

西瓜 *CISR54* 基因调控株高的网络解析

邓琳, 段世享, 郭姚淼, 刘亚辰, 豆峻岭, 牛欢欢, 杨路明, 朱华玉

(河南农业大学园艺学院 郑州 450046)

摘要: 为解析西瓜 *CISR54* 基因调控株高的调控网络, 丰富和深化瓜类作物矮化形成的理论基础, 利用以 YL 为背景敲除 *CISR54* 基因获得的转基因材料 CR-*CISR54* 以及野生材料 YL 的主蔓进行表型鉴定(株高、节间数和节间长度)、细胞学观察(细胞面积、细胞数目)和转录组分析(PCA 分析、差异表达基因的筛选、GO 富集分析和 KEGG 富集分析)。结果表明, 通过表型观察发现 CR-*CISR54* 的节间长度显著变短, 株高显著下降; 茎的纵切细胞数量显著增多, 面积显著变小; 转录组测序分析结果显示, 两材料之间存在 1030 个差异表达基因, 其中上调基因 857 个, 下调基因 173 个, 包含多个与植物激素合成、代谢和信号转导等通路有关的重要基因。综上所述, *CISR54* 可能是通过多种植物激素相关基因协同调控西瓜株高, 丰富了西瓜株高的分子调控网络, 并为瓜类作物株型育种提供了理论基础。

关键词: 西瓜; 株高; 转录组分析; 激素

中图分类号: S651

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2026)04-019-09

Network analysis of watermelon *CISR54* gene regulating plant height

DENG Lin, DUAN Shixiang, GUO Yaomiao, LIU Yachen, DOU Junling, NIU Huanhuan, YANG Luming, ZHU Huayu

(College of Horticulture, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450046, Henan, China)

Abstract: To elucidate the regulatory network of the *CISR54* gene in plant height regulation in watermelon, and to enrich and deepen the theoretical foundation in cucurbit crops, a comparative study was conducted using the transgenic material CR-*CISR54* generated by knocking out *CISR54* in the YL background and the wild-type YL plants. Phenotypic characterization of the main stem (plant height, internode number, and internode length), cytological observations (cell area and cell number), and transcriptomic analyses (PCA analysis, identification of differentially expressed genes, GO enrichment analysis, and KEGG enrichment analysis) were performed. The results showed that phenotypic observation revealed significantly shortened internode length and markedly reduced plant height in CR-*CISR54*. Longitudinal sections of the stem showed significantly increased number of cells and significantly reduced cell area. Transcriptomic sequencing analysis identified 1030 differentially expressed genes between the two materials, including 857 up-regulated genes and 173 down-regulated genes, among which were several important genes associated with pathways related to plant hormone biosynthesis, metabolism, and signal transduction. In conclusion, *CISR54* likely regulates watermelon plant height through the coordinated action of multiple plant hormone-related genes, thereby enriching the molecular regulatory network of plant height in watermelon and providing a theoretical basis for plant architecture breeding in cucurbit crops.

Key words: Watermelon; Plant height; Transcriptome analysis; Hormone

西瓜 (*Citrullus lanatus*) 原产于非洲, 作为世界十大水果之一, 距今已有 5000 年的栽培历史^[1]。我国是世界上最大的西瓜生产国, 每年西瓜产量约占世界西瓜产量的 60%。西瓜在我国果蔬生产和消费中占据重要地位^[2]。西瓜果实汁水充足、味道清

甜, 含有丰富的维生素与矿物质, 是人们夏季消暑解渴的热门选择^[3]。株高是影响产量的重要农艺性状之一, 决定株高的关键因素是节间长度^[4]。矮化植株株型紧凑、光能利用率高, 可实现密植以提高土地利用效率^[5]。目前, 生产中西瓜品种以长蔓为主, 其

收稿日期: 2025-12-01; 修回日期: 2026-01-10

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(3217180560); 国家自然科学基金(32202514)

作者简介: 邓琳, 女, 在读硕士研究生, 研究方向为瓜类作物优异基因挖掘与利用。E-mail: denglin@163.com

通信作者: 朱华玉, 女, 教授, 研究方向为瓜类作物优异基因挖掘与利用。E-mail: hyzhu@henau.edu.cn

茎蔓较长,互相遮挡,一方面导致光照不充足,使光合作用降低;另一方面不容易透风,容易导致病虫害的发生和蔓延,会大大降低果实的品质以及产量。而矮化品种在栽培过程中可以提高种植密度,增加单位面积产量^[6-8]。因此,西瓜矮化机制的深入研究对实现株型改良与生产效益提升具有重要意义。

目前,许多作物中都发现了矮化突变体,且这些矮化突变体已广泛应用于作物育种中^[9]。在大田作物中,1960年至1980年“绿色革命”期间推广矮化和半矮化品种,是通过改良株高明显提高作物抗倒伏能力和产量的典型案例^[10]。Cheng等^[11]在水稻中发现隐性基因*sd1*,当2个亲本携带相同的隐性基因时,杂交F₁代株高降低,抗倒伏能力增强^[12],且对其他重要农艺性状几乎无影响。在玉米中报道的矮化基因有*D1*、*D8-1023*、*D3*、*nal*、*br2*等^[13-16]。其中,*br2*基因的突变导致玉米植株矮化,茎秆变得更加粗壮,提高了抗倒伏能力^[14]。因此,大田作物育种家在育种中多选择半矮化突变体,其抗倒伏性强,适合机械化收割^[17-18]。

在园艺作物西瓜中,张瑛等^[19]利用辐射诱变获得了短蔓株系SV-1,其株型紧凑,叶片与花器官发育正常,育性正常,坐果率高,且果实中心可溶性固形物含量更高,可直接用于培育优质短蔓西瓜品种。在西瓜中还定位出许多矮化基因,例如*Cldw-1*基因编码1个ABCB转运蛋白^[20];短蔓基因*dsh*编码1个GA20-氧化酶类蛋白,该突变体植株具有果实小、节间短的特点^[21]; *Cldf*基因编码赤霉素3 β -羟化酶的GA3ox同源物,其矮化表型能够通过外施赤霉素GA₃恢复^[22]。虽然在西瓜中已经鉴定和定位到多个矮化基因,但是对于矮化形成的分子作用机制和调控网络的报道较少。

随着育种家对矮化基因的克隆及功能的深入研究,人们发现植株矮化受到多种因素的影响,除了受外部环境的影响外,矮化的主要原因是不同激素的合成或信号转导受阻。包括赤霉素(GA)、油菜素类固醇(BRs)、生长素、乙烯、茉莉酸(JA)、独脚金内酯(SL)和细胞分裂素等^[23-26]。在小麦中,*VRN1*基因通过直接激活赤霉素生物合成途径协同调控抽穗期和株高^[27]。在水稻中,Tong等^[28]发现*DLT*基因,该基因编码GRAS家族成员,在油菜素内酯信号通路中发挥正向调控作用,基因突变后表现为植株半矮化、分蘖减少、叶片直立、倒二节间缩短以及茎秆细胞长度减少。水稻*ccd7*突变体表型为分蘖增加、株高变矮,且表型可通过喷施SL类似物恢复^[29]。

在甜瓜中,ERECTA家族基因*CmSI*通过生长素信号转导调控甜瓜茎伸长,可直接影响生长素的极性转运^[30]。植物的生命活动是复杂多样的,需要多基因、多激素共同发挥作用,而株高调控正是这一复杂性的典型体现。因此,需进一步深入研究其内部基因或激素间的协同或拮抗关系,进而阐明调控株高的分子机制,丰富作物株型调控理论体系^[31]。

笔者前期在西瓜EMS突变体库中筛选到1个叶片颜色黄化、株高变矮的突变体PKH352,遗传分析表明该性状由同1对隐性基因控制,命名为*Chygp*,通过构建F₂群体结合亲本重测序,最终确定其候选基因为*CISRP54*基因^[32]。利用CRISPR/Cas9系统在野生型材料YL中敲除*CISRP54*基因,获得了2个具有不同编辑基因型的纯合敲除系CR-CISRP54-1和CR-CISRP54-2,发现基因编辑植株表现出与突变体表型一致的叶片黄化和植株矮化表型。笔者利用CR-CISRP54-2家系和YL进行表型观察与转录组分析,探究西瓜*CISRP54*基因对株高的调控网络,为瓜类作物株型改良提供新的理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试西瓜材料为转基因材料CR-CISRP54和野生型材料YL,均由河南农业大学园艺学院瓜类种质遗传改良与分子育种实验室提供。

1.2 方法

1.2.1 材料种植 试验时间为2025年8—10月;将材料种子播种在50孔的穴盘中进行育苗,待幼苗长至3叶1心时定植在河南农业大学毛庄科教园区塑料大棚中。所有存活的材料(8株YL、7株CR-CISRP54)均采用随机区组的方式进行定植,栽培方式为起垄栽培,每垄2行,行距1.6 m,株距0.5 m。后续按照吊蔓西瓜栽培管理方式进行统一管理,需要定期吊蔓(单蔓整枝)、修剪枝、冲肥。

1.2.2 转基因植株表型观察 对CR-CISRP54和YL的植株进行表型观察,对塑料大棚中定植45 d的植株进行拍照,并对45 d长势一致的4株植株利用卷尺及游标卡尺测量植株高度、所有节间数量以及节间长度,并进行记录。

1.2.3 茎部细胞学观察 在CR-CISRP54和YL株高差异最显著(45 d)时,选取两植株主蔓由上至下第6节的茎段,将其切割成1.5 cm左右的圆柱体样品,放入配置好的FAA固定溶液^[33]以保持细胞形态结

构。同时对样本真空处理 2 h 左右,使固定液完全渗透样品。将样品送至科学指南针有限公司进行包埋、切片、染色等一系列步骤制作石蜡切片,最后使用 Olympus-BX53 型光学显微镜对石蜡切片进行拍照,并统计单位面积(1 mm²)内的细胞数和平均细胞面积。

1.2.4 转录组测序与分析 选取定植 20 d 的 CR-CISRP54 和 YL 植株主蔓同一节间茎(由上至下第 2 节间为测序样本),采样后立即用锡箔纸包裹,然后立即放入液氮中。为了确保转录组数据结果的准确性与可靠性,每组样本材料进行 3 次生物学重复,2 组样本共 6 个样品。使用经灭菌的研钵和研杵将 6 个样品充分研磨成粉末,装入无 RNA 酶离心管中,提取 RNA,构建测序文库。

利用 Illumina HiSeq 第二代测序平台进行转录组测序。测序完成后,利用 Trim Galore 去除原始测

序数据中的接头,并进行过滤与质量控制。使用 Hisat2 将测序数据比对到 G42 参考基因组,并通过 Feature Counts 软件对全基因组基因表达水平进行统计。基于 R 语言进行主成分分析(PCA),利用 DESeq2 包开展样品组间差异表达分析,以 $|\log_2(\text{FoldChange})| > 1$ & $P_{adj} < 0.05$ 作为显著性筛选标准,获得差异表达基因。同时计算 FPKM 和 TPM 值以评估基因表达水平。

为验证转录组数据的准确性与可靠性,根据 GO 和 KEGG 通路富集分析结果,对调控株高和激素信号转导、合成、响应密切相关的差异表达基因进行了 qRT-PCR 试验验证。每组设置 3 个生物学和技术重复,并使用 2^{-ΔΔCT} 方法分析数据。利用 NCBI web(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)设计 qRT-PCR 引物(表 1)。

表 1 用于 qRT-PCR 试验的引物
Table 1 Primers used for qRT-PCR

基因号 Gene ID	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer
CIG42_09g0065300	TGGCTGGGAGTAATGAAGTCAA	TGAAGGTTCCATCGGCACG
CIG42_07g0013000	CGAAACCTTGGCCAAACAA	GGAGGGTCTACTACGTTGC
CIG42_07g0129500	CGGAGGAAGCAGGTGGTG	TCACTATTCTCAGTCTCTTGCAT
CIG42_07g0145600	TGGAACCAACAATCGCCAGA	CTTGGTATGGGGCTCTTGCT
CIG42_03g0153600	CTTCCGATGGCTCGTAAAGC	CTTTGGTACGGCGCTCTCAG
CIG42_06g0007300	GGTCACACTATGATGTGGGCA	ACCTTTTTGCCAGGAGGTC
CIG42_07g0117700	GCCTCCAACCTCACTCTCTTA	GAAATCAGAACGATGATCGGC
CIG42_11g0052700	GGAGACGTCGAAAAGTCACA	CAGTCGCTACCAGCAGCATA
CIG42_10g0220200	TCATTGCCAGAAGGAGGCTAAA	CCGACCAGACGGTGGAGAT

1.3 数据分析

利用 Microsoft Excel 2016 统计各性状数据,计算各性状的最大值、最小值、平均值、标准差并进行差异显著性分析。利用 Microsoft Excel 2016 计算 qRT-PCR 结果。使用 TBtools 软件对常见差异表达基因进行 GO 和 KEGG 功能富集分析;火山图、差异表达基因的热图、GO 和 KEGG 富集结果都可通过在线网站微生信(<https://www.bioinformatics.com.cn/>)进行可视化。

2 结果与分析

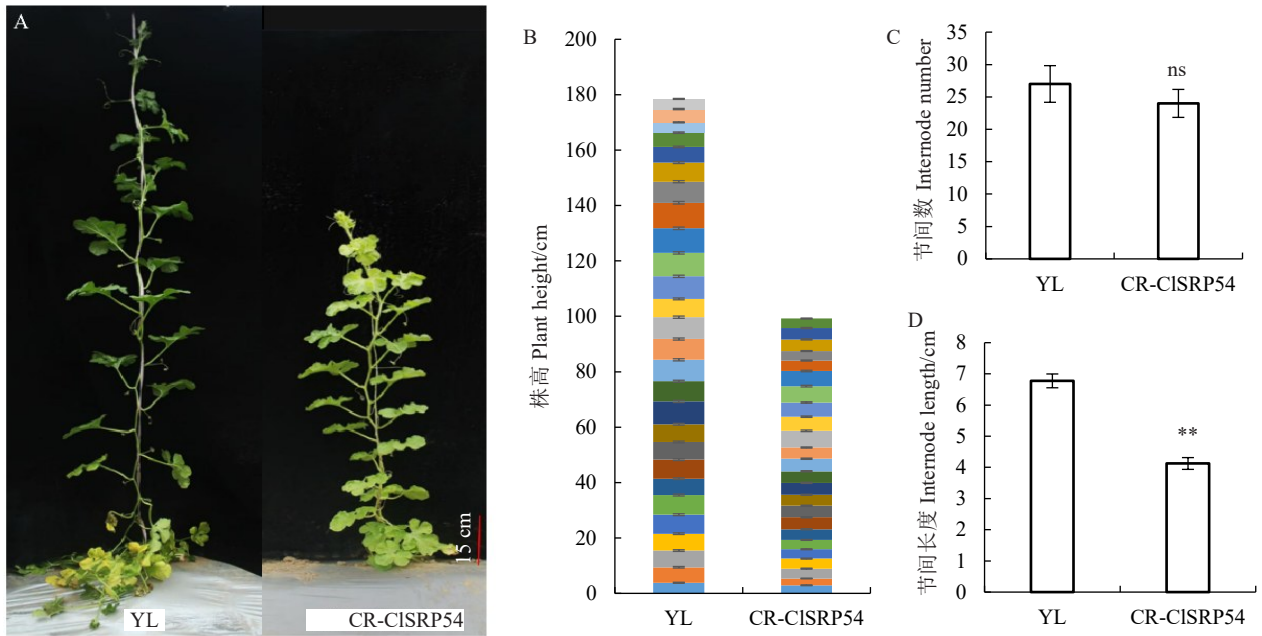
2.1 转基因植株表型观察

田间表型观察发现,转基因材料 CR-CISRP54 与野生型材料 YL 的株高在整个生长周期内始终差异明显。在定植 45 d 后,对 2 份材料的株高、节间数以及节间长度进行精准测量(图 1)。结果表明,

YL 株高范围在 164~188 cm,平均株高为(175.83±9.956) cm(图 1-B、表 2),平均节间长度为 6.775 cm(图 1-D),平均节间数为 27 个(图 1-C);而 CR-CISRP54 株高在 86~111 cm,平均株高为(98.33±10.435) cm,比野生型显著下降 44%(图 1-B、表 2),平均节间长度为 4.125 cm,是野生型的 61%(图 1-D),差异极显著;平均节间数为 24 个(图 1-C),与野生型没有显著差异。以上结果表明,与 YL 相比,CR-CISRP54 株高显著降低,节间长度极显著变短,节间数没有明显变化。因此,*CISRP54* 基因通过影响节间长度调控株高。

2.2 细胞学观察

为了进一步探究 CR-CISRP54 株高降低的细胞学原因,对转基因材料 CR-CISRP54 与野生材料 YL 植株主蔓由上至下第 6 节间进行细胞学观察(图 2-A~B)。通过对 2 份材料石蜡切片进行纵切细胞观察,结果表明,在单位面积(1 mm²)内,YL 的细



注:A. 定植 45 d 后 CR-CISRP54 与 YL 的植株形态;B. CR-CISRP54 与 YL 定植 45 d 的株高,每个单位矩形表示不同节间茎的节间长度;C. CR-CISRP54 与 YL 定植 45 d 的节间数;D. CR-CISRP54 与 YL 定植 45 d 的平均节间长度。ns 表示差异不显著;**表示在 0.01 水平差异极显著。

Note: A. Plant morphology of CR-CISRP54 and YL at 45 days after transplantation; B. Plant height of CR-CISRP54 and YL at 45 days after transplantation, where each rectangular unit represents the internode length of stems at different internodes; C. Number of internodes of CR-CISRP54 and YL at 40 days after transplantation; D. Internode length of different internodes of CR-CISRP54 and YL at 45 days after transplantation. ns indicates no significant difference; ** indicates extremely significant difference at 0.01 level.

图 1 CR-CISRP54 与 YL 植株表型观察

Fig. 1 Phenotypic observation of CR-CISRP54 and YL plants

表 2 CR-CISRP54 与 YL 株高的比较
Table 2 Comparison of plant height between CR-CISRP54 and YL lines

材料名称 Material name	株高 Plant height /cm
YL	175.83±9.956 a
CR-CISRP54	98.33±10.435 b

注:同列数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences at 0.05 level.

胞数目为 64 个,而 CR-CISRP54 的细胞数目有 133 个,是 YL 的 2.08 倍,差异极显著(图 2-C);同时,YL 平均细胞面积为 11 314.28 μm^2 ,与之相比,CR-CISRP54 平均细胞面积为 3 915.62 μm^2 ,为 YL 的 34.61%,差异极显著(图 2-D)。说明了转基因植株 CR-CISRP54 植株矮化可能是由节间内细胞变小导致的。

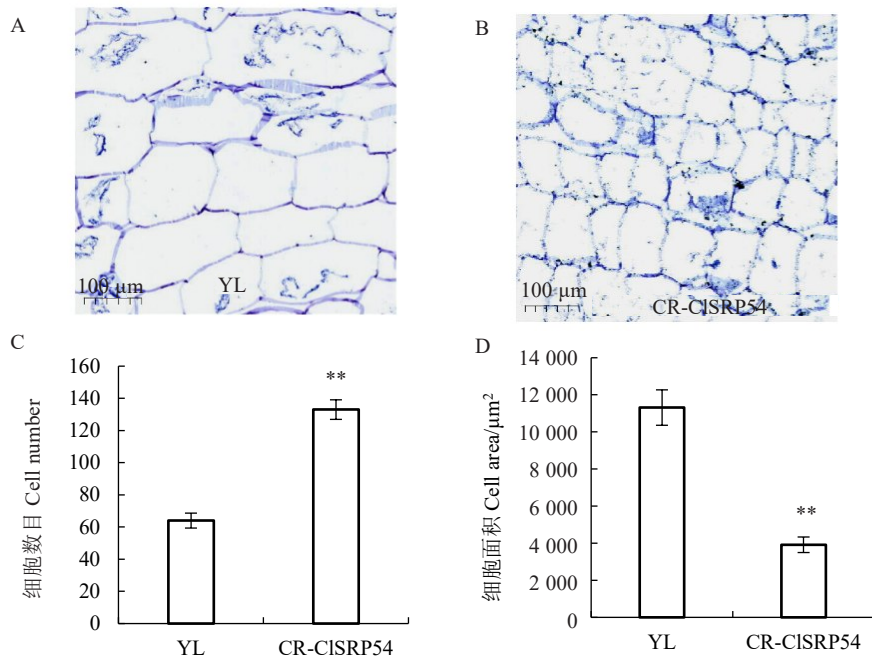
2.3 转录组测序分析

2.3.1 样品相关性分析和差异表达基因筛选 为深入了解 *CISRP54* 基因对株高的调控网络,选取转基因材料 CR-CISRP54 与野生材料 YL 植株主蔓由上至下第 2 节间的茎进行转录组分析。对测出的

转录组数据进行整理,为了解各组重复样品之间的相关性,对 6 个样本进行主成分分析(PCA)的结果表明,各组内的 3 个生物学重复在主成分空间中呈现明显的聚类趋势,而不同组别之间则表现出显著分离。这反映出组内重复间具有较显著的相关性,且组间差异足以明确区分,说明数据质量良好,适合进行后续分析(图 3-A)。

将转录组数据与西瓜 G42 参考基因组对比,获得各个样品基因的表达水平,以 $|\log_2(\text{FoldChange})| > 1$ & $P_{\text{adj}} < 0.05$ 为标准,对 CR-CISRP54 和 YL 样品间的差异表达基因进行筛选,在 CR-CISRP54 组和 YL 组之间共筛选到 1030 个差异表达基因,其中包含 857 个上调基因,173 个下调基因(图 3-B)。

2.3.2 差异表达基因 GO 富集和 KEGG 富集分析 为进一步解析 *CISRP54* 基因参与调控株高的作用通路,对在 CR-CISRP54 与 YL 之间筛选到的 1030 个差异表达基因进行 GO 富集分析。结果表明,差异表达基因主要在分子功能(molecular function)、生物过程(biological process)和细胞组分(cellular component)中显著富集。差异表达基因在分子功能



注:A~B. 野生材料 YL 与转基因材料 CR-CISR54 茎纵切石蜡切片;C. 单位面积下两材料的细胞数量;D. 相同视野下两材料的平均细胞面积;**表示在 0.01 水平差异极显著。

Note: A-B. Longitudinal paraffin sections of stems from wild-type material YL and transgenic material CR-CISR54; C. Number of cells per unit area of the two materials; D. Average cell area of the two materials under the same field of view; ** indicates extremely significant difference at 0.01 level.

图 2 CR-CISR54 与 YL 两材料相同节位的细胞学观察

Fig. 2 Cytological observation of CR-CISR54 and YL at the same internode position

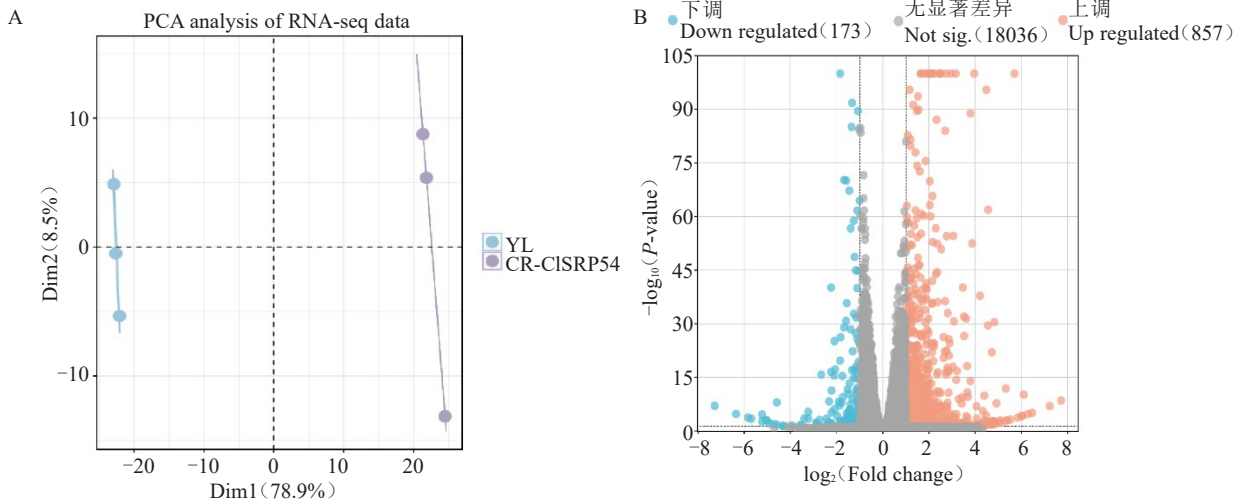


图 3 转录组样品 PCA 分析和差异基因分析

Fig. 3 PCA analysis of transcriptome samples and differential gene analysis

中富集在转录调控因子活性(GO:0140110)、阳离子跨膜转运蛋白活性(GO:0008324)、β-葡萄糖苷酶活性(GO:0008422)等方面;细胞组分中富集在膜(GO:0016020)、植物型细胞壁(GO:0009505)、质膜(GO:0005886)等方面;生物过程主要富集在对激素的响应(GO:0009725)、对生长素的响应(GO:0009733)、对赤霉素的响应(GO:0009739)、对茉莉

酸的响应(GO:0009753)、激素生物合成过程(GO:0042446)、激素水平的调控(GO:0010817)、激素生物合成过程调控(GO:0046885)、激素代谢过程(GO:0042445)等方面(图 4-A)。以上结果表明,与激素响应途径、激素代谢途径以及激素合成途径等相关基因发生显著变化, *CISR54* 基因可能是通过参与激素响应、代谢和合成有关通路共同作用

调控株高。

为进一步分析 *CISRP54* 基因参与的通路,对差异表达基因进行 KEGG 分析,KEGG 分析主要富集在植物激素信号转导、植物 MAPK 信号通路、油菜素内酯生物合成、信号转导、氨基酸代谢等通路(图 4-B)。表明 *CISRP54* 基因可能通过激素信号通路、氨基酸代谢等多方面协同作用调控,影响植株体内激素水平,导致株高降低。

2.3.3 激素通路差异基因分析 有研究表明,大多数矮化基因与激素的合成、代谢、信号转导途径相关,许多植物激素,如生长素、赤霉素、油菜素内酯等在调控植株高度上发挥着重要作用。而在 CR-*CISRP54* 与 YL 的转录组数据中有许多与调控株高和激素信号转导、合成、响应或者代谢密切相关的差异表达基因,例如:生长素信号转导基因 *IAA11*、*IAA19*、*IAA29*、*SAUR53*;赤霉素生物合成基

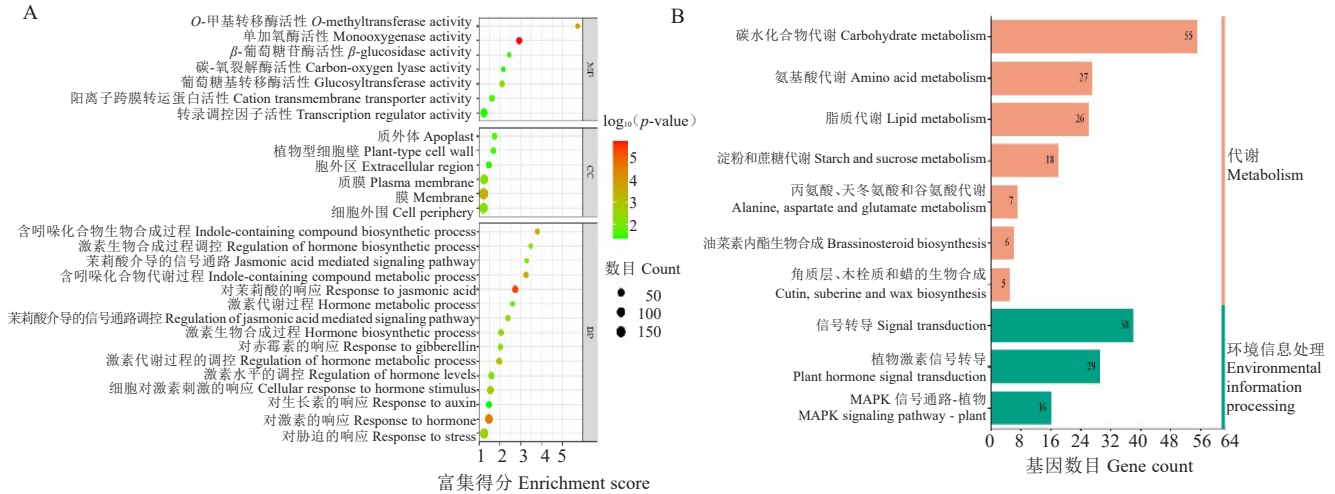


图 4 差异表达基因 GO 富集和 KEGG 富集分析

Fig. 4 GO enrichment analysis and KEGG enrichment analysis of differentially expressed genes

因 *GA20OX2*、*KAO2*;赤霉素受体基因 *GID1B*;脱落酸受体基因 *PYL2*、*PYL4*;茉莉酸信号转导基因 *JAZ1*、*JAZ6*、*JAZ10*、*bHLH14* 等(图 5)。为了验证转录组数据的准确性,随机挑选了其中 9 个基因 *IAA11*、*JAZ10*、*SAUR53*、*PYL4*、*JAZ6*、*IAA19*、*KAO2*、*GID1B*、*JAZ1* 进行 qRT-PCR 验证,结果显示与转录组数据中的趋势一致(图 6)。因此推测,可能是与多种激素相关基因协同调控,造成 CR-*CISRP54* 植株的内源激素水平发生了变化,从而导致株高降低。

3 讨论与结论

合理株型是高产品种的生育基础,而矮化是理想株型性状的一个重要方面。在棉花中, Yan 等^[34]通过异源过表达 *EPSPS* 基因获得了转基因植株 *DHR1*,其节间数没有变化,各个节间长度显著缩短,导致株高显著降低,但转基因植株 *DHR1* 的棉铃发育、种子发育和纤维品质等其他农艺性状都没有受到影响;在大麦中, Jiang 等^[35]利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术敲除大麦中的 *HvGS3*,突变体 *hvs3* 株高降低,经分析发现株高降低是由于茎节间细胞变小,且突变植株倒二节的抗倒伏指数提

高,同时维管束数量、机械组织厚度均高于野生型,增强了茎秆的机械强度。本研究前期利用 CRISPR/Cas9 转基因技术对西瓜中 *CISRP54* 基因进行敲除,进一步通过对转基因植株表型进行观察,发现株高显著降低,其节间长度变短、节间数目不变。为了深入了解株高降低的具体原因,对茎纵切细胞进行细胞学观察,茎纵切细胞面积显著下降,推测导致株高降低的直接原因是 CR-*CISRP54* 茎纵切细胞变小。随着育种家们的深入研究,发现大多数植株矮化都是细胞变小导致的。在水稻中,*SDT* 突变植株高度降低、分蘖数量增加,这不仅优化了水稻株型结构,还能提高产量和收获指数^[36];在小麦中, *TaERF-A1* 基因可正向调控小麦株高和穗长,可显著提高小麦的抗倒伏能力,特别是在密植条件下,表现出非常好的稳产性^[37];在番茄中,通过遗传改良获得的番茄矮化植株,茎秆粗短、叶片形态发生改变,有利于设施栽培中对空间的优化^[38]。在本研究中,CR-*CISRP54* 基因编辑植株虽株高降低,但也具备其他优势,一方面,其株型紧凑,不仅简化了田间整枝等栽培管理措施,更具备适应高密度种植潜力,为提高单位面积产量提供了有利条件;另一方

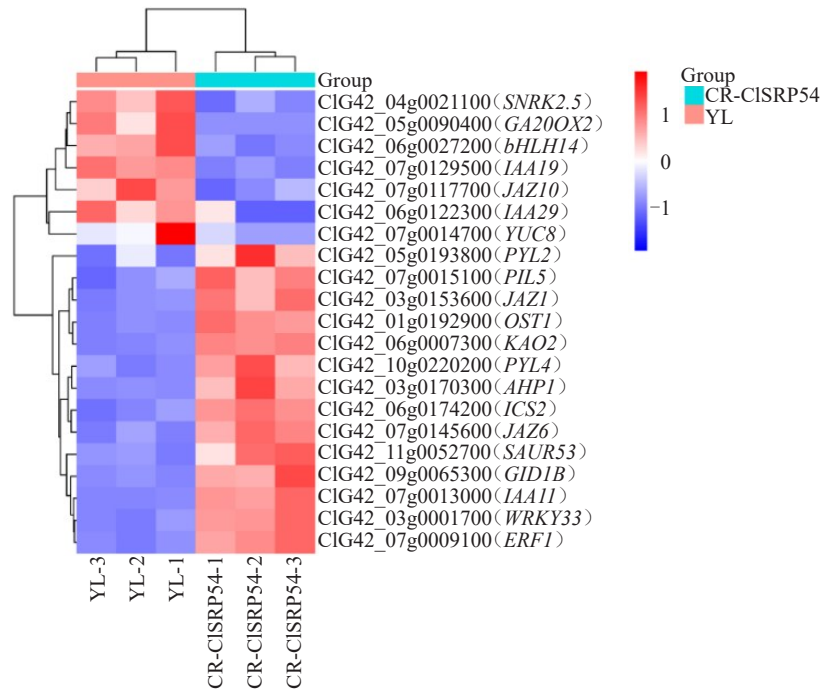
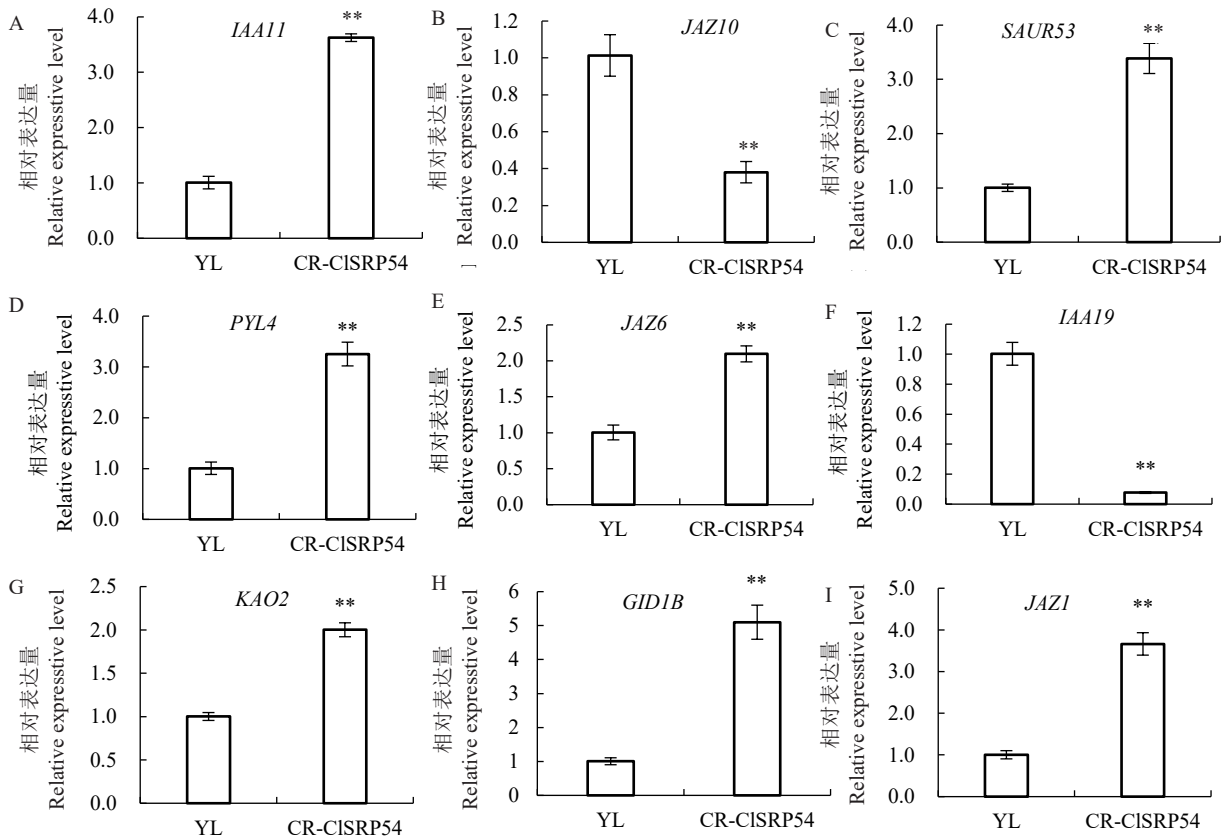


图5 差异表达基因的热图分析

Fig. 5 Heatmap analysis of differentially expressed genes



注:**表示在 0.01 水平差异极显著。

Note: ** indicates extremely significant difference at 0.01 level.

图6 激素相关基因的表达分析

Fig. 6 Expression analysis of hormone-related genes

面,植株花器官发育及育性均维持正常水平,有效规避了矮化突变常伴随的生殖生长缺陷问题。该研究结果不仅为解析西瓜株高的调控网络提供了全新视角,更明确了 *CISRP54* 基因在株高改良中的应用价值,为分子育种改良株高性状奠定了坚实的理论基础。

激素调控是目前运用较为广泛的矮化调控手段,植物激素通过影响细胞的分裂和伸长来改变节间长度和数目,从而调节株高,达到矮化植株的效果^[9]。这一调控机制在多种作物中已得到证实:在黄瓜中利用 CRISPR/Cas9 敲除 *CsERECTA*,其株高显著降低, GA_3 与 GA 生物合成相关的基因含量和表达水平在 *Cser* 敲除突变体中显著降低,喷施 GA_3 矮化表型可部分恢复^[40];苹果中过表达 *MdNAC1*,转基因植株株高降低、节间变短、茎内细胞数量减少,这是由于 OE-*MdNAC1* 内源激素 ABA 和 BR 的积累发生变化,从而抑制植株生长^[41];在玉米中,植物激素茉莉酸类似物冠菌素(coronatine, COR)抑制了 *ZmBZR1* 对 *ZmIBH1* 转录的调节活性,从而影响了 BR 调控玉米节间的伸长^[42]。本研究对 CR-CISRP54 与 YL 转录组数据进行分析,发现差异表达基因在 KEGG 与 GO 富集分析中主要富集于激素合成和信号转导等相关通路,推测 *CISRP54* 基因是通过参与激素合成或信号转导相关通路,影响植株体内激素水平,从而调节西瓜植株高度。

综上所述,本研究对 CR-CISRP54 编辑植株进行表型观察及石蜡切片,推测株高降低的原因是细胞变小。结合转录组数据分析,大多数差异表达基因都被富集在与激素相关的信号通路上,说明 CR-CISRP54 植株矮化可能受多种植物激素相关基因影响。下一步计划通过测定植株内源激素含量,并结合外源激素喷施试验,明确关键激素信号通路;同时,筛选激素通路中的关键差异表达基因,开展蛋白互作验证,完善西瓜 *CISRP54* 株高调控网络。本研究解析了西瓜 *CISRP54* 基因调控株高的作用通路,丰富和深化了瓜类作物矮化形成的理论基础,为西瓜短蔓分子育种提供理论基础和技术支持。

参考文献

- 康旗帅,闫梦苑,袁伟格,等. 89 份西瓜种质资源表型鉴定和遗传多样性分析[J]. 中国瓜菜, 2024, 37(4): 14-26.
- 于千程. 中国西瓜产业发展及其国际竞争力评价分析[J]. 北方园艺, 2024(24): 133-138.
- 张绍丽,常培培,黄磊,等. 德州地区小型西瓜品种露地种植比较[J]. 浙江农业科学, 2024, 65(5): 1072-1074.
- SUN P Y, ZHAO H J, CAO L H, et al. A DUF21 domain-containing protein regulates plant dwarfing in watermelon[J]. *Plant Physiology*, 2024, 196(4): 3091-3104.
- ZHAO G J, LUO C X, LUO J N, et al. A mutation in *LacD-WARF1* results in a GA-deficient dwarf phenotype in sponge gourd (*Luffa acutangula*) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(10): 3443-3457.
- 曲丽君,邢军,李欣屹,等. 西瓜矮生性状研究进展[J]. 园艺与种苗, 2020, 40(6): 4-6.
- 武涛,秦智伟,周秀艳,等. 葫芦科作物矮化突变体的遗传学及细胞生理学研究进展[J]. 中国蔬菜, 2009(24): 1-6.
- WANG S H, WANG K, LI Z, et al. Architecture design of cucurbit crops for enhanced productivity by a natural allele[J]. *Nature Plants*, 2022, 8(12): 1394-1407.
- WEI C H, ZHU C Y, YANG L P, et al. A point mutation resulting in a 13 bp deletion in the coding sequence of *Cldf* leads to a GA-deficient dwarf phenotype in watermelon[J]. *Horticulture Research*, 2019, 6: 132.
- HEDDEN P. The genes of the green revolution[J]. *Trends in Genetics*, 2003, 19(1): 5-9.
- CHENG X Y, HUANG Y P, TAN Y, et al. Potentially useful dwarfing or semi-dwarfing genes in rice breeding in addition to the *sd1* gene[J]. *Rice*, 2022, 15(1): 66.
- PENG S, KHUSH G S, VIRK P, et al. Progress in ideotype breeding to increase rice yield potential[J]. *Field Crops Research*, 2008, 108(1): 32-38.
- CHEN Y, HOU M M, LIU L J, et al. The maize *DWARF1* encodes a gibberellin 3-oxidase and is dual localized to the nucleus and cytosol[J]. *Plant Physiology*, 2014, 166(4): 2028-2039.
- 杜冬至. 玉米矮化突变体 *dwarf13* 的图位克隆及功能解析[D]. 广州: 仲恺农业工程学院, 2024.
- LAWIT S J, WYCH H M, XU D P, et al. Maize DELLA proteins dwarf plant8 and dwarf plant9 as modulators of plant development[J]. *Plant Cell Physiology*, 2010, 51(11): 1854-1868.
- BENSEN R J, JOHAL G S, CRANE V C, et al. Cloning and characterization of the maize *An1* gene[J]. *Plant Cell*, 1995, 7(1): 75-84.
- 李燕骅. 水稻显性矮秆基因 *LB4D* 的精细定位[D]. 南宁: 广西大学, 2017.
- 程朝平,叶新福. 水稻矮生性突变体的应用及研究进展[J]. 福建稻麦科技, 2016, 34(2): 79-84.
- 张瑛,周如美,李爱民,等. 短蔓西瓜突变体的获得及其遗传分析[J]. 中国瓜菜, 2010, 23(3): 30-31.
- ZHU H Y, ZHANG M J, SUN S R, et al. A single nucleotide deletion in an ABC transporter gene leads to a dwarf phenotype in watermelon[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10: 1399.
- DONG W, WU D F, LI G S, et al. Next-generation sequencing from bulked segregant analysis identifies a dwarfism gene in watermelon[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 2908.
- FU J L, LIAO L, JIN J J, et al. A transcriptional cascade involving BBX22 and HY5 finely regulates both plant height and fruit pigmentation in citrus[J]. *Journal of Integrative Plant Biology*,

- 2024,66(8):1752-1768.
- [23] WANG T T, JIN Y, DENG L X, et al. The transcription factor MYB110 regulates plant height, lodging resistance, and grain yield in rice[J]. *The Plant Cell*, 2024, 36(2):298-323.
- [24] WANG Y J, ZHAO J, LU W J, et al. Gibberellin in plant height control: Old player, new story[J]. *Plant Cell Reports*, 2017, 36(3):391-398.
- [25] LUO L, ZHANG Y L, XU G H. How does nitrogen shape plant architecture?[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2020, 71(15):4415-4427.
- [26] LIU L, XIE Z M, LU L L, et al. Identification of BR biosynthesis genes in cotton reveals that *GhCPD-3* restores BR biosynthesis and mediates plant growth and development[J]. *Planta*, 2021, 254(4):75.
- [27] LIU T Q, LI D P, XIE Z C, et al. VRN1 regulates heading and plant height in wheat by activating gibberellin biosynthesis[J]. *Plant Communications*, 2025, 6(7):101325.
- [28] TONG H N, JIN Y, LIU W B, et al. DWARF AND LOW-TILLERING, a new member of the GRAS family, plays positive roles in brassinosteroid signaling in rice[J]. *The Plant Journal*, 2009, 58(5):803-816.
- [29] BUTT H, JAMIL M, WANG J Y, et al. Engineering plant architecture via CRISPR/Cas9-mediated alteration of strigolactone biosynthesis[J]. *BMC Plant Biology*, 2018, 18(1):174.
- [30] YANG S, ZHANG K G, ZHU H Y, et al. Melon short internode (*CmSi*) encodes an ERECTA-like receptor kinase regulating stem elongation through auxin signaling[J]. *Horticulture Research*, 2020, 7(1):202.
- [31] 陈明月, 张梦瑶, 郭梦雪, 等. 黄瓜新矮化突变体的表型调查与转录组分析[J]. *中国瓜菜*, 2025, 38(3):18-26.
- [32] DUAN S X, GUO Y M, DENG L, et al. The yellow-green plant (*Clygp*) encodes a signal recognition particle 54 kDa protein regulating chloroplast development and photosynthesis in watermelon[J/OL]. *Journal of Integrative Agriculture*, (2025-11-13) [2025-11-30]. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2025.11.013>.
- [33] 柳美玲, 丁莲, 张小兰. 蔬菜作物的 RNA 原位杂交技术[J]. *山西农业大学学报(自然科学版)*, 2013, 33(1):42-45.
- [34] YAN Q D, HU W, GAO C X, et al. *EPSPS* regulates cell elongation by disturbing the balance of lignin and flavonoid biosynthesis in cotton[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, 23(10):3437-3456.
- [35] JIANG Y Y, XUE R Y, CHANG Y Z, et al. The knockout of Gy subunit *HvGS3* by CRISPR/Cas9 gene editing improves the lodging resistance of barley through dwarfing and stem strengthening[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2025, 138(3):61.
- [36] NAGAMINE A, EZURA H. Genome editing of *DWARF* and *SELF-PRUNING* rapidly confers traits suitable for plant factories while retaining useful traits in tomato[J]. *Breeding Science*, 2024, 74(1):59-72.
- [37] ZHAO M, LIU B M, WU K, et al. Regulation of *OsmiR156h* through alternative polyadenylation improves grain yield in rice[J]. *PLoS One*, 2015, 10(5):e0126154.
- [38] LI R H, LIU J, CHAI L L, et al. Natural variation in TaERF-A1 confers semi-dwarf and lodging-resistant plant architecture in wheat[J]. *Plant Communications*, 2025, 6(3):101194.
- [39] 宋秋平, 俞佳虹, 刘佳, 等. 植物矮化基因相关研究进展[J]. *广东农业科学*, 2021, 48(8):19-28.
- [40] SUN Y H, ZHOU K K, WANG X, et al. Identification and characterization of *CsERECTA*, a major gene controlling stem elongation through regulating GA biosynthesis in cucumber[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(7):151.
- [41] JIA D F, GONG X Q, LI M J, et al. Overexpression of a novel apple NAC transcription factor gene, *MdNAC1*, confers the dwarf phenotype in transgenic apple (*Malus domestica*) [J]. *Genes*, 2018, 9(5):229.
- [42] WANG X, REN Z B, XIE S P, et al. Jasmonate mimic modulates cell elongation by regulating antagonistic bHLH transcription factors via brassinosteroid signaling[J]. *Plant Physiology*, 2024, 195(4):2712-2726.