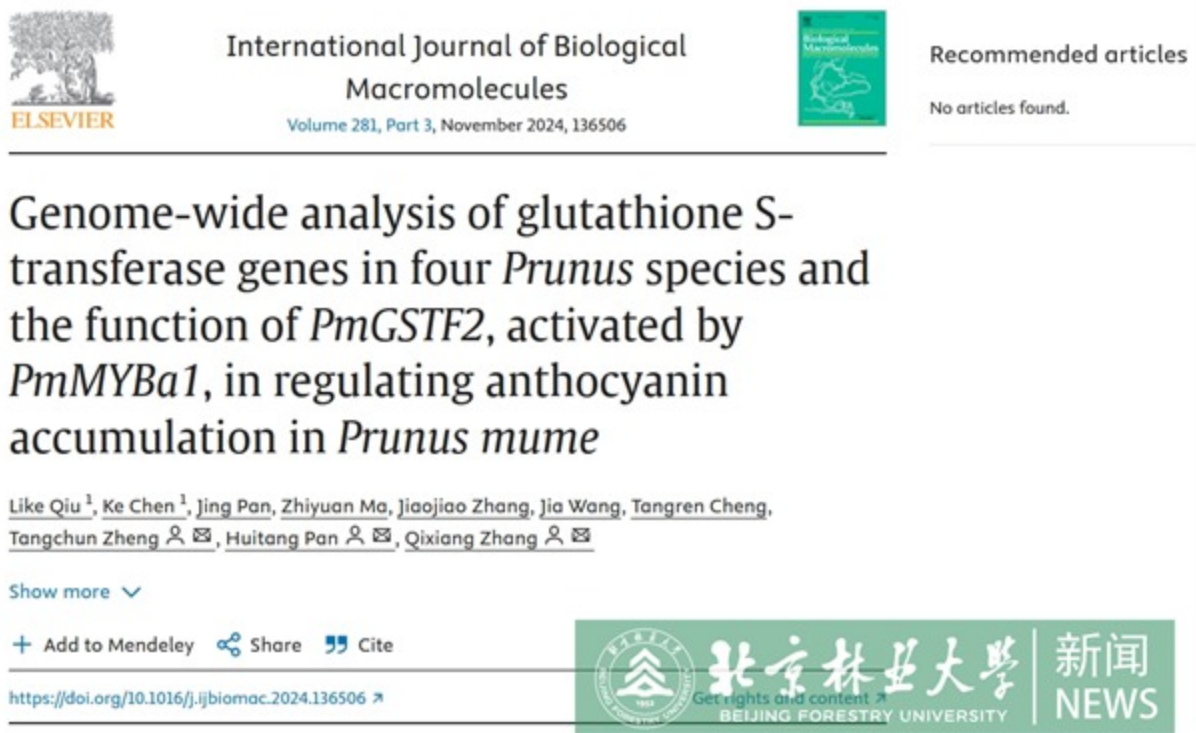


园林学院科研团队在梅花花青素积累方面取得新进展

来源：园林学院 发表时间：2024/10/18

近日，北京林业大学张启翔教授团队在期刊《International Journal of Biological Macromolecules》（一区Top, IF=7.7）发表题为“Genome-wide analysis of glutathione S-transferase genes in four *Prunus* species and the function of PmGSTF2, activated by PmMYBa1, in regulating anthocyanin accumulation in *Prunus mume*”的研究论文。



花青素合成途径一直是作物性状改良的研究热点。谷胱甘肽S转移酶（GSTs）作为一类具有多种生理功能的蛋白酶，在植物应对环境压力中扮演着重要角色。李属（*Prunus* L.）植物种类繁多，性状优良，是全球重要的观花、观叶、观果或赏食同源植物类群之一。然而，GST基因在李属植物中缺乏系统深入研究，不仅限制了人们对李属植物次生代谢和抗逆机制的理解，也阻碍了通过基因工程改良这些植物重要性状的潜力发挥。

梅花位居中国十大名花之首，有“花魁”之美誉，是我国著名的早春木本花卉。朱砂梅（*Prunus mume* var. *purpurea*），俗称“骨里红”，是木质部呈粉红色或紫红色的一类特殊品种，花瓣艳丽，香气宜人，在美化城乡生态环境和弘扬优秀花卉文化中发挥着重要作用。梅花是李属植物最早完成全基因组测序和重测序的物种，极大推动了梅花生物信息学和分子生物学研究进程。本研究旨在从全基因组水平探讨GST基因在李属植物中的分布、功能及其在花青素积累中的调控作用，为进一步研究GST基因的生物学功能提供理论基础。

本研究在4个典型李属植物（梅、桃、杏、李）中共鉴定出330个GST基因，根据蛋白质序列和保守结构将其分为8个亚类，其中Tau亚家族基因数量最多。研究证明GST基因家族的扩张主要由串联重复驱动，但强烈的净化选择限制了其分化；保守基序和结构域分析表明，大多数PmGSTs表现出高度保守的GST-N结构；表达模式分析结果显示，PmGSTs表现出组织特异性和时空特异性；qRT-PCR验证了转录组结果，发现11个基因在不同花色和茎色的品种中差异表达。此外，研究还发现了一个与花青素合成相关基因PmGSTF2，该基因能够有效恢复拟南芥tt19突变体的花青素和原花青素缺乏相关表型；重组的PmGSTF2在体外增强了矢车素和矢车菊素-3-O-葡萄糖苷的水溶性；更为重要的是，PmMYBa1能够直接结合到PmGSTF2的启动子上并激活其表达。

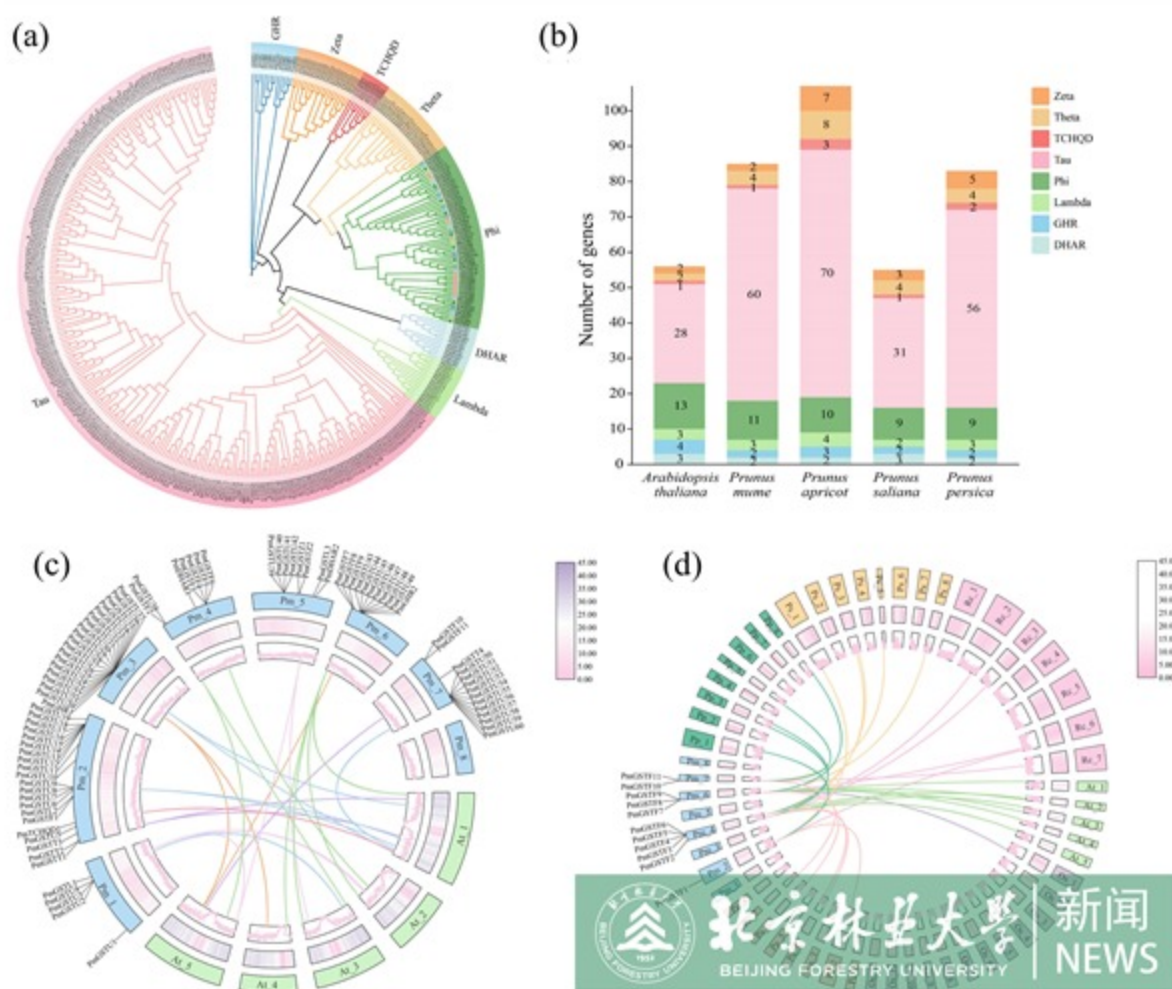


图1 李属GSTs家族成员系统进化与共线性分析

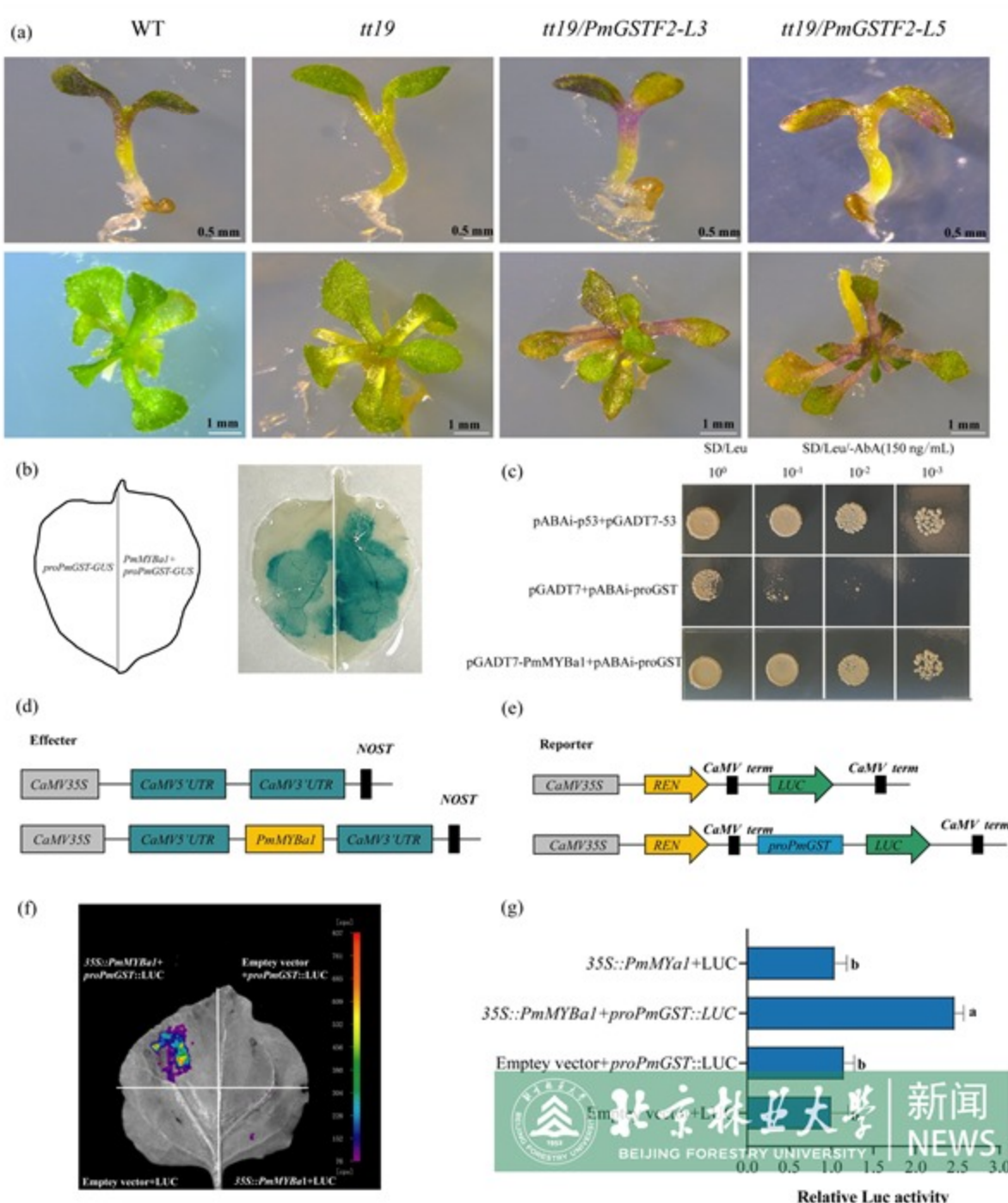


图2 PmMYBa1与PmGSTF2启动子的互作分析

本研究的创新点在于首次系统地分析了李属植物中的GST基因，揭示了其在植物抗逆和花青素积累中的重要作用。特别是PmGSTF2基因的发现及其与PmMYBa1的相互作用，为理解花青素生物合成调控机制提供了新的视角。这些发现进一步深化了我们对李属植物基因组的认识和理解，为通过基因工程改良植物抗逆性和花色提供了理论基础和实验依据。

北京林业大学国家花卉工程技术研究中心张启翔教授、潘会堂教授和郑唐春副教授为该论文的通讯作者，博士生邱丽珂和硕士生陈可为该论文的共同第一作者。

该研究得到国家自然科学基金(No. 32371947)、国家重点研发项目(2019YFD1001500)和北京市共建专项等项目资助。

论文链接: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S014181302407315X>

作者：郑唐春；审稿：姚明 | 编辑：李锐；审核：杨金融

关于我们 | 新闻投稿 | 管理员登陆

Copyright © 2005 - 2018 北京林业大学新闻办公室 地址：北京市海淀区清华东路35号 邮政编码:100083

总编：刘广超 副总编：杨金融 刘丽萍 李佳 欧阳丁 高大为 编辑：姜玥 杨一楠 陈昊原 管理员登陆