

DOI:10.11937/bfyy.201709037

新疆蔷薇科扁桃类植物自交不亲和性的分子机制

曾 斌^{1,2}, 刘梦雯^{1,2}, 王建友³, 王 波^{1,2}

(1. 新疆农业大学 林学与园艺学院, 新疆 乌鲁木齐 830052; 2. 新疆农业大学 果树学新疆特色果树研究中心, 新疆 乌鲁木齐 830052; 3. 中国林业科学院 新疆分院, 新疆 乌鲁木齐 830000)

摘 要:蔷薇科扁桃类植物是具有重要经济、研究价值的园艺果树类植物,该类果树植物家族均为自交不亲和性,自花授粉并不能正常结实,在其生长和生产过程中都需要进行异花授粉。扁桃类果树植物的自交不亲和属于配子型自交不亲和类型,是由花粉配子体核基因决定花粉与雄蕊的不亲和反应,即当花粉中的一个S等位基因与花柱中的一个等位基因相同时即表现不亲和。不亲和反应的细胞学特征是花粉管生长在花柱中受阻。该文对植物自交不亲和性方面的分子机制在蔷薇科扁桃类果树作物上的反映研究进展进行了综述,并着重阐述了新疆分布的独特的栽培扁桃和野生扁桃自交不亲和性S-位点基因的研究进展,以期为今后更深入的研究提供了重要的基础。

关键词:蔷薇科;扁桃类植物;自交不亲和性;分子机制

中图分类号:S 662.903.6 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2017)09-0174-05

扁桃俗称巴旦木,又名巴旦杏。汉语“巴旦木”是‘Badam’一词的音译,起源于波斯语,表示“内核”的意思。很多国家均将扁桃仁称作‘Badam’,例如中国新疆、巴基斯坦、伊朗、印度等。许多人把巴旦木和普通杏仁混为一谈,事实上巴旦木和杏仁是2种不同的坚果。巴旦木是扁桃的内核,杏仁则是杏的内核,而扁桃和杏在植物学上来说,是2种不同的植物^[1]。

目前我国分布的扁桃野生和栽培类果树种类共6种,栽培种主要分布在新疆天山南部地区的喀什等地;野生种主要分布在新疆准葛尔盆地西部塔城地区的巴尔鲁克山、塔尔巴哈台山和阿勒泰山脉等地;其它野生种类还有分布于内蒙古的乌拉山和大青山、宁夏贺兰山、青藏高原东端。具体种类分别是普通扁桃(*Amygdalus communis* L.)、新疆野扁桃(*Amygdalus ledebouriana* Schlecht.)、蒙古扁桃(*Amygdalus mongolica* Moxim.)、长柄扁桃(*Amyg-*

dalus pedunculata Pall.)、西康扁桃(*Amygdalus tan-gutica* Batal.)、榆叶梅(*Amygdalus triloba* (Lindl) Ricker.)^[2]。

经课题组的调查和研究可知,新疆是栽培扁桃的原生物种起源中心之一,而新疆分布的野生扁桃林是研究世界扁桃起源进化的重要种质基因库。有学者认为中国塔城野生扁桃林自然保护区与比邻的哈萨克斯坦的新疆野生扁桃林可能是扁桃的起源中心,进一步的田间授粉生物学表明新疆分布的栽培扁桃和野生扁桃具有自交不亲和性。

针对新疆蔷薇科扁桃类果树植物自交不亲和性的特性,近年来,新疆扁桃项目组在国家自然科学基金的连续资助下,先后开展了“扁桃(巴旦杏)自交不亲和性的分子机理研究(30760146)”、“新疆野生扁桃自交不亲和性的分子机制研究(31260465)”、“基于S-核酸酶的新疆野生扁桃自交不亲和性泛素化特性的分子机制研究(31660557)”等项目的研究。该文回顾了S-位点基因在蔷薇科扁桃类果树植物方面的自交不亲和性调控的分子机制的研究进展,并着重阐述了新疆分布的独特的栽培扁桃和野生扁桃的研究进展,为今后深入研究S-位点基因的互作机理以及建立完善的扁桃类果树植物自交不亲和性模型,探明其自交不亲和性的分子机制提供了坚实的基础。

第一作者简介:曾斌(1969-),男,湖北松滋人,博士,副教授,现主要从事果树种质资源及生物技术的教学与科研工作。
E-mail: zbxnd@163.com

基金项目:国家自然科学基金资助项目(31660557, 31260465);新疆维吾尔自治区果树学重点学科资助项目(201007)。

收稿日期:2017-01-16

1 扁桃类植物自交不亲和性

蔷薇科扁桃类植物的自交不亲和属于配子型自交不亲和类型(gametophytic self-incompatibility, GSI),其作用机理是由花粉配子体核基因决定花粉与雌蕊的不亲和反应,即当花粉中的一个S等位基因与花柱中的一个等位基因相同时即表现不亲和。基本情况下,一个高度多态的复等位基因位点即S-位点控制着植物雌蕊和花粉的这种相互识别的作用^[3]。

研究显示S-RNase(S-核酸酶)由S-位点负责编码,当花粉中含有与雌蕊相同的S-locus时,花柱S-RNase可自由进入花粉管内,降解自花花粉的rRNA,花粉在雌蕊中的伸长就受到抑制,S-RNase扮演着的S-locus特异细胞毒素的角色即显现出来,在表现性状上表现出自交不亲和性^[4]。

传统的田间遗传学上,多是通过先在田间自交授粉,之后测算坐果率,同时结合在实验室显微镜观察花粉管生长动态等方面来完成对扁桃自交不亲和性的研究。多年来,现代分子生物学和蛋白质组学等新技术陆续被利用来开展扁桃自交不亲和基因的研究,例如BOŠKOVIĆ等^[5]和TAO等^[6]分别提取了扁桃自交不亲和性品种的花柱蛋白,利用非平衡pH梯度聚焦电泳法首次分离出一批与扁桃GSI相关的S-蛋白,同时鉴定出S-蛋白确定为S-RNase。TAO等^[6]还通过染色的深浅来检测S-RNase活性,通过此方法检测出了2个已知的扁桃自交不亲和等位基因。随后,USHIJIMA等^[7]和TAMURA等^[8]克隆了4个S等位基因(*Sa*, *Sb*, *Sc*和*Sd*),并用其来鉴定美国扁桃品种的S基因。目前,在欧洲意大利和西班牙等国家的扁桃栽培品种中也已鉴定出了22个S等位基因^[9]。

F-Box蛋白是一类含有F-Box基序(Motif),在泛酸介导的蛋白质水解过程中具有底物识别特性的蛋白质家族^[10-11]。近年的研究也多集中于此方面。LAI等^[12]在构建好的金鱼草细菌人工染色体(BAC)文库当中筛选到了一个含有S₂核酸酶的BAC克隆(63.7 kb),并在其中距离S₂核酸酶9 kb的位置,发现了一个新基因,该基因距离S₂核酸酶仅有9 kb,编码了一个带有F-box结构域的蛋白,被命名为Ah-SLF-S₂(*Antirrhinum hispanicum* S-locusF-box S₂)。

在克隆到AhSLF-S₂之后,又有多个基于S-RNase自交不亲和性植物的S位点F-box基因陆续得到了鉴定。USHIJIMA等^[13]首先在扁桃

(*Prunus dulcis*)中报道了自交不亲和性S单元型(S-haplotype)特异性的S-locus的F-box基因的克隆,通过对该基因S-位点的测序显示,发现有2个编码F-box蛋白的基因与S-RNase连锁,并在该植物的花粉中特异表达,被命名为PdSFB(*P. dulcis* S-haplotype-specific F-box gene)。而USHIJIMA等^[13]还发现另有一类基因,这类基因则编码S单倍型间相似性高达95%的F-box蛋白,被命名为PdSLF(*P. dulcis* S-locus F-box gene)。

已有的研究证明花粉S基因SFB/SLF是一个F-box家族的基因,目前对这类蛋白的功能研究发现,F-box蛋白通常和SKP1、Cullin1以及Rbx1形成一种称为SCF的蛋白质复合体,在泛素化蛋白质修饰途径中起泛素连接酶的作用^[14-16]。在SCF复合体中,F-box蛋白通过其F-box结构域和SKP1蛋白相连。在对一些F-box蛋白的研究中还发现,即使在F-box蛋白不通过形成SCF复合体起作用的情况下,也依然需要SKP1蛋白的协助才能完成功能^[17-18]。因此SKP1蛋白对于F-box蛋白行使功能是必需的,但是在对于花粉决定因子F-box蛋白的研究中是否有保守的SKP1可以和其发生相互作用尚不是很清楚。

SSK1(S-locus F-box-interacting SKP1-like 1),一类新的自交不亲和性花粉特异表达且与花粉决定子相互作用的基因。HUANG等^[19]在金鱼草中,通过酵母双杂交的方法以AhSLF-S₂为探针,从金鱼草的花粉cDNA库中克隆了一种新型的SKP1-like蛋白,命名为AhSSK1(*Antirrhinum hispanicum* SLF-interacting SKP1 like1)。体外生化试验证明了Ah-SSK1可以与花粉决定因子SLF,SCF^{SLF}复合体中的脚手架蛋白Cullin1发生相互作用。Pull-down试验结果表明,AhSSK1可以在有花粉粗提液存在的条件下与S-核酸酶免疫共沉淀。通过基因枪瞬时转化花粉的方法抑制AhSSK1的功能,并不影响花粉的正常的生理状态,提示SSK1很可能是特异参与到自交不亲和信号应答的SKP1-Like蛋白。CHANG等^[20]于2009年在百合中克隆到了3个花粉特异表达的SKP1-Like(LSK1-3)。体外试验表明LSK1-3能与百合的Cullin1相互作用,从而在花粉萌发过程中形成功能性的SCF复合体,通过转基因试验表明这3个花粉特异表达的SKP1-Like对于花粉管的伸长是至关重要的。但是,这3个花粉特异表达的SKP1-Like是否影响了植物的自交亲和性还不是很清楚。2010年ZHAO等^[21]从茄科的矮牵牛中也鉴

定克隆到了 *AhSSK1* 的同源基因,命名为 *PhSSK1* (*Petunia hybrida* SSK1)。同样体外生化试验证明了它与花粉自交不亲和性决定因子 *PhSLF*、*Cullin1* 和 *S-RNase* 的相互作用关系,说明 SKP1 在 SCF 复合体中起到接头的作用,负责连接与固定 F-box 蛋白,提示 SSK1 参与到了自交不亲和性的信号应答中。此外,通过 RNAi 的转基因试验表明 *PhSSK1* 的下调影响了花粉的亲合性反应,在对转基因后代的遗传分析中还发现有偏分离的现象。在茄科和茄科中先后发现降解 *S-RNase* 所需的 SLF 介导的 SCF 复合体上都存在一个花粉特异表达的与 SLF 相互作用的 SSK1,在蔷薇科中特别在新疆扁桃类果树植物当中是否也存在与 *SFB* 互作的 SSK1 值得深入研究,尤其是转 SSK1 基因导致后代的偏分离现象可以通过转基因技术把 SSK1 基因作为一个防止基因漂移的抑制子应用在果树育种上。

2 新疆栽培扁桃自交不亲和的研究进展

在新疆栽培扁桃中较多的研究均表明,花柱的 S 基因即 *S-RNase* 基因,最合理合适的授粉树的配置是建立在正确的 *S-RNase* 基因型的鉴定基础之上。

马艳等^[22]设计出通用引物,对 8 个新疆栽培扁桃品种进行了 PCR 扩增,成功地获得了 10 个长度均不相同的 S-基因片段,分析表明:克隆到的 10 个基因片段组成的核苷酸序列中均含有编码蔷薇科植物的 *S-RNase* 的 5 个高度保守区域:C1、C2、C3、RC4、C5 的序列;同时还有编码高变区(RHV)的序列和变异度较大的内含子序列,进一步的分析也表明:克隆到的 10 个基因片段翻译成的氨基酸序列与蔷薇科中其它植物的 *S-RNase* 的氨基酸序列同源性可达 67%~96%,新疆栽培扁桃应与杏、樱桃等作物同属于李亚科植物。

吴玉霞等^[23]通过采用美国大扁桃作为对照,以数个新疆栽培扁桃品种为试验材料,从栽培扁桃的授粉特性和 S 等位基因 PCR 扩增角度对受试栽培扁桃进行了研究。结果表明:新疆栽培扁桃大多都不能够自花结实,基本上是异花结实类型的种质。试验也表明,不同的栽培扁桃品种的自然坐果率也存在着较大的差异,个别品种如“鹰嘴”也具有较高的自然结实率。这也为今后培育自交亲和性的品种提供参考。

郭振宇等^[24]利用设计的通用引物,采用 RT-PCR 和 RACE 技术对新疆栽培的扁桃‘Pioneer’品种进行克隆试验,成功得到了 1 个新的 SLF 基因(命

名为 *PdSLF1*) 和 2 个新的 *S-RNase* 基因(命名为 *PdSm* 和 *PdSn*)的 cDNA。分析研究显示:3 个新基因所编码的氨基酸序列与其它蔷薇科植物相应基因的氨基酸序列同源性可达 89%~96%,特异性表达试验也显示出 *PdSLF1* 基因专一性的表达在新疆栽培扁桃的花药当中,而 *PdSm* 和 *PdSn* 基因专一性表达在新疆栽培扁桃的雌蕊中。

郭长奎等^[25]采用新疆栽培扁桃栽培的优良品种“麻壳”的花药为试验材料,利用 RT-PCR 和 RACE 技术,成功克隆到了 1 个 *SFB* 基因的全长基因(命名为 *AcSFB10*)。进一步的分析也证实了该基因的花粉特异性表达。

曾斌等^[26]利用设计蔷薇科的通用引物组合对新疆 24 个扁桃栽培品种的 *S-RNases* 基因进行特异性 PCR 扩增,成功克隆鉴定出了新疆栽培扁桃品种的 10 个 *S-Rnases* 基因型。

姜俊卿等^[27]利用蔷薇科通用引物组合对新疆 10 个扁桃栽培品种进行 *S-RNase* 基因特异性扩增,结果每个新疆栽培扁桃品种均获得 2 个条带,进一步研究分析,共鉴定出了 10 个新疆栽培扁桃品种的 *S-RNase* 基因型。

3 新疆野生扁桃自交不亲和研究现状

关鹏等^[28]采用新疆野生扁桃的花柱为试验材料,利用 RT-PCR 和 RACE 技术成功地克隆了 2 个 *S-RNase* 基因全长(命名为 *PtSl6-RNase* 和 *PtSl7-RNase*),分析研究发现,这 2 个新基因均属于 *RNase* T2 基因家族,与其它蔷薇植物的 *S-RNase* 基因序列相似程度可达 83%~98%。

夏江宏等^[29]采用新疆野生扁桃植物的叶片和花粉为试验材料,通过 RT-PCR 技术成功克隆得到了一个新的 SSK1 基因全长 cDNA(命名为 *PetSSK1*)。这是第一次从新疆野生扁桃的材料中成功克隆得到了一类新的自交不亲和性 SSK1 基因全长,这可以为进一步的基因表达分析和有效利用该新基因获得在生产上可利用的自交亲和的植株奠定了试验基础。

夏江宏等^[30]进一步利用克隆到的新疆野生扁桃的花粉新的 *PetSSK1* 基因,成功地构建了新基因 *PetSSK1* 的植物表达载体,采用根癌农杆菌介导的试验方法,将 *PetSSK1* 基因转入“梦幻”矮牵牛植株,同时研究了不同浓度的抗生素种类对“梦幻”矮牵牛再生体系的影响。结果表明,该试验成功获得了转化新疆野扁桃自交不亲和相关基因 *PetSSK1*

的矮牵牛植株,并成功地筛选出“梦幻”矮牵牛的卡那霉素和头孢霉素的敏感浓度量。试验 PCR 分子检测结果显示出其为转基因阳性植株。

关鹏^[31]采用新疆野生扁桃的花药作为试验材料,利用 RT-PCR 和 RACE 技术,成功地克隆了 2 个 SFB 基因全长(命名为 *PtSFB16* 和 *PtSFB17*),2 个新基因通过分析均属于 *F-box* 基因家族,与其它蔷薇科植物的 *SLF/SFB* 基因的序列相似程度均达 88% 以上。在此基础上,试验进一步选取了 *PtSFB17*, *PtSl6-RNase* 和 *PtSl7-RNase* 等 3 个基因,采用酵母双杂交系统对选取的 *PtSFB17*, *PtSl6-RNase* 和 *PtSl7-RNase* 等 3 个基因的编码蛋白之间的相互作用进行了初步的研究。试验显示, *PtSl6-RNase* 和 *PtSFB17* 蛋白质之间、*PtSl7-RNase* 和 *PtSFB17* 蛋白质之间并没有显示出相互的作用。

酵母双杂交系统是一种在真核细胞酵母内检测研究蛋白之间相互作用的方法^{:[32-33]}。但是,该技术也存在着不能完全检测出所有的蛋白与蛋白之间相互作用的缺陷。对于一些膜上蛋白,由于环境的差异,而其不能形成正确的构象,因此对这类蛋白的酵母双杂交检测也可能出现假阴性。另外,研究显示,如果体内存在不能正确折叠,或者不能转移到核内的蛋白,那么就不能检测出来互作^{:[33]}。采用酵母双杂交系统检测新疆野扁桃自交不亲和性 S 基因间是否存在直接的相互作用,尚不能完全排除上述因素的影响。因此, *PtSl6-RNase* 和 *PtSFB17* 蛋白质之间、*PtSl7-RNase* 和 *PtSFB17* 蛋白质之间是否具有功能上的相互作用,还将有待用其它技术进一步证实。

另外,研究资料也显示,目前,在自交不亲和性蛋白质互相作用方面的较有说服力的关于基于 S-RNase 的自交不亲和性机制的分子机制模型是“协同非我识别模型”。KUBO 等^[34]分析结合这一“协同非我识别模型”的观点,认为不是每一个 S-RNase 蛋白均与任意一个 SFB 蛋白都存在相互的作用,分析可能是 *PtSl6-RNase* 和 *PtSl7-RNase* 蛋白质不在 *PtSFB17* 蛋白质的识别谱中。目前,课题组还在进行下一步的扩展性试验。

4 展望

目前为止,自交不亲和性是显花植物最主要的一种控制受精的机制,其作用机理是一种由花粉细胞与花柱细胞相互作用的生理反应,空间与时间都极大地影响着授粉行为中这 2 种特殊细胞间的接触,这一机理与细胞间的信号转导等方面的机理存在着较大的差异。通过梳理过往的研究,认为 S-位

点在蔷薇科扁桃类植物自交不亲和性的分子机制中起着决定性的作用。

自交不亲和性是一种广泛存在于植物中的生殖隔离现象,在异花授粉条件下花柱 S 基因编码的 S-RNase 进入花粉管中,被花粉 SCF 复合体标记泛素并最终被 26S 蛋白酶体降解,从而导致异交亲和;而自我的 S-RNase 则不会被泛素标记,保持活性,降解花粉管的 RNA,使花粉管生长受阻^{:[35]}。

新疆分布的扁桃类果树植物是我国珍贵的蔷薇科扁桃果树资源,在探讨其 S-RNase、*F-box* 及 *SKP1-like*、*SBP1*、*Cullin1* 和 *F-box* 基因,探究组织和单元型特异性,深入验证其蛋白互作关系,探讨被花粉管吸收的 S-RNase 是否被泛素标记,同时进一步研究该 SCF 复合体参与的体外模拟泛素化体系能否将 S-RNase 标记进行泛素,预期的试验结果将会帮助建立完善扁桃类植物自交不亲和性模型,探明其自交不亲和性的机理,为该类植物分子育种奠定重要的分子与遗传学基础。

参考文献

- [1] 伊拉木·艾尼瓦尔. 圣果-莎车的巴旦木[EB/OL]. 天山论坛 (<http://bbs.bbs.cn>) <http://bbs.ts.cn/thread-1436597-1-1.html>, 2015-10-22.
- [2] 朱京琳. 新疆巴旦杏[M]. 乌鲁木齐:新疆人民出版社,1983.
- [3] de NETTANCOURT D. Incompatibility and incongruity in wild and cultivated plants[M]. Berlin:Springer-Verlag,2001;163.
- [4] ZHANG Y J, ZHAO Z H, XUE Y B. Roles of proteolysis in plant self-incompatibility[J]. Annual Review of Plant Biology,2009,60;21-42.
- [5] BOŠKOVIĆ R, TOBUTT K R, BAILLE I, et al. Correlation of ribonuclease zymograms and incompatibility genotypes in almond[J]. Euphytica,1997,97;167-176.
- [6] TAO R, YAMANE H, SASSA H, et al. Identification of stylar RNases associated with gametophytic self-incompatibility in almond (*Prunus dulcis*)[J]. Plant and Cell Physiology,1997,38;304-311.
- [7] USHIJIMA K, SASSA H, TAO R, et al. Cloning and characterization of cDNAs encoding S-RNases from almond (*Prunus dulcis*): primary structural features and sequence diversity of the S-RNases in Rosaceae[J]. Mol Gen Genet,1998,260;261-269.
- [8] TAMURA M, GRADZIEL T M, DANDEKAR A M. Cloning of genomic DNA sequences encoding almond (*Prunus dulcis*) S-Rnases genes (PGR99-117)[J]. Plant Physiology,1999,120;1207.
- [9] BOŠKOVIĆ R, TOBUTTT K R, DUVAL H, et al. A stylar ribonuclease assay to detect self-compatible seedlings in almond progenies[J]. Theor Appl Genet,1999,99;800-810.
- [10] DELPOZO J C, ESTELLE M. F-box Proteins and protein degradation: An emerging theme in cellular regulation[J]. Plant Mol Biol,2000,44(2);123-128.
- [11] 张一婧,薛勇彪. 基于 S-核酸酶的自交不亲和性的分子机制

- [J]. 植物学通报, 2007, 24(3): 372-388.
- [12] LAI Z, MA W S, HAN B, et al. An F-box gene linked to the self-incompatibility (S) locus of *Antirrhinum* is expressed specifically in pollen and tapetum[J]. Plant Molecular Biology, 2002, 50: 29-42.
- [13] USHIJIMA K, SASSA H, DANDEKAR A M, et al. Structural and transcriptional analysis of the self-incompatibility locus of almond: Identification of pollen-expressed F-Box gene with haplotype-specific polymorphism[J]. Plant Cell, 2003(15): 771-781.
- [14] HUA Z H, KAO T H. Identification and characterization of components of a putative petunia S-Locus F-box-containing E3 ligase complex involved in S-RNase-based self-incompatibility[J]. Plant Cell, 2006(18): 2531-2543.
- [15] PETROSKI M D, DESHAIE R J. Function and regulation of cullin-RING ubiquitin ligases[J]. Nat Rev Mol Cell Biol, 2005, 6(1): 9-20.
- [16] HO M S, OU C, CHAN Y R, et al. The utility F-box for protein destruction[J]. Cell Mol Life Sci, 2008, 65(13): 1977-2000.
- [17] ZHANG Y J, ZHAO Z H, XUE Y B. Roles of proteolysis in plant self-Incompatibility[J]. Annual Review of Plant Biology, 2009, 60: 21-42.
- [18] HERMAND D. F-box proteins; more than baits for the SCF? [J]. Cell Division, 2006, 31: 87-95.
- [19] HUANG J, ZHAO L, YANG Q Y, et al. *AtSSK1*, a novel SKP1-like protein that interacts with the S-locus F-box protein SLF[J]. The Plant Journal, 2006, 46(5): 780-93.
- [20] CHANG L C, GUO C L, LIN Y S, et al. Pollen-specific SKP1-Like proteins are components of functional SCF complexes and essential for lily pollen tube elongation[J]. Plant Cell Physiol, 2009, 50(8): 1558-1572.
- [21] ZHAO L, HUANG J, ZHAO Z H, et al. The Skp1-like protein SSK1 is required for cross-pollen compatibility in S-RNase-based self-incompatibility[J]. The Plant Journal, 2010, 62: 52-63.
- [22] 马艳, 马荣才. 扁桃自交不亲和基因的多态性分析[J]. 园艺学报, 2006, 33(1): 137-139.
- [23] 吴玉霞, 何天明, 何峰江, 等. 扁桃授粉生物学和 S 基因多样性研究初报[J]. 新疆农业大学学报, 2008, 31(3): 36-38.
- [24] 郭振宇, 常凤启, 谢华, 等. 扁桃 *SLF* 基因和 *S-RNase* 基因的克隆及表达分析[J]. 园艺学报, 2006, 33(6): 1185-1192.
- [25] 郭长奎, 罗淑萍, 李疆, 等. 扁桃 *AcSFB* 基因的克隆与原核表达分析[J]. 园艺学报, 2009, 36(8): 1215-1220.
- [26] 曾斌, 高启明, 田嘉, 等. 新疆扁桃品种自交不亲和和 S-Rnases 基因型的分析鉴定[J]. 新疆农业科学, 2014, 51(8): 1400-1408.
- [27] 姜俊卿, 冯建荣, 曹晓艳, 等. 新疆扁桃品种自交不亲和和 S-RNase 基因型鉴定[J]. 新疆农业科学, 2011, 48(7): 1177-1182.
- [28] 关鹏, 曾斌, 李疆, 等. 2 个野扁桃自交不亲和和 S-RNase 基因全长的克隆与序列分析[J]. 果树学报, 2016, 33(8): 905-910.
- [29] 夏江宏, 曾斌, 李伟阳, 等. 新疆野生扁桃自交不亲和基因 *SSK1* 的克隆及生物信息学分析[J]. 中国农学通报, 2015, 31(25): 107-112.
- [30] 夏江宏, 曾斌, 王建友, 等. 新疆野扁桃自交不亲和相关基因 *PetSSK1* 转“梦幻”矮牵牛的研究[J]. 北方园艺, 2016(12): 96-100.
- [31] 关鹏. 应用酵母双杂交系统研究野扁桃自交不亲和和决定因子间的相互作用[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2016.
- [32] 周丽娜, 吴军, 贺伟峰, 等. 酵母双杂交系统筛选 FOXP3 的相互作用蛋白[J]. 第三军医大学学报, 2008, 24(30): 2258.
- [33] 马晶, 赵国强, 朱含. 酵母双杂交系统检测 SK2 与 RyR2 蛋白的相互作用[J]. 郑州大学学报(医学版), 2011, 46(1): 45-48.
- [34] KUBO K, NTANI T, TAKARA A, et al. Collaborative non-self recognition system in S-RNase-based self-incompatibility[J]. Science, 2010, 330(6005): 796-799.
- [35] 袁晖. 苹果花粉 RING 类 E3 泛素连接酶泛素标记 S-RNase 研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2014.

Molecular Mechanism Analysis of Genes Controlling Self-incompatibility in Xinjiang Rosaceae *Amygdalus* Plants

ZENG Bin^{1,2}, LIU Mengwen^{1,2}, WANG Jianyou³, WANG Bo^{1,2}

(1. College of Forestry and Horticulture, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang 830052; 2. Research Center for Xinjiang Characteristic Fruit Tree, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang 830052; 3. Xinjiang Branch of China Academy of Forestry Sciences, Urumqi, Xinjiang 830000)

Abstract: Rosaceae *Amygdalus* plants is the horticulture plants with economic and important research, which are self-incompatibility, self-pollination can not set in the process of growth, belonging to the gametophytic self-incompatibility (GSI), the mechanism is in the process of fertilization and their genetic exclusion pistil like their pollen and accept alien pollen. The pistil and pollen recognition interaction is controlled by a highly polymorphic alleles loci namely S-loci. It has been found that *Amygdalus* plants S- locus encoding S-RNase, S-RNase plays a specific role in S-locus cell toxin physiology. When the pollen and pistil contains the same S-locus style S-RNase, free access to the pollen tube, rRNA self pollen pollen degradation in pistil elongation was inhibited, the apparent traits showed from incompatibility. In this paper, we reviewed the research progress in Rosaceae *Amygdalus* plants self-incompatibility molecular mechanism, and focuses on the distribution of Xinjiang's unique *Amygdalus* cultivars plants and wild species research progress of S-gene, provides an important basis for further research.

Keywords: Rosaceae; *Amygdalus* plants; self-incompatibility; molecular mechanism