

שיפור תכולת סוכר במילון: זיהוי גנים עיקריים הקובעים את יכולת צבירת הסוכר

**IMPROVING SUGAR CONTENT IN MELONS:
IDENTIFYING MAJOR GENES DETERMINING ITS ACCUMULATION**

מוגש לקרן המדען הראשי במשרד החקלאות

ע"י

ארי שפר, נורית קציר, יוסי בורגר, ויטלי פורטנוי, גליל צורי, עוזי סער, ילנה יסלסון, שמואל שן, המחלקה לחקר ירקות,
מינהל המחקר החקלאי

עמיר שרמן, המחלקה למטעים, מינהל המחקר החקלאי

Arthur Schaffer, Dept. of Vegetable Research, Agricultural Research Organization, E. mail:

vcaris@agri.gov.il

Nurit Katzir, Yosi Burger, Vitaly Portnoy, Galil Tzuri, Uzi Sa'ar, Yelena Yeselson, Shmuel Shen, Dept.
of Vegetable Research, Agricultural Research Organization

Amir Sherman, Dept. of Fruit Trees Sciences, Agricultural Research Organization

אוגוסט 2010

אלול תש"ע

הממצאים בדו"ח זה הינם תוצאות ניסויים.

הניסויים לא מהווים המלצות לחקלאים

חתימת החוקר

שיפור תכולת סוכר במילון: זיהוי גנים עיקריים הקובעים את יכולת צבירת הסוכר

תקציר

תכולת סוכרים ובעיקר סוכרוז היא המרכיב העיקרי בקביעת איכות פרי המלון. יחסי מקור-מבלע בצמח השלם משפיעים כמובן על צבירת הסוכר בפרי, אולם לתהליכים המטבוליים בפרי עצמו יש השפעה מכרעת על פוטנציאל הצבירה. במהלך התפתחות פרי המלון יש מעבר מפרוק סוכרים לאגירתם, אשר מאופיין בשיפעול המסלול המטבולי של סוכרוז. בעבודות קודמות של קבוצתנו דיווחנו על גן עיקרי אשר משפיע על יכולת הפרי לצבור סוכרוז. המטרה המרכזית של המחקר הנוכחי היתה ללמוד את בסיס המולקולרי-גנטי של צבירת סוכרוז במלון. העמקנו בחיפוש QTL לאגירת סוכרוז באוכלוסיית מיפוי מתפצלת ואיתרנו ששה לוקוסים שביחד מסבירים כמעט כל השונות בכמות הסוכר הנאגר בפרי. בנוסף גם מיפנו מעל 40 גנים המקודדים למסלול המטבולי השלם של מטבוליזם של סוכרוז במלון ומצאנו שהגנים של המסלול אינם ממופים לששת ה-QTL. איפיון של ביטוי הגנים במסלול הראה שהמסלול המטבולי של סוכר עובר COORDINATED CONTROL ברמת הטרנסקריפציה. תוצאות אלו מהוות פריצת דרך לכיוון המיפוי העדין, ובהמשך השיבוט, של הגנים הקובעים אגירת סוכרים בפרי.

איכות הפרי, ובמיוחד פרי מלון, נמדדת בראש וראשונה ע"י רמת הסוכר שנצבר בו, אשר קובעת את מתיקותו. אחד האתגרים הגדולים בגידול מלונים הוא להבטיח התנאים שיאפשרו צבירה תקינה של סוכר, אבל תנאים אלו לא ברורים דים. צבירת סוכר בפרי היא תוצאה של יחסים מטבוליים בין עלי המקור שבהם מתרחשים תהליכי ההטמעה לבין המבלעים השונים שכוללים, בנוסף לפירות, גם אברים נוספים בצמח.

במחקרנו בעבר הראינו שצבירת סוכר בפרי מלון נקבעת ע"י המטבוליזם של פחמימות שמתרחש בתוך הפרי עצמו. מטבוליזם ייחודי זה מאופיין ע"י שינויים התפתחותיים של מערך שלם של אנזימים האחראים לגורלם של המוטמעים המגיעים לפרי המבלע ושקובע אם יצטברו כסוכרוז מסיס או לא (1-5).

המרכיב הגנטי הוא ראשון בחשיבותו בקביעת צבירת סוכר וקיימים במאגר הגנטי של המין *Cucumis melo* טיפוסים שמגיעים לכמ"מ (כלל מוצקים מומסים = TSS) של 15 וגם טיפוסים שאינם אוגרים סוכר ושמגיעים לכמ"מ של 3 בלבד. לימוד התורשה של התכונה של צבירה/אי-צבירה של סוכר ע"י אוכלוסיות מתפצלות בין הטיפוסים הקיצוניים הראה שהתכונה נשלטת ע"י גן אחד מרכזי *sucr* ושצבירת סוכר היא תכונה רססיבית (4). הוצע גם שתהליך האבולוציה של מלונים מתוקים כלל מוטציה בגן זה.

בגלל חשיבותו הגדולה של גילוי תפקידו של גן זה הקובע אגירת סוכר, למלונים ולפירות בכלל, השקענו מאמצים כדי לאפיין אותו אבל טרם הגענו לנחלה. אסטרטגיה אחת היתה לבחון את הגנים של מסלול המטבולי של פחמימות בפרי המלון ולכן שיבטנו מעל 25 גנים האחראים על מסלול זה. בדיקת ביטוי כל הגנים האלו בהתפתחות פירות של שני הטיפוסים הקיצוניים של צבירה/אי-צבירה של סוכר הראתה שאף אחד מהגנים האלו אינו הגן הקובע ושהמסלול בשלימותו משתנה לפי התכונה של צבירה/אי-צבירה של סוכר (5). לכן, החשיבות לאתר QTL לסוכר במלון כדי שנוכל להמשיך בדרך לשיבוט הגנים החשובים.

פירוט עיקרי הניסויים של תוכנית המחקר

המחקר כלל שלש אסטרטגיות: קודם זיהינו ומיפינו QTL לסוכרים על בסיס אוכלוסיית מיפוי בין הורה מתוק והורה לא מתוק. איתרנו, על ידי מחקר ביואינפורמטי מעל 40 גנים המקודדים למסלול המטבולי של סוכרים במלון, איתרנו פולימורפיזמים בין ההורים בגנים אלו ומיפינו אותם על אותה מפה כדי לבחון הגנים הקנדידיטים על ידי מבחן קו-לוקליזציה. בסוף איפיינו גם את צורת הביטוי של כל הגנים של המסלול בהתפתחות הפרי כדי לעקוב אחרי המסלול של מטבוליזם של סוכר ברמת הטרוסקריפציה.

מיפוי QTL לסוכרים:

במשך תוכנית המחקר בדקנו את הרכב הסוכרים בפרות של אוכלוסיית המיפוי שלש פעמים (איור 1, ~100 RILs) כדי לשפר את מציאת הסמנים. הרכב הסוכרים נקבע בעזרת אנליזת HPLC על לפחות שש פרות מכל אחד מקווי אוכלוסיית המיפוי המתקדמת, RIL שפותחו מההכלאה בין 'Dulce' X PI 414723. בהמשך, מופה ההרכב של סוכרים על מפת אוכלוסיה זו כתכונות כמותיות (Quantitative Trait Loci QTL). במקביל נמדד ומופה ערך כלל המומסים (TSS). המיפוי נערך בעזרת התוכנה JoinMap Map QTL (Kayazma, Holland), כאשר LOD מינימאלי הוא 3 (טבלאות 1,2).

מסקנת המחקר היא שלצבירת סוכרוז קיימים ששה QTLs עיקריים בקבוצות תאחיזה שונות (G2, G3, G5, G8) (**טבלה 3**, **איור 2**). ניתן לראות גם (טבלה 3) שכל אחד מהלוקוסים תורם כ-15-20% מהשונות ברמת הסוכרוז בפרי. בנוסף, התוצאות גם נותחו מההיבט של התרומה התוספתית של אללים של ההורה המתוק (12 אללים או ששה גנים) על רמת הסוכרוז ואפשר לראות **באיור 3** שקיימת תוספתיות מובהקת לששת הגנים וגם ל12 האללים. תוצאה זו חשובה במיוחד מפני שהיא מדגישה את הדומיננטיות החלקית הקיימת לכל גן.

מיפוי גנים קנדידטים לאגירת סוכרוז:

על ידי סקירת מאגרי מידע של EST של מלון (ציבוריים וגם לא ציבוריים) איפיינו את הגנים המקודדים למסלול השלם של מטבוליזם של סוכרוז במלון (**איור 4**). רשימה זו של מעל 40 גנים מקודדים לכל החלבונים-אנזימים של מטבוליזם של סוכר, מההידרוליזה של סטכיוז עד סוף המסלול שיכול להיות אגירת סוכרוז או שימוש בסוכר לצורכי גידול (**טבלה 4**). התייחסנו לגנים אלו כגנים קנדידטים לששת ה-QTLs שאיתרנו. כדי לבחון אם הקנדידטים אכן יכולים להיות ה-QTLs מיפוינו גם אותם על מפת המיפוי כדי לבדוק אם הם מתמפים לאותו אזור בגנום לכל גן אותר פולימורפיזם בין שני ההורים והגנים מופו על ידי שיטת שונות, כולל ריצוף במולטיפלקס.

תוצאת המחקר היתה שהגנים הקנדידטים האלו לא התמפו לאף אחד מה-QTL (**טבלה 5**). מסקנת המחקר היא שהגנים ה-QTL הם כנראה גנים בקרתיים ולא גנים סטרוקטורליים המקודדים לאנזימים של המסלול

ביטוי הגנים של המסלול בפרי המתפתח:

דגם הביטוי של 42 הגנים של המסלול, במשך התפתחות הפרי מצעיר לבשל, נעשה על ידי 454 פירו-רצוף. ארבע ספריות RNA של פרי DULCE בשלבים התפתחותיים של 10, 20, 30 ו40 יום אחרי חנטה הוכנו וסה"כ התקבל מעל 350,000 קריאות. ביטוי כמותי של כל גן נעשה ושימש DIGITAL NORTHERN. תוצאות הביטוי מובאים **באיור 5** ומראים שמטבוליזם של סוכרים בפרי מלון עובר, ברמת הטרנסקריפציה, שינויים שגורמים להעברת המטבוליזם משימוש בסוכרים לגידול בפרי הצעיר לאגירת סוכרוז בפרי הבשל. היו שינויים בביטוי רוב הגנים במשך ההתפתחות, כולל ירידה בביטוי של גנים המקודדים לאנזימים מפרקי סוכרוז והגברת הביטוי של גנים המקודדים לאנזימים מסנתזי סוכרוז (**איור 6** ו7)

דין

בתוכנית המחקר איתרנו ששה לוקוסים (QTL) לסוכרוז, שביחד מסבירים כמעט כל השונות בכמות הסוכר הנאגר בפרי. תוצאה זו היא פריצת דרך לכיוון המיפוי העדין, ובהמשך השיבוט, של הגנים הקובעים אגירת סוכרים בפרי. מתוצאות המחקר קיים עכשיו מאגר של קוים שימשו למיפוי העדין של הגנים בנוסף גם מיפוינו מעל 40 גנים המקודדים למסלול המטבולי השלם של מטבוליזם של סוכרוז במלון ומצאנו שהגנים של המסלול אינם ממופים לששת ה-QTL. תוצאה זו מובילה למסקנה שכנראה הגנים האחראים לאגירת סוכרוז במלון הם גנים בקרתיים ולא גנים המקודדים לאנזימים במסלול. מסקנה זו גם מקבלת תמיכה מתוצאות ביטוי הגנים של המסלול. איפיון של ביטוי הגנים במסלול הראה שהמסלול המטבולי של סוכר עובר COORDINATED CONTROL ברמת הטרנסקריפציה ושרוב הגנים עוברים שינויים בביטוי במשך ההתפתחות. תוצאה זו מוסברת היטב על ידי מעורבות של גנים בקרתיים-התפתחותיים. המשך המחקר, המבוסס על תוצאות המחקר שהובאו כאן, יכול להוביל לזיהוי הגנים לאגירת סוכרוז בפרי.

Table 1: Characteristic list of the PI414723x'Dul' RI population and genotyping data.

Overall genotyping data						
No. of RI lines	99					
No. of markers	705					
PI414723 genotypes (A)	43.3%					
Dulce genotypes (B)	44.4%					
Hetrozygote (H)	5.3%					

Table 2: Markers used to construct the PI414723 X 'Dulce' linkage map.

Type of markers	Number of total	Number of fruit related ESTs		
SSR	386	96		
SNP for general genes	48	44		
SNP for sugar metabolism genes	27	27		
SNP for carotenoids metabolism genes	9	9		
SNP for organig acids metabolism genes	32	32		
total SNPs	116	112		
AFLP	200			
monogenic character	3	2		

Table 3: Significant sugars and TSS QTLs identified by interval mapping and permutation analysis

QTL name ^a	trait	Year of trial	Linkage Group	QTL Length (cM) ^b	position (cM) ^c	max. LOD ^d	max. A ^e	max. H ^f	max. B ^g	Variance ^h	% Expl. ⁱ	Additive ^j
suc2-1	Sucrose	2006	LG2	0.00	17	3.01	12.85	15.81	18.78	50.32	13.40	-2.
suc2-2	Sucrose	2006	LG2	3.42	35-39	3.39	12.93	15.96	19.31	50.41	17.00	-3.
suc2-3	Sucrose	2006	LG2	3.61	44-48	3.70	12.41	15.81	19.29	48.83	19.70	-3.
suc3-1	Sucrose	2006	LG3	3.477	87-91	2.29	13.18	15.60	18.07	52.39	11.30	-2.
suc3-1	Sucrose	2007	LG3	3.48	87-91	2.89	8.05	10.66	13.29	48.23	12.90	-2.
suc5-1	Sucrose	2006	LG5	8.27	11-20	2.73	13.28	15.76	18.51	52.32	12.90	-2.
suc8-1	Sucrose	2006	LG8	16.55	93-110	3.71	12.62	15.52	18.84	51.04	18.30	-3.
TSS2-1	TSS	Mean*	LG2	12.87	9.-22	3.37	7.04	7.47	7.91	1.07	14.50	-0.
TSS2-2	TSS	Mean*	LG2	13.56	33-46	5.48	6.99	7.45	8.01	1.08	26.00	-0.
TSS5-1	TSS	Mean*	LG5	2.37	15-17	3.10	6.99	7.42	7.85	1.08	14.30	-0.
glu4-1	Glucose	2006	LG4-2	5.61	19-25	3.55	18.73	17.40	16.15	9.14	15.80	1.

QTL at the same loci are colored with the same color.

^aQTL are named by the abbreviation of the trait followed by the linkage group number and a QTL number.

^bQTL length in centimorgan.

^cPosition of the QTL in cM according to the indicated linkage group.

^dMaximum LOD score for each QTL.

^eMaximum score in trait measurement values for PI414723 (A) alleles for each QTL.

^fMaximum score in trait measurement values for heterozygote (H) genotypes for each QTL.

^gMaximum score in trait measurement values for 'Dulce' (B) alleles for each QTL.

^hVariance is the proportion of phenotypic variance explained by the QTL.

ⁱMaximum % of explanation for each QTL.

^jAdditive effect is positive when PI414723 alleles increased the trait score and negative when 'Dulce' alleles increased the trait score.

Table 4: List of the 42 sugar metabolism genes studied and their ESTs and GB numbers and homologues gene with the highest similarity.

		<i>ICuGI</i>		<i>Identities</i>
	<i>Short form</i>	<i>Contig ID</i>	<i>Highest Similarity</i>	<i>%</i>
Acid α -galactosidase 1	<i>AAG1</i>	MU20940	DQ320569 (<i>C.sativus</i>)	99%
Acid β -galactosidase 2	<i>AAG2</i>	MU39965	DQ61277 (<i>C. sativus</i>)	99%
Neutral β -galactosidase 1	<i>NAG1</i>	MU19788	DQ157703 (<i>C. sativus</i>)	98%
Neutral β -galactosidase 2	<i>NAG2</i>	MU20967	DQ395330 (<i>C. sativus</i>)	97%
Neutral β -galactosidase 3	<i>NAG3</i>	MU25876	AM486420 (<i>V. vinifera</i>)	64%
Acid invertase 1	<i>AIN1</i>	MU29718	BAF35859 (<i>P. pyrifolia</i>)	66%
Acid invertase 2	<i>AIN2</i>	MU22596	AAM77272 (<i>L. siceraria</i>)	91%
Neutral invertase 1	<i>NIN1</i>	MU37708	ABE94613 (<i>M. truncatula</i>)	92%
Neutral invertase 2	<i>NIN2</i>	MU39366, MU36622	CAA76145 (<i>D. carota</i>)	90%
Neutral invertase 3	<i>NIN3</i>	MU26813	AJ717412 (<i>L. japonicus</i>)	95%
Neutral invertase 4	<i>NIN4</i>	MU34040	--	--
Cell wall invertase 1	<i>CIN1</i>	MU38023	AJ422053 (<i>B. vulgaris</i>)	62%
Cell wall invertase 2	<i>CIN2</i>	MU22732	NP_566464 (<i>A. thaliana</i>)	73%
Cell wall invertase 3	<i>CIN3</i>	MU25060	CAA72009 (<i>C. intybus</i>)	64%
Cell wall invertase 4	<i>CIN4</i>	MU39183	CAA49162 (<i>D. carota</i>)	74%
Invertase inhibitor1	<i>INH1</i>	MU27430	EEE73629 (<i>P.trichocarpa</i>)	53%
Invertase inhibitor2	<i>INH2</i>	MU26915	CAN65563 (<i>V. vinifera</i>)	50%
Invertase inhibitor3	<i>INH3</i>	MU38842	CAO63467 (<i>V. vinifera</i>)	44%
Galactokinase	<i>GK</i>	MU27658	NP187310 (<i>A. thaliana</i>)	80%
Hexokinase 1	<i>HK1</i>	MU29719	AF196966 (<i>C. sinensis</i>)	86%
Hexokinase 2	<i>HK2</i>	MU20377	AF196966 (<i>C. sinensis</i>)	81%
Hexokinase 3	<i>HK3</i>	MU31349	NP_195497 (<i>A. thaliana</i>)	72%
Fructokinase 1	<i>FK1</i>	MU38705	AY323226 (<i>L. esculentum</i>)	87%
Fructokinase 2	<i>FK2</i>	MU38221	AY063037 (<i>A. thaliana</i>)	79%
Fructokinase 3	<i>FK3</i>	MU22877	CAN67659 (<i>V. vinifera</i>)	77%

Phosphoglucomutase (plast)	<i>PGMpl</i>	MU25093	AJ250770 (<i>P. sativum</i>)	88%
Phosphoglucomutase (cyt)	<i>PGMcyt</i>	MU38663, MU20523	AJ250769 (<i>P. sativum</i>)	92%
Phosphoglucose isomerase (plast)	<i>PGIpl</i>	MU20366	AK227111 (<i>A. thaliana</i>)	89%
Phosphoglucose isomerase (cyt)	<i>PGIcyt</i>	MU34369, MU21790	AY093962 (<i>A. thaliana</i>)	92%
UDPglc/gal pyrophosphorylase	<i>UGGP</i>	MU21747	AB178642 (<i>P. sativum</i>)	78%
Gal-1-P uridyltransferase	<i>UT</i>	MU38255	CAN81898 (<i>V. vinifera</i>)	70%
UDPglc pyrophosphorylase	<i>UGP</i>	MU28105	AF435969 (<i>A. fruticosa</i>)	86%
UDPglc epimerase 1	<i>UGE1</i>	MU28070	AJ005082 (<i>C.tetragonoloba</i>)	91%
UDPglc epimerase 2	<i>UGE2</i>	MU21802	CAN63477 (<i>V. vinifera</i>)	89%
UDPglc epimerase 3	<i>UGE3</i>	MU22903	NP_172738 (<i>A. thaliana</i>)	88%
Sucrose synthase 1	<i>SUS1</i>	MU21164	AB018561 (<i>C. lanatus</i>)	96%
Sucrose synthase 2	<i>SUS2</i>	MU30867, MU31178	CAN64012 (<i>V. vinifera</i>)	53%
Sucrose synthase 3	<i>SUS3</i>	MU31768	CAN68704 (<i>V. vinifera</i>)	88%
Sucrose-P synthase 1	<i>SPS1</i>	MU23155	AB005023 (<i>C. unshiu</i>)	79%
Sucrose-P synthase 2	<i>SPS2</i>	MU23952	CAN78805 (<i>V. vinifera</i>)	71%
Sucrose-P phosphatase 1	<i>SPP1</i>	MU23296	AAS79795 (<i>A. chinensis</i>)	85%
Sucrose-P phosphatase 2	<i>SPP2</i>	MU24626	CAN77297 (<i>V. vinifera</i>)	67%

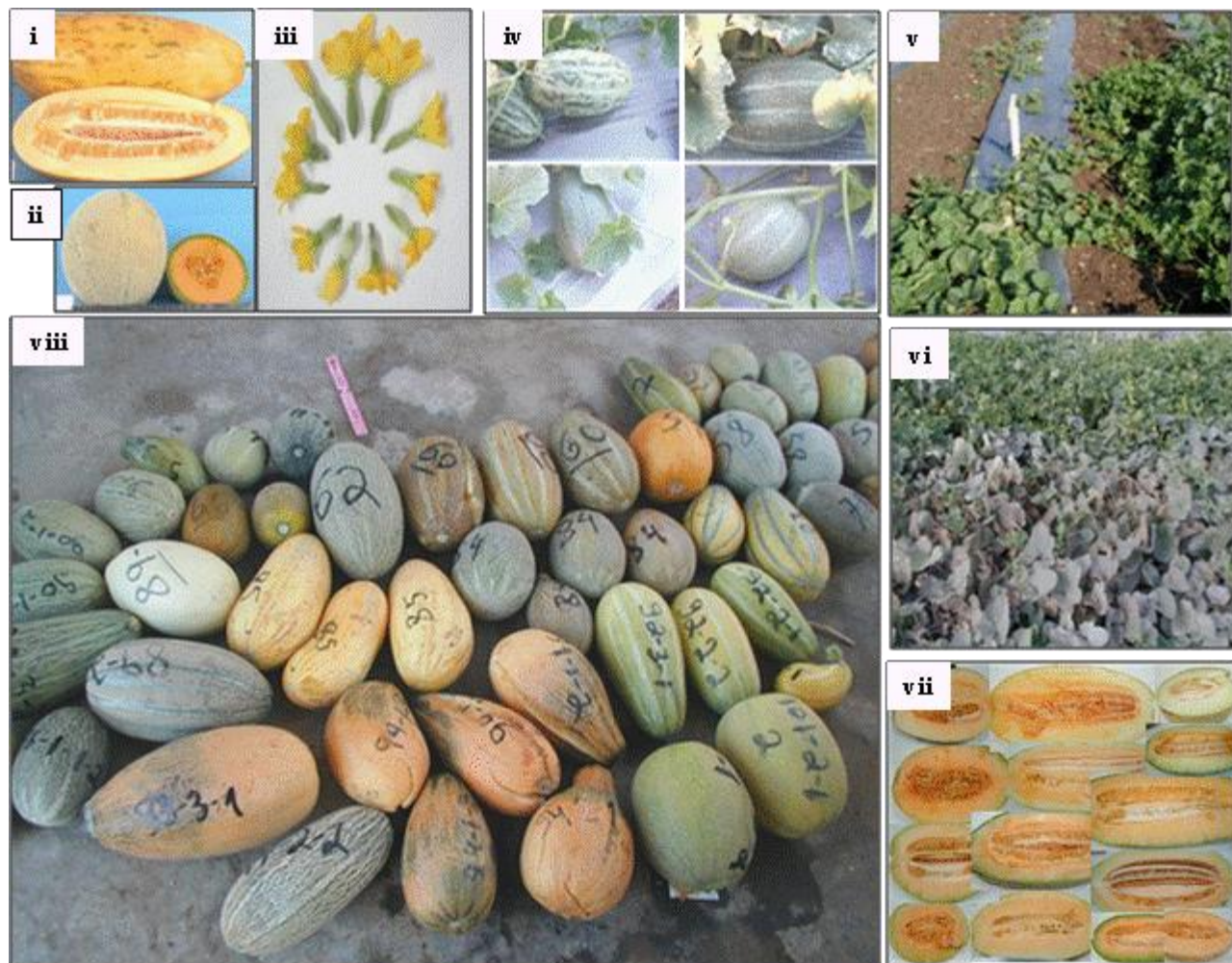
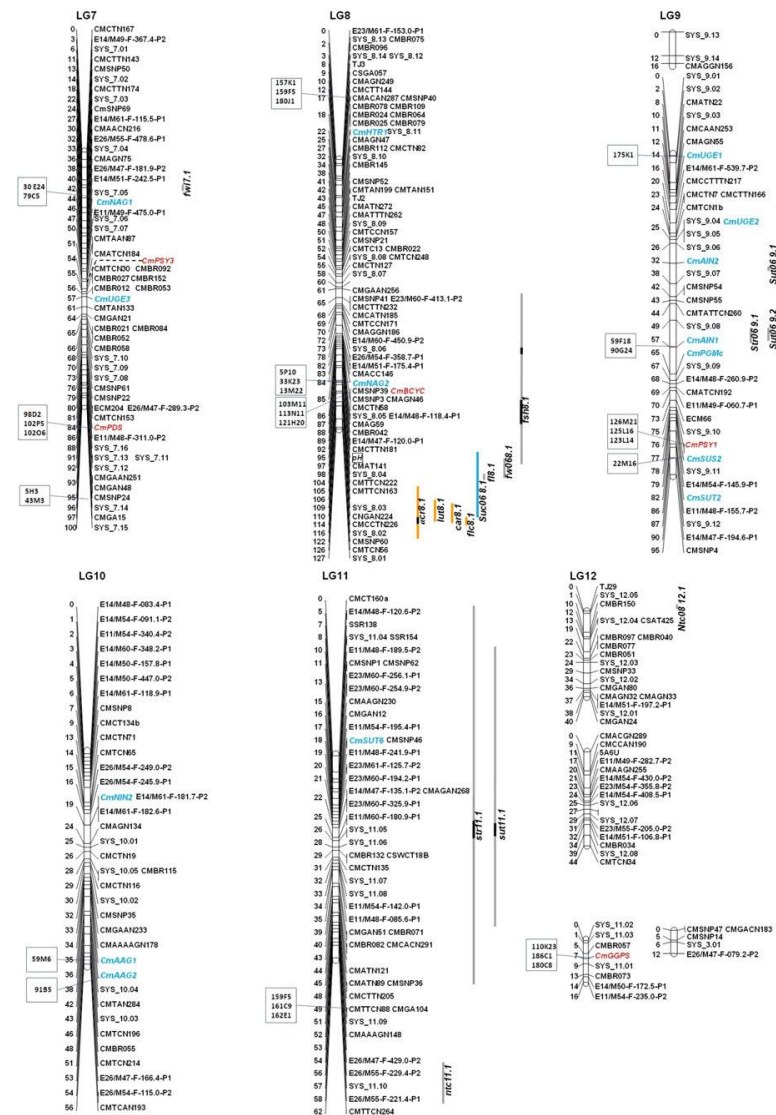
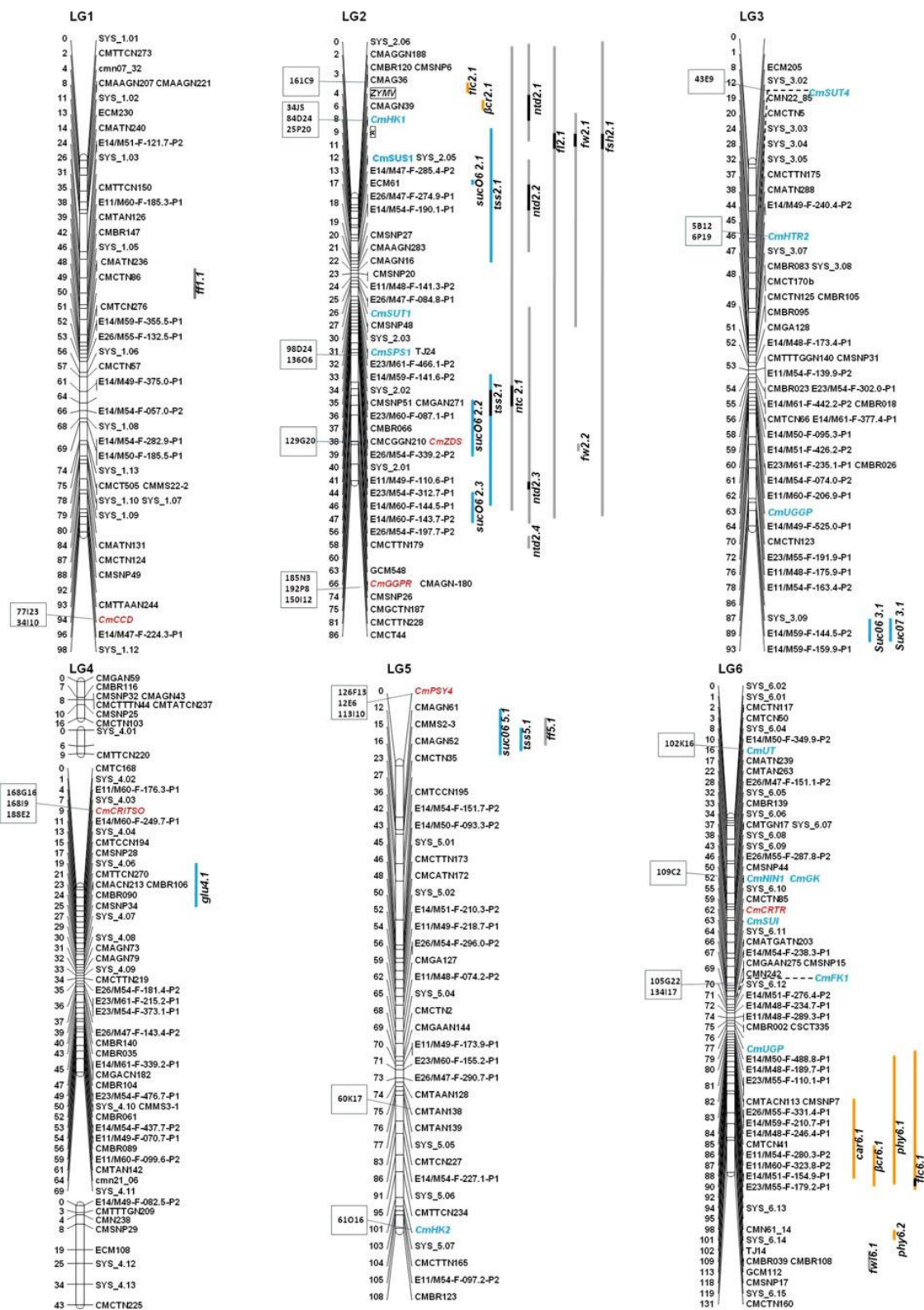


Fig. 1 Polymorphism of the PI414723x'Dul' RI population and the parents in different characters. i) PI414723. ii) 'Dulce'. iii) Ovary size and shape. iv) Young fruit rind green color intensity, stripes and sutures. v) Field Growth rate. vi) Powdery mildew resistance. vii) Flesh color of ripe fruit. viii) Ripe fruit size, shape and rind color.

Fig. 2 Genetic map of the PI414723 X 'Dulce' RIL population. Linkage groups are according to Perin *et al.* 2002. Centimorgan distances are at the left side and marker names are at the right side of the linkage group. Markers for sugar metabolism genes are in blue. QTLs are represented by lines and were calculated for means of fruit traits during 3 growing seasons with LOD>3.0: (-) width, (-) weight, (-) length, (-) softness, (-) sutures, (-) stripes, (-) flesh color, (-) net density, (-) net cover, (-) TSS and (-) for sucrose content at first growing season. Rectangles at the left of the linkage groups indicate BACs that include the mapped markers linked with lines.





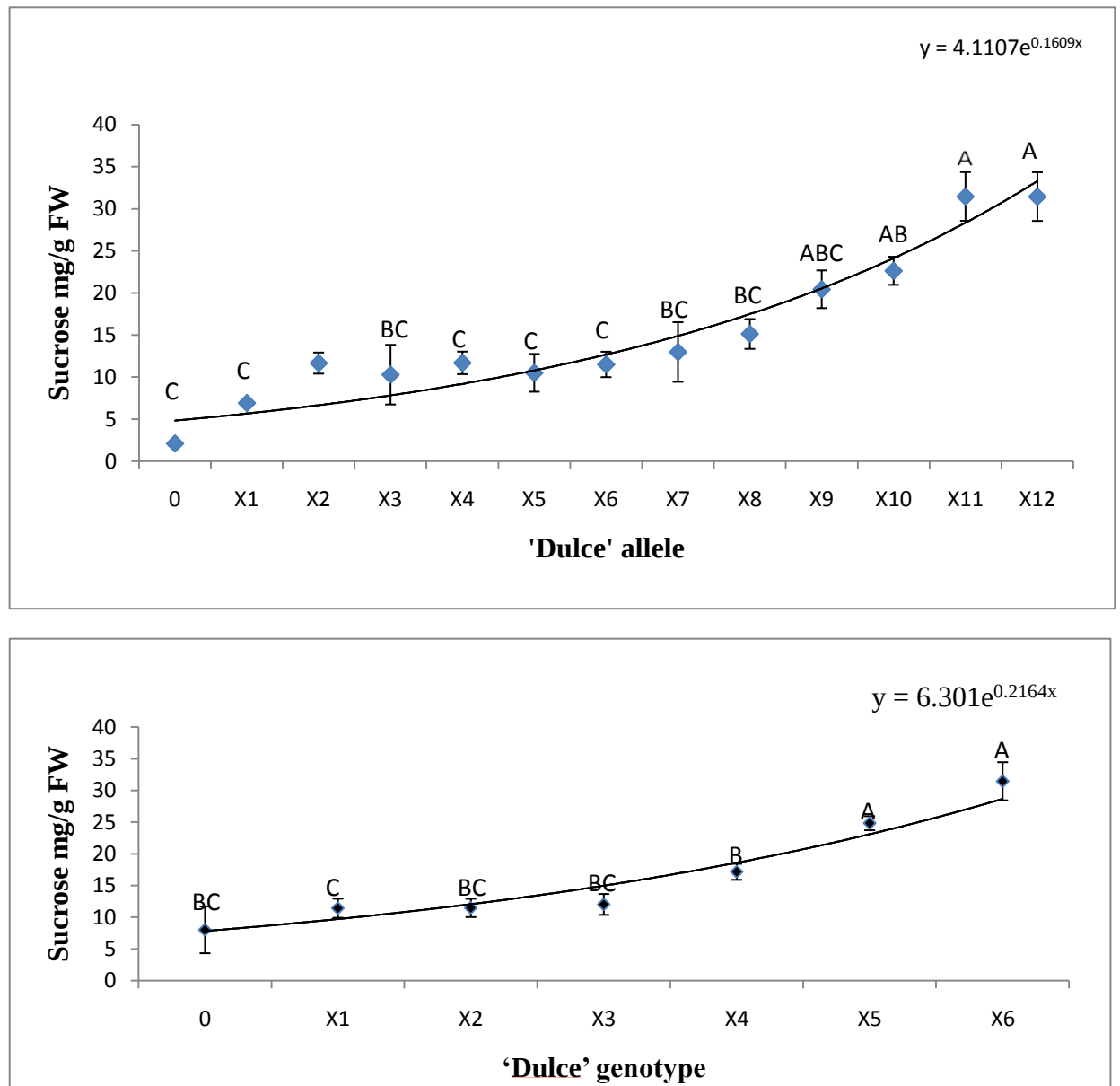


Fig. 3: Sucrose levels vs. add up of 'Dulce' genotype at the six sucrose QTLs. The RI lines were scored for the number of 'Dulce' genotype at the sucrose QTLs. Sucrose levels were analyzed according to this score. Points represent means with standard error, significant differences were examined by Tukey HSD.

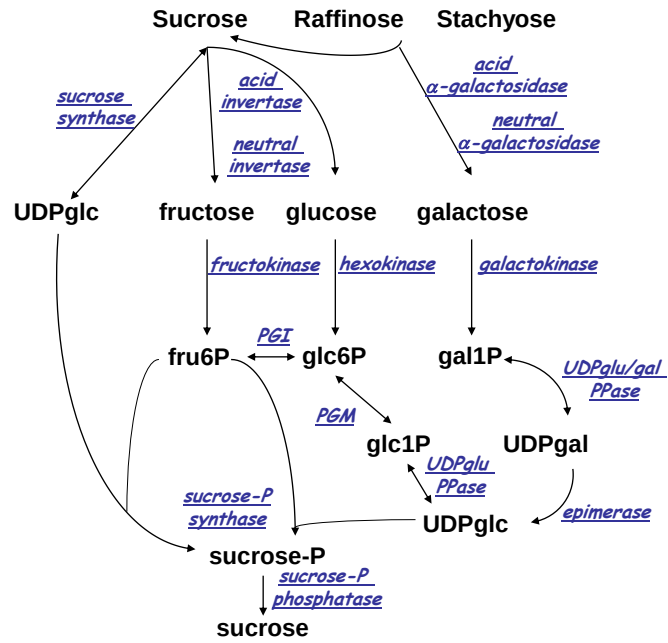


Fig. 4 Metabolic pathway of sugar metabolism in melon fruit, indicating enzyme reactions

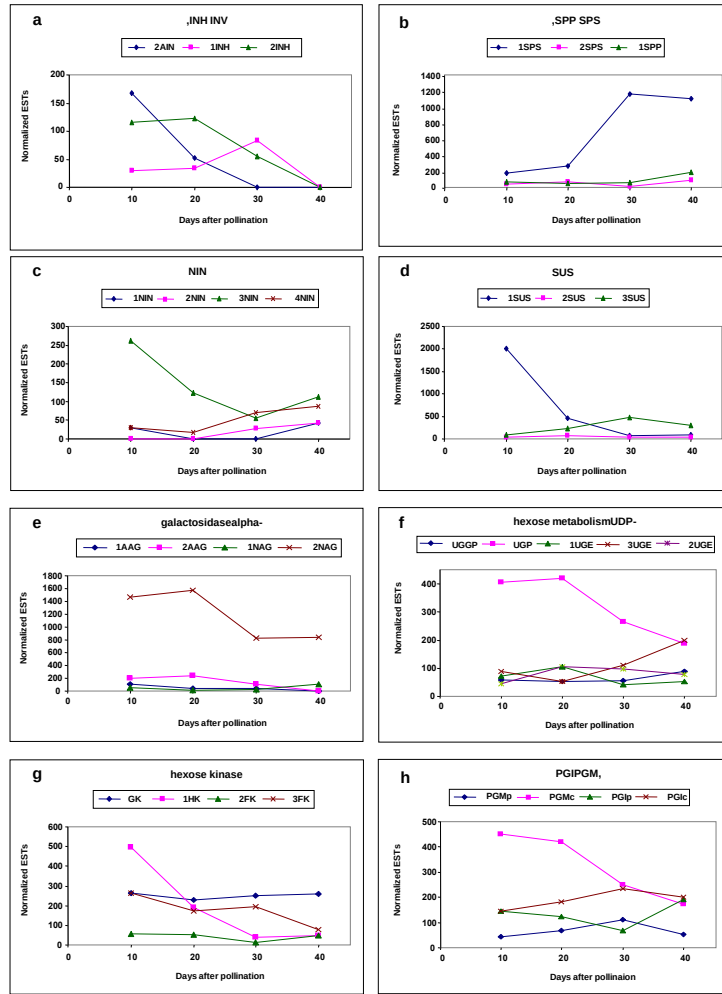
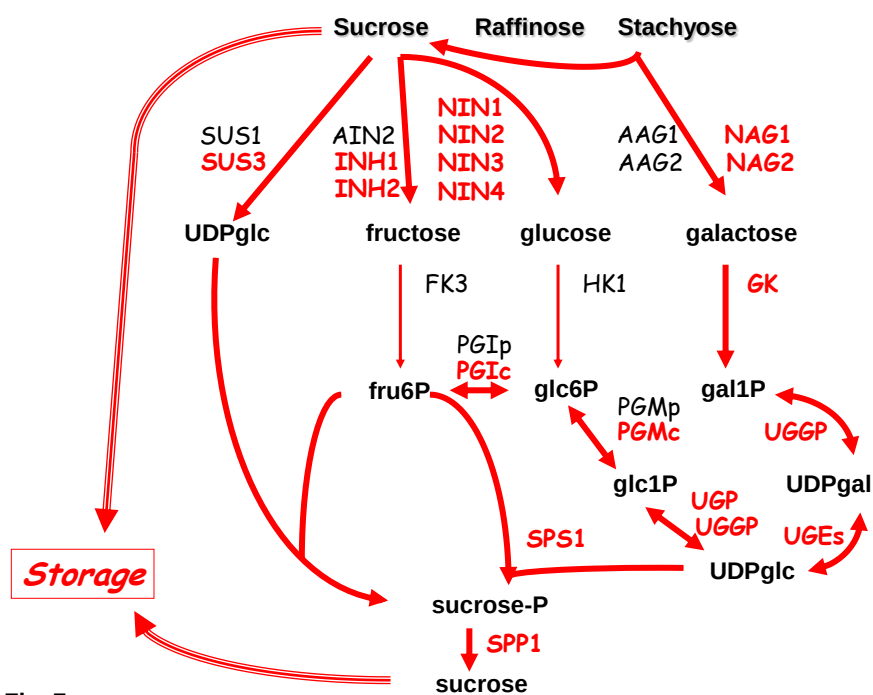
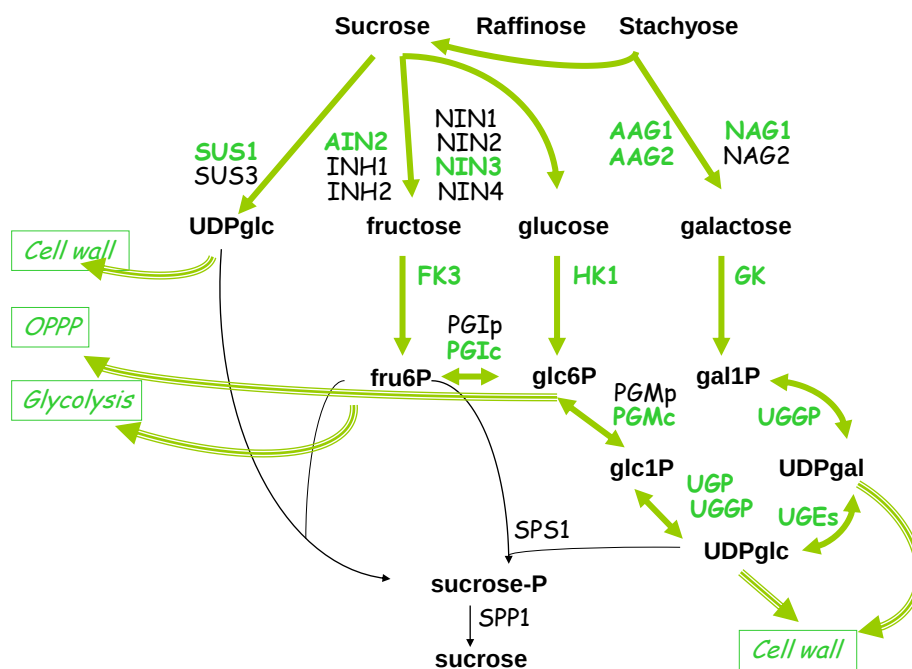


Figure 5: Developmental expression profiles of genes of sugar metabolism in developing melon fruit, cv. Dulce. Expression is expressed as normalized reads per million sequences. Genes are classified according to the enzyme families that they encode for: A) INV and INH; B) SPS and SPP; C) NIN; D) SUS; E) AAG and NAG; F) UGGP, UGP, UGE; G) GK, HK, FK; H) PGI, PGM.



פרסומים מדעיים

מפורטים בדף הפותח את הדוח.

1. Quick, P. and Schaffer, A.A. 1996. "Sucrose Metabolism in Sources and Sinks". Ch. 6, In: Photoassimilate Distribution in Plants and Crops: Source-Sink Relationships, E. Zamski and A.A. Schaffer, eds Marcel Dekker, Inc., N.Y., pp. 115-156
 2. Schaffer, A.A., Pharr, D.M. and M. Madore. 1996. "Cucurbits". Ch. 29, In: Photoassimilate Distribution in Plants and Crops: Source-Sink Relationships, E. Zamski and A.A. Schaffer, eds Marcel Dekker, Inc., N.Y., pp. 729-757
 3. Gao, Z. Zamski, E., Petreikov, M. and Schaffer, A.A. 1999. Carbohydrate metabolism during early fruit development of sweet melon (*Cucumis melo*). *Physiologia Plantarum* 106:1-8.
 4. Burger, Y., Yeselson, L, Sahar, U., Paris, H., Katzir, N., Levin, I., Schaffer, A.A. 2002. A single recessive gene for sucrose accumulation in *Cucumis melo* fruit. *Journal Amer. Soc. Hort. Sci.* 127:938-943
 5. Dai, N. Cohen, S., Carmi, N., Zhang, G., Portnoy, V., Katzir, N. and Schaffer, A.A. 2006. Cloning and expression analysis of the raffinose sugar metabolism pathway in melon fruit: Development of a cpm- (complete pathway macroarray). Abstract, poster, Israel Society Plant Biology, Weizmann Institute. Paper in preparation.
 6. Harel-Beja R, Tzuri G, Portnoy V, Lotan-Pompan M, Lev S, Cohen S, Dai N, Yeselson L, Meir A, Libhaber SE, Avisar E, Melame T, van Koert P, Verbakel H, Hofstede R, Volpin H, Oliver M, Fougedoire A, Stalh C, Fauve J, Copes B, Fei Z, Giovannoni J, Ori N, Lewinsohn E, Sherman A, Burger J, Tadmor Y, Schaffer AA, Katzir N. (2010) A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. *Theor Appl Genet.* 121:511-33
-

פרסומים מדעיים

1. Katzir, N., Harel-Beja, R. Portnoy, V., Tzuri, G., Koren, Lev, S., Bar, E., Tadmor, Y., Burger, J., Lewinsohn, E., Fei, Z., Giovannoni J. and Schaffer A.A. (2008). Melon Fruit Quality: A Genomic Approach. Cucurbitaceae 2008, Avignon France
2. Burger, J., Paris, H.S., Cohen, R., Katzir, N., and Schaffer, A.A. (2010). Genetic Diversity of *Cucumis melo*. Horticultural Reviews :36:165-198
3. Rotem Harel Beja, Galil Tzuri, Vitaly Portnoy, Maya Lotan-Pompan, Lena Yeselson, Shahar Cohen, Nir Dai, Amir Sherman, Joseph Burger, Ari A. Schaffer, Nurit Katzir. (2010) Melon genetic map highly enriched with fruit traits and EST markers including sugar metabolites and genes. Theor Appl Genet.121:511-33
4. Nir Dai, Nir Carmi, Shahar Cohen, Genfa Zhang, Lena Yeselson, Galil Tzuri, Vitaly Portnoy, Rotem Harel Beja, Maya Lotan-Pompan, Joseph Burger, Nurit Katzir, Ari A. Schaffer. The genes of sugar metabolism in developing melon fruit: a global view of sugar metabolism at the transcriptional level (submitted).

סיכום עם שאלות מנחות

נא להתייחס לכל השאלות בקצרה ולעניין, ב-3 עד 4 שורות לכל שאלה (לא תובא בחשבון חריגה מגבולות המסגרת המודפסת).

שיתוף הפעולה שלך יסייע לתהליך ההערכה של תוצאות המחקר.

הערה: נא לציין הפנייה לדו"ח אם נכללו בו נקודות נוספות לאלה שבסיכום.

מטרות המחקר תוך התייחסות לתוכנית העבודה.
איתור גנים הקובעים את רמת הסוכרוז בפרי מלון
עיקרי הניסויים והתוצאות.
- איפיון רמות סוכרים באוכלוסיות מתפצלות ובאוכלוסיות מפה כדי לאתר QTL. מציאת ששה QTL מובהקים המסבירים ביחד את רוב השונות ברמת הסוכר בפרי. - הגנים פועלים בדרך של תוספתיות.
- מיפוי 42 גנים המקודדים לאנזימים במסלול של מטבוליזם של סוכרים ושילתם כגנים קנדידטים לאגירת סוכרוז
- אפיון דגם הביטוי של הגנים למטבוליזם של סוכרים
מסקנות מדעיות וההשלכות לגבי יישום המחקר והמשכו. האם הושגו מטרות המחקר לתקופת הדוח?
אותרו 6 QTL לסוכר ותוצאות אלו יובילו למיפוי העדין של הלוקוסים, ובהמשך לשיבוט הגנים הקובעים מתיקות בפרי
בעיות שנותרו לפתרון ו/או שינויים (טכנולוגיים, שיווקיים ואחרים) שחלו במהלך העבודה; התייחסות המשך המחקר לגביהן, האם יושגו מטרות המחקר בתקופה שנותרה לביצוע תוכנית המחקר?
המשך התוכנית היא לבחון את הלוקוסים באוכלוסיות מתפצלות אחרות.
הפצת הידע שנוצר בתקופת הדו"ח: פרסומים בכתב - ציטט ביבליוגרפי כמקובל בפרסום מאמר מדעי; פטנטים - יש לציין שם ומס' פטנט; הרצאות וימי עיון - יש לפרט מקום, תאריך, ציטוט ביבליוגרפי של התקציר כמקובל בפרסום מאמר מדעי.
מאמר אחד ב-TAG ומאמר נוסף נמצא עכשיו בשיפוט, כמופיע בדף השער של הדו"ח.
פרסום הדוח: אני ממליץ לפרסם את הדוח: (סמן אחת מהאופציות)
☐ רק בספריות
☐ X חסוי – לא לפרסם
האם בכוונתך להגיש תוכנית המשך בתום תקופת המחקר הנוכחי?
☐ כן

*יש לענות על שאלה זו רק בדוח שנה ראשונה במחקר שאושר לשנתיים, או בדוח שנה שניה במחקר שאושר לשלוש שנים