多组学联合分析提供对花生种皮花青素合成新见解

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/17502.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

多组学联合分析提供对花生种皮花青素合成新见解。花生是世界上最重要的经济和油料作物之一。目前，市场上很少有种皮中富含花青素的花生品种，但具有相关性状的品种选育一直受到育种者的关注。近日，河北农业大学穆国俊、杨鑫雷等在《植物科学前沿》（Frontiers in Plant Science）在线发表研究论文，基于多组学分析揭示了不同花生种皮花青素生物合成的调节机制。

该研究采用粉红色和紫色种皮的两个花生品种G110（G）和Z18-40（Z）进行多组学与miRNA-target基因的相互作用联合分析。通过紫外-可见分光光度计分析发现，Z18-40的花青素含量在30DAF（开花后天数）和45DAF 时比G110高7.49-8.62倍。

之后，研究人员共鉴定了14个与花青素生物合成相关的候选基因，在不同的对照组之间进行相关（R2 ≥ 0.80）分析鉴定了一个与羟基肉桂酰转移酶（HCT）生物合成相关的新基因Ah21440。此外，该研究表明，花青素 3-O-葡萄糖苷 (Kuromanin, pmb0550) 是在
G1_vs_G2、Z1_vs_Z2、G1_vs_Z1 和 G2_vs_Z2
中分别使用多组学联合分析鉴定的唯一常见的差异积累代谢物 (DAM)。转录组中 miRNA 靶基因与 DEG 的相关性分析表明，AhmiR2950、AhmiR398、AhmiR50和AhmiR51调节 HCT 和查耳酮生物合成相关候选基因（Ah21440、AhCHS、AhCHI）。

最后，研究人员使用定量实时PCR（qRT-PCR）验证了所有14个候选基因和4个差异表达的miRNA，其趋势与之前的转录组数据一致。该结果为深入研究花生种皮中花青素代谢机制提供重要参考，并且有望为培养具有浓缩花青素的花生品种提供有益的见解。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：https://doi.org/10.3389/fpls.2022.818345

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：穆国俊等 来源：《植物科学前沿》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发