

## 新闻动态

- 头条新闻
- 工作进展
- 科研进展
- 传媒扫描
- 视频新闻

## 科研进展

### 昆明植物所揭示蔓菁与白菜的风味差异

文章来源:中国西南野生生物种质资源库 | 发布时间: 2022-09-14 | 作者:尹欣, 杨云强 | 浏览次数: | 【打印】 【关闭】

蔓菁 (*Brassica rapa* ssp. *rapa*) 隶属于十字花科芸苔属, 是我国青藏高原藏族和西南地区彝族传统种植的作物, 具有药用、食用、饲用等价值。中国科学院昆明植物研究所青藏高原植物进化与适应专题组前期发现, 相比于其他芸苔属AA基因组蔬菜, 蔓菁具有较强辛辣味, 而芸苔属蔬菜的风味差异主要受自身产生的芥子油苷及其水解产物的含量和类型决定。

近日, 该专题组在Plant Communications上发表题为Differences in pseudogene evolution contributed to the contrasting flavors of turnip and Chiifu, two *Brassica rapa* subspecies的研究论文。通过对青藏高原的蔓菁进行全基因组测序以及与已经发表的芸苔属二倍体近缘种进行比较基因组学及假基因的进化模式分析、脂肪族芥子油苷代谢分析和基因功能分析, 揭示脂肪族芥子油苷代谢通路中假基因的不同进化模式对芸苔属亚种蔓菁和白菜风味差异的影响, 为芸苔属作物的育种提供指导作用。

研究发现, 假基因的数量在芸苔属近缘种间差异较大, 并在染色体上呈不对称性分布。同属于AA基因组的芸苔属植物中, 白菜基因组中假基因的进化速率快于蔓菁, 其功能主要与植物代谢合成相关, 推测是造成蔓菁和白菜风味的多样性的主要原因之一。

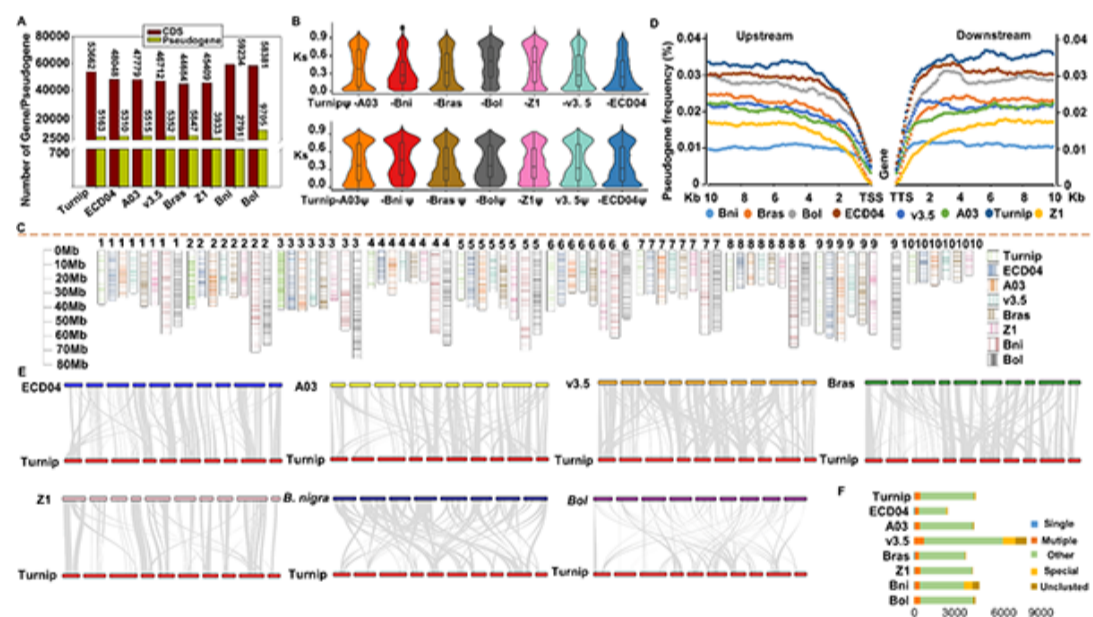


图1. 假基因在芸苔属不同物种/亚种间的差异分析。

进一步对芸苔属植物的芥子油苷含量和类型检测, 发现蔓菁中与辛辣味有关的4种脂肪族芥子油苷代谢物 (Gluconapin, Progoitrin, Glucobrassicinapin和Gluconapoleiferin) 含量最高。4种代谢物合成的上游关键基因MAM在蔓菁中发生了扩张, 而这些扩张的基因在白菜中进化成为假基因。转基因试验显示, 在白菜中过表达扩张的蔓菁MAM基因可以提高Glucobrassicinapin和Gluconapoleiferin的含量, 在蔓菁中通过RNAi技术抑制这些基因的表达可以减少Gluconapin, Progoitrin和 Glucobrassicinapin的含量, 这表明MAM基因的扩张是导致蔓菁具较多辛辣物质的主要原因。

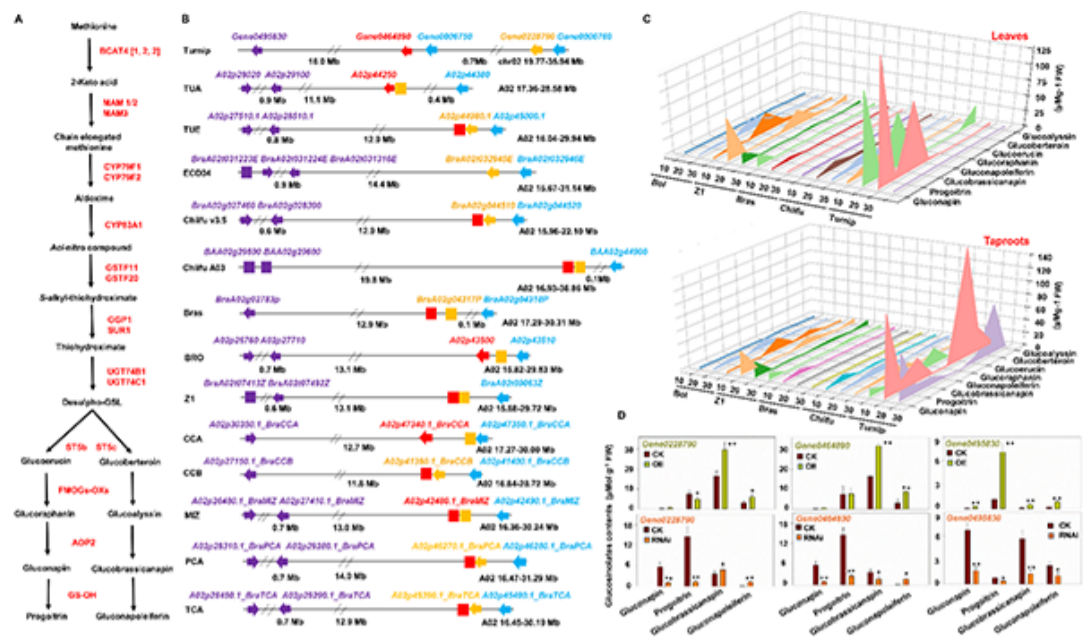


图2. 芸苔属物种/亚种间MAM假基因的鉴定及在蔓菁和白菜中MAM假基因的功能验证。

在脂肪族芥子油苷代谢通路中，AOP2也是与风味和Glucoraphanin（其降解产物萝卜硫素具有抗癌作用）相关的关键基因。前人的研究发现苜蓿中的三个AOP2基因，其中的两个是假基因促使了苜蓿中萝卜硫素物质含量的增高。然而，蔓菁和白菜中都有3个功能型的AOP2基因。该研究利用RNAi技术抑制蔓菁和白菜中AOP2基因的表达，增加了蔓菁和白菜中萝卜硫素物质的含量，并造成蔓菁辛辣味降低。以上结果表明，蔓菁和白菜的假基因差异影响与风味相关的脂肪族芥子油苷代谢通路相关基因的进化，最终导致了蔓菁和白菜的风味差异。此项研究为芸苔属作物育种提供了参考。

文章链接

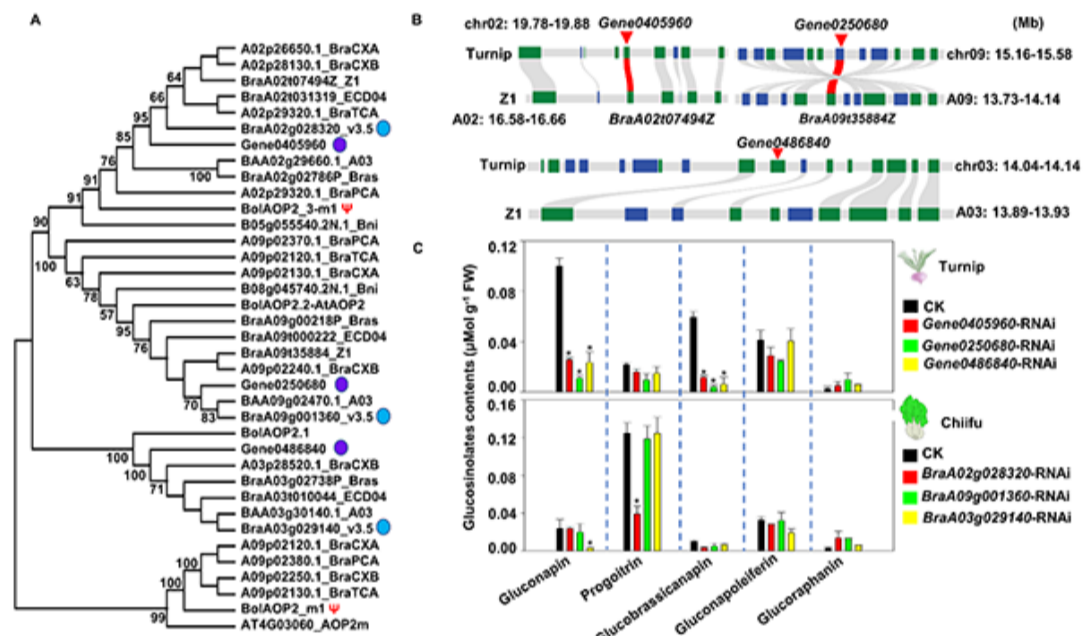


图3. 芸苔属物种/亚种间AOP2基因的进化特征及利用RNAi技术分别沉默蔓菁和白菜中的三个AOP2基因并检测脂肪族芥子油苷代谢物质的含量。

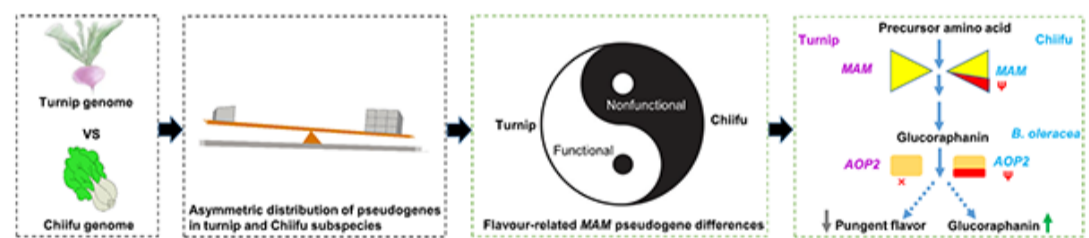


图4. 脂肪族芥子油苷代谢通路中假基因的不同进化模式对芸苔属亚种蔓菁和白菜风味差异的影响。

（责任编辑：李雪）