

宁夏枸杞黄酮醇合成途经关键基因挖掘

张磊¹ 马亚平² 曹兵^{2,3,*}

(1.宁夏大学葡萄酒与园艺学院, 宁夏 银川 750021; 2.宁夏大学林业与草业学院, 宁夏 银川 750021

3.宁夏葡萄酒与防沙治沙职业技术学院, 宁夏 银川 750001)

摘要:【目的】探究 CO₂ 浓度升高处理对宁夏枸杞次生代谢物的影响, 以及黄酮醇合成途经关键基因的挖掘, 为气候变化背景下培育高适应性优良枸杞品种及西北特色经济林应对气候变化的适应性管理提供依据。【方法】以四年生宁夏枸杞植株为试验材料, 采用开顶气室模拟控制系统进行 CO₂ 浓度升高处理 (820±20μmol·mol⁻¹), 以自然环境 CO₂ 浓度 (420±20μmol·mol⁻¹) 为对照。每处理 3 次重复, 共计 6 个气室, 每个气室种植 9 株宁夏枸杞。处理 60 天后开始收集幼果期、青果期、转色期和红果期的果实样品, 进行转录组测定分析。以枸杞基因组为参考基因组、调控果实着色的黄酮醇合成酶 (*FLS*) 为目的基因, 对 *LbFLS* 基因进行实时荧光定量 PCR(qRT-PCR)验证, 筛选宁夏枸杞黄酮醇合成途经的关键基因。【结果】CO₂ 浓度升高促进宁夏枸杞果实 3 种主要次生代谢物含量的积累, 但类胡萝卜素含量在整个生长阶段显著下降。对宁夏枸杞果实样品进行转录组分析, 筛选到调控类黄酮生物合成的关键基因 *FLS*。进一步对 *LbFLS* 基因家族进行综合分析, 共鉴定出分布在 12 条染色体上的 74 个 *LbFLS* 基因, 按照其结构特性分为五组, 其中每个基因均含有 2OG-FeII_Oxy 和 DIOX-N 保守结构域; 所有 *LbFLS* 蛋白都含有 6-10 个基序, 且大部分基序都位于保守结构域下方; 共在 4 条染色体上检测到发生了基因复制, 而其中 2 个基因具有多个串联重复基因对, 且所有串联重复基因对的 Ka/Ks 比值都小于 1.0; 顺式作用元件分析表明, *LbFLS* 基因中包含大量与植物生长发育、环境胁迫、激素响应、光响应以及核心顺式调控元件响应的相关元件; 基因组间的共线性分析确定枸杞与番茄、辣椒之间存在共线 *FLS* 家族基因对。蛋白质相互作用网络分析表明, *LbFLS* 蛋白与 T459 和 GAox 相互作用。PCR 结果表明, 5 个 *LbFLS* 基因在 CO₂ 浓度升高处理下对宁夏枸杞果实颜色渐变起到积极响应作用。【结论】枸杞 *FLS* 基因家族具有高度的进化保守性, *LbFLS* 基因家族成员的不同表达模式表明, 它们在枸杞的生长发育和非生物胁迫反应中具有重要作用; 筛选到的 5 个 *LbFLS* 基因作为关键基因, 在 CO₂ 浓度升高处理下对宁夏枸杞果实颜色渐变起到积极响应作用。