

·文献综述·

拟南芥及其研究进展^{*}

安 贤 惠

(甘肃省农科院经济作物研究所 兰州 730070)

摘 要 拟南芥 (*Arahidopsits thaliana*) 具有植株小、生育期短、繁殖系数高等生物学特性。对其遗传学研究始于 1907 年。80 年代以后的分子生物学研究表明, 拟南芥突变体极为丰富, 有很小的基因组和很少的重复序列。这些特点使其成为发育遗传学和分子遗传学研究的模式植物。目前已分离得到了许多拟南芥基因, 且部分基因已进行了 DNA 序列分析, 并多已定位在染色体上。

关键词 拟南芥; 基因

1 拟南芥的生物学特点

拟南芥属十字花科(Crucifer)拟南芥属, 与甘蓝、花椰菜、辣根等经济作物同科, 广泛分布于欧洲、亚洲、非洲、澳洲和北美洲, 具有显花植物的全部特征和使其成为植物遗传研究模式物种的所有特点^[1, 2]。

生育期短 常为 42~56 d。是所有显花植物中最短的, 每年最少可繁殖 6 代, 为其生物学和遗传研究提供了充足的时间。

植株矮小 株高一般为 15~30cm, 占地小, 容易操作, 适于在室内开展工作。

繁殖系数高 每株可产籽 3000 粒以上, 多者可达万粒^[3], 种子极小, 千粒重 0.02g, 有利于各世代各遗传特性的充分表达并进行大量的遗传研究。

容易得到种籽 4 个花瓣, 为四强雄蕊, 子房具两心皮, 自交亲和, 远缘杂交可育。

基因组小 有 5 对染色体, 是高等植物中基因组最小的物种之一。其二倍体基因组约为 70 000 kb^[4], DNA 重组分析和随机选择基因克隆表明, 拟南芥叶绿体基因组有非常低的重复序列, 仅有 10%~14% 是高度重复或回纹重复序列; 23%~27% 为中度重复序列; 50%~55% 为单拷贝序列; 核基因组中的单拷贝序列比例更高, 其基因易于被诱导、克隆和文库筛选, 非常适用于分子水平上的研究。

2 拟南芥的研究历史

拟南芥的遗传学研究始于 1907 年, Laibach(1934)借助光学显微镜观察到拟南芥体细胞中仅有 5 对染色体。本世纪 40 年代, 对拟南芥的研究进入细胞遗传学阶段, 并成功地做了第一个诱导试验, 认为不同的诱变剂诱变频率不同, 同一诱变剂对不同的基因诱变频率亦不同。60~70 年代, 通过化学诱变和辐射诱变等手段, 创造出数百个拟南芥突变体, 并研究其非整数倍的细胞遗传, 在此基础上绘制出拟南芥的遗传连锁图谱。以上研究为 80 年代以后的分子生物学研究奠定了基础。大量研究表明, 拟南芥不仅个体小, 生育周期短, 种子量大, 突变体丰富, 还具有很小的基因组和很少的重复序列, 这些特点使得它成为植物中的果蝇、分子生物学研究的模式物种; 对其不断的深化研究, 为植物遗传育种的理论和应用研究提供了良好的材料, 因此它在植物基因工程和作物遗传改良上的重要地位也愈来愈多地受到人们的重视。

3 拟南芥的分子生物学研究

由于拟南芥具有上述特点, 故易筛选到大量诱变体, 现已获得数以百计的突变体, 常见的有: 激素缺陷或抗性突变在拟南芥的突变体中, 有一类激素缺陷或抗激素的突变体, 如 GA 缺陷型个体表现矮小, 种子无发芽力; 而 ABA 缺陷型

则伴有种子休眠力降低和不正常水平衡。另一突变体,对 2,4-D 极不敏感,其抗 2,4-D 能力较正常个体高 2 000 倍以上,该突变体以杂合体存在时植株矮小,且产生 *agr⁻ autropic* 根,而其纯合体是致死的;还有一突变体会抑制 Eth 的正常代谢等。颜色突变 这种突变会导致个体颜色的不正常,如 *Transparent testa* 等突变体,造成这种突变的原因可能是缺乏花青素;几个核基因中的一个发生突变,造成不正常的叶绿体发育;叶绿素缺失或减少引起的,如突变体 *chlorina* 的纯合个体缺乏叶绿素 b。光呼吸代谢缺陷型 自 1979 年获得光合碳氧化途径(PCO)缺陷型以来,在拟南芥中发现了 7 种 PCO 及其相关的缺陷型。经过对它们的研究,澄清了 PCO 碳氧代谢中气体交换特性、中间产物的作用、生理恶化等一些悬而未决的问题。这对合理地利用、有效地调控光呼吸、提高光合效率、增加作物产量等研究起了促进作用。

以上突变体的研究,揭示了多细胞真核生物中存在一类调控基因,其产物可以调控一系列细胞专一性的表达,从而控制发育过程这一奥秘,为回答基因是否控制着诸如形态发育等这样一种复杂过程的问题提供了理论依据,从而为形态发生与生长发育的分子生物学研究及作物遗传改良提供了大量良好的基础材料。

4 拟南芥基因的克隆

由于植物进化过程中的遗传保守性,拟南芥与其它植物的基因组间有较大的同源性。拟南芥基因组小,且许多基因是单拷贝的,较易从其中克隆出所需基因并易于对所分离出的基因进行序列分析,进而研究基因的表达和调控等。如用大麦乙醇脱氢酶基因(*AdhI*)片段与拟南芥的 DNA 杂交,分离获得了 *Adh* 基因克隆^[9],且证明拟南芥中只有一个 *Adh* 基因即单拷贝基因,该基因具有 6 个内含子,总长度 567bp,而其它植物至少有 2~3 个。拟南芥 *Adh* 基因与大麦的 *Adh I* 基因有 70% 的同源序列,二者编码的蛋白质在氨基酸组成上有 80% 以上是一致的,基因结构也十分相似。又如编码叶绿体类囊体膜上光呼吸接受体叶绿素 a/b 捕光色素蛋白的基因 *cab*,是用浮萍的 *cab* 探针与拟南芥基因文库杂交得到的,且发现拟南芥中只有 3 个 *cab*(而小麦中有 7 个,豌豆中有 8 个),这 3 个共处在一个约 6.5kb 的区域内,不含内含子,且该蛋白质不具多态性。此外,Pmitt 用编码油菜的 12s 种子贮藏蛋白的基因为探针,从拟南芥的基因文库中获得 4 个编码 12s 种子贮藏蛋白基因,其中 2 个基因密切相关,呈串联重复,约 2kb,4 个基因形成 3 个基因簇,编码同一蛋白。

利用各种植物、甚至动物的不同探针与拟南芥 cDNA 杂交,已得到了许多拟南芥基因克隆,这些基因部分已进行了 DNA 序列分析并定位在染色体上,这将有助于拟南芥优异基因向其它物种的转移和作物遗传改良工作的快速发展。

5 RFLP 图谱

利用 RFLP 技术,遗传学家于 1988 年提出了第一张拟南芥分子标记遗传连锁图谱,紧接着 1989 年提出了第二张,现已有上百个标记基因被定位于染色体上。拟南芥有 5 个连锁群,总遗传距离为 437cM,这一遗传图谱现有 40 多个 RFLPs 图,其上的标记基因正在快速加密。

6 拟南芥遗传研究的应用前景

开展此项工作不仅在理论上有助于揭示物种的进化、植物的发育、基因的表达和调控等,在实践中还可能将拟南芥的一些优异基因分离出来,再通过转基因技术转入到其它作物中,以获取重要的遗传信息,从而产生更大的经济效益。如 R. A. Teutonico(1994)利用拟南芥基因克隆与油菜 cDNA 杂交,建立了油菜 RFLP 连锁遗传图谱,并将控制简单品质性状的基因—黄籽基因、低芥酸基因和茸毛基因标记在图谱上。油菜 RFLP 与拟南芥 RFLP 比较结果表明,二者具有高度的同源性,这将有助于已知作用基因克隆的检测和油菜特殊性状的改良,为拟南芥优异基因向油菜转移奠定了基础。目前限制油菜生产发展的原因之一是蚜虫及茎蜂甲的危害,随着分子生物学研究水平的不断提高,对拟南芥的遗传学研究会更加深入,将有更多的拟南芥基因被逐一分离出来,如与抗病抗虫、干物质积累等有关的基因,进而转入到油菜等其它经济作物中,以改良其抗性,解决作物育种中通过常规手段尚无法解决的问题。

参 考 文 献

- 1 陈 璋. 拟南芥: 植物分子生物学研究的模式物种. 植物学通报. 1994, 11(1): 6~11
- 2 孟金陵. 拟南芥及其分子生物学研究. 遗传, 1995, 17(增刊): 41~45
- 3 中国科学院植物研究所. 中国高等植物图鉴(第二册). 北京: 科学出版社, 1972
- 4 樊妙姬. 拟南芥的分子遗传学研究概况. 遗传, 1992, 14(3): 40~42
- 5 Chang C, Meyerowitz E M. Molecular cloning and DNA sequence of the *Arabidopsis thaliana* alcohol dehydrogenase gene. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1986, 83: 1208~1212
- 6 Pruitt R E, Meyerowitz E M. Characterization of the genome of *Arabidopsis thaliana*. J. Mol. Biol., 1986, 187: 169~183
- 7 Teutonic R A, Osborn T C. Mapping of RFLP and qualitative trait loci in brassica rape and Comparison to the linkage maps of *B. napus*, *B. oleracea* and *Arabidopsis thaliana*, 1994, 89: 885~894

The Progress of *Arabidopsis Thaliana* and its Study

An Xianhui

(Industrial Institute, Academy of Gansu Agr. Sci., Lanzhou 730070)

Abstract *Arabidopsis thaliana* belongs to *Arabidopsis* of crucifer. There are a lot of special characters in it, for example, small body, short period of duration, high propagation coefficient. It has been called fruit fly in plants. In recent years, with the developing of the researches in molecular biology, more and more profound study is been doing in *Arabidopsis thaliana*. The results said that there are not only above showed characters in it but also abundance mutants, e. g., absencing one or more phytohormone and resistant mutants, colour mutants and unnormal photorespiration and so on. So far hundreds of mutants have been gained. A few gene sets and low frequent repeat sequence have been found in it too. This made it is easy to be modified, cloned and selected, then study the expressing and controlling, *Adh*, *cab et al.* genes was located in chromosome. Construct others crops genetic maps and mark the related genes by using the known genes, e. g., the low erucic acid. Those will be benefit transforming the high quality or special genes to another crops, solving the problem that couldn't be solved by regular ways and accelerating the process of genetic improvement in crops breeding.

Key words *Arabidopsis thaliana*; Gene