

梁文化,陈 涛,姚 姝,等. 基于高密度遗传图谱定位水稻籽粒长宽比 QTL[J]. 江苏农业科学,2021,49(23):47-52.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.23.008

基于高密度遗传图谱定位水稻籽粒长宽比 QTL

梁文化,陈 涛,姚 姝,赵 凌,朱 镇,赵庆勇,周丽慧,赵春芳,路 凯,赫 磊,王才林,张亚东
(江苏省农业科学院粮食作物研究所/国家水稻改良中心南京分中心/江苏省优质水稻工程技术研究中心,江苏南京 210014)

摘要:挖掘水稻籽粒长宽比相关的 QTL 可为水稻粒型的遗传机制研究提供理论基础。以特大粒水稻 TD70 和小粒籼稻 Kasalath 构建的重组自交系群体为研究材料,2019、2020 年连续 2 年考察各株系的籽粒长宽比,利用群体重测序构建的高密度遗传图谱对控制水稻籽粒长宽比相关 QTL 进行分析。结果显示,在重组自交系群体中籽粒长宽比呈连续变异,有明显的超亲分离现象。2019、2020 年 2 年共检测到 11 个 QTLs,分别位于 2、3、4、5、6、7、9 号染色体上。QTL 的 LOD 值介于 3.74~31.41 之间,单个 QTL 可解释 2.48%~24.67% 的表型变异,2 年重复检测到的 QTL 位点共有 4 个。进一步分析发现,*qLWR2-2*、*qLWR3-1*、*qLWR3-2*、*qLWR4*、*qLWR5*、*qLWR6-2* 及 *qLWR7* 共 7 个位点所在区间与前人的报道相同或相似。*qLWR2-1*、*qLWR6-1*、*qLWR9-1* 和 *qLWR9-2* 可能是新发现的 QTL 位点。本研究结果可用于下一步 QTL 的克隆及分子标记辅助选择育种。

关键词:水稻;重组自交系;长宽比;QTL 定位;高密度遗传图谱

中图分类号:S511.03 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2021)23-0047-05

水稻产量由粒质量、每穗粒数及穗数构成,籽粒形态决定粒质量,同时还影响稻米的外观品质和商品价值。粒型包括粒长、粒宽、粒厚和长宽比^[1-3],是典型的多基因控制数量性状,目前通过遗传作图、关联分析、群体测序分析等方法鉴定水稻粒型相关的 QTL 已经超过 500 个,这些 QTL 分布在水稻的 12 条染色体上,目前已经被克隆和功能验证的超过 30 个^[4-5]。其中,*GS3*^[6]、*qGL3*^[7]、*GL7/GW7*^[8-9]、*GLA*^[10]、*GL3.3/TGW3*^[11-12]、*GLW7*^[13]、*GLA*^[14]、*GS9*^[15] 等是调控粒长的 QTLs,*GW2*^[16]、*GSE5/GW5/qSW5*^[17-19]、*GS5*^[20]、*GW8*^[21] 等对粒宽有调控作用,*TGW6*^[22] 和 *GW6a*^[23] 是千粒质量的主效 QTLs,*SRS5*^[24]、*GS2/GL2*^[25-26] 是通过与其他基因互作调控籽粒发育的。

长宽比是水稻籽粒重要的性状之一,对稻米品质有重要的影响。目前,虽然已经对水稻粒长、粒宽和千粒质量相关 QTLs 展开了广泛研究,但是水

稻籽粒长宽比 QTL 仍然没有被精细定位和克隆。遗传群体的构建对于 QTL 的研究至关重要,与其他分离群体不同,重组自交系群体中每个株系的基因型都是纯合的,方便多年多点试验,可挖掘出更多的遗传信息,适合进行数量性状的研究。笔者所在实验室前期以特大粒粳稻 TD70 和小粒籼稻 Kasalath 为亲本构建了重组自交系群体,对双亲和群体株系重测序构建了高密度遗传图谱^[27]。在此基础上,本研究在不同年份分别考察双亲及群体的籽粒长宽比并进行 QTL 关联分析。2019—2020 年 2 年的结果显示,共定位到 11 个籽粒长宽比相关的 QTLs,为下一步籽粒长宽比基因的克隆、研究长宽比的遗传机制以及在水稻育种中研究和利用提供了理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

特大粒粳稻 TD70 是天鹅谷//9520/(72-496/苏御糯)杂交后代选出的稳定品系,以 TD70 与印度小粒籼稻品种 Kasalath 为亲本,杂交产生 F_1 代, F_1 代自交获得 F_2 代,进一步通过单籽传法构建 TD70/Kasalath 的重组自交系群体,连续自交至 F_{14} 代,最终获得包含 186 个株系的重组自交系群体^[28]。2019、2020 年在江苏省农业科学院试验田种植重组自交系群体及 2 个亲本,每个株系种植 4

收稿日期:2021-10-06

基金项目:国家自然科学基金(编号:31901485);江苏省重点研发计划(编号:BE2021301);现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-01-67)。

作者简介:梁文化(1984—),男,山东临沂人,博士,助理研究员,主要从事水稻粒型基因研究。E-mail:liangwenhua0228@126.com。

通信作者:张亚东,博士,研究员,主要从事水稻遗传育种研究。E-mail:zhangyd@jaas.ac.cn。

行,每行 8 株,行距为 26.7 cm,株距为 16.7 cm,田间管理与大田相同。

1.2 性状调查

成熟时每个小区随机选取 5 株混合收种,自然晾干保存。从亲本及每个重组自交系株系中随机挑选 10 粒饱满种子,用游标卡尺(精度 0.01 mm)测量粒长、粒宽,根据粒长和粒宽计算稻谷的长宽比,重复 3 次,以平均值作为性状的表型值。

1.3 QTLs 定位

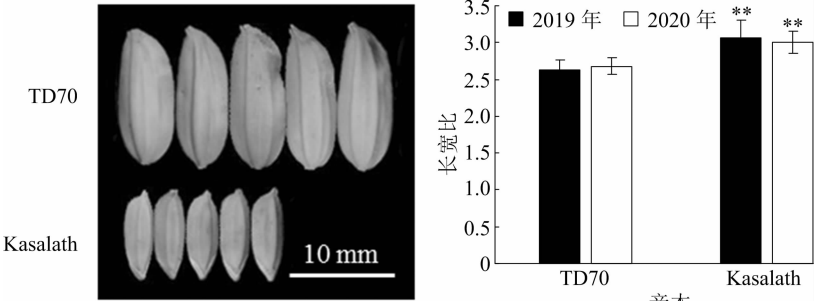
前期利用重测序技术对重组自交系群体 186 个株系及 2 个亲本分别进行全基因组重测序,参考 Huang 等的方法构建高密度的 Bin - map^[29]。该图谱包含 12 328 个 Bin 标记,平均每条染色体上有 1 027 个,相邻 Bin 标记间的物理距离平均为 30.26 kb^[27]。采用软件 IciMapping Ver 4.2.53 中的 ICIM - ADD 算法对 2019、2020 年重组自交系群体长宽比表型分别进行 QTL 定位。作图设定 PIN 为 0.001,步长为 1 cM,LOD 阈值设定为 3.0^[30]。以 LOD 峰值作为该 QTL 的 LOD 值,并计算每个 QTL 对水稻籽粒长宽比的贡献率和加性效应,遵循

McCouch 的方法等原则对 QTL 进行命名^[31]。采用 Mapchart V2.32 软件绘制 QTL 在染色体上的位置分布^[32]。

2 结果与分析

2.1 亲本及重组自交系群体籽粒的长宽比

2019、2020 年对亲本 TD70、Kasalath 及 186 个重组自交系株系长宽比进行考察。结果表明,TD70 长宽比分别为 2.63 ± 0.13、2.68 ± 1.11,Kasalath 长宽比分别为 3.07 ± 0.23、3.00 ± 0.15。对亲本籽粒大小(图 1)的 2 年数据进行 *t* 测验,结果显示,亲本间长宽比均存在极显著差异(表 1)。重组自交系群体 2 年长宽比分别为 2.30 ~ 4.58、2.22 ~ 4.43,呈现出广泛的变异,平均值分别为 3.15 ± 0.53、3.12 ± 0.50(表 1)。对长宽比的频率分布及峰值进行分析,结果显示,2 年的籽粒长宽比均呈现连续变异的近正态分布(图 2),表现出受多基因控制的数量性状的遗传特征,2 年间的变化趋势相似,且存在超亲分离现象,符合 QTL 区间作图分析的要求。



** 表示亲本间在 0.01 水平上差异显著
图1 亲本材料 TD70 和 Kasalath 的籽粒形态与长宽比比较

表 1 亲本及重组自交系群体长宽比分析

年份	样本	长宽比			变异系数(%)	<i>t</i> 值	<i>P</i> 值
		平均值	变异范围	标准差			
2019	TD70	2.63	2.40 ~ 2.77	0.13	4.94	-5.30	0.00
	Kasalath	3.07	2.78 ~ 3.44	0.23	7.49		
	株系	3.15	2.30 ~ 4.58	0.53	16.60	0.60	0.52
2020	TD70	2.68	2.46 ~ 2.78	0.11	4.10	-5.24	0.00
	Kasalath	3.00	2.81 ~ 3.27	0.15	5.02		
	株系	3.12	2.22 ~ 4.43	0.50	16.03		

2.2 籽粒长宽比 QTL 定位

利用前期研究构建的高密度遗传图谱,连续 2 年对亲本及 186 个重组自交系株系的籽粒长宽比数据进行考察,采用 QTL IciMapping V 4.2.53 软件的

ICIM - ADD 算法进行 QTL 作图及分析。结果(图 3)表明,2 年共检测到 11 个与籽粒长宽比相关的 QTLs,分别位于 2、3、4、5、6、7、9 号染色体的不同位置。籽粒长宽比 QTL 在染色体上的分布并不均匀,其中,2、3、6、9 号染色体分别检测到 2 个 QTLs;4、5、7 号染色体分别检测到 1 个 QTL。*qLWR3 - 1*、*qLWR3 - 2*、*qLWR5* 和 *qLWR6 - 1* 等 4 个 QTL 在 2019、2020 年 2 年均被检测到,说明这 4 个 QTL 受环境影响小,遗传较稳定。

2.3 籽粒长宽比 QTL 分析

对检测到的 11 个 QTLs 进一步分析,发现 QTL 的 LOD 值最小为 3.74,最大为 31.41,贡献率在 2.48% ~ 24.67% 之间。2 年分析结果(表 2) 显示,

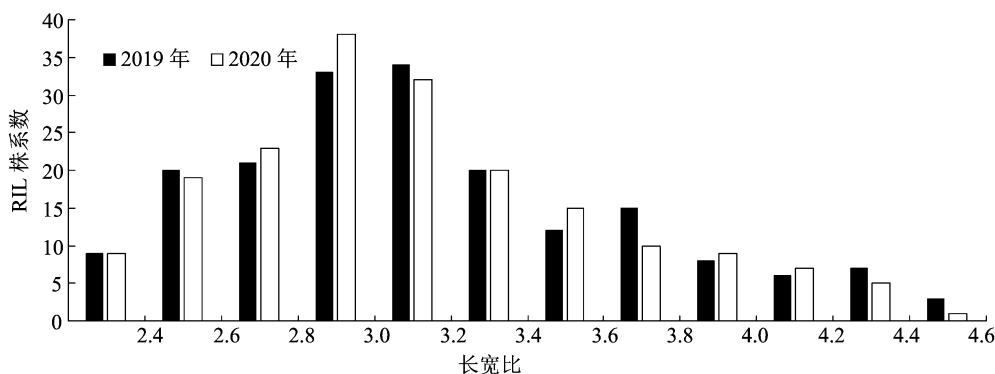


图2 重组自交系群体长宽比的分布状况

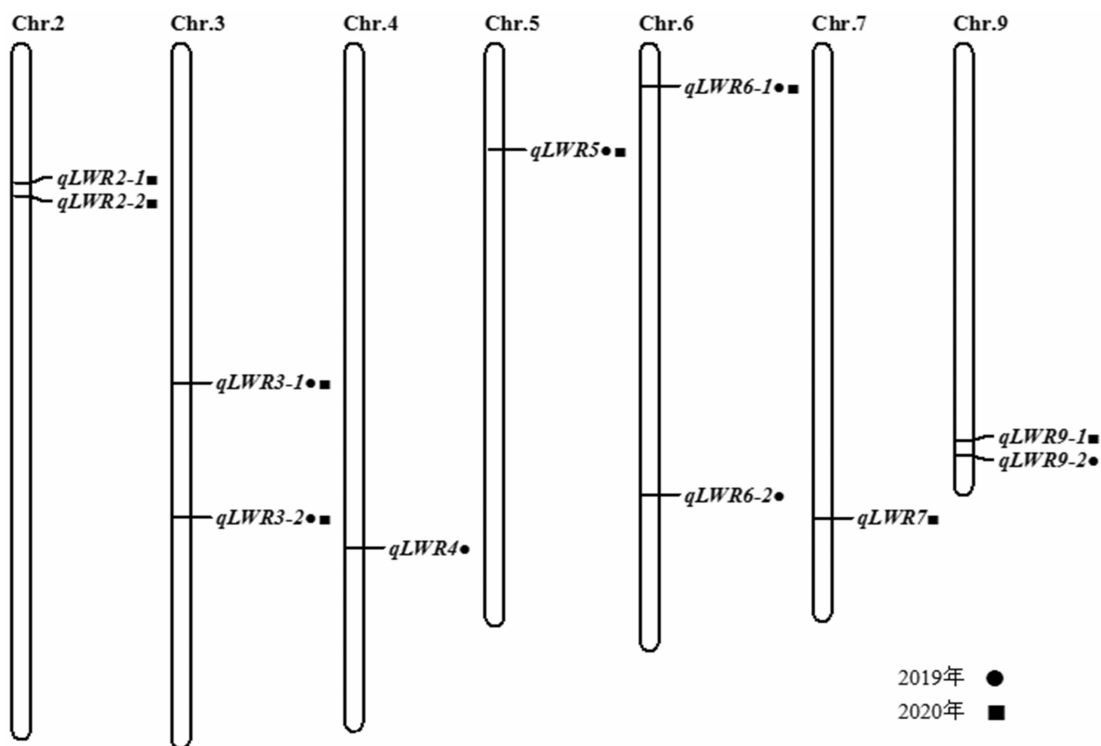


图3 重组自交系群体检测到的籽粒长宽比 QTL 在染色体上的分布

这些 QTL 分别解释 74.55% 和 74.69% 的表型变异。其中, *qLWR2-2* 位于 2 号染色体, LOD 值为 14.52, 贡献率为 9.00%, 定位在标记 Bin1570 ~ Bin1571 之间; *qLWR4* 位于 4 号染色体, LOD 值为 4.10 可解释 2.68% 的表型变异。2019、2020 年 2 年均检测到的 QTL 有 4 个: *qLWR3-1* 的 2 年贡献率分别为 12.26% 和 14.99%, 加性效应均为 0.18; *qLWR3-2* 的 2 年贡献率分别为 13.07% 和 11.26%, 加性效应分别为 -0.19 和 -0.16; *qLWR5* 位于 5 号染色体上, 贡献率最大, 2 年贡献率分别为 24.67% 和 22.70%, 加性效应分别为 0.25 和 0.23; *qLWR6-1* 的 2 年贡献率分别为 4.90% 和 6.95%, 加性效应分别为 -0.11 和 -0.12。进一步分析发

现, QTLs 定位物理区间在 11 332 ~ 68 084 bp 之间, 其中 *qLWR3-1*、*qLWR3-2* 分别定位在 11 332、32 249 bp 的染色体区段内; *qLWR5* 定位在 30 824 bp 物理区间内; *qLWR6-1* 被定位在 27 693 bp 的物理区间内; *qLWR7* 定位于 7 号染色体上 29 299 bp 物理区间(表 2)。

3 讨论与结论

水稻粒型与粒质量密切相关, 且对产量和品质均有影响^[1]。在水稻长宽比相关的 QTL 研究方面, 方先文等以籼稻扎西玛与优质粳稻南粳 46 构建了重组自交系群体, 利用 202 对 SSR 标记进行籽粒性状的 QTL 分析, 检测到 6 个长宽比相关的 QTL^[33]。

表 2 籽粒长宽比 QTL 检测

位点	染色体	标记区间	区间 (bp)	2019 年			2020 年		
				LOD 值	贡献率(%)	加性效应	LOD 值	贡献率(%)	加性效应
<i>qLWR2-1</i>	2	Bin1554 ~ Bin1555	55 692				15.12	12.40	0.16
<i>qLWR2-2</i>	2	Bin1570 ~ Bin1571	30 492	14.52	9.00	0.16			
<i>qLWR3-1</i>	3	Bin2818 ~ Bin2819	11 332	18.44	12.26	0.18	17.37	14.99	0.18
<i>qLWR3-2</i>	3	Bin2986 ~ Bin2987	32 249	19.50	13.07	-0.19	13.86	11.26	-0.16
<i>qLWR4</i>	4	Bin4168 ~ Bin4169	14 494	4.10	2.68	-0.08			
<i>qLWR5</i>	5	Bin4651 ~ Bin4652	30 824	31.41	24.67	0.25	24.47	22.70	0.23
<i>qLWR6-1</i>	6	Bin5492 ~ Bin5493	27 693	8.51	4.90	-0.11	9.25	6.95	-0.12
<i>qLWR6-2</i>	6	Bin6288 ~ Bin6289	18 582	3.74	4.36	0.17			
<i>qLWR7</i>	7	Bin7400 ~ Bin7401	29 299				5.70	4.06	0.09
<i>qLWR9-1</i>	9	Bin9335 ~ Bin9336	12 175				3.27	2.33	0.07
<i>qLWR9-2</i>	9	Bin9365 ~ Bin9366	68 084	6.48	3.63	0.10			

梁云涛等构建了 F2 群体,利用 184 对 SSR 标记共检测到 3 个粒型 QTL,表型贡献率为 10.56% ~ 14.77%,QTL 物理区间为 254 720 ~ 407 666 bp^[34]。李金吉等利用大粒品种和东北小粒中的 F2 群体的 156 对多态 SSR 标记定位到 5 个长宽比相关的 QTL,分别位于水稻 2、3、5 号染色体上,贡献率为 4% ~ 18%,其中,*qL/W-2-1* 和 *qL/W-2-2* 均位于 1 274 508 bp 物理区间内,*qL/W-3-1* 定位区间为 2 706 165 bp^[35]。前人通过构建不同的遗传群体对粒型 QTL 进行检测,但是传统的分子标记构建的遗传图谱不够精细,因而定位到的 QTL 位点区间较大,后续难以进行精细定位和候选基因的克隆工作。

利用 2 代测序技术构建高密度遗传图谱对 QTL 的定位更加精细,徐建军等利用重测序技术构建了包含 401 个 Bin 的遗传图谱,定位到 8 个粒型 QTL,定位区间为 200 070 ~ 5 792 954 bp^[36];卫纯洁等利用该群体定位到 4 个水稻籽粒长宽比相关的 QTL,定位区间在 17 825 ~ 945 168 bp 之间^[37]。张健等以特异矮秆突变体 CHA-1 为母本、以籼稻 H335 为父本构建了 275 个重组自交系群体,利用简化基因组测序构建的高密度遗传图谱包含 2 498 个 Bin 标记,利用该图谱共检测到 26 个籽粒大小相关的 QTL,最小定位区间为 90 416 bp^[38]。由此可见,2 代高通量测序构建的图谱确实优于传统的分子标记图谱,这可能是重测序获得的基因组变异信息更全面,因而图谱标记密度更大,也较均匀。笔者所在实验室前期研究对重组自交系群体 186 个株系进行全基因组重测序,由于是籼粳交后代基因组差异大,因而 SNP 位点较多,过滤掉低质量的位点后最

终构建的图谱包含 12 328 个 Bin 标记,相邻标记间平均物理距离仅为 30.26 kb^[27]。本研究利用该图谱对长宽比进行 QTL 分析,结果表明,11 个长宽比相关的 QTL 定位区间最小为 11 332 bp,最大为 68 084 bp,平均为 30 083 bp 的定位区间较精细,有助于后续对基因的克隆和功能分析。

本研究中 *qLWR2-2* 和 *qLWR7* 所在区间与张亚东等对粒型 QTL 定位的区间^[28,35]相近,深入分析发现,这 2 个区间内分别存在已知粒型基因 *GW2* 和 *GL7/GW7*^[8,9,16]。*qLWR3-1*、*qLWR3-2*、*qLWR5* 是 2 年均检测到的主效 QTL 位点,定位区间与前人相关的研究结果一致,且区间内分别存在已知的粒型基因 *GS3*、*qGL3* 和 *GW5*^[28,38]。*qLWR4*、*qLWR6-2* 分别位于 4、6 号染色体上,该区间附近存在已克隆的粒型相关基因 *D11* 和 *TGW6*^[22,39]。*qLWR2-1*、*qLWR6-1*、*qLWR9-1* 和 *qLWR9-2* 等 4 个 QTL 位点所在区间未见相关报道,可能是本研究新发现的位点,其中,*qLWR6-1* 在 2019、2020 年 2 年均检测到,说明该位点遗传较稳定,后续试验将对 4 个新的位点进一步验证并深入研究。本研究通过高密度 Bin 图谱定位到控制籽粒长宽比相关 QTL 位点,既包含前人已经定位或克隆的粒型基因,也发现 4 个新的 QTL 位点,有利于下一步相关基因的深入研究和分子标记辅助育种应用。

参考文献:

[1] 徐正进,陈温福,马殿荣,等. 稻谷粒形与稻米主要品质性状的关系[J]. 作物学报,2004,30(9):894-900.
[2] 高志强,占小登,梁永书,等. 水稻粒形性状的遗传及相关基因定位与克隆研究进展[J]. 遗传,2011,33(4):314-321.

- [3] Harberd N P. Shaping taste: the molecular discovery of rice genes improving grain size, shape and quality[J]. Journal of Genetics and Genomics, 2015, 42(11): 597–599.
- [4] Li N, Xu R, Li Y H. Molecular networks of seed size control in plants[J]. Annual Review of Plant Biology, 2019, 70: 435–463.
- [5] Chan A N, Wang L L, Zhu Y J, et al. Identification through fine mapping and verification using CRISPR/Cas9 – targeted mutagenesis for a minor QTL controlling grain weight in rice[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2021, 134(1): 327–337.
- [6] Fan C C, Yu S B, Wang C R, et al. A causal C – A mutation in the second exon of *GS3* highly associated with rice grain length and validated as a functional marker[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 118(3): 465–472.
- [7] Zhang X J, Wang J F, Huang J, et al. Rare allele of *OsPPKL1* associated with grain length causes extra – large grain and a significant yield increase in rice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2012, 109(52): 21534–21539.
- [8] Wang Y X, Xiong G S, Hu J A, et al. Copy number variation at the *GL7* locus contributes to grain size diversity in rice[J]. Nature Genetics, 2015, 47(8): 944–948.
- [9] Wang S K, Li S, Liu Q A, et al. The *OsSPL16* – *GW7* regulatory module determines grain shape and simultaneously improves rice yield and grain quality[J]. Nature Genetics, 2015, 47(8): 949–954.
- [10] Wu W G, Liu X Y, Wang M H, et al. A single – nucleotide polymorphism causes smaller grain size and loss of seed shattering during African rice domestication[J]. Nature Plants, 2017, 3: 17064.
- [11] Xia D, Zhou H, Liu R J, et al. *GL3. 3*, a novel QTL encoding a GSK3/SHAGGY – like kinase, epistatically interacts with *GS3* to produce extra – long grains in rice[J]. Molecular Plant, 2018, 11(5): 754–756.
- [12] Ying J Z, Ma M, Bai C, et al. *TGW3*, a major QTL that negatively modulates grain length and weight in rice[J]. Molecular Plant, 2018, 11(5): 750–753.
- [13] Si L Z, Chen J Y, Huang X H, et al. *OsSPL13* controls grain size in cultivated rice[J]. Nature Genetics, 2016, 48(4): 447–456.
- [14] Zhang Y P, Zhang Z Y, Sun X M, et al. Natural alleles of *GLA* for grain length and awn development were differently domesticated in rice subspecies *Japonica* and *indica*[J]. Plant Biotechnology Journal, 2019, 17(8): 1547–1559.
- [15] Zhao D S, Li Q F, Zhang C Q, et al. *GS9* acts as a transcriptional activator to regulate rice grain shape and appearance quality[J]. Nature Communications, 2018, 9: 1240.
- [16] Song X J, Huang W, Shi M, et al. A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING – type E3 ubiquitin ligase[J]. Nature Genetics, 2007, 39(5): 623–630.
- [17] Duan P G, Xu J S, Zeng D L, et al. Natural variation in the promoter of *GSE5* contributes to grain size diversity in rice[J]. Molecular Plant, 2017, 10(5): 685–694.
- [18] Liu J F, Chen J, Zheng X M, et al. *GW5* acts in the brassinosteroid signalling pathway to regulate grain width and weight in rice[J]. Nature Plants, 2017, 3: 17043.
- [19] Shomura A, Izawa T, Ebana K, et al. Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication[J]. Nature Genetics, 2008, 40(8): 1023–1028.
- [20] Li Y B, Fan C C, Xing Y Z, et al. Natural variation in *GS5* plays an important role in regulating grain size and yield in rice[J]. Nature Genetics, 2011, 43(12): 1266–1269.
- [21] Wang S K, Wu K, Yuan Q B, et al. Control of grain size, shape and quality by *OsSPL16* in rice[J]. Nature Genetics, 2012, 44(8): 950–954.
- [22] Ishimaru K, Hirotsu N, Madoka Y, et al. Loss of function of the IAA – glucose hydrolase gene *TGW6* enhances rice grain weight and increases yield[J]. Nature Genetics, 2013, 45(6): 707–711.
- [23] Song X J, Kuroha T, Ayano M, et al. Rare allele of a previously unidentified histone H4 acetyltransferase enhances grain weight, yield, and plant biomass in rice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112(1): 76–81.
- [24] Segami S, Kono I, Ando T, et al. Small and round seed 5 gene encodes alpha – tubulin regulating seed cell elongation in rice[J]. Rice, 2012, 5(1): 4.
- [25] Hu J A, Wang Y X, Fang Y X, et al. A rare allele of *GS2* enhances grain size and grain yield in rice[J]. Molecular Plant, 2015, 8(10): 1455–1465.
- [26] Che R H, Tong H N, Shi B H, et al. Control of grain size and rice yield by *GL2* – mediated brassinosteroid responses[J]. Nature Plants, 2016, 2: 15195.
- [27] 张亚东, 梁文化, 赫磊, 等. 水稻 RIL 群体高密度遗传图谱构建及粒型 QTL 定位[J/OL]. 中国农业科学. [2021–09–21]. <https://www.chinaagrisci.com/CN/abstract/abstract21723.shtml>.
- [28] 张亚东, 张颖慧, 董少玲, 等. 特大粒水稻材料粒型性状的 QTL 检测[J]. 中国水稻科学, 2013, 27(2): 122–128.
- [29] Huang X H, Feng Q, Qian Q A, et al. High – throughput genotyping by whole – genome resequencing[J]. Genome Research, 2009, 19(6): 1068–1076.
- [30] Meng L, Li H H, Zhang L Y, et al. QTL IciMapping: Integrated software for genetic linkage map construction and quantitative trait locus mapping in biparental populations[J]. The Crop Journal, 2015, 3(3): 269–283.
- [31] McCouch S R. Gene nomenclature system for rice[J]. Rice, 2008, 1(1): 72–84.
- [32] Voorrips R E. MapChart: Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs[J]. Journal of Heredity, 2002, 93(1): 77–78.
- [33] 方先文, 张云辉, 肖西林, 等. 基于重组自交系群体的水稻粒形 QTL 定位[J]. 江苏农业学报, 2017, 33(2): 241–247.
- [34] 梁云涛, 潘英华, 徐志健. 利用野裁分离群体定位水稻粒型相关 QTL[J]. 西南农业学报, 2017, 30(10): 2161–2167.
- [35] 李金吉, 张银霞, 赵娜, 等. 水稻粒形与千粒质量的 QTL 分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2021, 49(2): 54–60.

闫学敏,吴英华,史艳,等. 胡萝卜 *YUCCA* 基因家族鉴定及生物信息学分析[J]. 江苏农业科学,2021,49(23):52-57.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.23.009

胡萝卜 *YUCCA* 基因家族鉴定及生物信息学分析

闫学敏,吴英华,史艳,武喆,侯雷平,李梅兰

(山西农业大学园艺学院,山西太谷 030801)

摘要:胡萝卜是重要的根菜类蔬菜之一,根部性状影响最终的产量和品质。*YUCCA* 基因通过介导生长素调控植物根部发育,是生长素合成途径中的关键基因。利用生物信息学方法对胡萝卜 *YUCCA* 基因家族成员进行鉴定,对其理化性质、染色体定位、系统进化树、蛋白质的二级和三级结构以及保守基序进行分析。结果表明,在胡萝卜的 5 条染色体上共鉴定到了 14 个 *YUCCA* 基因家族成员,其大部分基因含有 3~4 个外显子;该家族编码的蛋白质为富含碱性氨基酸的亲水性蛋白质,氨基酸数量为 290~424 个,其蛋白质结构主要以 α -螺旋和无规则卷曲构成,通过构建系统进化树可将其分为 3 个亚族,且亚细胞定位结果显示,*YUCCA* 基因家族蛋白质大部分被定位在细胞质中。这为 *YUCCA* 基因家族在调控胡萝卜根发育和膨大机制研究奠定了理论基础。

关键词:胡萝卜;生长素;*YUCCA* 基因家族;生物信息学;蛋白质结构;染色体定位

中图分类号:S631.201 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2021)23-0052-06

植物根系的生长发育存在着复杂的调控网络,受到环境、生理、激素等多种因素的影响^[1]。近年来,植物激素作为调控生长发育的一大类物质而被研究者广泛关注,生长素是最早发现的植物生长类激素,其代谢调控和信号转导机制研究较为广泛^[2]。其中,*YUCCA* 基因家族已经被证明调控植物的根系发育,在生长素生物合成的吲哚丙酮酸途径中 *YUCCA* 基因家族是重要酶之一,其基因编码黄素单加氧酶(flavin-containing monooxygenase,简称 FMOs)^[3-4]。*YUCCA* 基因首次被鉴定是在拟南芥生长素过量的突变体研究中^[5],目前该基因家族已经在烟草^[6]、拟南芥^[7]、水稻^[8]、草莓^[9]等作物中进行了全基因组鉴定分析,但在胡萝卜中还未见类似

的报道。

胡萝卜(*Daucus carota* var. *sativa* DC.)是以肉质根为食用器官的二年生草本植物,是全球性十大蔬菜中的一种。根是植物在进化过程中适应陆地生活而发展起来的营养器官,胡萝卜作为重要的根菜类蔬菜之一,研究其根部的生长发育对提高胡萝卜的品质和产量至关重要。有研究表明,生长素在植物根尖形成的梯度浓度调控其合成和运输,从而影响植物的根际发育^[10]。因此,本试验利用生物信息学方法鉴定胡萝卜 *YUCCA* 基因家族,对其理化性质、染色体定位、系统进化树、蛋白质的二级结构和三级结构以及保守基序进行分析,进一步为胡萝卜 *YUCCA* 基因功能验证提供一定的理论基础。

1 材料与方法

1.1 胡萝卜 *YUCCA* 基因家族数据获取与鉴定

通过拟南芥官网 TAIR (<https://www.arabidopsis.org/>)获取已报道过的 *YUCCA* 基因家族成员的蛋白质序列,在 NCBI 网站(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)使用 BlastP 检索,设置 E-value

收稿日期:2021-07-16

基金项目:山西省重点研发计划重点项目子课题(编号:201703D211001-04-01);山西省重点研发计划(编号:201903D221063)。

作者简介:闫学敏(1997—),女,山西吕梁人,硕士研究生,主要从事蔬菜育种及生物技术应用研究。E-mail:464679520@qq.com。

通信作者:李梅兰,博士,教授,主要从事蔬菜育种及生物技术应用研究。E-mail:15935485975@163.com。

[36]徐建军,赵强,汤在祥,等. 利用重测序的染色体片段代换系群体定位水稻粒型 QTL[J]. 中国水稻科学,2011,25(4):365-369.

[37]卫纯洁,陶亚军,范方军,等. 利用重测序染色体片段代换系群体定位水稻籽粒长宽比 QTL[J]. 江苏农业科学,2020,48(6):36-40.

[38]张健,杨靖,王豪,等. 基于高密度遗传图谱定位水稻籽粒大小相关性状 QTL[J]. 中国农业科学,2020,53(2):225-238.

[39]Tanabe S,Ashikari M,Fujioka S,et al. A novel cytochrome P450 is implicated in brassinosteroid biosynthesis via the characterization of a rice dwarf mutant, dwarf11, with reduced seed length[J]. The Plant Cell,2005,17(3):776-790.