

黄瓜单性结实候选基因预测与表达分析

张 婷 武 喆 张开京 徐 建 娄群峰 李 季 陈劲枫

(南京农业大学园艺学院/作物遗传与种质创新国家重点实验室,江苏 南京 210095)

摘 要:为发掘黄瓜单性结实基因并通过表达分析预测相关基因的功能,以黄瓜单性结实性状 QTL 定位结果为基础,对主效 QTL 区段内的基因进行生物信息学分析,发现 118 个基因与细胞周期、细胞生长以及激素信号传导等生物学过程有关。结合黄瓜单性结实转录组研究结果,共筛选出 10 个在黄瓜单性结实过程中转录水平有剧烈变化的基因。利用 qRT-PCR 技术分析这些基因在授粉、未授粉及单性结实的黄瓜果实发育过程中的转录变化,结果表明, *CsCRT1*、*CsLON*、*CsTRAPPC4*、*CsRABEPK* 和 *CsPOT* 基因在单性结实坐果过程中特异性的上调表达, *Cs5NG4* 基因在单性结实和授粉结实过程中呈相反表达趋势,因此推测这 6 个基因为黄瓜单性结实候选基因。本研究为进一步利用候选基因资源改良现有黄瓜栽培品种的单性结实性奠定了基础。

关键词:黄瓜;单性结实;基因预测;表达分析

DOI:10.11869/j.issn.100-8551.2016.02.0224

黄瓜(*Cucumis sativus* L.)属于葫芦科甜瓜属,是世界十大蔬菜之一。我国黄瓜的设施栽培面积很大,但在设施栽培条件下,低温弱光、高湿或雄花缺少等因素往往会造成黄瓜授粉受精不良,导致落花落果、产量下降,成为目前我国黄瓜生产面临的最重要问题之一^[1]。单性结实是指子房不经过授粉受精而发育成果实的过程,因而单性结实性可以解决黄瓜设施栽培中授粉受精不良的问题,形成无籽果实。此外,强单性结实的黄瓜果实具有果肉厚、心腔小、品质优良等特点^[2]。

为更好地利用单性结实性状,前人对黄瓜单性结实现象开展了广泛的研究。部分研究者认为黄瓜单性结实属于质量遗传性状, Hawthorn 等^[3]和 Juldashева 等^[4]认为黄瓜单性结实属于隐性单基因控制的质量性状;也有研究表明黄瓜单性结实性状由不完全显性的单基因控制^[5-7]。目前大多数的研究认为黄瓜单性结实是多基因控制的数量性状^[8-13]。研究者将“加性—显性”^[14]和“主基因+多基因”^[15-16]经典遗传模型运用于黄瓜单性结实遗传研究,发现雌雄同株黄瓜单性结实为不完全显性遗传,受加性主基因+加性一显

性多基因控制,宏观的估测了基因的总体效应和遗传模式。Sun 等^[17]对全雌性单性结实黄瓜进行 QTL (quantitative trait loci) 分析,发现了 5 个效应较大的 QTLs; 闫立英等^[18]和王垒等^[19]利用 BSA 法构建单性结实和非单性结实的近等基因池来研究黄瓜单性结实遗传机理,并发现黄瓜单性结实 QTL 位点较近的标记 SSR22338。目前关于黄瓜单性结实 QTL 遗传定位以及单性结实基因发掘的研究鲜见报道。

在前期研究中,利用强单性结实性品种 EC1 和非单性结实性品种 8419 为亲本构建 F_2 作图群体,共检测到 7 个与单性结实相关的 QTL,结合 3 季的统计结果发现位于 2 号染色体的 Parth2-1 为控制黄瓜单性结实性状的主效 QTL,遗传距离为 17.1 cM,物理距离约为 2.9 Mb^[20]。本研究在此初定位的基础上,对区段内的基因进行生物信息学和转录组学关联分析,并应用荧光定量 PCR 技术研究 10 个基因在不同结实性黄瓜中的表达特征,以期评价黄瓜单性结实相关基因,为进一步克隆黄瓜单性结实相关基因和揭示黄瓜单性结实调控机理奠定基础。

收稿日期:2014-11-21 接受日期:2015-03-16

基金项目:国家重点基础研究发展计划“973”项目(2012CB113904),农业部行业专项(201403032),国家自然科学基金青年基金(31301781)

作者简介:张婷,女,主要从事蔬菜学遗传育种研究。E-mail: zhang17891@163.com

通讯作者:李季,男,副教授,主要从事黄瓜果实发育相关研究。E-mail: lji1981@njau.edu.cn

1 材料与方法

1.1 植物材料

2014 年 8 月初,以南京农业大学陈劲枫课题组保存的全雌单性结实自交系 EC1 和雌雄同株非单性结实自交系 8419 黄瓜品种为试验材料,温汤浸种后置于 28℃ 恒温箱催芽,露白后播种于营养钵,待幼苗达两叶一心时定植于南京农业大学江浦试验基地大棚,起垄覆膜栽培,宽行行距 80cm,窄行行距 50cm,株距 25cm。采用滴灌技术,常规栽培管理。

1.2 处理方法

将开花前 1d 的 EC1 和 8419 雌花作套花隔离预处理;在开花当天,将 EC1 雌花作套花隔离处理,8419 雌花套花隔离处理和授粉后套花隔离处理,为保证植物的生长,每株套花授粉的数目为 2 朵。参照张停林^[21]的取样方法,取处理后 0、2、4d 的子房样品,每个取样点设 3 个生物学重复,液氮速冻后,−80℃ 保存备用,用于 RNA 提取。

1.3 总 RNA 的提取和 cDNA 的合成

利用 Trizol 法进行 RNA 提取,提取后于 −80℃ 保存备用。反转录 cDNA 采用宝生物工程(大连)有限公司的 PrimeScript RT reagent Kit with gDNA Eraser 试剂盒进行反转录。

1.4 实时荧光定量 PCR

使用软件 Primer Premier 5.0 设计候选基因的定量引物,交由上海英骏生物技术有限公司合成,引物序列见表 1。

采用美国伯乐公司的 CFX96 荧光定量 PCR 仪,按照宝生物工程(大连)有限公司的 SYBR Premix Ex Taq™ 试剂盒操作说明进行试验。反应总体积为 20 μL:10 μL SYBR premix Ex Taq™,cDNA 1 μL,正向引物 1 μL,反向引物 1 μL,ddH₂O 7 μL。反应程序为两步法:95℃ 预变性 30 s,95℃ 变性 5 s,60℃ 退火 30 s,40 个循环,设 3 个重复;在 60℃ 采集荧光。以 Actin 为内参基因(GenBank ID: DQ115883),0 d 的 8419 套花处理的子房中表达量为对照,采用 2^{−ΔΔct} 法计算目标基因在黄瓜果实中的表达量变化。

表 1 基因表达分析引物序列
Table 1 Primer sequences for expression analysis

基因编号 Gene ID	正向引物 Primer sequence(5'→3')	反向引物 Primer sequence(5'→3')
Csa2M033940.1	TGAGTTGTGGCAGGTGAAAT	TCTTCTCTGCCTCCTCGAAT
Csa2M033990.1	AGCTTGGAAGAGGTCATGCT	TTGAAAGGTCAATTGGGACA
Csa2M034590.1	CAGCAGCTTCTCCATGTTGT	CCTCGAACCTCAGATCCAAT
Csa2M034720.1	GCTGACACTTTCGATCTCCA	AGTCCCAGGTTACACACAA
Csa2M035350.1	GCTTCTTGTGGCACTCAGAC	ATTTCAGCTTGAAGGTCGT
Csa2M035360.1	TGAGGTCCTTTCAACTTCC	GAATAAGGCCTTCAACCCAA
Csa2M055040.1	GAAACTGCAGGTGTGGATTG	ACAACACCACCTTCCAACAA
Csa2M057080.1	CGAGGGTGTGAGGTACAGA	ACGAACCTCCCTTTAACCTT
Csa2M042770.1	CCCTCTCTGCACCATTTGTTA	CCAATAATCACAGCCACACC
Csa2M055050.1	CCACCATCGTTTAGCCTTCT	CAAACGAAGTGAGCCTTCAG
Cs-Actin	TTCTGGTGATGGTGTAGTC	GGCAGTGGTGGTGAACATG

1.5 生物信息学分析

基于黄瓜单性结实 QTL 初定位结果^[20],利用黄瓜基因组数据库([http://www. icugi. org/ cgbin/ ICuGI/ tool/ funcat. cgi](http://www.icugi.org/cgbin/ICuGI/tool/funcat.cgi))找出定位区段内的所有基因的 ID,使用 BGI WEGO([http://wego. genomics. org. cn/ cgi- bin/ wego/ index. pl](http://wego.genomics.org.cn/cgi-bin/wego/index.pl))对基因进行 GO 功能分类分析并作图,确定其主要的生物学功能(图 1)。同时利用 KOBAS 2.0([http://kobas. chi. pku. edu. cn/ home. do](http://kobas.chi.pku.edu.cn/home.do))对基因进行 KEGG 分析。

2 结果与分析

2.1 黄瓜单性结实主效 QTL 染色体定位区段内基因的鉴定

参考黄瓜基因组数据库([http://www. icugi. org/ cgi- bin/ ICuGI/ tool/ funcat. cgi](http://www.icugi.org/cg-bin/ICuGI/tool/funcat.cgi)),在黄瓜单性结实主效 QTL 定位区段内找到了 317 个基因,对其进行 GO 分析(图 1)。根据 WEGO 的 2 级水平分类可知,

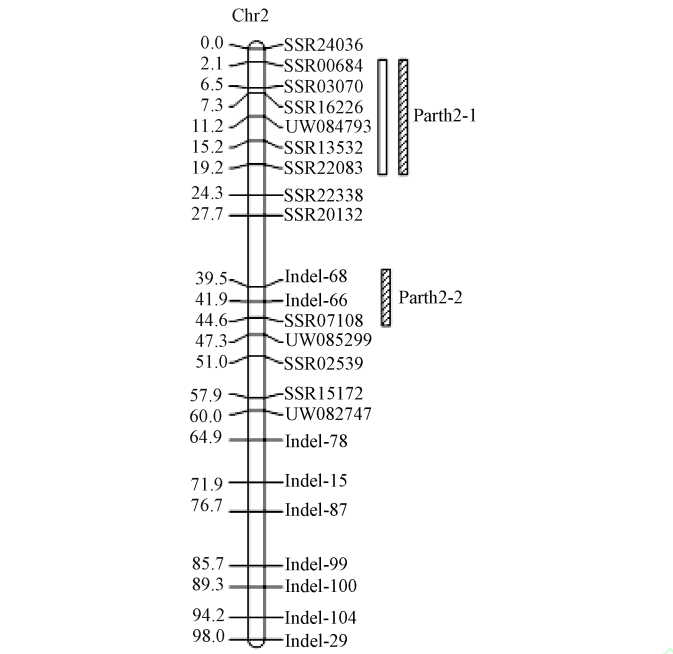


图1 单性结实 QTL 定位主效区段图谱
Fig.1 The major QTL mapping for parthenocarpy

有 244 个基因被注释,并被分成了分子功能,细胞组分和生物途径 3 大类,32 小类(图 2)。其中大量基因与 binding (GO: 0005488) 和 catalytic activity (GO: 0003824) 等生物学功能有关。

黄瓜单性结实性状主效 QTL 定位区域内基因数量较多,参与的生物学途径复杂,为了进一步缩小黄瓜单性结实候选基因的筛选范围,一方面积极开展相关的 QTL 精细定位研究,另一方面根据 GO 分析的结果,

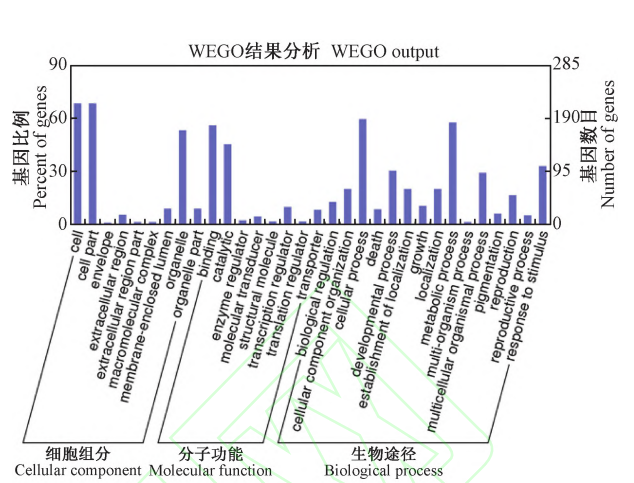


图2 单性结实主效 QTL 定位区域内
基因的 GO 分析
Fig.2 GO analysis of the genes located in
the major parthenocarpy QTL

对 16 个与果实发育密切相关的生物学过程 (biological pathway) 进行了重点筛选,将单性结实候选基因缩小至 118 个基因(表 2)。

2.2 转录组关联分析

前期研究中采用 RNA-Seq 技术分析了单性结实品种 EC1 坐果第 2 天果实中的基因表达变化^[22]。本研究将初步预测的 118 个候选基因与 EC1 转录组数据进行关联分析(图 3),发现 10 个基因在 EC1 单性结实坐果的第 2 天呈差异表达变化,并利用 KEGG 方法分析 10 个基因隶属蛋白家族(表 3)。

表 2 与果实发育相关的基因预测
Table 2 The genes function predicted in the physical region

参与的生物学过程 Biological process	参与的基因数目 Number of genes
内源刺激反应 Response to endogenous stimulus (GO:0009719)	38
细胞生长 Cell growth (GO:0016049)	38
细胞分化 Cell differentiation (GO:0030154)	38
胚后发育 Post-embryonic development (GO:0009791)	31
细胞死亡 Cell death (GO:0008219)	29
生长 Growth (GO:0040007)	23
胚胎发育 Embryonic development (GO:0009790)	23
细胞周期 Cell cycle (GO:0007049)	22
细胞信息传递 Cell communication (GO:0007154)	14
细胞间信号 Cell-cell signaling (GO:0007267)	14
花的生长 Flower development (GO:0009908)	12
授粉 Pollination (GO:0009856)	5
基因表达的调控 Regulation of gene expression, epigenetic (GO:0040029)	2
成熟 Ripening (GO:0009835)	1
脱落 Abscission (GO:0009838)	1
基因合计 Total number of genes	118

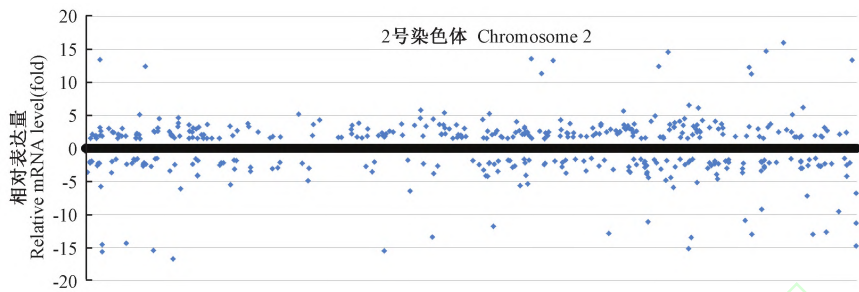


图3 EC1 开花第2天的单性结实果实中2号染色体上的差异表达基因

Fig.3 The expression level of genes located in Chromosome 2 in 2d parthenocarpic fruit of EC1

表3 候选基因的 KEGG 分析

Table 3 KEGG analysis of the candidate genes

基因 Gene	注释 Annotation	基因 ID Gene ID
<i>CsCRT1</i>	Calreticulin-like	Csa2M033940.1
<i>CsMDL1</i>	(R) – mandelonitrilelyase 1 – like	Csa2M055050.1
<i>CsMDL3</i>	(R) – mandelonitrilelyase 3 – like	Csa2M055040.1
<i>CsLON</i>	Lon protease homolog, mitochondrial-like	Csa2M033990.1
<i>CsTRAPPC4</i>	Trafficking protein particle complex subunit 4 – like	Csa2M034720.1
<i>CsMYB86</i>	Transcription factor MYB86 – like	Csa2M035350.1
<i>CsPOT</i>	Probable peptide/nitrate transporter At1g59740 – like	Csa2M035360.1
<i>CsCOL3</i>	Zinc finger protein CONSTANS-LIKE 5 – like	Csa2M057080.1
<i>Cs5NG4</i>	Auxin-induced protein 5NG4 – like	Csa2M042770.1
<i>CsRABEPK</i>	LOW QUALITY PROTEIN; rab9 effector protein with kelch motifs-like, partial	Csa2M034590.1

2.3 黄瓜单性结实候选基因的表达分析

为了比较这 10 个单性结实候选基因在单性结实结实、授粉结实和不能正常结实的黄瓜果实中的表达特征,本试验采用实时荧光定量 PCR 分析这些基因在开花当天、第 2 天和第 4 天的单性结实品种 EC1 果实、未授粉的 8419 以及授粉的 8419 果实中的表达情况(图 5)。

根据 10 个候选基因的表达特征,可以将其分为 4 类:

1) 包括 *CsCRT1* (Csa2M033940.1)、*CsLON* (Csa2M033990.1)、*CsRABEPK* (Csa2M034590.1)、*CsTRAPPC4* (Csa2M034720.1) 和 *CsPOT* (Csa2M035360.1),其表达的特点是基因在 8419 品种授粉和套花的情况下 0、2、4d 的表达量都很低,而 EC1 中该基因的表达量在第 2 天达到最大,且后面几天几乎不变,并且在第 2 天和第 4 天的表达量是非单性结实性 8419 的 11 ~ 15 倍不等,这与 8419 套花中基因的表达有显著性的差异;但由 5 个基因在 3 个处理的表达量的峰值可知,8419 套花和授粉处理的峰值明显比

EC1 大。上述特点表明这 5 个基因在单性结实过程中呈上调表达,而在非单性结实品种授粉和不育中几乎不表达,说明这 5 个基因在单性结实与非单性结实品种间有差异,而非单性结实品种间的套花和授粉处理无差异。

2) 包括 *CsMDL3* (Csa2M055040.1) 和 *CsCOL3* (Csa2M057080.1),其特点是在 EC1 套花 0d 呈下调表达,其后 3d 上调表达且达到峰值;8419 套花中 2 个基因表达上调,并随着天数呈上升的趋势,但其峰值低于 EC1 中的表达量,表明此类基因在单性结实和非单性结实品种中无差异,不同处理间也差异。

3) *Cs5NG4* (Csa2M042770.1),该基因在不同材料间的表达趋势复杂,在 EC1 套花 0d 下调,第 2 天迅速达到峰值并维持至第 4 天,而在 8419 授粉中第 2 天和第 4 天下调,且 8419 套花中只有在第 2 天才表达,从以上这些表达模式可推测 *Cs5NG4* 是单性结实过程中特异表达的基因,但其调节机理还有待确定。

4) *CsMYB86* (Csa2M035350.1) 和 *CsMDL1* (Csa2M055050.1),这 2 个基因在 EC1 套花和 8419 套

花中均下调表达,在 8419 授粉中上调表达;说明 *CsMDL1* 和 *CsMYB86* 均是授粉受精才能刺激其表达的基因。



注:从左至右分别是:开花后 4d 的 EC1 单性结实果实, 8419 败育果实,8419 授粉果实。

Note: From left to right column; the 4d fruits of parthenocarpic EC1, abortive 8419, pollinated 8419.

图 4 套花后黄瓜果实不同的生长状态

Fig. 4 The differently developed fruits of cucumber after flower trappe

3 讨论

黄瓜单性结实是黄瓜育种重要目标性状之一,目前黄瓜农艺性状的遗传研究大多采用数量遗传学方法进行定位,关于黄瓜单性结实基因资源的发掘研究大多数借鉴番茄的研究报道,通过同源比对预测和克隆单性结实候选基因,如黄瓜 ARF 家族基因^[23]和分裂素合成酶 IPT 家族基因^[24]。在黄瓜单性结实性状已被初步定位的前提下,对定位区间内的基因进行生物信息学分析,是找出候选基因最有效的方法。本研究通过对黄瓜单性结实主效 QTL 区段内基因进行生物信息学分析,发现黄瓜结实性的差异主要是由于细胞内部功能差异造成的,可能与某种具有催化或结合功能的因子调控有关,这与张映等^[25]在茄子结实性的研究所得结果一致。对基因参与的生物过程进行分析,发现 16 个生物过程涉及到的基因数高达 118 个,说明同一基因在植物中参与多种不同的反应。联合转录组差异表达数据获得 10 个与单性结实相关的基因,包括酶类、转录因子和激素类,证明对定位区间内的基因进行生物信息学分析并联合转录差异表达分析预测

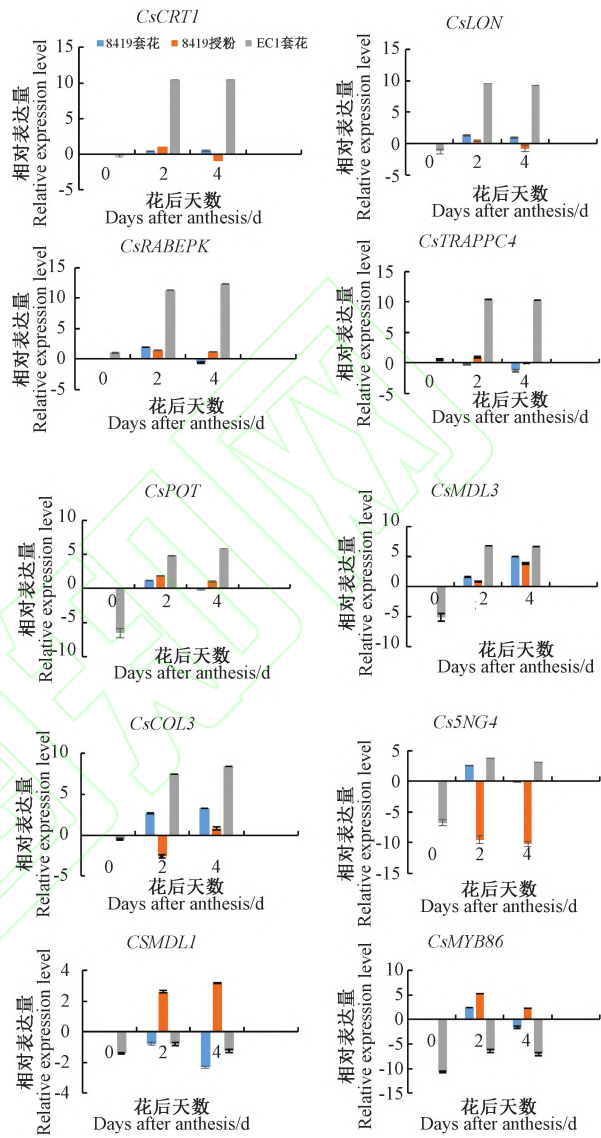


图 5 候选基因的荧光定量 RT-PCR 分析
Fig. 5 Quantitative RT-PCR analysis of the candidate genes

候选基因的方法是可行的。

通过 RT-PCR 技术分析基因在不同结实性材料中的表达模式,是当前鉴定、预测基因作用的常用方法^[26-27]。本研究发现的第 1 类表达模式的候选基因在单性结实的果实中上调表达,而在其他条件下几乎不表达,说明此类基因在单性结实中发挥着至关重要的作用。其中 *CsCRT1* 参与大部分生物过程,如转录、翻译、细胞间信号转导等。前人研究发现 *CRT* 基因在大麦的子房^[28]、玉米^[29]、烟草花粉^[30]和拟南芥^[31]的精细胞、未成熟的胚胎和合子中的表达量很高,且基因的高表达量可以促进钙离子的迅速流动和短暂储存,因此推测 *CRT* 基因参与黄瓜单性结实的机理可能与

其调节植物内钙稳态相关,主要促进单性结实过程中钙离子的存储和快速流动,从而调控下游的反应。*CsLON* (Csa2M033990.1) 是一类广泛分布于真核生物和原核生物、依赖 ATP 的蛋白酶基因,GO 分析发现其参与了转运和胚后发育的生物途径,Rigas 等^[32] 研究发现拟南芥中 *LON1* 在幼嫩器官中表达量高于成熟器官,并且细胞内的线粒体数量明显增多。因此,单性结实过程中 *CsLON* 可通过刺激线粒体提供更多能量以保证黄瓜子房中细胞快速生长和分化。*CsPOT* (Csa2M035360.1) 是一类运输寡肽的基因家族,其主要参与细胞生长、分化和授粉过程,但在授粉过程中表达量却很低,可能是由于单性结实过程涉及的蛋白合成、水解较多,造成单性结实中寡肽的含量比授粉和不能正常发育的果实中高。第 2 类表达模式的基因 (*CsMDL3*、*CsCOL3*) 在单性结实和不能正常发育的果实中都上调表达,此类基因并不是单性结实过程中特异表达的基因。第 3 类基因 *Cs5NG4* (Csa2M042770.1) 是类生长素诱导蛋白,其在 EC1 单性结实过程中呈上调表达,而在 8419 授粉中下调表达。据此可以推测在单性结实过程中,由于没有授粉受精的刺激,直接合成生长素的途径受阻,此时生长素诱导蛋白相关基因的表达促进生长素的合成,最后导致单性结实。而 *CsRABEPK* 和 *CsTRAPPC4* 这 2 个基因在植物中研究较少,其在单性结实中的作用有待进一步确定。第 4 类基因 (*CsMYB86*、*CsMDL1*) 在套花处理下均下调表达,授粉中上调表达,表明此类基因可能参与黄瓜授粉后的果实发育,但与单性结实过程相关性不大。

4 结论

本研究以黄瓜单性结实 QTL 初定位的结果为基础,利用生物信息学分析区段内的基因,联合转录差异表达数据筛选候选基因,克服了目前同源比对发掘单性结实相关基因的局限性。以 KEGG 分析结果客观的评价基因的功能,并结合 EC1 和 8419 的转录差异表达分析初步确定 *CsCRT1*、*CsLON*、*CsTRAPPC4*、*CsRABEPK*、*CsPOT* 和 *Cs5NG4* 为黄瓜单性结实相关的候选基因。这 6 个基因的功能各有不同,包括转录调节因子,酶类和激素类等,不仅丰富了单性结实候选基因的种类,加速了初定位后基因克隆与分离的进程,也为其他植物的候选基因研究提供借鉴。在未来的研究工作中,将利用转基因技术验证这些基因的分子调控功能,进一步揭示黄瓜单性结实在分子水平上的调控机理。

参考文献:

- [1] 孙春明. 黄瓜单性结实研究概述[J]. 上海农业科技, 2004, (3): 69-70
- [2] 陈学好, 曹培生. 黄瓜单性结实研究概况[J]. 中国蔬菜, 1994, (3): 56-59
- [3] Hawthorn L R, Wellington R. Geneva, a greenhouse cucumber that develops fruit without pollination [J]. New York Agricultural Experiment Station Bulletin, 1930, 580: 1-11
- [4] Juldashava L M. Initial material for breeding short-fruited parthenocarpic cucumber hybrids. (Russian, English summary.) [J]. Trudy-po-Prikladnoi-Botanike-Genetiki-I-Selektsii, 1971, 45 (1): 196-200
- [5] Pike L, Peterson C. Inheritance of parthenocarp in the cucumber (*Cucumis sativus* L.) [J]. Euphytica, 1969, 18(1): 101-105
- [6] Meshcherov E T, Juldashava L M. Parthenocarp in the cucumber. (Russian, English summary.) [J]. Trudy-po-Prikladnoi-Botanike-Genetiki-I-Selektsii, 1974, 51(3): 204-213
- [7] George W, Scott J, Splittstoesser W. Parthenocarp in tomato [J]. Horticultural Reviews, 1984, (6): 65-84
- [8] Ponti O M B, Garretsen F. Inheritance of parthenocarp in pickling cucumbers (*Cucumis sativus* L.) and linkage with other characters [J]. Euphytica, 1976, 25(1): 633-642
- [9] Kvasnikov B V, Rogova N T, Tarakanova S I, Ignatova S I. Methods of breeding vegetable crops under the covered ground. (Russian, English summary.) [J]. Trudy-po-Prikladnoi-Botanike-Genetiki-I-Selektsii, 1970, 42(3): 45-57
- [10] El Shawaf I S, Baker L R. Combining ability and genetic variances of G × H F1 hybrids for parthenocarpic yield in gynoecious pickling cucumber from once-over mechanical harvest [J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 1981, 106(3): 365-370
- [11] Sun Z Y, Lower R L, Staub J E. Analysis of generation means and components of variance for parthenocarp in cucumber (*Cucumis sativus* L.) [J]. Plant Breeding, 2006, 125(3): 277-280
- [12] Sun Z, Lower R, Staub J E. Identification and comparative analysis of quantitative trait loci associated with parthenocarp in processing cucumber [J]. Plant Breeding, 2006, 125(3): 281-287
- [13] 曹皓生, 陈学好, 徐强, 顾春山. 黄瓜单性结实世代遗传效应的初步研究[J]. 园艺学报, 1997, 24(1): 53-56
- [14] 王莉莉, 司龙亨, 邹芳斌. 黄瓜单性结实的遗传分析[J]. 湖北农业科学, 2008, 47(4): 437-439
- [15] 闫立英, 姜丽娜, 姜群峰, 陈劲枫. 全雌黄瓜单性结实性遗传分析[J]. 园艺学报, 2008, 35(10): 1441-1446
- [16] 闫立英, 姜丽娜, 冯志红, 李晓丽, 姜群峰, 陈劲枫. 雌雄同株黄瓜单性结实性主基因 + 多基因混合遗传分析[J]. 西北植物学报, 2009, 29(6): 1122-1126
- [17] Sun Z, Lower R L, Staub J E. Variance component analysis of parthenocarp in elite US processing type cucumber (*Cucumis sativus* L.) lines [J]. Euphytica, 2006, 148(3): 331-339
- [18] 闫立英. 黄瓜单性结实性生理和遗传分析及分子标记研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2009

- [19] 王垒. 黄瓜单性结实相关基因的分离、表达及 SSR 标记分析 [D]. 南京:南京农业大学,2011
- [20] 武喆,李蕾,张婷,张停林,李季,娄群峰,陈劲枫. 黄瓜单性结实性状的 QTL 定位[J]. 中国农业科学,2015,48(1):112-119
- [21] 张停林. 黄瓜单性结实相关基因表达分析及主效 QTL 的初步定位[D]. 南京:南京农业大学,2013
- [22] Li J, Wu Z, Cui L, Zhang T, Guo Q W, Xu J, Jia L, Lou Q, Huang S W, Li Z. Transcriptome comparison of global distinctive features between pollination and parthenocarpic fruit set reveals transcriptional phytohormone crosstalk in cucumber (*Cucumis sativus* L.) [J]. Plant and Cell Physiology, 2014,55(7):1325-1342
- [23] 王垒,陈劲枫,娄丽娜,娄群峰. 黄瓜 ARF 家族序列特征及部分成员在果实发育早期的表达分析[J]. 园艺学报,2011, 38(4): 717-724
- [24] 张停林,李季,崔利,苏芑,徐建,陈劲枫. 黄瓜细胞分裂素合成关键酶 IPT 基因家族序列特征及其表达分析[J]. 园艺学报, 2013,40(1): 58-68
- [25] 张映,陈钰辉,张振贤,方智远,连勇,刘富中. 茄子温敏单性结实抑制差减文库的构建与分析[J]. 中国农业科学,2011,44(16): 3368-3376
- [26] 徐坚,王燕,陈先知,朱隆静,王克磊. 大白菜热激转录因子基因家族鉴定及表达分析[J]. 核农学报,2014,28(4):586-596
- [27] 徐丽,陈新,魏海蓉,张力思,王甲威,宗晓娟,刘庆忠. 核桃 WRKY4 基因的克隆与表达分析[J]. 核农学报,2014,28(7): 1188-1196
- [28] Chen F, Hayes P M, Mulrooney D M, Pan A. Identification and characterization of cDNA clones encoding plant calreticulin in barley [J]. The Plant Cell Online, 1994, 6(6): 835-843
- [29] Williams C M, Zhang G, Michalak M, Cass D. Calcium-induced protein phosphorylation and changes in levels of calmodulin and calreticulin in maize sperm cells [J]. Sexual Plant Reproduction, 1997, 10(2): 83-88
- [30] Nardi M C, Feron R, Navazio L, Mariani P, Pierson E, Wolters-Arts M, Knuiman B, Mariani C, Derksen J. Expression and localization of calreticulin in tobacco anthers and pollen tubes [J]. Planta, 2006, 223(6): 1263-1271
- [31] Nelson D E, Glaunsinger B, Bohnert H J. Abundant accumulation of the calcium-binding molecular chaperone calreticulin in specific floral tissues of *Arabidopsis thaliana* [J]. Plant Physiology, 1997, 114(1): 29-37
- [32] Rigas S, Daras G, Laxa M. Role of Lon1 protease in post-germinative growth and maintenance of mitochondrial function in *Arabidopsis thaliana* [J]. New Phytologist, 2009, 181(3): 588-600

Prediction and Expression Analysis of Parthenocarpic Candidate Genes in Cucumber

ZHANG Ting WU Zhe ZHANG Kaijing XU Jian LOU Qunfeng LI Ji CHEN Jinfeng

(State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement/College of Horticulture Nanjing
Agriculture University, Jiangsu, Nanjing 210095)

Abstract: The purpose of this paper is to explore parthenocarpic genes of cucumber and preliminarily identify the function of the genes by transcriptional study. In the study, based on localization of the major parthenocarpic QTLs, 118 genes were identified referred to biological process e. g. cell cycle, cell growth, hormone signal transduction. Co-analyzing with the transcriptome data, 10 different expression genes were selected and their potential function were annotated by KEGG. The expression patterns of the 10 genes responding to differently developed cucumber fruits were analyzed by real-time RT-PCR. Only the *CsCRT1*, *CsLON*, *CsTRAPPC4*, *CsRABEPK* and *CsPOT* have up-regulate expressed during parthenocarpic fruit set; the *Cs5NG4* expressed contrary between the parthenocarpic and pollination progress. These may attribute to improve the available cultivars of facility cucumber through utilizing of candidate gene resources.

Keywords: cucumber, parthenocarpic, gene prediction, expression analysis

简介: 本文以黄瓜单性结实性状QTL定位结果为基础对主效QTL区段内的基因进行生物信息学分析。并结合黄瓜单性结实转录组研究结果共筛选出10个在黄瓜单性结实过程中转录水平有剧烈变化的基因。进而利用qRT-PCR技术分析鉴定6个与单性结实相关的候选基因。