

# 生物信息学在菊花花发育中的研究应用

徐诗瑶

湖南农业大学生物科学技术学院 长沙 410128

**摘要:** 菊花 (*Chrysanthemum morifolium* Ramat) 作为一种重要的观赏植物, 其花发育的分子机制研究对于品种改良和花型创新具有重要意义。近年来, 生物信息学技术在菊花花发育研究中得到了广泛应用, 为人们深入理解其花发育调控网络提供了有力支持。本文聚焦于近年来菊花生物信息学的研究现状, 涵盖基因组学、蛋白质组学、代谢组学等多领域进展, 并展望未来的研究方向, 为菊花品种改良和花期调控提供了分子层面的参考。

**关键词:** 生物信息学; 菊花; 基因组学

## 1 菊花生物信息学研究现状

### 1.1 菊花基因组学研究

#### 1.1.1 基因组测序与编辑

目前, 已有多个菊花品种完成了基因组测序和组装, 为深入解析菊花基因组结构提供了基础数据。在菊花基因组测序与组装中, 生物信息学发挥着关键作用。借助高通量测序技术 (如 Illumina 和 PacBio), 研究人员可以获得大量的基因组数据, 并利用如 SPAdes、SOAPdenovo 等生物信息学工具进行数据处理与组装, 从而构建连续的基因组序列。基因编辑技术是现代育种领域中一种能够对目标基因进行稳定且精准修饰的关键技术, 从而培育出拥有特定形态、结构或功能的生物体, 甚至产生一个新的物种<sup>[1]</sup>。

近年来兴起的 CRISPR/Cas9 (CRISPR—associated9) 系统作为第三代基因编辑技术, 凭借其操作高效安全以及可同时对多个点位、多个基因进行编辑并产生突变等诸多优势, 在植物育种方面展现出巨大的应用潜力<sup>[2]</sup>。在菊花研究中, 日本学者 Kishikaboshi 等率先利用 CRISPR/Cas9 技术实现了对过表达外源黄绿色荧光蛋白基因 (YGFP) 在菊花植株中的基因编辑<sup>[3]</sup>。2018年, 中国科研团队在菊花基因编辑体系的构建方面取得了显著进展。具体而言, 李翠等学者采用农杆菌介导的叶片转化技术, 结合 CRISPR/Cas9 基因编辑工具, 针对赤霉素生物合成过程中 GA20 氧化酶基因 DgGA20ox 进行精准编辑, 成功将其沉默<sup>[4]</sup>。研究人员培育出了一个新型菊花突变体, 该突变体表现出植株矮化和茎节间显著缩短的表型特征。这一科学成果不仅拓宽了菊花遗传多样性的宝库, 同时也为科研人员深入探索菊花的生长发

育调控机理开辟了新的实验材料与研究方向。近期, 四川农业大学刘庆林研究团队采用 CRISPR/Cas9 系统, 实现了对菊花 DgTCP1 基因的定点敲除<sup>[5]</sup>。研究结果显示, 相较于野生型, DgTCP1 基因缺失的菊花突变体 (dgtcpl) 展现出耐寒性能的明显下降, 然而过表达 DgTCP1 的菊花植株, 则表现出耐寒性有所增强。该发现不仅为菊花抗低温遗传改良提供了坚实的理论基础, 而且为实际育种工作带来了宝贵的实践指导。它预示着, 通过精准调控 DgTCP1 基因的表达水平, 未来有可能培育出更加耐受低温环境的菊花新品种, 从而拓宽菊花在寒冷地区的栽培范围, 并进一步提升其在这些地区的观赏价值和园艺应用潜力。

目前, 基因编辑技术在六倍体栽培菊花中的应用尚不成熟, 主要表现为脱靶现象和基因编辑效率低等问题。为攻克这些技术难题, 中国农业大学园艺学院马超教授团队开发了紫外可见报告辅助 CRISPR/Cas9 基因编辑系统, 通过构建 35S:eYGFPuv 荧光菊花, 以 eYGFPuv 荧光为 marker 筛选基因编辑植株, 显著提高了筛选效率并剔除了嵌合体植株, 建立了高效的菊花基因编辑技术体系。此外, 一种利用不定芽体外再生提高菊属植物基因编辑效率的方法也被提出, 该方法将植物体的基因编辑效率从  $\leq 50\%$  提升至  $100\%$ 。这些研究成果为打破菊花基因组复杂结构带来的育种困境提供了新的思路和方法。未来, 随着技术的不断进步和优化, 有望在更多菊花品种中实现基因编辑, 推动菊花育种工作的深入开展<sup>[6-7]</sup>。

#### 1.1.2 基因注释与遗传变异

生物信息学在菊花基因注释与遗传变异研究中扮演着

至关重要的角色，为揭示菊花的生物学特性、遗传多样性以及分子育种提供了强有力的支持<sup>[7]</sup>。通过生物信息学工具，如 GeneScan、FGENESH 和 Augustus 等，研究人员可以对菊花基因组中的基因进行精准预测与结构分析。这些工具结合统计模型与机器学习算法，能够有效识别基因的位置与结构，并通过序列同源性比对（如 BLAST）及功能域预测（如 InterPro）实现基因功能的注释。同时，生物信息学可以用于识别和分析菊花基因组中的遗传变异，主要包括单核苷酸多态性（SNP）、序列小片段的插入或删除（InDel）和结构性变异（SV）等<sup>[8-9]</sup>。这些遗传变异是菊花多样性和适应性的基础，对育种和遗传研究具有重要意义。

### 1.2 菊花蛋白质组学研究

蛋白质组学技术能够有效分析菊花在不同生长阶段和环境条件下的蛋白质表达谱，为进一步研究其生理代谢过程提供了重要的数据支持。在蛋白质组学研究领域，其流程大致可划分为三个核心环节，即蛋白质的分离、鉴定以及后续基于质谱技术所获数据的匹配分析<sup>[10]</sup>。其中，双向电泳技术、质谱鉴定技术与生物信息学分析技术构成了蛋白质组学研究的三大关键技术支柱。近年来，随着科技的不断进步，这些关键技术呈现出快速发展的态势，尤其是生物质谱技术的突飞猛进，极大地推动了植物蛋白质组研究的进程，使其在探索植物生长发育机制、应对环境胁迫等方面的应用愈发广泛，为深入解析植物生命活动的分子基础提供了更为有力的工具和方法<sup>[11]</sup>。同时，通过分析菊花的蛋白质互作网络，可以发现新的蛋白质相互作用关系，为研究菊花的细胞生物学提供线索。

### 1.3 菊花代谢组学研究

#### 1.3.1 代谢通路分析

代谢组学为科学家提供了深入理解菊花特定代谢途径调控机制的工具。通过比较在不同生长条件或品种下采集的菊花样本的代谢物谱，研究人员能够识别出关键的代谢通路及其调控节点<sup>[12]</sup>。高通量的代谢物检测和分析进一步揭示了与品种特性相关的代谢通路，为探索菊花生长发育及抗性机制提供了重要依据。

#### 1.3.2 代谢物调控网络

菊花含有多种具有显著药用价值的次生代谢产物，如黄酮类、萜类和倍半萜内酯等（BBB）。利用高通量分析技术，如液相色谱-质谱联用（LC-MS）和气相色谱-质谱联用

（GC-MS），可以高效地鉴定并定量这些代谢物（CCC）。通过构建菊花代谢物调控网络，研究人员能够揭示新的代谢物之间的调控关系，从而为调控菊花的生长发育与抗性提供潜在的分子靶点<sup>[13]</sup>。

## 2 生物信息学在菊花基因组学的研究应用

### 2.1 菊花重要性状研究机制

菊花作为一种异花授粉植物，其基因型高度杂合，性状的遗传机制复杂多样。早期的研究主要通过调查杂交后代群体的性状分离比例，从而揭示其遗传规律。研究表明，菊花F代的性状均值趋于中间性，同时超亲分离现象较为普遍，部分性状（如花色、花型等）表现出显著的偏亲遗传特征<sup>[14]</sup>。

随着分子标记技术的持续进步，基于连锁作图的 QTL 定位（quantitative trait loci mapping）和基于连锁不平衡的全基因组关联分析（genome-wide association study, GWAS）为深入解析菊花表型性状的遗传变异规律和机制提供了有力的工具<sup>[15]</sup>。例如，通过动态 OTL 定位技术可揭示菊花耐涝性的遗传机制，为菊花耐涝性状的分子基础研究奠定了重要分子研究基础，还为培育耐涝菊花新品种提供了重要的理论依据和基因资源。

### 2.2 CmAP2 的生物信息学分析

CmAP2 通常作为生物信息学分析的研究对象。理化性质的预测结果表明，CmAP2 的分子量为 51.4 kDa，理论等电点为 7.02；不稳定系数为 43.23，超过 40，表明其为不稳定蛋白；脂肪指数为 55.81，整体亲水性平均值为 -0.695，表明其为亲水性蛋白。CmAP2 的二级结构主要由无规卷曲（54.21%）和  $\alpha$ -螺旋（21.81%）构成，其余为延伸链（18.79%）和  $\beta$ -折叠结构（5.18%）。

## 3 未来研究方向

### 3.1 基因组学与花发育调控网络

通过生物信息学工具对菊花基因组数据的深入分析，研究人员可以识别出调控花发育的关键转录因子和信号通路。南京农业大学菊花遗传与种质创新团队构建了一个交互式比较基因组学数据库，整合了基因表达调控和功能分析模块，为功能基因的挖掘与解析提供了有力支持<sup>[16]</sup>。该团队在菊花基因组中预测了 138,749 个蛋白编码基因，并揭示了这些基因在不同组织中的表达模式，为进一步研究花发育调控网络奠定了坚实的基础。

### 3.2 代谢组学数据分析

通过结合代谢组学数据和生物信息学方法,研究人员能够揭示菊花花发育过程中的代谢变化及其调控机制。北京林业大学孙明教授团队利用全长转录组与二代转录组测序技术,并结合挥发物代谢组联合分析,深入挖掘了可能参与神农香菊主要萜类化合物合成的关键酶基因<sup>[17]</sup>。该研究鉴定出了29个萜类合酶基因(CaTPSs),这些基因属于4个不同的萜类合酶子家族。研究人员成功克隆了其中5个候选基因,并通过AlphaFold 2预测了它们的三级结构,随后利用分子对接技术分析了一些酶与法尼基焦磷酸(FPP)和香叶基焦磷酸(GPP)的相互作用。

### 3.3 适应性进化

生物信息学分析为研究菊花在环境变化,特别是气候变化背景下的适应性进化提供了强有力的支持<sup>[18]</sup>。通过比较基因组学和进化分析,研究人员可以识别菊花在不同生态环境中适应性进化的机制。

### 3.4 基因编辑与功能验证

结合CRISPR/Cas9等基因编辑技术与生物信息学方法,研究人员可以进行基因功能验证以及与花发育相关基因的精准编辑。通过编辑菊花中的关键基因,研究人员能够验证这些基因在花发育中的具体功能,从而为菊花品种改良提供坚实的理论依据。

### 3.5 转录组学与蛋白质组学整合分析

转录组学与蛋白质组学数据的整合有助于科研人员全面理解菊花花发育的分子机制。通过结合两种及以上的组学研究方法,进行系统性生物样本分析。例如,整合转录组学与蛋白质组学数据,可以建立基因与蛋白质之间的关联性,从整体上揭示菊花花发育的分子机制。

## 4 结语

综上所述,生物信息学在菊花花发育的研究中具有重要的应用价值,有助于深入理解菊花的基因功能、遗传多样性和进化历史。本研究展示了生物信息学在植物发育生物学研究中的应用潜力,为菊花花发育的分子机制提供了新的视角和数据支持。未来,生物信息学将在菊花基因组学研究中发挥越来越重要的作用,其中的发现也将促进菊花的遗传改良和栽培管理优化。菊花生物信息学研究在基因组学、蛋白质组学、代谢组学等方面取得了重要进展,为深入了解菊花的遗传机制提供了有力支持。未来研究方向应注重多组合研

究、遗传育种和基因编辑技术的应用,为菊花品种改良和生物医药等领域提供更多有价值的数据和理论支持。

### 参考文献:

- [1] 苏江硕,贾棣文,王思悦,等.中国菊花遗传育种60年回顾与展望[J].园艺学报,2022,49(10):2143-2162.
- [2] 何晓玲,刘鹏程,马伯军,等.基于CRISPR/Cas9的基因编辑技术研究进展及其在植物中的应用[J].植物学报,2022,57(04):508-531.
- [3] Kishi-Kaboshi M, Aida R, Sasaki K. Generation of gene-edited *Chrysanthemum morifolium* using multicopy transgenes as targets and markers[J]. *Plant and Cell Physiology*, 2017, 58(2): 216-226.
- [4] 李翠,郝福顺,孙立荣.利用CRISPR/Cas9技术有效沉默菊花DgGA20ox基因[J].河南科技学院学报(自然科学版),2018,46(05):22-26.
- [5] Li F, Zhang H, Zhao H, et al. *Chrysanthemum Cm HSFA 4* gene positively regulates salt stress tolerance in transgenic *chrysanthemum*[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2018, 16(7): 1311-1321.
- [6] Zhu H, Li C, Gao C. Applications of CRISPR - Cas in agriculture and plant biotechnology[J]. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 2020, 21(11): 661-677.
- [7] Sasaki K, Yoshioka S, Aida R, et al. Production of petaloid phenotype in the reproductive organs of compound flowerheads by the co-suppression of class-C genes in hexaploid *Chrysanthemum morifolium*[J]. *Planta*, 2021, 253: 1-16.
- [8] 张翠.菊花遗传转化体系的优化和使用基因编辑技术建立‘神马’突变体库初探[D].山东农业大学,2021.
- [9] 陈熹,刘珍,胡磊,等.切花菊‘神马’CmAP2基因的克隆及表达分析[J/OL].分子植物育种,1-8[2025-04-07].
- [10] 白建瑞.蛋白质组学技术及其植物营养学中的应用研究[J].现代农业研究,2023,29(12):144-147.
- [11] 阮松林,马华升,王世恒,等.植物蛋白质组学研究进展——I.蛋白质组关键技术[J].遗传,2006,(11):1472-1486.
- [12] 张芳平,王云雨,程鑫涛,等.基于表观遗传学和代谢组学的野菊花活性部位抗乙型肝炎病毒整体作用分子机制研究[J].药学学报,2022,57(08):2352-2363.

- [13]Zhang D, Wang D, Xu N, et al. Proteomic analysis of the regulatory network of salt stress in *Chrysanthemum*[J]. *BMC Plant Biology*, 2025, 25(1): 357.
- [14]Li X, Bu F, Zhang M, et al. Enhancing nature's palette through the epigenetic breeding of flower color in *chrysanthemum*[J]. *New Phytologist*, 2025, 245(5): 2117–2132.
- [15]Su J, Li C, Ou X, et al. CmWAT6. 1, mined by high-density genetic map-based QTL mapping, enhances waterlogging tolerance in *chrysanthemum*[J]. *Environmental and Experimental Botany*, 2024, 219: 105612.
- [16]Cheng H, Zhang H, Song J, et al. GERDH: an interactive multi - omics database for cross - species data mining in horticultural crops[J]. *The Plant Journal*, 2023, 116(4): 1018–1029.
- [17]Zhong J, Chen Y, Shi H, et al. Identification and functional analysis of terpene synthases revealing the secrets of aroma formation in *Chrysanthemum aromaticum*[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2024, 279: 135377.
- [18]丁帅,熊勇,李正涛,等.菊花 rbcL 基因电子克隆及生物信息学、适应性进化分析 [J]. *种子*,2015,34(10):24–30. DOI:10.16590/j.cnki.1001–4705.2015.10.024.
- [19]Yao J, Li R, Cheng Y, et al. A combined transcriptomic and proteomic analysis of *chrysanthemum* provides new insights into petal senescence[J]. *Planta*, 2022, 255: 1–14.