

[首页](#)[学校概况](#)[学院部门](#)[招生就业](#)[人才培养](#)[师资队伍](#)[学科科研](#)[合作交流](#)[校园服务](#)[校园文化](#)[信息公开](#)[动态信息](#)[校园新闻](#)[首页 >> 动态信息](#)[学校要闻](#)[校园新闻](#)[信息公告](#)[学术活动](#)[媒体扬大](#)[扬大校历](#)

园植学院陈学好教授团队在《Plant Biotechnology Journal》在线发表研究论文

发布日期：2020-01-16

供稿单位：园植学院

供稿时间：1月16日

浏览次数：553


1月8日，《Plant Biotechnology Journal》杂志在线发表了我校陈学好教授团队的最新研究论文《The major-effect quantitative trait locus Fn17.1 encodes a late embryogenesis abundant protein associated with fruit neck length in cucumber》。该研究首次阐明了胚胎晚育蛋白具有调控果把长度的功能，为进一步研究该基因在黄瓜果把发育过程中的分子调控网络和开展黄瓜短果把新品种选育奠定了重要基础。

黄瓜果把长短是其品质性状的重要组成部分，直接影响黄瓜的外观、可食率等商品性。果把越短其利用价值越高。该研究以短果把自交系YN和长果把自交系JIN5-508为亲本构建的F2分离群体为材料，利用果把表型极端单株混池测序法（QTL-seq）快速鉴定到一个位于Chr7上的主效QTLfn17.1。通过遗传图谱构建及对F2:3群体三个季节果把长的常规QTL定位分析，主效QTLfn17.1遗传稳定。进一步利用双亲重测序、多态性标记开发、重组株基因型及表型鉴定，最终将fn17.1精确定位至~14.1kb的区间内，该区间内预测到2个候选基因。在此基础上，结合双亲序列比对、qRT-PCR、启动子特征分析、黄瓜转基因等一系列工作，明确了其中一个编码胚胎晚育蛋白的基因CsFn17.1为主效QTLfn17.1的关键候选基因。团队进一步对148份黄瓜品种资源果把长的测量及CsFn17.1等位基因进行聚类分析，东亚类型黄瓜果把普遍较长，且与长果把亲本JIN5-

508基因型一致；而欧洲水果型和美国加工型黄瓜果把普遍较短，且与短果把亲本YN基因型一致。这一结果表明，长果把性状在黄瓜驯化栽培过程中经历了广泛的人为选择，且这种选择与欧洲、亚洲人的不同消费习惯密切相关。长果把基因可能起源于印度。

许学文博士为该论文的第一作者，陈学好教授为通讯作者。该研究得到国家自然科学基金等资助。

[打印本页](#) [关闭窗口](#)

©2015 扬州大学 版权所有 苏ICP备 12022580 号  校长信箱: headmaster@yzu.edu.cn
地址: 中国·江苏·扬州市大学南路88号 电话(TEL):86-514-87971858 传真(FAX):86-514-87311374