
武汉植物园报道桃果实糖积累的机制和候选基因

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21602.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！

武汉植物园报道桃果实糖积累的机制和候选基因

果实糖分积累是园艺作物尤其是果树的重要农艺性状。糖分决定果实的风味口感和营养品质，并可作为调控信号促进花青素等次生代谢物的合成。桃作为我国重要的经济果树，大部分栽培品种果实以积累蔗糖为主（可达总可溶性糖的80%）。栽培种的果实糖表型分离不足（可溶性固形物在11%~14%之间），限制了正向遗传学方法分离到的糖候选基因数量。为揭示这一重要的农艺性状机制，中国科学院武汉植物园果树分子育种科研团队选择和栽培种表型差异大的野生近缘种作对照，采用转录组和糖组分含量偶联分析方法，发掘了糖积累的关键候选基因。

该研究采用高效液相色谱方法测定桃品种（“美国晚油”、“丽格兰特”、“霞晖6号”、“霞脆”和山桃等）不同发育时期果实糖组分含量（图1）；选取这些品种的三个果实发育时期进行转录组测序，结合糖组分含量差异进行针对性的基因表达量差异对比，获得和总糖正负相关的差异基因集（图2）。

与总糖正相关的424个差异基因

中，前人报道了5号染色体顶端的PpTST1

液泡膜糖转运体基因，而本研究发现了两个SPS（蔗糖-磷酸合酶）基因和SuSy1

（蔗糖合成酶）基因，并通过桃果实瞬时转化方法验证相关基因的功能。与桃果实总糖含量正负相关的基因中，科研人员各发现了一个INH

糖酸性转化酶抑制肽基因，即PpINH3（总糖正相关）和PpINH4

（总糖负相关）基因。瞬时转化证明这两个INH

对总糖的积累正好起相反效果，将此前人报道的INH作用底物酸性转化酶PpVIN2

进行瞬时转化，所起的效果与PpINH4

完全相同（图3）。然而，本研究利用酵

母双杂无法鉴定INH和PpVIN2之间存在分子互作，因而INH的作用机制有待进一步研究。

本研究还发现，与总糖负相关

的候选基因中存在另一个蔗糖合成酶SuSy2

。此外，正相关基因还有两个单糖转运体——PpERD6-Like1和PpERD6-Like2

，它们的瞬时过表达可能会引起PpTST1

的表达量发生变化。该研究得出了桃的果实糖分积累的模式图（图4），发现了桃的果实糖分积累既源自代谢又来自体内的源-库运输，且受到多种因子调节。

该工作揭示了桃果实糖分积累中的重要基因及机制，为实现水果糖组分的精细化调控提供了研究

实例和技术元件，并在功能健康型水果开发方面开辟了新思路。相关研究成果发表在Frontiers in Plant Science上。研究工作得到国家自然科学基金等的支持。

图1.5个桃品种果实发育时期的糖组分含量（MY栽培种糖组分含量较特殊）

图2.与总糖含量相关的差异基因分析，A：表达量与总糖含量正相关的424个基因；B：表达量与总糖含量负相关的505个基因；C：差异基因的GO注释条目。

图4.桃果实发育后期糖积累的分子机制模式图

研究团队单位：武汉植物园

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](http://www.iikx.com)转发