于雌蕊、心皮、子房等组织的不断分化和发育。从基本的科学观点出发, *DZ* 区的形成是导致果实开裂的直接原因。果实不同时空的发育调控因子,组成了整个大系统的调控网络。从分子水平上来探索各基因间的相互关系,了解在这个水平起作用的新基因特征和分析他们相互的调控作用,对确定不同细胞类型和在时空上调控生理生化反应是关键。探索在整个果实发育过程中激素如何来调控不同基因的表达,激素与个性基因间又有什么联系,是什么信号系统来有序调控的,仍然是以后研究的重点。虽然在诱导感染的芸苔属植物种荚中验证了角果开裂与种子脱落的相关性。但角果开裂、花药散开、叶子和果柄

的脱落之间是否有共同的调控机理和信号, *SPT* 基因是不是联系桥梁,有待进一步研究。

该研究课题组一直致力于对桃果实开裂机理的研究,已初步明确桃果实内果皮开始出现开裂症状在盛花后 2~3 周,但出现的表型有所不同,有的内果皮因胶流出而导致开裂,有的是没有什么胶流出但也开裂。现已对桃果实发育过程的糖代谢和内果皮木质素沉积过程有初步的探索^[50-53],但基于原因较复杂,正借鉴以上研究基础进一步深入研究与桃果实开裂有关的机制,明确果实不同发育期相应基因的特性和调控信号,利用 *RNAi* 技术^[54],或者在果实上喷布激素来调控果实的开裂时间是有意义的;探讨这些基因间相互的调控关系,应用 *QTL* 来定位这些与裂果相关的基因,以便为调控整个果实的发育提供技术支撑。

参考文献

- [1] Roth L. Fruits of angiosperms[M]. Monticello, N. Y: Lubrecht and Cramer Ltd, 1977: 675.
- [2] Spence J, Vercher Y, Gates P, et al. 'Pod shatter' in *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus* and *B. juncea*[J]. *Journal of Microscopy*, 1996, 181: 195-203.
- [3] Robles P, Pelaz S. Flower and fruit development in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Int. J. Dev. Biol.* 2005, 49: 633-643.
- [4] Ammerer G. Identification, purification and cloning of a polypeptide (prf/ grm) that binds to mating-specific promoter elements in yeast[J]. *Genes and Development*, 1990(4): 299-312.
- [5] Yanofsky M F. The protein encoded by the *Arabidopsis* homeotic gene *AGAMOUS* resembles transcription factors[J]. *Nature* 1990 346: 35-39.
- [6] Sommer H. *Deficiens*, a homeotic gene involved in the control of flower morphogenesis in *Antirrhinum majus*; The protein shows homology to transcription factors[J]. *EMBO J.*, 1990(9): 605-613.
- [7] Norman C. Isolation and properties of cDNA clones encoding *srf*, a transcription factor that binds to the *c-fos* serum response element[J]. *Cell* 1988, 55: 989-1003.
- [8] Lamb P, McKnight S L. Diversity and specificity in transcriptional regulation: The benefits of heterotypic dimerization[J]. *Trends Biochem. Sci.* 1991, 16: 417-422.
- [9] Shore P, Sharrocks A D. The *MADS* box family of transcription factors[J]. *Eur. J. Chem.* 1995, 229: 1-13.
- [10] De Folter S. Comprehensive interaction map of the *Arabidopsis* *MADS* box transcription factors[J]. *Plant Cell*, 2005 17: 1424-1433.
- [11] Reichmann J L, Meyerowitz E M. Determination of floral organ identity by *Arabidopsis* *MADS* domain homeotic proteins *AP1*, *AP3*, *PI* and *AG* is independent of their DNA-binding specificity[J]. *Mol. Biol. Cell*, 1997 (8): 1243-1259.
- [12] Bowman J L, Smyth D R, Meyerowitz E M. Genetic interactions among floral homeotic genes of *Arabidopsis*[J]. *Development*, 1991, 112: 1-20.
- [13] Coen E S, Meyerowitz E M. The war of the whorls: Genetic interactions controlling flower development[J]. *Nature*, 1991, 353: 31-37.
- [14] Pelaz S. B and C floral organ identity functions require *sepallata* *MADS*-box genes[J]. *Nature*, 2000, 405: 200-203.
- [15] Ferrario S. The *MADS* box gene *flp2* is required for *sepallata* func-

tion in petunia[J]. Plant Cell, 2003, 15: 914-925.

[16] Angenent G C. A novel class of MADS box genes is involved in ovule development in petunia[J]. Plant Cell, 1995(7): 1569-1582.

[17] 胡丽芳 金志强 徐碧玉. MADS-box 基因在果实发育、成熟过程中的作用[J]. 分子植物育种 2005(3): 415-420.

[18] Liljgren S J. SHATTERPROOF MADS-box genes control seed dispersal in Arabidopsis[J]. Nature 2000 404: 766-770.

[19] Flanagan C A, Hu Y, Ma H. Specific expression of the AGL1 MADS-box gene suggests regulatory functions in Arabidopsis gynoecium and ovule development[J]. Plant J, 1996(10): 343-353.

[20] Savidge B, Rounsley S D, Yanofsky M F. Temporal relationship between the transcription of two Arabidopsis MADS box genes and the floral organ identity genes[J]. Plant Cell 1995(7): 721-733.

[21] Gu Q. The fruitfull MADS-box gene mediates cell differentiation during Arabidopsis fruit development[J]. Development, 1998, 125(8): 1509-1517.

[22] Mandel A M, Yanofsky M F. The Arabidopsis AGL8 MADS-box gene is expressed in inflorescence meristems and is negatively regulated by AP-ETALA 1[J]. Plant Cell, 1995(7): 1763-1771.

[23] Ferrandiz C, Liljgren S, Yanofsky M. FRUITFULL negatively regulates the shatterproof genes during Arabidopsis fruit development[J]. Science 2000, 289: 436-438.

[24] Tani E. Characterization and expression analysis of FRUITFULL- and shatterproof-like genes from peach (*Prunus Persica*) and their role in split-pit formation[J]. Tree Physiology, 2007, 27: 649-659.

[25] Pinyopich A, Ditta G, Yanofsky M. Roles of seedstick MADS-box gene during ovule and seed development[C] // 12th international conference on Arabidopsis research. Madison, WI USA; University of Wisconsin Press, 2001.

[26] Mao L, Begum D, Chung H, et al. jointless is a MADS box gene controlling flower abscission zone development[J]. Nature, 2000 406: 910-913.

[27] Szymkowiak E, Irish E. Interactions between jointless and wild-type tomato tissues during development of the pedicel abscission zone and the inflorescence meristem[J]. The Plant Cell, 1999(11): 159-175.

[28] Fernandez D E, Heck G R, Perry S E, et al. The embryo MADS domain factor AGL15 acts post-embryonically Inhibition of perianth senescence and abscission via constitutive expression[J]. The plant cell, 2000(12): 183-198.

[29] Littlewood T D, Evan G I. Helix-Loop-Helix transcription factors [M]. New York: IRL Press, 1998, 18: 5435-5444.

[30] Cai M, Davis R W. Yeast centromere binding protein Cbf1 of the Helix-Loop-Helix protein family is required for chromosome stability and methionine prototrophy[J]. Cell, 1990, 61: 437-446.

[31] Quattrocchio F. Analysis of bHLH and MYB domain proteins: species specific regulatory differences are caused by divergent evolution of target anthocyanin genes[J]. Plant J, 1998 13: 475-488.

[32] Radicella J P, Turks D, Chandler V L. Cloning and nucleotide sequence of a cDNA encoding B-Peru, a regulatory protein of the anthocyanin pathway in maize[J]. Plant Mol. Biol, 1991(17): 127-130.

[33] Fischer A, Leimeister C, Winkler G, et al. Hey bHLH factors in cardiovascular development[J]. ColdSpring Harb Symp Quant Biol, 2002, 67(6): 63-70.

[34] 贺强, 王立峰. bHLH 蛋白家族的功能[J]. 国外医学(生理、病理科

学与临床分册), 2004 12(6): 545-547.

[35] Liljgren. Control of fruit patterning in Arabidopsis by INDEHISCENT[J]. Cell, 2004 116: 843-853.

[36] Rajani S, Sundaresan V. The Arabidopsis myo/ bHLH gene ALCA-TRAZ enables cell separation in fruit dehiscence[J]. Curr. Biol, 2001(11): 1914-1922.

[37] Heisler M G B, Atkinson A, Blystra Y H, et al. SPATULA, a gene that controls development of carpel margin tissues in Arabidopsis, encodes a bHLH protein. Development [J]. 2001, 128: 1089-1098.

[38] Roeder. The role of the REPLUMLESS homeodomain protein in patterning the Arabidopsis fruit[J]. Curr. Biol, 2003, 13: 1630-1635.

[39] Liljgren S J. Control of fruit patterning in Arabidopsis by INDEHISCENT[J]. Cell, 2004, 116: 843-853.

[40] Patterson S. Cutting loose. Abscission and dehiscence in Arabidopsis[J]. Plant Physiology, 2001, 126: 494-500.

[41] Roberts J A. Cell separation processes in plants. Models Mechanisms and manipulation[J]. Annals of botany, 2000 86: 223-235.

[42] Jenkins E. Characterization of an mRNA encoding a polygalacturonase expressed during pod development in oilseed rape (*Brassica napus* L.) [J]. Journal of Experimental Botany, 1996, 47: 1111-1115.

[43] Peterson M. Isolation and characterization of a pod dehiscence zone-specific polygalacturonase from *Brassica napus* [J]. Plant Molecular Biology, 1996, 31: 517-527.

[44] Jenkins E. Dehiscence-related expression of an Arabidopsis thaliana gene encoding a polygalacturonase in transgenic plants of *Brassica napus* [J]. Plant Cell and Environment, 1999, 22: 159-167.

[45] Sander L. Analysis of a dehiscence zone endopolygalacturonase in oilseed rape (*Brassica napus*) and Arabidopsis thaliana: evidence for roles in cell separation in dehiscence and abscission zones, and in stylar tissues during pollen tube growth [J]. Plant Molecular Biology, 2001, 46: 469-479.

[46] Dal Degan F. The cleavable N-terminal domain of plant endopolygalacturonases from clade B may be involved in a regulated secretion mechanism [J]. Journal of Biological Chemistry, 2001, 276: 35279-35304.

[47] Fry S. Xyloglucan endotransglycosylase, a new wall-loosening enzyme activity from plants [J]. Biochemical Journal, 1992, 282: 821-828.

[48] Østergaard L. Enhancer trap lines with GUS expression in developing Arabidopsis fruits [J] // 12th international conference on Arabidopsis research. Madison, WI USA; University of Wisconsin Press, 2001.

[49] 吴凡. 桃中两个 MADS box 基因的克隆与表达分析[J]. 遗传学报, 2004, 31(9): 908-918.

[50] 孟海玲, 王有年, 李奕松等. 桃树子房发育初期蔗糖含量及其相关酶活性的变化[J]. 中国农业科学, 2008, 41(3): 6-12.

[51] 孟海玲, 王有年, 师光禄等. 桃树子房发育初期山梨醇含量及其相关酶活性的变化[J]. 植物生理学通讯, 2007, 43(2): 214-244.

[52] 葛水莲. 裂核对桃果实品质的影响及防止措施[J]. 北方园艺, 2007(8): 20-21.

[53] 葛水莲. 桃果实发育解剖学与果核开裂研究[J]. 北京农学院学报, 2006, 21(4): 1-4.

[54] 宋刚. 反义 RNA 技术控制果实成熟的研究进展[J]. 福建农业大学学报, 2000 29(4): 421-428.

(致谢: 感谢花宝光教授和师光禄教授对稿件的校正。)

生物信息学以及植物新基因的发现研究

魏小春, 郑群

(石河子大学 园艺系 新疆 石河子 832003)

摘要: 新基因的发现对植物生命科学研究及发展起着不可估量的作用, 可以增强植物抗逆性、提高作物产量、改善经济植物品质等。然而, 在发现植物新基因的方法中, 生物信息学始终扮演着重要的角色。

关键词: 新基因; 生物信息学; 抗逆性; 产量; 品质

中图分类号: Q 943.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-0009(2009)05-0118-04

生物学中一个普遍的问题就是寻找新基因。发现新基因是当前国际上基因组研究的热点, 使用生物信息学的方法是发现新基因的重要手段^[1]。传统上, 基因和蛋白质的发现需要用分子生物学和生物化学技术。互补 DNA 可以用克隆的方法从基因文库中克隆得到, 而蛋白质纯化后可以用酶活性等生物化学指标测序。生物信息学方法也能够为新基因的存在提供一些证据。从目的来看, 一个新基因就是指在数据库中发现的一些还没有被注释的 DNA 序列。

生物信息学是 20 世纪 80 年代末随着人类基因组计划的启动而兴起的一门新的交叉学科, 由数据库、计算机网络和应用软件三大部分构成^[2,3]。利用生物信息学方法是发现新基因的重要手段。比如酵母基因组包含了 5 932 个基因, 其中 60% 的基因是通过信息分析得到的。使用 EST 序列信息寻找新基因是当前国际上基

因争夺战的热点。利用生物信息学方法预测基因的功能也是强有力的武器。如上述酵母基因组包含的 5 932 个基因中, 已知其功能的占 6 500 个, 其中 30% 来自试验, 3 500 个(约 54%)来自信息技术。

1 新基因的丰富内涵

基因的和基因工程的长足进展, 使人类突破了传统观念的束缚, 开始大胆尝试干预生命、改变生命。20 世纪 80 年代, 在加拿大的一片苹果园里, 就通过转基因获得了别有滋味, 既甜又脆, 十分可口的苹果“芭蕾皇后”。用基因疗法克服植物病害当英国正在紧锣密鼓地进行超级苹果的研究时, 在澳大利亚和马来西亚, 科学家开始了超级菠萝的研究工作。澳大利亚和马来西亚是两个菠萝生产大国, 近年来, 这两个国家面临着一个棘手的问题—菠萝的黑心病和菠萝树冠的退化。为了挽回黑心病给菠萝产业带来的损失, 科学家将用基因技术找到引起菠萝黑心病的酶, 并用基因技术和克隆技术攻克它。对于树冠的退化现象, 科学家也将通过改变它的基因来解决^[4]。

中国超级稻计划项目组已在某种水稻上发现 2 个位点, 2 个位点的基因共拥有使水稻增产 36% 的潜能。世界杂交水稻之父袁隆平日前在世界农业科技大会公布了项目组的新发现。袁隆平说, 生物技术可以加速中

第一作者简介: 魏小春(1983-), 男, 在读硕士, 主要研究方向为植物生理生化。E-mail: jweixiaochun@126.com。

通讯作者: 郑群(1968-), 男, 博士, 副教授, 现从事蔬菜生理生态研究工作。E-mail: zq1508@sina.com。

基金项目: 石河子大学基金资助项目(ZR KX200706)。

收稿日期: 2009-01-10

Study on the Genes Related to the Fruits' Dehiscence in Higher Plant

YANG Ai-zhen^{1,2}, ZHANG Zhi-yi¹, ZHAO Furkuan², WANG You-nian²

(1. College of Biology, Beijing Forestry University, Beijing 100089, China; 2. Department of Biotechnology, Beijing University of Agriculture, Beijing 102206, China)

Abstract: This paper took *Arabidopsis thaliana* as an example, outlined the genes and downstream genes relevant to the formation of disassociation layer after fruits ripen, explored the interaction between genes, lay the theoretical foundation of the fruits dehiscence regulation, lead ways to solve agricultural practice.

Key words: Higher plant; Fruit; Gene; Hormone