

BGI-geführte Forschung lüftet die Geheimnisse dreier wichtiger Allium-Pflanzen und ihrer Merkmalsentwicklung

SHENZHEN, CHINA, November 10, 2023 /EINPresswire.com/ -- In der neuesten Ausgabe von Nature Genetics berichtet BGI-Research in Zusammenarbeit mit der Northwestern Polytechnical University, China, der University of Otago, Neuseeland, dem New Zealand Institute for Plant and Food Research und anderen Instituten über die bisher detailliertesten und qualitativ hochwertigsten

Genomassemblierungen von drei Allium-Arten: Zwiebel, Knoblauch und Walisische Zwiebel sowie ihrer nahen Verwandten, der Afrikanischen Lilie.

Mithilfe der räumlichen Multi-Omics-Technologie Stereo-Seq der BGI Group konnte die Studie die Entwicklung, den Stoffwechsel, die Kategorisierung der Zelltypen und die Veränderungen der Genexpression in den verschiedenen Entwicklungsstadien der Allium-Arten aufzeigen. Als Teil des Earth BioGenome Project (EBP) liefern diese Ergebnisse wichtige Erkenntnisse für das Verständnis dieser alten und wertvollen Arten und für die Verbesserung ihres Anbaus und ihrer Zucht.

Allium ist eine Gattung einkeimblättriger Blütenpflanzen, die Hunderte von Arten umfasst, darunter Zwiebel, Knoblauch, Schalotte, Lauch, Waliser Zwiebel und Schnittlauch. Die ersten Aufzeichnungen über die Verwendung von Zwiebeln als Nahrungsmittel durch den Menschen stammen aus ägyptischen Gräbern aus dem Jahr 3000 v. Chr.. Heute ist die Zwiebel nach der Tomate eines der am meisten angebauten Gemüse der Welt. Jährlich werden 100 Millionen Tonnen Trockenzwiebeln produziert.

Trotz ihrer lebenswichtigen Rolle auf dem Esstisch haben Fragen zu Allium-Arten, wie ihre Evolution und die Quelle ihres Geschmacks, die Welt jahrhundertlang vor ein Rätsel gestellt, da es keine qualitativ hochwertigen Referenzgenome gab.

nature genetics

[Explore content](#) ▾ [About the journal](#) ▾ [Publish with us](#) ▾ [Subscribe](#)

[nature](#) > [nature genetics](#) > [articles](#) > [article](#)

Article | [Published: 06 November 2023](#)

Chromosome-level genomes of three key *Allium* crops and their trait evolution

[Fei Hao](#), [Xue Liu](#), [Botong Zhou](#), [Zunzhe Tian](#), [Lina Zhou](#), [Hang Zong](#), [Jiyan Qi](#), [Juan He](#), [Yongting Zhang](#), [Peng Zeng](#), [Qiong Li](#), [Kai Wang](#), [Keke Xia](#), [Xing Guo](#), [Li Li](#), [Wenwen Shao](#), [Bohan Zhang](#), [Shengkang Li](#), [Haifeng Yang](#), [Linchong Hui](#), [Wei Chen](#), [Lixin Peng](#), [Feipeng Liu](#), [Zi-Qiang Rong](#), [Yingmei Peng](#), [Wenbo Zhu](#), [John A. McCallum](#), [Zhen Li](#), [Xun Xu](#) , [Hui Yang](#) , [Richard C. Macknight](#) , [Wen Wang](#)  & [Jing Cai](#) 

[— Show fewer authors](#)

[Nature Genetics](#) (2023) | [Cite this article](#)

Die Studie 'Chromosomal-level genomes of three key Allium crops and their trait evolution' wurde in Nature Genetics veröffentlicht.

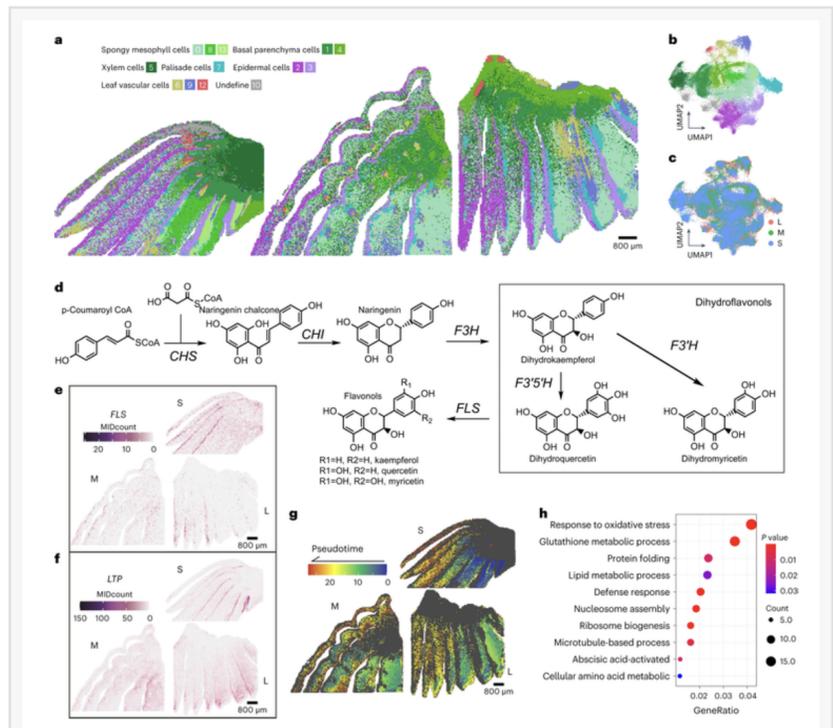
In dieser Forschungsarbeit haben Wissenschaftler die bisher vollständigsten und qualitativ hochwertigsten Genome für Zwiebel, Knoblauch, Walisische Zwiebel und Afrikanische Lilie zusammengestellt. Die contig N50-Größen der drei Allium-Arten (Zwiebel, Knoblauch und Walisische Zwiebel) waren nicht nur die höchsten unter den kürzlich veröffentlichten Allium-Assemblierungen, sondern auch die höchsten für Pflanzen mit großen Genomen.

N50-Statistiken werden häufig verwendet, um die Qualität oder "Vollständigkeit" eines Genomarrays in Bezug auf die Kontiguität zu beschreiben. Ein Contig ist ein Satz von DNA-Segmenten, die sich so überlappen, dass sie eine zusammenhängende Darstellung einer genomischen Region ergeben. Für einen Satz von Contigs ist N50 definiert als die Sequenzlänge des kürzesten Contigs bei 50 % der Gesamtlänge des Arrays. Ein höherer N50-Wert zeigt an, dass die Genomassemblierung näher am ursprünglichen Genom liegt.

Die Stereoseq-Technologie spielte in dieser Studie eine entscheidende Rolle, da sie die Analyse der räumlich-zeitlichen Transkriptome der Zwiebelknollen ermöglichte. Diese Analyse zeigte unter anderem Variationen und Ähnlichkeiten in den Expressionsmustern von Genen, die mit der Flavonoidsynthese in verschiedenen Zelltypen in Verbindung stehen.

Das Forschungsteam wählte Zwiebeln im frühen, mittleren und reifen Wachstumsstadium aus und führte Stereo-Sequenzierung an Proben aus der Zwiebelbasis durch. Zwiebeln sind zweijährige Pflanzen mit großen Speicherorganen, die den Winter überdauern. Diese Zwiebeln beherbergen eine Vielzahl von Sekundärmetaboliten, darunter Flavonoide wie Quercetin, ein bekanntes Flavonoid in Zwiebeln, das für seine antioxidativen Eigenschaften und seine Krankheitsresistenz bekannt ist.

In früheren Studien wurde eine Gruppe von Genen identifiziert, die für die Synthese von Flavonoiden in Zwiebelknollen verantwortlich sind. Die Stereo-Seq-Ergebnisse dieser Studie zeigen, dass diese Gene, mit Ausnahme eines Gens, in den Epidermiszellen mitexprimiert werden. Dies deutet darauf hin, dass die Epidermiszellen in Zwiebelknollen der primäre Ort der



Die Stereoseq-Technologie enthüllt die räumliche Verteilung der Genexpression bei Stoffwechselprozessen und der Bildung von Zwiebelknollen.

Flavonoidsynthese sind, was darauf schließen lässt, dass sie die Hauptquelle für Flavonoide in Zwiebelknollen darstellen.

Darüber hinaus zeigte die Zwiebelepidermis eine hohe Expressionsrate einer spezifischen Genfamilie, die an der Bildung des Zwiebelwachses beteiligt ist, einer hautähnlichen Schicht, die das darunter liegende empfindliche Gewebe vor schädlichen Viren und Pilzen schützt. Diese Ergebnisse liefern wichtige Erkenntnisse für die zukünftige Forschung zur Schädlingsbekämpfung bei Zwiebeln und für die Entwicklung schädlingsresistenter Zwiebelsorten.

Die Forscher untersuchten auch den Prozess der Zwiebelbildung, eine gut organisierte räumlich-zeitliche Veränderung in der Zellentwicklung. Auf der Grundlage der räumlichen Transkriptomanalyse und früherer Studien scheint die Zwiebelbildung mehrere zelluläre Prozesse zu umfassen. Während der Zwiebelentwicklung folgten die schwammartigen Mesophyllzellen, eine locker angeordnete Zellschicht in den inneren Regionen der Zwiebelschichten, die für den Gasaustausch und die Regulierung des Gasflusses verantwortlich sind, einem kontinuierlichen Pfad der Zellbildung von der inneren zur äußeren Schicht und von der Basis zur Spitze. Die Ausdehnung der Schwamm-Mesophyllzellen erfolgte in jeder Zwiebelschicht vom äußeren zum inneren Rand, was darauf hindeutet, dass die innersten Zellen früher mit der Ausdehnung begannen und dann durch die spätere Ausdehnung der Zellen in der Nähe des äußeren Randes weiter nach innen gedrückt wurden.

"Basierend auf der hochauflösenden Stereo-Sequenziertechnologie bieten unsere Daten neue Einblicke in die Entwicklung und den Stoffwechsel der Zwiebelknolle, sogar auf der subzellulären Nanoskala, mit einer 100-fach höheren Auflösung als die bisherige räumliche Technologie", sagte Dr. Xu Xun, Direktor des BGI-Research. "Vor dem Hintergrund des weltweit zunehmenden Verlusts an Biodiversität unterstreicht diese Studie den großen Wert der Nutzung hochpräziser Genomdaten für die genetische Analyse und die Erforschung von Biodiversitätsressourcen."

Forschungsartikel lesen: <https://bit.ly/4707SrG>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/667354519>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire,

Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2023 Newsmatics Inc. All Right Reserved.