黑木耳品系和功能开发利用研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/3691.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！

黑木耳有重要的食药用价值，是我国的传统食用菌，具有抗肿瘤、抗氧化、防止血栓和降血糖等特性，有“菌中瑰宝”的美誉。东北地区是我国黑木耳的主产区，其生产的黑木耳畅销国内外，黑木耳产业的发展对促进东北的经济和社会发展起了重要的推动作用。过去几十年，黑木耳的研究主要集中在利用，相关序列扩增多态性)等方法来进行种质鉴定、系统发育或者遗传多样性研究，而缺乏对黑木耳分子水平的研究。全筋、半筋和无筋是蛟河市的三种主要栽培品系，它们表面的褶皱明显不同，营养价值和口感也各有千秋，但对它们基因表达谱的差异以及抗癌、抗氧化等作用机制知之甚少。目前公共数据库中尚无黑木耳的基因转录组数据，严重阻碍了黑木耳的分子研究以及潜在的深加工价值再开发。

中国科学院苏州生物医学工程技术研究所生物医学检验技术研究室唐玉国、高山课题组联合英国牛津大学(University of Oxford)研究员王珲对吉林省蛟河市黄松甸镇国家级万亩黑木耳标准化种植示范区三个主要的黑木耳栽培品系——全筋、半筋和无筋进行了转录组测序分析，获得13937个unigene(Universal
Gene，独立非重复基因)，其中的12813个unigene可以注释到已知基因上。主成分分析(Principal Component Analysis, PCA)显示这三个栽培种有显著不同的基因表达谱，全筋与另外两个品种差异很大，说明无筋和半筋可能来自中国南部的一个共同祖先，全筋则起源于中国北方。进一步的差异基因分析、基因本体分析(Gene Ontology, GO)确认了主成分分析的结果。KEGG基因通路分析显示黑木耳背面褶皱形成与淀粉和蔗糖代谢、MAPK信号通路、氨基酸生物合成、次生代谢产物的生物合成、抗生素生物合成相关。这意味着黑木耳的不同品系在疾病抗性和药物成分生成、积累和代谢等方面应该存在显著差异，对挖掘开发木耳的医疗有效成分有指导意义。

染料脱色过氧化物酶(Dyp)是过氧化物酶家族的成员，该家族被认为是木质素生物修复的基础资源。通过对黑木耳过氧化物酶基因的表达谱分析，发现全筋中的过氧化物酶基因表现出特殊的表达模式，意味着全筋品系在工业用酶开发方面有其独特的价值。而无筋品系内的差异比品系间差异还要大，说明无筋品系内尚存在较大的个体多样性，为培育开发新品系，提供了有效依据和方向。

此外，研究者还发现1124个基因库中未曾记录的新unigene，这些基因可能在黑木耳的独特功能中发挥重要作用：比如产生有药用价值的生物活性分子来抗氧化抗衰老。另外一个激动人心的领域是黑木耳的抗肿瘤作用，已有研究表明黑木耳的多糖可以抑制肿瘤细胞的增殖，新基因的发现为进一步研究黑木耳独特的抗肿瘤活性物质的生物合成机制，提供了更加明确的研究目标。

该研究工作不仅为进一步研究黑木耳的生化和制药性提供了必不可少的数据资源和信息指南，而且客观评价了吉林省的黑木耳菌株种质资源的遗传多样性，有利于保护和利用我国黑木耳的种质

资源，开展黑木耳的良种选育，提高东北黑木耳产业质量，推动当地的经济发展。相关成果发表于《科学报告》(Scientific Reports)。

该研究工作获得中科院百人计划、中科院前沿科学重点研究项目、国家重点研发计划和国家自然基金的资助。

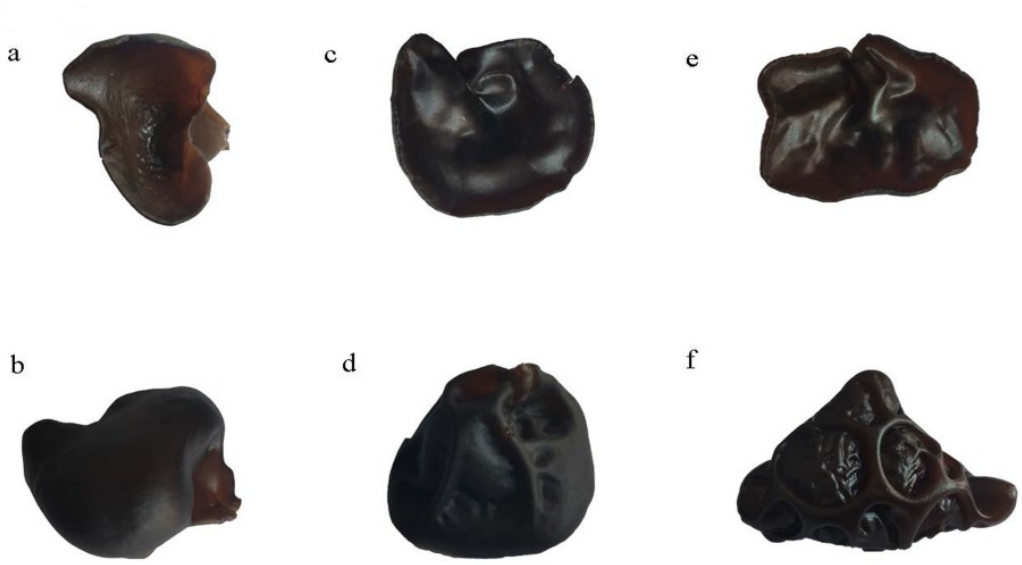


图1三个黑木耳栽培种代表三个品系：无筋的正面和背面(a和b)，半筋的正面和背面(c和d)，全筋的正面和背面(e和f)

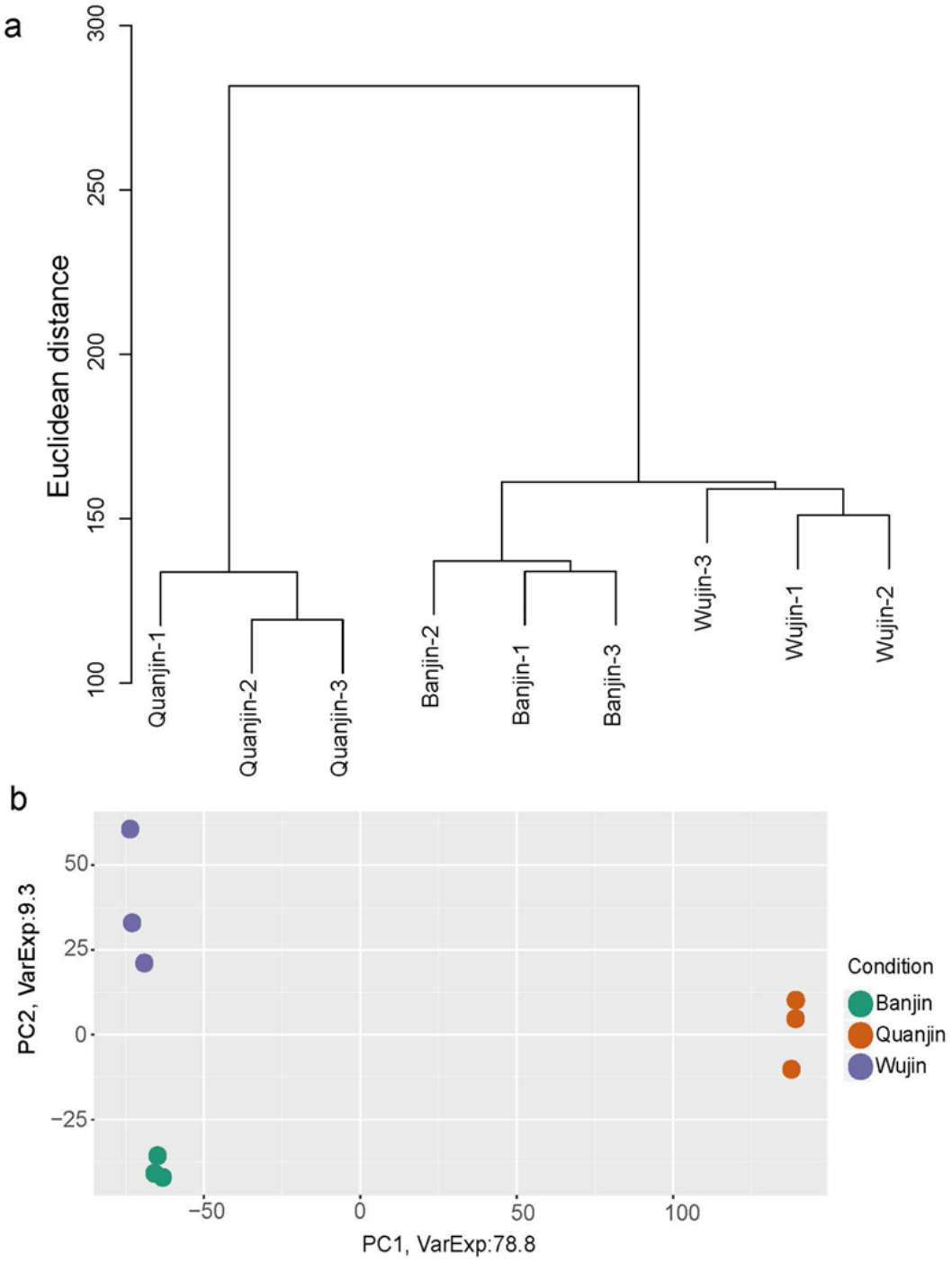


图2栽培种之间的基因表达关系：a、根据样本中的基因表达量做的层次聚类图，X轴代表样本，Y轴代表样本间的欧氏距离。b、主成分分析结果，前两个主成分PC1和PC2解释了品种之间88.1%的差异。从上图可以看出，在品种间，全筋与无筋、半筋差异很大;品种内，无筋的个体差异显著。

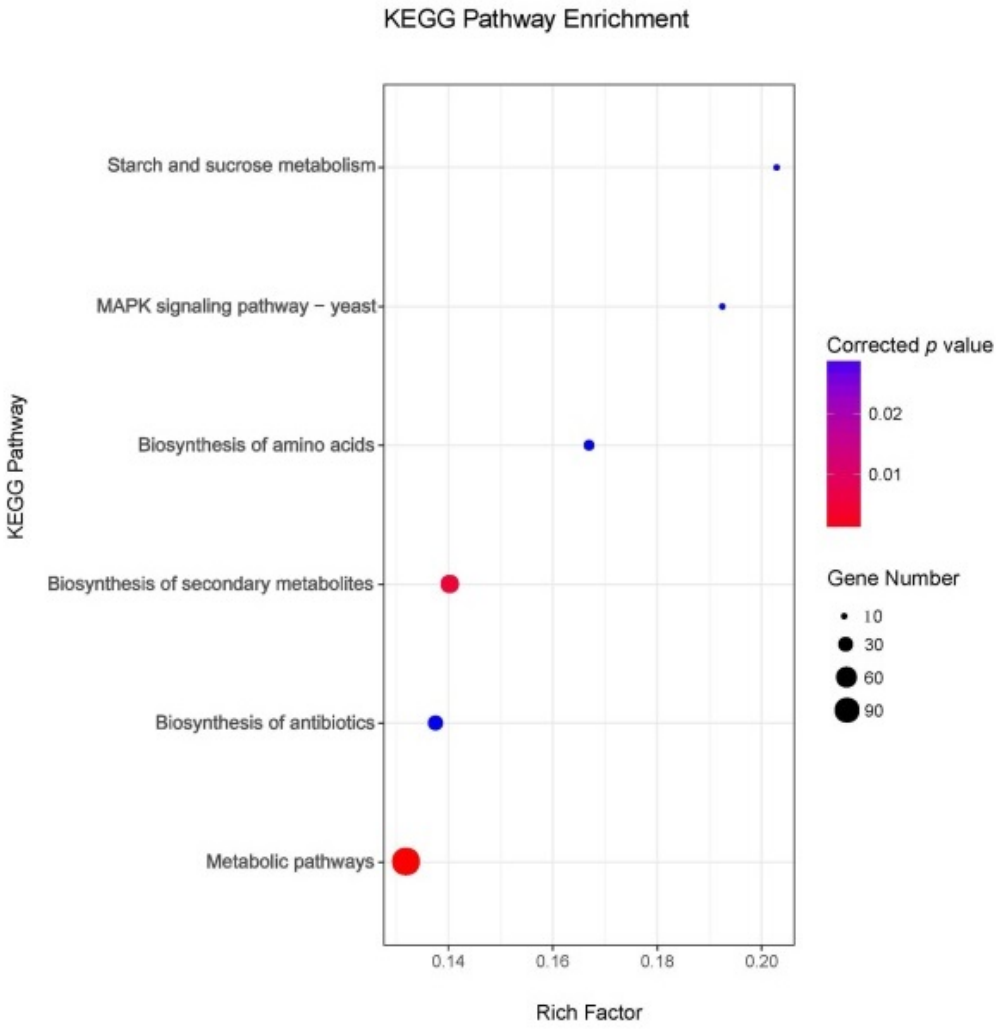


图3与木耳褶皱相关的KEGG通路：与褶皱形成相关的上调或下调基因散点图，X轴代表富集因子(富集因子=通路中的基因数/通路中所有的注释基因数)，点的大小代表基因数量，点的颜色代表了矫正P值大小。

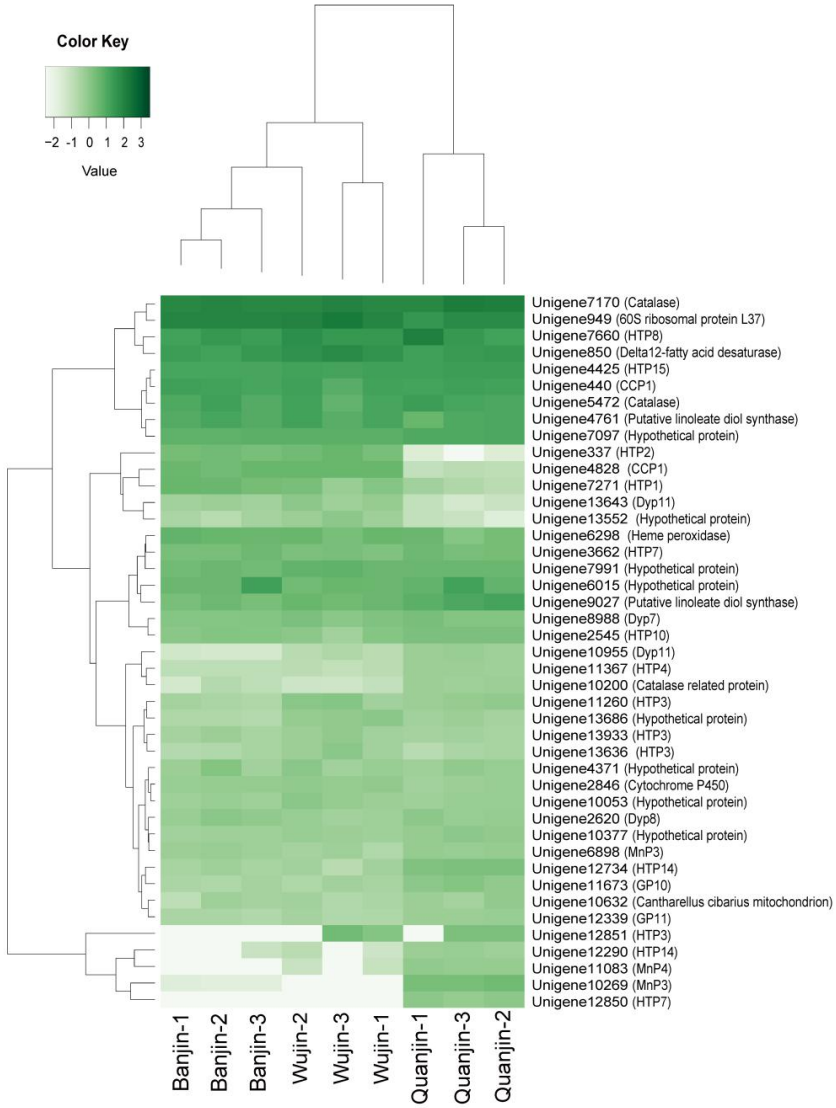


图4过氧化物酶相关基因表达谱：黑木耳43个过氧化物酶基因在三个品种中的表达聚类图，右侧标出了基因ID及其blast注释结果。这个结果与主成分分析结果一致，全筋与半筋、无筋差异显著。

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