

本期主要选择植物生物工程研究及应用进行导读,内容主要包括基因家族成员鉴定与分析、病原菌致病机理或生物防治以及重要性状基因克隆和功能鉴定等方面。

陈其军 《生物工程学报》编委

(中国农业大学生物学院,北京 100193)

## 基因家族成员鉴定与分析

柠檬酸合酶(citrate synthase 3, CS3)是细胞内多种重要代谢途径的关键酶,在医药和食品加工领域有着广泛的应用前景。CS3 参与的生理过程包括线粒体能量代谢、种子萌发、植物生长发育以及抗逆等多个方面。柠檬酸的含量会影响果实的口感和酸度。CS3 基因对研究苹果生长发育的调控机理与果实的品质均有很大的意义。本期学报中,李心蕊等<sup>[1]</sup>对 6 个 CS3 基因家族成员进行了鉴定及表达分析。本研究为 CS3 家族基因在苹果生长发育过程中的功能研究提供了参考。

Spt-Ada-Gcn5-乙酰转移酶复合体(Spt-Ada-Gcn5-acetyltransferase, SAGA)是一种通用的转录起始辅助因子,在细胞生长发育中发挥着重要作用,它还调控许多应激条件下的转录过程,在植物对光、干旱、低温和盐等非生物胁迫的应答中具有重要意义。SAGA 复合体由 4 个模块、19 个子单元组成,其中的一个模块称为核心模块,可结合 TATA 结合蛋白(TATA box-binding protein, TBP),对复合物的完整性起着重要作

用。激活的改变/缺失亚基 1 (alteration/deficiency in activation 1, ADA1)是 SAGA 核心模块中的一个亚基,维持着 SAGA 结构的稳定,在植物生长发育过程中和抗逆性方面发挥着重要的作用。本期学报中,赵琪琪等<sup>[2]</sup>对香蕉 ADA1 家族成员进行了鉴定,对其在生物和非生物胁迫下的表达进行了分析。该研究表明,ADA1 基因家族成员在香蕉中高度保守,可能参与了对生物与非生物胁迫的响应。

TCP 家族作为植物特有的转录因子之一,其命名来自于玉米中的 TB1 (TEOSINTE BRANCHED1)、金鱼草中的 CYC (CYCLOIDEA)和水稻中的 PCF1,2 (PROLIFERATING CELL FACTORS 1,2)等蛋白名称的首字母。TCP 转录因子参与植物生长发育及对非生物胁迫的响应。本期学报中,王世泽等<sup>[3]</sup>对烟草 TCP 家族成员进行了鉴定及表达分析。该研究为烟草 TCP 家族分析提供了参考依据,为烟草 TCP 家族功能研究奠定了基础。

花色与木质部颜色是观赏植物重要的品质性状与品种分类指标。在植物的根、茎、叶、花和果实等器官中含有不同种类与含量的颜色

物质, 它们主要为花青素、类胡萝卜素和甜菜素。作为类黄酮的一员, 花青素是一类广泛存在于自然界植物中的水溶性色素, 常存在于液泡中, 与糖结合以花色苷的形式表现出丰富的颜色类型。花青素因其在植物中性状及功能的多样性在观赏植物研究中受到了越来越多的关注。花青素合成通路相关基因包括多个基因家族的成员。本期学报中, 秦孝天等<sup>[4]</sup>对 3 个梅花新品种的花瓣、萼片、木质部的花青素合成结构基因和转录因子基因表达进行了分析。该研究对梅花新品种的颜色成因进行了分子解析, 为梅花花色与木质部颜色的分子育种提供了参考。

在大多数被子植物中, 叶绿体基因组呈现出典型的双链环状四分体结构, 包括 1 个大单拷贝(large single copy, LSC)区、1 个小单拷贝(small single copy, SSC)区和 2 个反向重复(inverted repeat, IR)区域。叶绿体基因组的编码序列和非编码序列进化速率差异大, 对于探究植物物种的系统进化、分类和鉴定具有方便、准确等优点。山茶属植物容易杂交和异花授粉, 也可能存在种内多倍体, 使得在物种水平上鉴定困难。因此, 山茶属植物叶绿体基因组的分析对于该属的物种鉴定和进化关系分析具有重要意义。在本期学报中, 张进等<sup>[5]</sup>对越南金花茶的叶绿体基因组进行了测序和注释。该研究为叶绿体工程提供了基本的遗传信息, 为深入研究金花茶属植物的进化、物种鉴定和基因组育种研究提供了宝贵的资源。

## 病原菌致病机理或生物防治

由地毯草黄单胞菌大豆致病变种(*Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*, Xag)引

起的大豆细菌性斑疹病(bacterial pustule, BP), 是大豆上重要的检疫性病害, 在我国大豆产区常年发生, 区域性和间歇性暴发成灾, 导致大豆籽粒瘪小。本期学报中, 苏如意等<sup>[6]</sup>对大豆斑疹病菌铁摄取因子 PiuB 在致病性中的作用分析发现, PiuB 是 Xag 摄取  $Fe^{3+}$  的潜在因子, 是 Xag 在寄主大豆上具有致病性所必需的。该研究有助于对 Xag 在寄主大豆上致病机制的认知, 也为 BP 病害的生物防治提供了新的参考。

由尖孢镰刀菌古巴专化型热带四号小种(*Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* tropical race4, FocTR4)引起的香蕉枯萎病(banana *Fusarium* wilt, BFW)是全世界范围内难以防治的真菌病害, 造成香蕉产业巨大的经济损失。生物防治是应对 FocTR4 危害的重要手段之一, 是目前香蕉枯萎病防治的研究热点。本期学报中, 姚遐俊等<sup>[7]</sup>从作物根际土壤中分离和筛选出高效拮抗 FocTR4 的木霉生防菌株, 并发现该菌株通过产生木霉素有效抑制 FocTR4 孢子萌发和菌丝生长。该研究为香蕉枯萎病生物防治提供了重要的生防菌株资源, 为生物农药提供了潜在的高活性化合物。

## 基因克隆及功能鉴定

挖掘与稻米蒸煮品质相关的数量性状基因座(quantitative trait locus, QTL), 分析候选基因, 有助于通过遗传育种手段改良稻米蒸煮品质相关性状, 提升稻米口感。本期学报中, 乐巧娜等<sup>[8]</sup>对水稻蒸煮品质相关 QTL 进行了定位研究, 并对候选基因进行了分析。该研究为培育优质水稻新品种奠定了分子基础, 并为揭示稻米蒸煮品质的分子调控机制提供了重要的遗传资源。

植物的光合作用直接影响有机物的合成与积累,是农作物产量的直接影响因素。RNA 结合蛋白(RNA-binding proteins, RBPs)参与植物的多种生理功能调控,但其在植物光合作用中的具体功能仍缺乏相关研究。本期学报中,周晞雯等<sup>[9]</sup>基于转录组测序分析和 RNAi 干扰分析了番茄 RNA 结合蛋白基因 *SIRBP1* 对光合作用的影响。本研究有助于理解 *SIRBP1* 影响植物光合作用的分子机制,为揭示光合作用对番茄产量的影响提供了理论依据。

WRKY 转录因子基因家族是植物特有的转录因子,在防御中起着重要作用。本期学报中,钟晨丽等<sup>[10]</sup>研究发现,沉默大豆 *GmWRKY33B* 基因导致大豆抗病性降低;*GmWRKY33B* 通过调控 *GmMPK6* 的激活以及调控大豆抗毒素生物合成途径中关键酶基因的表达而参与免疫反应。该研究有助于解析 WRKY 转录因子基因在大豆抗病性中的作用机制,为抗病分子育种奠定了基础。

## 分子标记及生物反应器的应用

理清蜡梅品种资源、构建指纹图谱是推动蜡梅科学研究和产业发展的重要基础。在本期学报中,王秀军等<sup>[11]</sup>利用简单重复序列(simple sequence repeats, SSR)分子标记技术,对 175 份蜡梅种质遗传多样性进行了分析,构建了指纹图谱。该研究将为蜡梅新优品种选育、品种鉴定、资源保护与利用等工作提供技术支撑。

植物生物反应器是一种新兴的重组蛋白表达系统,是分子农业的核心内容之一。在本期学报中,孔志成等<sup>[12]</sup>在烟草叶片中实现了 FLAG 标签抗体基因的高效表达。该研究表明,

植物生物反应器可用于生产高亲和力抗体,具有简易、成本低和生产周期短等特点。

## REFERENCES

- [1] 李心蕊,李文芳,霍嘉兴,李龙,陈佰鸿,郭志刚,马宗桓. 苹果柠檬酸合酶 3 基因家族成员鉴定及表达分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 137-149.  
LI XR, LI WF, HUO JX, LI L, CHEN BH, GUO ZG, MA ZH. Identification and expression analysis of citrate synthase 3 gene family members in apple[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 137-149 (in Chinese).
- [2] 赵琪琪,任纹慧,朱慧菲,吴秋楨,张春渝,许小琼,罗彬彬,黄玉吉,陈裕坤,林玉玲,赖钟雄. 香蕉 *ADAI* 家族成员鉴定及其在生物和非生物胁迫下的表达分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 190-210.  
ZHAO QQ, REN WH, ZHU HF, WU QZ, ZHANG CY, XU XQ, LUO BB, HUANG YJ, CHEN YK, LIN YL, LAI ZX. Identification of banana *ADAI* gene family members and their expression profiles under biotic and abiotic stresses[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 190-210 (in Chinese).
- [3] 王世泽,李云,韩玉翠,余世洲,王爽,刘勇,林小虎. 烟草 TCP 家族成员鉴定及表达分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 226-238.  
WANG SZ, LI Y, HAN YC, YU SZ, WANG S, LIU Y, LIN XH. Identification and expression analysis of TCP family members in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.)[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 226-238 (in Chinese).
- [4] 秦孝天,郭梦鸽,秦少华,陈瑞丹. 梅花新品种‘治章骨红重翠’跨品种群特性机制探究[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 239-251.  
QIN XT, GUO MG, QIN SH, CHEN RD. Exploration of cross-cultivar group characteristics of a new cultivar of *Prunus mume* ‘Zhizhang Guhong Chongcui’[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 239-251 (in Chinese).
- [5] 张进,邓永彪,赵博. 越南金花茶叶叶绿体基因组分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 280-291.  
ZHANG J, DENG YB, ZHAO B. Characteristics of the chloroplast genome of *Camellia insularis*[J]. Chinese

- Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 280-291 (in Chinese).
- [6] 苏如意, 金罗佳, 徐江玲, 耿慧雅, 陈晓, 林思怡, 郭威, 纪志远. 大豆斑疹病菌铁摄取因子 PiuB 在致病性中的作用分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 177-189. SU RY, JIN LJ, XU JL, GENG HY, CHEN X, LIN SY, GUO W, JI ZY. The role of iron-uptake factor PiuB in pathogenicity of soybean pathogen *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 177-189 (in Chinese).
- [7] 姚遐俊, 谢津, 祁艳华, 汪斌, 房文霞, 陶刚, 蒋细良. 一株防治香蕉枯萎病的短密木霉筛选及代谢物木霉素作用评价[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 211-225. YAO XJ, XIE J, QI YH, WANG B, FANG WX, TAO G, JIANG XL. Screening and evaluation of the biocontrol efficacy of a *Trichoderma brevicompactum* strain and its metabolite trichodermin against banana *Fusarium wilt*[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 211-225 (in Chinese).
- [8] 乐巧娜, 黄梓雯, 戴若惠, 李三峰, 李梦佳, 方媛, 王跃星, 饶玉春. 水稻蒸煮品质相关 QTL 定位及候选基因分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 122-136. LE QN, HUANG ZW, DAI RH, LI SF, LI MJ, FANG Y, WANG YX, RAO YC. Mapping of QTL associated with rice cooking quality and candidate gene analysis[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 122-136 (in Chinese).
- [9] 周晞雯, 马力群, 朱鸿亮. 基于转录组测序分析沉默番茄中 RNA 结合蛋白基因 *SIRBPI* 对其光合作用的影响[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 150-162. ZHOU XW, MA LQ, ZHU HL. Investigating the impact of silencing an RNA-binding protein gene *SIRBPI* on tomato photosynthesis through RNA-sequencing analysis[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 150-162 (in Chinese).
- [10] 钟晨丽, 王文絮, 廖莉娜, 刘建中. 沉默大豆 *GmWRKY33B* 基因导致大豆抗病性降低[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 163-176. ZHONG CL, WANG WX, LIAO LN, LIU JZ. Silencing *GmWRKY33B* genes leads to reduced disease resistance in soybean[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 163-176 (in Chinese).
- [11] 王秀军, 赵彦贝, 王静, 李子航, 张纪堂, 李庆卫. 基于 SSR 分子标记的 175 份蜡梅种质遗传多样性分析和指纹图谱构建[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 252-268. WANG XJ, ZHAO YB, WANG J, LI ZH, ZHANG JT, LI QW. Genetic diversity analysis and fingerprinting of 175 *Chimonanthus praecox* germplasm based on SSR molecular marker[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 252-268 (in Chinese).
- [12] 孔志成, 熊潇然, 吴川, 潘炜松. 抗 FLAG 标签抗体在植物中的高效表达[J]. 生物工程学报, 2024, 40(1): 269-279. KONG ZC, XIONG XR, WU C, PAN WS. High-level expression of anti FLAG tag antibody in plants[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(1): 269-279 (in Chinese).

(本文责编 郝丽芳)