



2022年第23期总56期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 中国科学院植物所揭示叶绿体MORF蛋白的分子伴侣特性
2. 中国农业大学园艺学院郭仰东实验室揭示茉莉酸调控番茄萜类合成和抗虫的新机制
3. 中国农业大学园艺学院张小兰团队揭示黄瓜果实参与传输通道发育和心皮融合的基因功能
4. 中国农业大学园艺学院李冰冰团队揭示FvMAPK3介导低温抑制草莓果实花青素积累的分子机制

▶ 学术文献

1. 拟南芥RNA加工体组分LSM1和DCP5有助于花椰菜花叶病毒侵染过程中逃避翻译抑制。
2. 蔬菜作物营养品质和感官品质育种：以番茄和花椰菜为例
3. 引入Nicotiana蛋白激酶(NPK1)基因,通过农杆菌介导的转化反复体细胞胚胎发生相结合,增强菜花的耐盐性
4. 花椰菜花叶病毒Tav蛋白通过宿主对Tav毒力功能的反应,诱导转基因烟草叶片褪绿

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

➤ 相关专利

1. 黄瓜捕光叶绿素a/b结合蛋白CsPS1在抗瓜类疫病中的应用
2. 黄瓜韧皮部凝集素CsPL1在抗瓜类疫病中的应用
3. 甜瓜蚜传黄化病毒侵染性克隆重组载体

中国农业科学院农业信息研究所
联系人：王丽娟，张玉玮，信丽媛
联系电话：022-23678616
邮箱：agri@ckcest.cn
2022年6月10日

▶ 前沿资讯

1. 中国科学院植物所揭示叶绿体MORF蛋白的分子伴侣特性

简介: 叶绿体是植物特有的细胞器，既是光合作用的场所，也是多种生命活动必需代谢物的合成部位。四吡咯（如叶绿素、血红素等）的生物合成便发生于叶绿体，一方面，叶绿素和血红素是植物光合作用和生长发育的必需代谢物质，另一方面，如果四吡咯中间产物过量积累，见光后易产生活性氧，往往造成植物的氧化损伤。因此，四吡咯合成途径的精细调控对植物生长发育与环境适应十分重要。开花植物特有的MORF (Multiple organellar RNA editing factor) 蛋白家族于2012年被鉴定，它们定位于叶绿体和线粒体，因广泛影响两类细胞器内的RNA编辑而得名。中国科学院植物研究所林荣呈课题组致力于四吡咯（叶绿素）合成的调控机制研究。前期工作发现，四吡咯合成途径中的一个催化酶——原叶啉IX氧化酶PP01 (protoporphyrinogen IX oxidase 1) 具有参与叶绿体RNA编辑的新功能，揭示了PP01通过与MORF蛋白相互作用调控RNA编辑的分子机制，并与华中农业大学殷平课题组合作解析了MORF9的三维结构。国际上多个实验室均发现MORF蛋白可与其他蛋白互作调控RNA编辑。然而，MORF蛋白在叶绿体和线粒体发育过程中扮演着何种角色即它们的生化性质是什么？这一科学问题尚不清楚。林荣呈课题组重新分析了叶绿体定位的2个MORF蛋白（MORF2和MORF9）的生物学功能，观察到两个基因分别下调均导致拟南芥幼苗白化、黄化或斑化及胚胎发育受阻等一系列缺陷表型，同时四吡咯代谢产物的积累受到严重影响。研究通过蛋白互作实验鉴定了MORF2能够与四吡咯合成途径的一系列催化酶和调控因子相互作用。研究借助生物化学和分子生物学等手段，发现MORF2和MORF9具有Holdase的分子伴侣活性，该活性主要依赖于保守的MORF box结构域。研究进一步证明了MORF2和MORF9可有效抑制原叶绿素酸酯氧化还原酶POR (protochlorophyllide oxidoreductase) 的不规则聚集，对POR蛋白在植物体内的正常积累不可或缺；两个MORF蛋白可调控镁整合酶复合体的丰度与酶的活性。该研究揭示了叶绿体MORF蛋白担当分子伴侣的生化特性，解析了MORF在翻译后调控四吡咯生物合成途径的新机制，拓展了MORF家族的生物学功能，并为理解植物叶绿体乃至线粒体发育提供了新见解。5月26日，相关研究成果在线发表在New Phytologist上。研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金及中科院的支持。德国柏林洪堡大学科研人员参与研究。

来源: 中国科学院植物研究所

发布日期: 2022-06-01

全文链接:

https://www.cas.cn/syky/202205/t20220531_4836557.shtml

2. 中国农业大学园艺学院郭仰东实验室揭示茉莉酸调控番茄萜类合成和抗虫的新机制

简介: 近日，Journal of Integrative Plant Biology在线发表了蔬菜系郭仰东课题组题为“The Jasmonate-Induced bHLH Gene SlJIG Functions in Terpene Biosynthesis and Resistance to Insects and Fungus”的研究论文。该研究发现一个bHLH转录因子SlJIG作为JA信号转导通路核心转录因子MYC2的直接下游，通过调控TPS基因的表达或参与经典的JA防御途径，提高了番茄植株对棉铃虫与灰葡萄孢的抗性。萜类是一种由异戊二烯（C5）为基本单元构成的种类多样的植物代谢物，参与植物对害虫和病原菌的直接

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

和间接防御。萜类合酶 (Terpene Synthase, TPS) 是萜类化合物合成的关键酶, 对萜类合酶的转录水平的调控是萜类合成调控的关键节点, 也是植物代谢领域的热点问题。茉莉酸 (JA) 可以诱导部分番茄TPS基因的表达, 然而目前已报道的调控番茄萜类合成的转录因子均不受到JA的诱导上调表达, 因此JA通过何种通路调控番茄中萜类合成尚不明确。该研究发现S1JIG可以被茉莉酸甲酯 (MeJA) 和灰葡萄孢侵染强烈诱导, 并且这种诱导作用在JA受体突变体jail与JA信号通路核心转录因子突变体myc2中消失或者显著降低。生化实验证明S1JIG是MYC2的直接下游。敲除S1JIG降低了番茄TPS基因的表达与多种萜类化合物的含量, 同时导致经典的JA防御通路受损, 从而增强了叶片对棉铃虫幼虫的吸引和取食以及叶片上灰葡萄孢病菌的生长。因此, 该研究鉴定了一个新的萜类合成调控转录因子S1JIG, 其作为MYC2的直接下游因子参与番茄萜类化合物合成与对病原菌和害虫的抗性调控。该研究由中国农业大学园艺学院蔬菜系郭仰东课题组完成。已毕业博士研究生曹芸运 (现于山东农业大学园艺学院工作) 和刘伦 (现于安徽农业大学园艺学院工作), 以及华中农业大学植物科学技术学院马康生副教授为论文共同第一作者。郭仰东教授和张娜副教授为论文共同通讯作者。中国科学院遗传发育研究所李传友研究员、中国农业大学陈其军教授和张钊教授提供了部分突变体材料、载体和菌株。该研究得到了国家自然科学基金青年项目、面上项目, 海南省自然科学基金联合项目, 三亚中国农业大学研究院引导资金以及北京市现代农业产业体系项目的支持。论文链接: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/jipb.13248>

来源: 中国农业大学园艺学院

发布日期: 2022-04-20

全文链接:

http://yyxy.cau.edu.cn/art/2022/4/20/art_3226_854881.html

3. 中国农业大学园艺学院张小兰团队揭示黄瓜果实参与传输通道发育和心皮融合的基因功能

简介: 近日, 中国农业大学园艺学院张小兰团队在Plant Physiology发表了题为“SPATULA and ALCATRAZ confer female sterility and fruit cavity via mediating pistil development in cucumber”的研究论文, 揭示了黄瓜中bHLH转录因子SPATULA (SPT) 和ALCATRAZ (ALC) 共同参与维持传输通道发育以及心皮融合的作用机制。种子和果实对于植物的世代交替及人类的农业生产非常重要, 双受精是种子产生的前提, 其重要的一环涉及到快速生长的花粉管沿着雌蕊内的传输通道 (Transmitting Tract) 延伸将不可移动的精细胞从柱头运送至胚珠。这个传输通道从柱头通向子房底端, 确定了花粉管的延伸路径, 其长短和形态因果实类型而异。传输通道的受阻一定程度上影响雌蕊育性, 空腔对于肉质果实是有害性状, 二者调控基因在黄瓜上从未被揭示。该研究通过CRISPR-Cas9基因编辑技术同时靶向黄瓜CsSPT和CsALC基因获得了Csspt Csalc双突变体, 经杂交分离又获得Csspt单突变体。Csspt雌蕊育性降低至野生型的60%; Csalc则完全败育, 且雌蕊柱头形态异常, 果实产生明显空洞。进一步研究发现降低的育性是由传输结构的发育缺陷导致。Csspt雌蕊内传输通道的胞外基质 (多糖物质) 含量明显降低; Csalc则无胞外基质; 且阿拉伯半乳聚糖蛋白 (传输组织的一类重要糖蛋白) 的分布在单双突变体中均明显减少。因此, 传输通道的受阻/缺失导致了在柱头上萌发的花粉管较难/无法在雌蕊内延伸, 由此造成了育性降低 (Csspt) /丧失 (Csalc)。同时, 双突变体Csspt Csalc心皮边缘分生组织的分化异常也造成其传输组织处的细胞变得规整松散, 随果实发育便会彼此分离从而产生空腔结构。另外,

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统: <http://agri.ckcest.cn/>

转录组分析显示参与细胞壁组织和生长素信号途径的基因在双突变体外翻且扁平的畸形柱头中发生显著变化，且拟南芥参与传输组织发育的NO TRANSMITTING TRACT (NTT)和BRASSINOSTEROID ENHANCED EXPRESSION (BEE)在黄瓜上的同源基因也显著下调。生化实验表明CsSPT和CsALC可以和自身及彼此之间发生蛋白互作。综上，该研究揭示了CsSPT和CsALC协同决定雌蕊顶端柱头形态以及雌蕊内部花粉管延伸通道的发育，从而维持黄瓜的雌性育性和心皮融合的机制。中国农业大学张小兰教授、周朝阳副教授以及河北科技师范学院闫立英教授为该论文的共同通讯作者，已毕业博士程志华为第一作者。本研究得到国家自然科学基金项目、国家重点研发计划项目、北京市科技创新与服务能力建设重点学科等项目的资助。论文链接：<https://doi.org/10.1093/plphys/kiac158>

来源：中国农业大学园艺学院

发布日期:2022-04-08

全文链接:

http://yyxy.cau.edu.cn/art/2022/4/8/art_3226_852904.html

4. 中国农业大学园艺学院李冰冰团队揭示FvMAPK3介导低温抑制草莓果实花青素积累的分子机制

简介: 2022年1月9日, The Plant Cell在线发表了中国农业大学园艺学院果树学系/农业生物技术国家重点实验室李冰冰教授团队题为“Low temperature inhibits anthocyanin accumulation in strawberry fruit by activating FvMAPK3-induced phosphorylation of FvMYB10 and degradation of Chalcone Synthase 1”的研究论文。该研究发现低温通过激活FvMAPK3诱导的FvMYB10磷酸化和查尔酮合酶FvCHS1降解来抑制草莓果实中花青素的积累,为培育耐低温、果实品质优良的草莓品种提供了有价值候选基因。低温环境往往导致草莓(*Fragaria sp.*)果实着色不良,从而大大降低其商业价值。花青素是草莓果实中的主要色素,影响果实品质和营养价值。花青素的生物合成由一系列结构基因所编码的酶催化而成,查尔酮合酶CHALCONE SYNTHASE (CHS)是生物合成途径中主要的限速酶。近期研究发现,含Kelch结构域的F-box蛋白(KFB)可介导CHS泛素化和降解。除生物合成基因外,包括MYB10/1/9、bHLH3、SnRK2.6、MADS1/9等在内的调控因子也参与调节草莓果实中花青素的积累。其中,R2R3型FvMYB10/FaMYB10转录因子已被鉴定是调控二倍体野生草莓(*F. vesca*)和八倍体栽培草莓(*F. × ananassa*)果实花青素合成的关键分子开关,但目前尚不清楚影响FvMYB10转录激活活性的上游成分以及FvMYB10如何感知外界环境或信号刺激以调节花青素积累的具体机制。该团队前期研究发现,SNF1相关蛋白激酶FaSnRK2.6受低温调控,并负调控草莓果实中花青素的积累。另外,MAPK级联成员在拟南芥低温响应和信号转导中也发挥重要作用。在拟南芥中,SnRK2和MAPK级联可形成磷酸化模块,以调节渗透胁迫。而该模块是否在草莓中发挥功能,以及MAPK级联是否参与果实成熟和低温响应的调控还有待探索。本研究对低温环境下二倍体草莓果实的色素含量进行观察发现,4℃或10℃处理均使果实花青素积累速率和总花青素含量降低,并且草莓果实在整个成熟过程中对低温胁迫高度敏感。FvCHS1、FvCHI和FvMYB10表达水平的降低表明它们参与低温介导的花青素积累抑制。基于已有研究的互作验证和体外激酶实验结果显示,FvMAPK3与FvSnRK2.6直接互作,FvSnRK2.6可使FvMAPK3磷酸化水平略有提高。FvMAPK3活性在4℃处理30min后大幅上升,表明其可能是快速响应低温胁迫的下游信号成分。功能分析发现,FvMAPK3负调控草莓果实成熟,花青素含量、生物合成基因、FvMYB10、软化

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

相关等基因在FvMAPK3转基因果实中显示下调(图1)。低温对花青素积累的抑制作用在FvMAPK3过表达果实中显示增强,而在FvMAPK3-cr杂合突变体果实中显示减弱,结合相关基因检测结果表明FvMAPK3是低温介导花青素积累抑制的下游正调控因子。进一步分析发现,FvCHS1和FvMYB10同时与FvMAPK3互作。FvMAPK3因而通过两种机制抑制花青素积累,一方面FvMKK4-FvMAPK3级联通过增强FvKFB1介导的FvCHS1降解来抑制低温下花青素的生物合成;另一方面FvSnRK2.6-FvMAPK3和FvMKK4-FvMAPK3信号模块通过磷酸化作用降低FvMYB10的转录活性,进而抑制其介导的花青素生物合成。此外,FvMAPK3对FvMYB10磷酸化位点缺失突变体FvMYB104A的转录活性抑制明显减弱,而该发现为低温下草莓果实的正常着色提供了潜在育种价值。该研究得到了国家重点研发计划(2018YFD1000200)、国家自然科学基金(31772284,32072551)、111计划(B17043)和中国农业大学2115人才培养发展支持计划的资助。原文链接:<https://academic.oup.com/plcell/advance-article-abstract/doi/10.1093/plcell/koac006/6501456?redirectedFrom=fulltext>

来源:中国农业大学园艺学院

发布日期:2022-01-11

全文链接:

http://yyxy.cau.edu.cn/art/2022/1/11/art_3226_808010.html

学术文献

1. **Arabidopsis RNA processing body components LSM1 and DCP5 aid in the evasion of translational repression during Cauliflower mosaic virus infection.** (拟南芥RNA加工体组分LSM1和DCP5有助于花椰菜花叶病毒侵染过程中逃避翻译抑制。)

简介: Viral infections impose extraordinary RNA stress, triggering cellular RNA surveillance pathways such as RNA decapping, nonsense-mediated decay, and RNA silencing. Viruses need to maneuver among these pathways to establish infection and succeed in producing high amounts of viral proteins. Processing bodies (PBs) are integral to RNA triage in eukaryotic cells, with several distinct RNA quality control pathways converging for selective RNA regulation. In this study, we investigated the role of *Arabidopsis thaliana* PBs during Cauliflower mosaic virus (CaMV) infection. We found that several PB components are co-opted into viral factories that support virus multiplication. This pro-viral role was not associated with RNA decay pathways but instead, we established that PB components are helpers in viral RNA translation. While CaMV is normally resilient to RNA silencing, dysfunctions in PB components expose the virus to this pathway, which is similar to previous observations for transgenes. Transgenes, however, undergo RNA quality control-dependent RNA degradation and transcriptional silencing, whereas CaMV RNA remains stable but becomes translationally repressed through decreased ribosome association, revealing a unique dependence among PBs, RNA silencing, and translational repression. Together, our study shows that PB components are co-opted by the virus to maintain efficient translation, a mechanism not associated with canonical PB functions.

来源: The Plant Cell

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

发布日期:2022-05-02

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/34/Csgk0Yb-75qAIIRDACEww-UIXnw677.pdf>

2. Breeding for Nutritional and Organoleptic Quality in Vegetable Crops: The Case of Tomato and Cauliflower (蔬菜作物营养品质和感官品质育种: 以番茄和花椰菜为例)

简介: Due to novel and more demanding consumers' requirements, breeding of vegetable crops confronts new challenges to improve the nutritional level and overall appearance of produce. Such objectives are not easy to achieve considering the complex genetic and physiological bases. Overtime, plant breeders relied on a number of technologies and methods to achieve ever changing targets. F1 hybrid seed production allowed the exploitation of heterosis and facilitated the combination of resistance and other useful genes in a uniform outperforming variety. Mutagenesis and tissue culture techniques permitted to induce novel variation, overcome crossing barriers, and speed up the achievement of true-breeding lines. Marker-assisted selection was one of the milestones in fastening selection, starting from the early '90s in almost all seed companies. Only recently, however, are novel omics tools and genome editing being used as cutting-edge techniques to face old and new challenges in vegetable crops, with the potential to increase the qualitative value of crop cultivation and solve malnutrition in 10 billion people over the next 30 years. In this manuscript, the evolution of breeding approaches in vegetable crops for quality is reviewed, reporting case studies in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) and cauliflower (*Brassica oleracea* var. botrytis L.) as model systems for fleshy fruit and floral edible parts, respectively.

来源: Agriculture

发布日期:2021-05-29

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/06/Csgk0GKoPOGAemeCAB7nKuIrjIk694.pdf>

3. Introduction of the *Nicotiana* protein kinase (NPK1) gene by combining *Agrobacterium* -mediated transformation and recurrent somatic embryogenesis to enhance salt tolerance in cauliflower (引入 *Nicotiana* 蛋白激酶 (NPK1) 基因, 通过农杆菌介导的转化反复体细胞胚胎发生相结合, 增强菜花的耐盐性)

简介: Cauliflower is exposed to various biotic and abiotic stresses, including increased salinity due to the intensive irrigation of crops. Mitogen-activated protein kinase (MAPK) cascades are universal signal transduction modules that play important roles in regulating innate immune responses in plants. Based on involvement of tobacco MAP kinase kinase (NPK1) in stress response, the effect of the expression of NPK1 transgene to NaCl salt stress tolerance in cauliflower KFRM4 lines was studied. The *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation protocol, using EHA101(pSHX004) vector harbouring the NPK1 and phosphinothricin N-acetyltransferase (*bar*) genes, the cyclic somatic

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

embryogenesis regeneration pathway, the application of acetosyringone (AS) during co-cultivation and a delayed phosphinothricine (PPT) selection procedure provided sufficient transformation efficiency of 7.33% without escapes. PCR analysis indicated the integration of both NPK1 and bar transgenes in regenerated cauliflower lines. Transgenic cauliflower lines, exposed to NaCl stress in vitro, showed higher growth rates, greater ability to retain chlorophyll and carotenoids, and increased osmotic regulation capacity compared with non-transformed control plants. The tolerance level of transformed lines correlated with the level of NPK1 gene expression estimated by RT-qPCR, and the L2 line with the highest NPK1 expression displayed the greatest tolerance to NaCl stress. None of the obtained cauliflower transformed lines grown in greenhouses showed any morphological or yield differences compared with non-transformed plants. Furthermore, the expression of the bar gene facilitated the tolerance of transformed lines to the total herbicide PPT, applied at concentrations 23 times higher than those routinely used for weed control in the crop field. The results underlined that constitutively expressing NPK1 can significantly contribute to enhanced salt stress tolerance in cauliflower, suggesting that this could be a promising basis for the creation of new stress tolerance cruciferous vegetable lines.

来源: Plant Cell, Tissue and Organ Culture

发布日期:2020-10-15

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/34/Csgk0Yb-8IKAWz1DACF6opMfGaQ035.pdf>

4. Cauliflower mosaic virus Tav protein induces leaf chlorosis in transgenic tobacco through a host response to virulence function of Tav (花椰菜花叶病毒Tav蛋白通过宿主对Tav毒力功能的反应, 诱导转基因烟草叶片褪绿)

简介: To study the precise mechanisms underlying the chlorosis caused by plant viruses, we previously established a synchronous experimental system using transgenic plants expressing Cauliflower mosaic virus multifunctional protein, Tav (transactivator/viropilin), under the control of an artificially inducible promoter. Shortly after the induction of Tav expression, pathogenesis-related protein (PR) 1a gene expression is upregulated in the transgenic tobacco lines, which show visible chlorosis within a week. The present study showed that the expression of Tav also induces some salicylic acid (SA)- and ethylene-responsive PR genes. In contrast to transiently expressed Tav, which suppressed Agrobacterium -induced and SA-induced PR1a expression, the artificial induction of Tav from the transgene did not affect SA-induced PR1a expression, rather it alone induced PR1a expression. In a deletion analysis, chlorosis and PR1a induction function in transgenic tobacco were mapped to a region in Tav that had been shown to have a role in pathogenesis in a susceptible host, elicitation of the hypersensitive response in a resistant host, suppression of RNA silencing, and the suppression of Tomato bushy stunt virus P19-mediated cell death in tobacco. The results suggest that Tav-induced chlorosis results from a host response, which accompanies PR1a induction, to pathogenic function of Tav.

来源: Journal of General Plant Pathology

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

发布日期:2015-08-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/34/Csgk0Yb-8tmAE2-oAC3K4TKtuho566.pdf>

➤ 相关专利

1. 黄瓜捕光叶绿素a/b结合蛋白CsPS1在抗瓜类疫病中的应用

简介: 本发明首次公开了黄瓜捕光叶绿素a/b结合蛋白CsPS1在抗瓜类疫病中的应用。特别是CsPS1对侵染瓜类的瓜类疫霉(*Phytophthora melonis*)具有抗病功能。过量表达CsPS1基因能够使黄瓜、南瓜子叶对疫病的抗性较对照明显增强,而在黄瓜子叶中瞬时沉默CsPS1基因则使黄瓜子叶对疫病的抗性较对照明显减弱。CsPS1基因对黄瓜、南瓜等瓜类抗疫病起着非常重要的作用,具有广泛的应用前景。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-08-24

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/06/Csgk0GKoQ4mAFjfgAA7Sr7EjbJc984.PDF>

2. 黄瓜韧皮部凝集素CsPL1在抗瓜类疫病中的应用

简介: 本发明首次公开了黄瓜韧皮部凝集素CsPL1在抗瓜类疫病中的应用。特别是CsPS1对侵染瓜类的瓜类疫霉(*Phytophthora melonis*)具有抗病功能。过量表达CsPS1基因能够使黄瓜、南瓜子叶对疫病的抗性较对照明显增强,而在黄瓜子叶中瞬时沉默CsPS1基因则使黄瓜子叶对疫病的抗性较对照明显减弱。CsPL1基因对黄瓜、南瓜等瓜类抗疫病起着非常重要的作用,具有广泛的应用前景。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-06-15

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/34/Csgk0Yb-9RKAINqUAA00UL_TCMA776.PDF

3. 甜瓜蚜传黄化病毒侵染性克隆重组载体

简介: 本发明提供了甜瓜蚜传黄化病毒侵染性克隆重组载体,涉及生物领域。该重组载体中含有MABYV病毒的基因组全长序列,所述MABYV病毒可为能侵染瓠瓜、甜瓜、西瓜和/或黄瓜的病毒,如,所述基因组全长序列的克隆如SEQ ID NO. 1所示。本发明克服了现有技术的不足,发现:MABYV基因组基因难以一步克隆至质粒,发明人设计采用同源重组和定点插入相结合的策略才成功;本发明克隆病毒基因组载体侵入植物后,通过观察植物数周,最终鉴定其能侵染植物、使其发病。本发明可用于甜瓜蚜传黄化病毒致病性相关研究,也可用于瓜类作物甜瓜蚜传黄化病毒抗性鉴定,推进了该病毒相关的致病机理和瓜类抗病机理的研究。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-03-16

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/06/Csgk0GKoRRaAGQ0HAAebkV5IFoA666.PDF>

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>