

新基因、新种质、新品种 New Gene & Germplasm

绿竹咖啡酰辅酶 A-O- 甲基转移酶基因的克隆与分析

李雪平¹ 高志民¹ 彭镇华^{2*} 岳永德¹

1 国际竹藤网络中心, 国家林业局竹藤科学与技术重点开放实验室, 北京, 100102; 2 中国林业科学研究院林业研究所, 北京, 100091

* 通讯作者, pengzh@icbr.ac.cn

摘 要 咖啡酰辅酶 A-O- 甲基转移酶 (CCoAOMT) 是木质素生物合成过程中的一个关键酶类。采用 RT-PCR 及 RACE 方法从绿竹中分离了 *CCoAOMT* 家族的一个基因, 命名为 *BoCCoAOMT1* (GenBank 注册号为 EF028662)。 *BoCCoAOMT1* 的 cDNA 全长 873 bp, 含有一个 780 bp 的读码框, 编码一个 259 aa 的蛋白, 分子量约为 29 kD。序列分析结果表明, *BoCCoAOMT1* 的编码肽链含有 *CCoAOMT* 类基因所有的保守序列元件, 与禾本科植物水稻的 CCoAOMT 类基因有着很高的一致性, 达到 90.0%。系统进化树分析表明, BoCCoAOMT1 与水稻的 CCoAOMT 亲缘关系较近。

关键词 绿竹, 咖啡酰辅酶 A-O- 甲基转移酶, 克隆, 系统进化树分析

Cloning and Characterization of *CCoAOMT* Gene from *Bambusa oldhamii*

Li Xueping¹ Gao Zhimin¹ Peng Zhenhua^{2*} Yue Yongde¹

1 International Center for Bamboo and Rattan, SFA Key Laboratory of Bamboo and Rattan Science and Technology, Beijing, 100102; 2 Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing, 100091

* Corresponding author, pengzh@icbr.ac.cn

Abstract Caffeoyl-CoA O-methyltransferase (CCoAOMT) is a key enzyme in the biosynthesis of lignin. A gene of *CCoAOMT* family was cloned by RT-PCR and RACE from *Bambusa oldhamii* and named as *BoCCoAOMT1* (GenBank accession number: EF028662). *BoCCoAOMT1*, with the cDNA length of 873 bp, contained an open reading frame of 780 bp which encoded a polypeptide of 259 amino acids with predicted molecular mass of 29 kD. The results of sequence analysis showed that the deduced polypeptide contained all the conserved sequences of *CCoAOMT* family and it was highly homologous to CCoAOMT proteins from rice with 90.0% identity. Phylogenetic tree analysis also indicated that BoCCoAOMT1 was more related to the CCoAOMT in rice.

Keywords *Bambusa oldhamii*, Caffeoyl-CoA O-methyltransferase, Clone, Phylogenetic tree analysis

木质素是植物体中仅次于纤维素的一种重要的大分子有机物质, 通常占木材干重的 15%~36% (Baucher et al., 1998), 它有利于增强植物体的机械强度和抵抗不良外界环境的能力, 但在造纸工业中, 为除去木质素所采取的一些化学处理对环境造成了极大的污染。因此, 利用生物技术手段来降低木材中的木质素含量, 培育木质素含量低的植物新品种具有潜在的应用前景。据不完全统计, 至今已在 20 余种植物中克隆出了一百多个与木质素代谢有关的基因或 cDNA, 包括 CAD、C4H、CCR、COMT、CCoAOMT、PAL、4CL 等多个类别 (Heath et al., 1998; Zhang and

Chiang, 1997; Wei et al., 2001)。其中 CCoAOMT 是植物木质素生物合成过程中一类重要的甲基转移酶, 它最早是在欧芹和萝卜中发现的 (Kuhnl et al., 1989; Pakusch et al., 1989), 后来被证实参与了 G 和 S 木质素的生物合成 (Ye et al., 1994; Guo et al., 2001)。它以咖啡酰辅酶 A 为底物, 将 S- 腺苷甲硫氨酸上的甲基基团转移到木质素单体的苯环碳 3 位置上, 形成阿魏酰辅酶 A。CCoAOMT 氨基酸序列中具有 A、B、C、D、E、F、G 共 8 个保守序列元件, 其中 A、B 和 C 元件为植物甲基化酶所共有, 而 D、E、F、G 和 H 元件是 CCoAOMT 基因家族特有的标签序列 (赵华燕等,

2004, 科学通报, 49(14): 1390-1394)。CCoA OMT 基因的功能与加固细胞壁物质的合成有关, 已有多篇报道证实反义转 CCoA OMT 基因植物中, Klason 木质素含量均有不同程度的下降, 且 G/S 比例降低 (Guo et al., 2001; Zhong et al., 1998; 2000; Meyermans et al., 2000)。

目前, CCoA OMT 的研究对象多为双子叶植物, 对单子叶植物中的发生机制了解甚少。绿竹为丛生竹类, 是我国原产的优良速生的笋材两用竹种, 也是重要的造纸用竹种之一, 以绿竹为材料进行木质素合成调节基因的研究对于应用基因工程手段来调控其木质素代谢具有重要的现实意义。因此, 本研究首次从绿竹中克隆了 CCoA OMT 基因并进行了相关分析。

1 材料与方法

1.1 植物材料和菌株

2005 年 11 月从浙江温州取回绿竹 (*Bambusa oldhamii*) 扦插苗, 长约 60 cm, 扦插在直径为 20 cm 塑料盆中, 培养介质为腐殖质土: 蛭石=7:3 的混合土, 在国际竹藤网络中心温室中于 25℃ 培养, 每天光暗培养时间为 16 h/8 h。2006 年 3 月取幼嫩叶片和茎, 经液氮速冻后于 -80℃ 冰箱中保存, 准备提取 RNA。大肠杆菌 (*Escherichia coli*) DH5α 由本实验室保存。

1.2 试剂

Trizol 试剂购自 Invitrogen 公司, 逆转录试剂盒购自 Promega 公司, 引物合成由上海生工生物工程技术服务有限公司完成, PCR 聚合酶购自 Takara 公司, RACE 试剂盒购自 Clontech 公司, 回收试剂盒购自上海申能博彩生物科技有限公司。

1.3 RNA 的提取和 cDNA 的合成

取绿竹幼嫩的叶片和茎, 用 Trizol 法提取总 RNA (Gao et al., 2006)。然后以总 RNA 为模板, 逆转录合成 cDNA。

1.4 PCR 引物的设计及基因的克隆

根据水稻 (*Oryza sativa*, AAT68024、AAT68023 和 AAT68022) 的 CCoA OMT 基因的保守序列, 利用 CODEHOP (COnsensus-DEgenerate Hybrid Oligonucleotide Primers) 程序设计简并引物, 正向引物: 5'-CGGCTACTCCCTGCTGGCNAACNGCNYT-3', 反向引物: 5'-CCCTCACCAGCTGCATCARNYKYTCR

TG-3', PCR 反应体系为: cDNA (0.04 μg/μL) 1 μL, 正向引物 (10 μmol/L) 1 μL, 反向引物 (10 μmol/L) 1 μL, dNTP (各 2.5 mmol/L) 4 μL, 2×Buffer 12.5 μL, Taq 酶 (5 U/μL) 0.25 μL, 总体积为 25 μL。反应条件: 94℃ 1 min, 55℃ 1 min, 72℃ 1 min, 共 35 个循环, 72℃ 延伸 10 min。将 PCR 产物连接到 pGEM-T Easy 载体上, 经蓝白斑筛选挑取阳性克隆, 酶切检测后测序。测序由北京六合通经贸有限公司完成。

根据测序后获得的基因片段设计 RACE 引物, 其中 5' 端 RACE 引物为 GSP1: 5'-GGAGGGAG-TAGCCGGTGTAGACGCC-3', 3' 端 RACE 引物为 GSP2: 5'-CACAAGATCGACTTCCGCGAGGGCCCC-3'。GSP1/2 与 UPM 配对的 PCR 反应的条件为: 94℃ 30 sec, 72℃ 3 min, 5 个循环; 94℃ 30 sec, 70℃ 30 sec, 72℃ 3 min, 5 个循环; 94℃ 30 sec, 68℃ 30 sec, 72℃ 3 min, 25 个循环。PCR 产物回收后连接到 pGEM-T Easy 载体上测序。得到 3' 和 5' 端的 RACE 片段后, 与经简并引物获得的片段进行拼接, 去掉重叠部分, 即是基因的全长序列。

1.5 氨基酸序列比对与系统进化树的构建

以 BoCCoA OMT1 的氨基酸序列为问询对象, 通过 BLAST 程序从 GenBank 中挑选出 6 个分别来源于水稻 (*O. sativa*, AY644636)、玉米 (*Zea mays*, AJ242981)、烟草 (*Nicotiana tabacum*, AF022775)、杨树 (*Populus tomentosa*, AF240466)、蓝桉 (*Eucalyptus globulus*, AF168780)、云杉 (*Picea abies*, AM262870) 的 CCoA OMT 基因, 将这 6 个基因与 BoCCoA OMT1 的氨基酸序列通过 DNASTAR 软件进行多序列比对。

2 结果与分析

2.1 基因克隆及序列分析

以反转录合成的绿竹 cDNA 为模板, 通过简并引物进行扩增反应, 获得了一个约 400 bp 的片段, 与预期的基因片段大小一致, 回收后与 T 载体连接进行测序, 测序结果通过 BLAST 程序在 GenBank 中进行对比, 结果表明其包含了 CCoA OMT 保守区序列, 但是 3' 和 5' 端都不完整, 需进行 RACE 反应。

根据这一片段的序列设计 3' 和 5' 端 RACE 引物, 进行 PCR 反应, 分别得到 3' 和 5' 端的 1 个片段, 都在 500 bp 左右 (图 1)。将 3' 和 5' 端 RACE 产物测序后与通过简并引物扩增获得的保守区序列进行拼接, 得到一个含有完整编码区的 cDNA 序列, 命名为 BoC-CoA OMT1, GenBank 中的注册号为 EF028662。图 2 为

目的基因片段的全长扩增产物电泳图。

BoCCoAOMT1 基因(图 3)的 cDNA 全长 873 bp, 包

含一个 780 bp 的读码框, 编码一个 259 aa 的蛋白, 分子量约为 288 kD, 推测的等电点为 5.189。

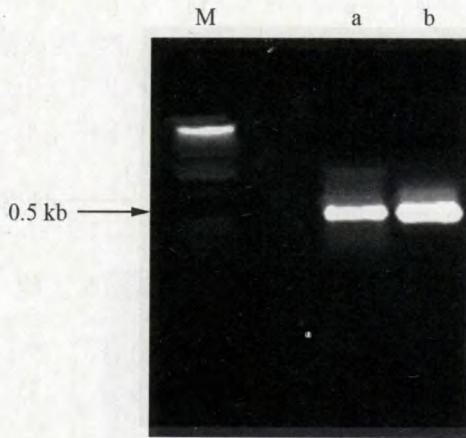


图 1 RACE 电泳分析图

Figure 1 RACE products checked by electrophoresis

Note: a: 3' RACE products checked; b: 5' RACE products checked

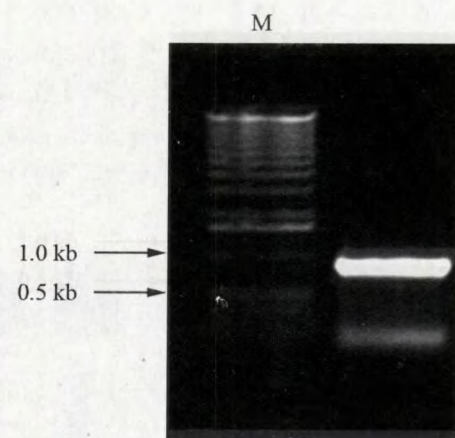


图 2 *BoCCoAOMT1* PCR 产物电泳分析图

Figure 2 PCR products of *BoCCoAOMT1* gene checked by electrophoresis

```

1          GCACCCGGATCTCGTCTCCTCGAAAACCGGCA
33  ATGGCCACCGCGACCGCCGATGCGACGACGGCGACCAAGGAGCAAACCAGCGGCGGCGGC
    M A T A T A D A T T A T K E Q T S G G G
93  GCGGAGCAGAAGACGCGCCACTCCGAGGTCGGGCACAAGAGCCTGCTCCAGAGCGACGCG
    G E Q K T R H S E V G H K S L L Q S D A
153 CTCTACCAGTACATACTGGAGACGAGCGTGTACCCGCGCGAGCACGAGTGCATGAAGGAG
    L Y Q Y I L E T S V Y P R E H E C M K E
213 CTCCGCGAGGTCACCGCCAAGCACCCATGGAACCTGATGACGACGTCGGCGGACGAGGGG
    L R E V T A K H P W N L M T T S A D E G
273 CAGTTCCTGAACATGCTGCTCAAGCTCATCGGCGCCAAGAAGACCATGGAGATCGGCGTC
    Q F L N M L L K L I G A K K T M E I G V
333 TACACCGGCTACTCCCTCCTCGCCACCGCGCTCGCCATCCCCGAGGACGGCACGATCTTG
    Y T G Y S L L A T A L A I P E D G T I L
393 GCCATGGACATCAACCGCGAGAACTACGAGCTCGGCCTGCCCTGCATCGAGAAGGCCGGC
    A M D I N R E N Y E L G L P C I E K A G
453 GTCGCCCACAAGATCGACTTCCGCGAGGGCCCCGCCCTCCCCGTCCTCGACCAGCTCCTC
    V A H K I D F R E G P A L P V L D Q L L
513 GAGGACGAGGCCAACCACGGCTCGTTGACTTTCGTCTTCGTGACGCCGACAAGGACAAC
    E D E A N H G S F D F V F V D A D K D N
573 TACCTCAACTACCACGACCGCCTGATGAAGCTGGTCAAGGTCGGCGGCCTCGTTGGCTAC
    Y L N Y H D R L M K L V K V G G L V G Y
633 GACAACACGCTCTGGAACGGCTCCGTCGTGCTCCCCGCGACGCGCCCATGCGCAAGTAC
    D N T L W N G S V V L P A D A P M R K Y
693 ATCCGCTACTACCGCGACTTCGTGCTCGAGCTCAACAAGGCCCTCGCCGCGACGAGCGC
    I R Y Y R D F V L E L N K A L A A D E R
753 GTCGAGATCTGCCAGCTCCCCGTCGGCGACGGCATACCCTCTGCCGCCGCGCCAAGTGA
    V E I C Q L P V G D G I T L C R R A K
813 ACCGTCCTCCGGCCATCTTGGTGCCTCGACGGCGCGCGGCCACCATGATGCCATCGTC
  
```

图 3 *BoCCoAOMT1* 的核酸序列及其推导出的氨基酸序列

Figure 3 Nucleotide sequence and deduced amino acid sequence of *BoCCoAOMT1*

2.2 氨基酸序列比较与系统进化树分析

应用在线 blast 软件分析结果表明,推测的 *BoC-CoAOMT1* 氨基酸序列与其它植物的 *CCoAOMT* 具有较高的相似性,其中与来源于水稻 (*O. sativa*, AY644636)、玉米 (*Zea mays*, AJ242981)、烟草 (*Nicotiana tabacum*, AF022775)、杨树 (*Populus tomentosa*, AF240466)、蓝桉 (*Eucalyptus globulus*, AF168780) 的

同类基因的氨基酸序列的相似性均在 80% 以上,而与水稻(中花 10 号)的最高,达到 90.0%。

通过 DNASTAR 软件程序的比较结果,*BoC-CoAOMT1* 的氨基酸序列含有 *CCoAOMT* 类基因的所有保守序列元件(图 4),即 A、B、C、D、E、F、G 和 H。其中 A、B、C 是植物甲基转移酶基因中普遍存在的,而 D、E、F、G 和 H 则是 *CCoAOMT* 特有的。

Consensus	H.EVGHKSLL.SD.LYQYIL.TSVYPRE.	
AJ242981	MATTATEATKTTAPAEQQANGNGNGEQKTRHSEVGHKSLLKSDDLQYQYILDTSVYPREP	60
AY644636	MAEAASAAAAAT---TEQANGSSGGEAKTRHSEVGHKSLLKSDDLQYQYILETSVYPREH	56
AE240466	-----QSQAQRHQEVGHKSLLQSDALYQYILETSVYPREP	35
AF168780	MAA-----NAEPQQTQPAKHSEVGHKSLLQSDALYQYILETSVYPREP	43
AF022775	MAE-----NG-----IKHQEVGHKSLLQSDALYQYILETSVYPREP	36
AF022775	MASTDVAAAEV-----KAQTQVEEPKVTTRHQEVGHKSLLQSDALYQYILETSVYPREP	55
EF028662	MATATADATTAT---KEQTSGG-GGEQKTRHSEVGHKSLLQSDALYQYILETSVYPREH	55
Consensus	E..KELRE.TA.HPWN.MTTSADEGQFL..L.KL..AK.TMEIGVYTGYSLL.TALA.P.	
AJ242981	ESMKELREITAKHPWNLMTTSADEGQFLNMLIKLIGAKKTMEIGVYTGYSLLATALALPE	120
AJ644636	ECMKELREVTANHPWNLMTTSADEGQFLNMLIKLIGAKKTMEIGVYTGYSLLATALAIPD	116
AF240466	ECMKELREVTAKHPWNIMTTSADEGQFLNMLIKLVNAKNTMEIGVYTGYSLLATALAIPD	95
AF168780	ESMKELREITAKHPWNLMTTSADEGQFLNMLIKLINAKNTMEIGVYTGYSLLATALALPD	103
AF022775	ESMKELREVTAKHPWNLMTTSADEGQFLNMLIKLINAKNTMEIGVYTGYSLLATALAIPD	96
AM262870	EPLKELREVTAKHPWNLMTTSADEGQFLGLIKLINAKNTMEIGVYTGYSLLSTALALPD	115
EF028662	ECMKELREVTAKHPWNLMTTSADEGQFLNMLIKLIGAKKTMEIGVYTGYSLLATALAIPD	115
	D E	
Consensus	DG.ILAM DINREN...GLP.I.KAG..HKI.F.EGPALP.LD.....HG..DF.FVD	
AJ242981	DGTILAM DINRENRENELGLPCINKAGVGHKIDFREGPALPVLDLQVADKEQHGSFDFAFVD	180
AY644636	DGTILAM DINRENRENELGLPSIEKAGVAHKIDFREGPALPVLDQLVVEEGNHGSFDFAFVD	176
AF240466	DGKILAM DINRENRENELGLPVIQKAGVAHKIDFKEGPALPVLDQMTEDCKYHGSFDFIFVD	155
AF168780	DGKILAM DINRENFEIIGLPVIEKAGLAHKIDFREGPALPLDQLVQDEKNHGTDFIFVD	163
AF022775	DGKILAM DINRENRENELGLPIIEKAGVAHKIEFREGPALPVLDQLVEDKKNHGTDFIFVD	156
AM262870	DGKILAM DINRENRENELGLPMIEKAGVAHKIDFREGPALPLDEMVKNEEMHGSFDFVFVD	175
EF028662	DGTILAM DINRENRENELGLPCIEKAGVAHKIDFREGPALPVLDQVLEDEANHGSFDFVFVD	175
	F G	
Consensus	ADKDNV.NYH.R...LV..GG...YD.TLWNGSVV.P.DAP.RKY.R.YRDFV..LN.AL	
AJ242981	ADKDNVLYNHERLLKLVKVGGLIGYDNTLWNGSVVLPDAPMRKYIRFYRDFVLAALNSAL	240
AY644636	ADKDNVLYNHERLMKLVKVGGLVGYDNTLWNGSVVLPADAPMRKYIRFYRDFVLELNKAL	236
AF240466	ADKDNVINYHKRLIELVKVGGLIGYDSTLWNGSVVAPPDAPMRKYVRYRDFVLELNKAL	215
AF168780	ADKDNVINYHKRLIDLKVGGLIGYDNTLWNGSVVAPPADAPLRKYVRYRDFVLELNKA	223
AF022775	ADKDNVINYHKRLIDLKVGGLIGYDNTLWNGSVVAPPDAPMRKYVRYRDFVLELNKAL	216
AM262870	ADKDNVLYNHRRLIDLKVGGLVGYDNTLWNGSVVAPPDAPLRKYVRYRDFVLELNKAL	235
EF028662	ADKDNVLYNHRRLMKLVKVGGLVGYDNTLWNGSVVLPADAPMRKYIRFYRDFVLELNKAL	235
	A B	
Consensus	A.D.R.EI...PVG DG.TLCRR...	
AJ242981	AADPRVEICQLPVGDGVTLCCRRV-K	264
AY644636	AADHRVEICQLPVGDGITLCCRRV-K	260
AF240466	AADPRIEICMLPVGDGITLCCRRIQ	39
AF168780	AVDPRVEICMLPVGDGITLCCRRVS	247
AF022775	AVDPRIEICMLPVGDGITLCCRRIT	240
AM262870	AADPRIEISQIPVGDGVTLCCRR-NY	259
EF028662	AADERVEICQLPVGDGITLCCRRAK.	260
	C H	

图 4 BoCCoAOMT1 与其他植物的 CCoAOMT 氨基酸序列比对分析

注: A、B、C 为植物甲基转移酶中普遍存在的保守序列元件, D、E、F、G、H 为 CCoAOMT 特有的标签序列, 图中序列依次为: 玉米(*Z. mays*, AJ242981)、水稻(*O. sativa*, AY644636)、杨树(*P. tomentosa*, AF240466)、蓝桉(*E. globulus*, AF168780)、烟草(*N. tabacum*, AF022775)、云杉(*P. abies*, AM262870)

Figure 4 Comparison of BoCCoAOMT1 with other CCoAOMT in amino acid sequence

Note: A, B and C are popular conserved sequence elements in plant methyltransferase, The sequences in figure are: maize (*Z. mays*, AJ242981), rice (*O. sativa*, AY644636), poplar (*P. tomentosa*, AF240466), tasmania bluegum (*E. globulus*, AF168780), tobacco (*N. tabacum*, AF022775), europe spruce (*P. abies*, AM262870)

系统进化树分析表明 (图 5), BoCCoAOMT1 与水稻的序列在同一个分支, 说明其与水稻中同类基因的亲缘关系最近, 其次为玉米, 而与木本植物杨树和水杉的亲缘关系则较远, 这与形态学分类结果相吻合。

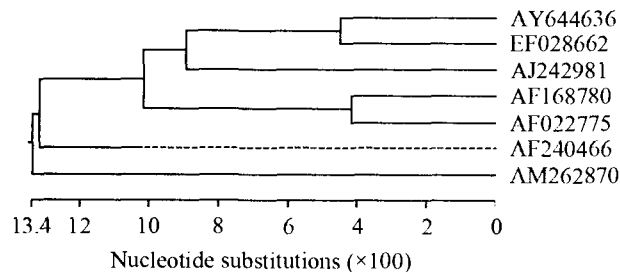


图 5 BoCCoAOMT1 编码蛋白与其它植物中 CCoAOMT 家族基因的聚类分析

注: 图中序列依次为: 玉米(*Z. mays*, AJ242981)、水稻(*O. sativa*, AY644636)、杨树(*P. tomentosa*, AF240466)、蓝桉(*E. globulus*, AF168780)、烟草(*N. tabacum*, AF022775)、云杉(*P. abies*, AM262870)

Figure 5 Phylogenetic tree of the inferred amino acid sequences of BoCCoAOMT1 with other plants

Note: The sequences in figure are: maize (*Z. mays*, AJ242981), rice (*O. sativa*, AY644636), poplar (*P. tomentosa*, AF240466), tasmania bluegum (*E. globulus*, AF168780), tobacco (*N. tabacum*, AF022775), europe spruce (*P. abies*, AM262870)

3 讨论

从基因结构来看, BoCCoAOMT1 的编码肽链不仅包含了植物甲基转移酶中普遍存在的 A、B 和 C 3 个保守序列元件, 还包含 CCoAOMT 基因家族中所特有的标签序列, 即 D、E、F、G 和 H 5 个保守序列元件, 说明 BoCCoAOMT1 具有 CCoAOMT 类基因所有的标志性特征元件, 而且这些元件之间的距离与其他同类基因没有明显差异, 推测 BoCCoAOMT1 是 CCoAOMT 基因家族的一个成员, 可能在木质素代谢中起重要作用。但其具体功能还有待于进一步的研究来确定。

在系统进化树分析中, BoCCoAOMT1 与单子叶植物水稻和玉米的同类基因亲缘关系很近, 而与双子叶植物的较远, 这同其他人的研究结果类似(赵华燕等, 2004, 科学通报, 49(14): 1390-1394), 也符合竹子在分类学中的地位。

由于木材的供需矛盾日益凸显, 用竹材造纸已经成为木材不可或缺的重要补充, 因此研究如何有效地降低竹子木质素, 提高造纸出浆效率显得越来越重要。本研究正是从调控木质素代谢的关键酶出发, 从绿竹中分离到了可能参与竹子木质素合成调控的 BoCCoAOMT1 基因, 对于研究竹子木质素的生物合成调控机理迈出了重要的第一步, 该基因的功能鉴定将是今后进一步开发利用竹子的研究工作重点。

参考文献

- Baucher M., Monties B., van Montagu M., and Boerjan W., 1998, Biosynthesis and genetic engineering of lignin., *Critical Reviews in Plant Sciences*, 12(2):125-197
- Gao Z.M., Li X.P., Li L.B., and Peng Z.H., 2006, An effective method for total RNA isolation from Bamboo, *Chinese Forestry Science and Technology*, 5(3): 52-54
- Guo D., Chen F., Inoue K., Blount J.W., and Dixon R.A., 2001, Down-regulation of caffeic acid 3-O-methyltransferase and caffeoyl CoA 3-O-methyltransferase in transgenic alfalfa *Medicago sativa*: Impacts on lignin structure and implications for the biosynthesis of G and S lignin, *Plant Cell*, 13 (1): 73-88
- Heath R., Huxley H., Stone B., and Spangenberg G., 1998, cDNA cloning and differential expression of three caffeic acid O-methyltransferase homologues from perennial ryegrass (*Lolium perenne*), *Plant Physiol.*, 153(3): 649-657
- Kuhn T., Koch U., and Heller W., 1989, Elicitor induced S-adenosyl-L-methionine. CaffeoylCoA 3-O-methyltransferase from carrot cell suspension cultures, *Plant Sci.*, 60(1): 21-25
- Meyermans H., Morrel K., Lapierre C., Pollet B., Bruyn A.D., Busson R., Herdewijn P., Devreese B., Beeumen J.V., Marita J.M., Ralph J., Chen C., Burggraeve B., Montagu M.V.,

- Messens E., and Boerjan W., 2000, Modifications in lignin and accumulation of phenolic glucosides in poplar xylem upon down-regulation of caffeoyl-coenzyme A O-methyltransferase, an enzyme involved in lignin biosynthesis, *The Journal of Biological Chemistry*, 275(47): 36899-36909
- Pakusch A.E., Kneusel R.E., and Matern U., 1989, S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-coenzyme A 3-O-methyltransferase from elicitor-treated parsley cell suspension cultures, *Arch. Biochem. Biophys.*, 271(2): 488-494
- Wei J.H., Zhao H.Y., Zhang J.Y., Liu H.R., and Song Y.R., 2001, Cloning of cDNA encoding *CCoA OMT* from *Populus tomentosa* and down-regulation of lignin content in transgenic plant expression antisense gene, *Acta Bot. Sin.*, 43(11): 1179-1183
- Ye Z.H., Kneusel R.E., Matern U., and Varner J.E., 1994, An alternative methylation pathway in lignin biosynthesis in *Zinnia*, *Plant Cell*, 6(10): 1427-1439
- Zhang X.H., and Chiang V.L., 1997, Molecular cloning of 4-coumarate: coenzyme A ligase in loblolly pine and the roles of this enzyme in the biosynthesis of lignin in compression wood, *Plant Physiol.*, 113(1): 65-74
- Zhong R., Morrison III W.H., Himmelsbach D.S., Poole II F.L., and Ye Z.H., 2000, Essential role of caffeoyl coenzyme A O-methyltransferase in lignin biosynthesis in woody poplar plants, *Plant Physiol.*, 124(2): 563-578
- Zhong R., Morrison W.H., Negrel J., and Ye Z.H., 1998, Dual methylation pathway in lignin biosynthesis, *The Plant Cell*, 10(12): 2033-2046

Molecular Plant Breeding

编著者: Y Xu, International Wheat and Maize Improvement Centre, Mexico

出版商: CABI

语言: 英语

出版方式: 硬皮封面

出版日期: 2008 年 8 月

ISBN: 9781845933920

页码: 600 页

读者对象:

植物育种和植物生物学的相关研究人员和学生。

主要内容:

近来在植物基因组学和分子生物学方面的进展对我们理解植物遗传起了革命性的推动作用, 也为高效的可控的植物育种提供了新的机会。成功的技术需要有一个对分子生物学和应用植物育种的经验的深入认识和理解。为架起生物技术发展和其在植物改良应用之间的桥梁, 《Molecular Plant Breeding》给我们提供了包含从基础理论到实际作物改良的应用包括分子标记技术, 基因作图, 遗传转化, 数量遗传和育种方法等一系列问题的总的看法和观点。

主要目录

1. Plant Breeding: from Art to Science
2. Quantitative Traits: Variance, Heritability, and Selection Index
3. Molecular Breeding Tools: Markers and Maps
4. Molecular Breeding Tools: Chips and Omics
5. Populations in Genetics and Breeding
6. Plant Genetic Resources: Management, Evaluation and Enhancement
7. Molecular Dissection of Complex Traits: Theory
8. Molecular Dissection of Complex Traits: Practice
9. Marker Assisted Selection: Theory
10. Marker Assisted Selection: Practice
11. Genotype by Environment Interaction
12. Isolation and Functional Analysis of Genes
13. Gene Transfer and Genetically Modified Plants
14. Intellectual Property Rights and Plant Variety Protection
15. Breeding Informatics and Decision Support Tools

