



2022年第39期总72期

## 种质资源保护与创制专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 研究揭示DNA和RNA甲基化调控番茄果实成熟衰老新机制
2. 蔬菜所和加工所承担的院京津冀课题阐明高糖度番茄亏缺灌溉调控分子机制
3. 二月兰基因组解析为十字花科古多倍化演化和野生资源利用提供新思路

#### ▶ 学术文献

1. APRR2重复位点染色体片段缺失调节西葫芦暗茎颜色
2. 天然植物提取物和微生物拮抗剂在温室和离体条件下控制真菌病原并提高西葫芦生产力

#### ▶ 相关专利

1. 番茄WRKY37蛋白在调控番茄抗叶片衰老能力、提高番茄产量中的应用
2. 用于检测番茄灰叶斑病抗性的SNP位点组合及其应用
3. 一种转GAD2基因番茄植株快速获得的方法

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

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：022-236786165  
邮箱：[agri@ckcest.cn](mailto:agri@ckcest.cn)  
2022年9月30日

## ▶ 前沿资讯

### 1. 研究揭示DNA和RNA甲基化调控番茄果实成熟衰老新机制

**简介:** 近日, 我院加工所左进华团队与法国图卢兹大学Mondher Bouzayen教授 (欧洲科学院院士, 欧盟食品与农业科技合作行动委员会主席) 团队合作在植物学Top期刊《The Plant Journal》在线发表了题为“DNA and coding/noncoding RNA methylation analysis provide insights into tomato fruit ripening”的研究论文, 为探究番茄果实成熟衰老调控机制研究提供了新线索。番茄是全球范围内最受欢迎且营养价值较高的蔬菜之一, 其成熟过程涉及一系列复杂生理生化过程, 从而促进营养化合物合成、色素积累、挥发性芳香化合物的积累以及组织结构的变化。本研究以不同成熟期的野生型AC (Alisa Craig) 和成熟突变体Nr (Never ripe) 番茄果实为材料, 采用高通量测序技术与生物信息学分析相结合的方法, 比较了DNA甲基化和RNA甲基化 (m5C修饰) 在番茄果实不同成熟阶段的分布特征和变化趋势, 并进一步系统解析了DNA甲基化、RNA m5C修饰协同调控番茄果实成熟衰老的新机制, 为最终阐明果实成熟调控网络提供了新的理论依据。硕士生郭苏苏、郑鄢燕博士和孟德梅副教授 (天津科技大学) 为该论文并列第一作者, 左进华研究员、Mondher Bouzayen院士和王清研究员为共同通讯作者, 赵晓燕研究员, 邓志平研究员、谭金娟博士 (浙江省农业科学院), 郎墨博研究员 (中国科学院), 张波教授 (浙江大学) 等参与了部分工作, Donald Grierson院士 (英国诺丁汉大学) 也为文章相关内容给予了指导, 该研究得到了国家自然科学基金等项目的资助。农产品采后生理与调控技术团队多年来一直致力于果蔬成熟衰老的调控机制及调控技术研究, 先后联合美国、英国、法国等知名院士专家团队, 系统揭示了果类、瓜类蔬菜果实品质形成及采后成熟衰老的调控机制, 相关成果发表在《The Plant Journal》《Horticulture Research》(封面文章) 等国际知名学术期刊, 团队负责人左进华研究员入选2021园艺学全球Top100高产作者。

**来源:** 北京市农林科学院加工所

**发布日期:** 2022-09-22

**全文链接:**

<https://www.baafs.net.cn/front/news/newsDetails?id=18768&type=215>

### 2. 蔬菜所和加工所承担的院京津冀课题阐明高糖度番茄亏缺灌溉调控分子机制

**简介:** 在院科技创新能力建设专项京津冀课题“环京津冀果蔬优质高效节水技术研究”的支持下, 我院蔬菜所刘明池研究员团队联合加工所左进华研究员团队与国际园艺学会采后分会主席、美国康奈尔大学Christopher B. Watkins教授团队联合在农林科学TOP期刊Postharvest Biology for Food Security (Q1, IF:6.751) 在线发表了题为“Sugar accumulation for food quality of tomatoes under water deficit irrigation”的研究论文, 该进展是在团队多年研究建立的高糖度番茄生产模式基础上, 在国际上首次采用多组学联合分析的方法, 对含糖量8%以上的番茄果实形成进行系统研究, 揭示了水分亏缺灌溉技术调控番茄果实风味品质的分子机制, 为果实风味品质的提升提供新的理论依据。番茄果实营养丰富, 口感独特, 深受广大消费者的喜爱, 随着人们生活水平的提高, 消费者对蔬菜产品质量、风味、营养和安全提出了更高要求。我国蔬菜行业正在由数量型向质量型转变, 水分亏缺灌溉技术不仅节水, 还能提升果实的风味品质, 本

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

研究在自主研发的封闭式无机基质限根栽培系统（发明专利：ZL201510214349.X）的基础上，多年研究建立了亏缺灌溉高糖度番茄生产模式，生产出8%以上高糖度番茄。此次研究团队采用高通量测序和生物信息学相结合的方法，系统研究了水分亏缺灌溉技术对番茄果实风味品质的调控机制，解析了mRNA和代谢物质在对照组和处理组中表达谱的差异性，并构建了番茄果实风味品质变化的协同调控模型。研究发现，水分亏缺灌溉技术主要通过调控嘌呤代谢、乙醛酸和二羧酸代谢、半乳糖代谢、淀粉和蔗糖代谢途径中相关基因和代谢物的表达来提高番茄果实的风味品质，此研究为高品质番茄的调控和生产提供了新见解，为进一步研究高品质番茄果实采后风味品质劣变的调控机理研究提供了新依据。该成果是我院科技创新能力建设专项京津冀课题多学科团队协同创新取得的重要科研进展，刘明池研究员和季延海高级农艺师为该论文的共同通讯作者，左进华研究员和博士研究生白春美为该论文的共同第一作者，美国康奈尔大学Christopher B. Watkins教授，王清研究员、梁浩高级工程师、郑鄢燕博士参与了部分工作。该研究并得到了国家自然科学基金、北京市科技计划、国家大宗蔬菜产业技术体系、北京市农林科学院协同创新中心建设等项目的资助。

**来源：**北京市农林科学院蔬菜研究所

**发布日期：**2022-09-21

**全文链接：**

<https://www.baafs.net.cn/front/news/newsDetails?id=18762&type=215>

### 3. 二月兰基因组解析为十字花科古多倍化演化和野生资源利用提供新思路

**简介：**近日，中国农业科学院蔬菜花卉研究所蔬菜分子设计育种团队完成了二月兰基因组的解析，通过基因组比较分析，在十字花科古多倍化演化和高产优质油脂性状等的遗传基础上取得了重要发现。相关成果以“The genome of *Orychophragmus violaceus* provides genomic insights into the evolution of Brassicaceae polyploidization and its distinct traits”为题发表在《植物通讯 (Plant Communications)》(IF: 8.625)上。二月兰，属于十字花科诸葛菜属，因开花始于农历二月而得名，是一种重要的观赏园艺植物。二月兰的种子含油量高，富含不饱和脂肪酸，是一种潜在的高质量油料作物。从进化上看，已有研究提示二月兰可能是由一个四倍体祖先进化而来，且与白菜、甘蓝、萝卜等十字花科蔬菜的亲缘关系较近，可与白菜等杂交。因此，有推测认为二月兰可能是白菜等十字花科作物多倍化过程中的四倍体祖先。然而由于基因组信息缺乏，限制了相关多倍化进化过程的研究，也阻碍了二月兰的驯化与育种应用。该团队运用Nanopore和Hi-C测序组装技术，完成了二月兰全基因组组装，获得了包含12对染色体的高质量参考基因组，大小为1.34 Gb。基于二月兰祖先基因组的推导、重建与分析，发现二月兰经历了一次特异性的基因组四倍化事件，并明确了其二倍体祖先具有七条染色体，且核型为tPCK (translocated proto-Calepineae karyotype)，与白菜等十字花科蔬菜作物相同。基于祖先基因组的七条染色体，重建了二月兰的两套祖先基因组，分别命名为0v1和0v2。研究发现0v1的基因密度高于0v2，进一步比较两套亚基因组中的同源基因表达水平，发现0v1上有更多基因的表达量高于0v2上的线性同源基因，同时与基因上下游的重复序列密度呈负相关。这些结果表明二月兰存在亚基因组优势现象，其古多倍化属于异源四倍化。二月兰与白菜等十字花科植物在系统发育树上较为接近，其基因组四倍化发生在约857万年前，与白菜、甘蓝等共有的基因组古三倍化时间相近。通过比较二月兰与白菜等作物的基因组区块 (genomic block) 的重排断点

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

的位置关系，以及亚基因组的来源分析，发现二月兰的古四倍化事件与芸薹属的古六倍化事件是相互独立的，明确了二月兰不是白菜等十字花科作物的四倍体祖先。此外，通过比较基因组区块关系，还校正了十字花科祖先核型系统的两个区块的边界错误。综上所述，本研究解析了二月兰高质量基因组，通过基因组进化分析，明确了二月兰经历了一次特异的古异源四倍化事件，存在亚基因组优势现象，并确定了二月兰的古四倍化事件与白菜等十字花科蔬菜作物的古六倍化事件相互独立。这些研究结果丰富了我们对十字花科古多倍化演化的认知，为利用十字花科野生资源创制高产优质作物新种质提供了理论依据，以及为绿肥植物的研究提供了数据基础。蔬菜分子设计育种团队助理研究员张亢、博士生杨印庆和硕士毕业生张鑫为该论文的共同第一作者，程锋研究员、王晓武研究员、资源区划所易可可研究员和美国内布拉斯加大学林肯分校的James C. Schnable教授为该论文的共同通讯作者。本研究得到了国家自然科学基金、中国农业科学院科技创新工程项目、农业农村部园艺作物生物学与遗传改良重点实验室，以及重点研发项目国家绿肥产业技术体系的资助。原文链接：<https://doi.org/10.1016/j.xplc.2022.100431>。

来源：中国农业科学院蔬菜花卉研究所

发布日期:2022-09-08

全文链接:

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/402ee06a66c84cb6a48de3510d01a0b3.htm>

## ➤ 学术文献

### 1. Chromosomal fragment deletion in APRR2-repeated locus modulates the dark stem color in *Cucurbita pepo* (APRR2重复位点染色体片段缺失调节西葫芦暗茎颜色)

简介: Stem color is an important agronomic trait in zucchini (*Cucurbita pepo*) for robust seeding and high yield. However, the gene controlling the stem color has not been characterized. In this study, we identified a single locus accounting for the dark green stem color of *C. pepo* (CpDsc-1). Genetic analysis of this trait in segregated populations derived from two parental lines (line 296 with dark green stems and line 274 with light green stems) revealed that stem color was controlled by a single dominant gene (dark green vs. light green). In bulked segregant analysis, CpDsc-1 was mapped to a 2.09-Mb interval on chromosome 15. This region was further narrowed to 65.2 kb using linkage analysis of the F2 population. Sequencing analysis revealed a 14 kb deletion between Cp4.1LG15g03420 and Cp4.1LG15g03360; these two genes both encoded a two-component response regulator-like protein (APRR2). The incomplete structures of the two APRR2 genes and abnormal chloroplasts in line 274 might be the main cause of the light green phenotype. Gene expression pattern analysis showed that only Cp4.1LG15g03420 was upregulated in line 296. Subcellular localization analysis indicated that Cp4.1LG15g03420 was a nuclear gene. Furthermore, a co-dominant marker, G4563 (93% accuracy rate), and a co-segregation marker, Fra3, were established in 111 diverse germplasms; both of these markers were tightly linked with the color trait. This study provided insights into chlorophyll regulation mechanisms and revealed the markers valuable for marker-assisted selection in future

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

zucchini breeding.

来源: Theoretical and Applied Genetics

发布日期: 2022-09-05

全文链接:

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeXzziACf\\_yACVHocf1IW492.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeXzziACf_yACVHocf1IW492.pdf)

## **2. Natural Plant Extracts and Microbial Antagonists to Control Fungal Pathogens and Improve the Productivity of Zucchini (*Cucurbita pepo* L.) In Vitro and in Greenhouse (天然植物提取物和微生物拮抗剂在温室和离体条件下控制真菌病原并提高西葫芦生产力)**

**简介:** Background: Natural plant extracts and microbial antagonists have the potential for use in increasing the fungal resistance and productivity of horticulture plants. Methods: The purpose of this study was to evaluate the ability of both natural plant extracts and microbial antagonists as a biotical control of some fungal pathogens, i.e., *Fusarium* ssp., *Exserohilum* ssp. and *Nigrospora* ssp., along with improving the growth and productivity performance of zucchini under greenhouse conditions. *Eucalyptus camaldulensis* leaf extract (LE), *Citrus sinensis* LE, *Ficus benghalensis* fruit extract (FE), and two microbial antagonists *Pseudomonas fluorescens* (accession no. MW647093) and *Trichoderma viride* (accession no. MW647090) were tested under in vitro and in vivo conditions. Through morphological characteristics and the internal transcribed spacer (ITS) region, *Fusarium solani* (accession no. MW947256), *F. oxysporum* (accession no. MW947254), *Exserohilum rostratum* (accession no. MW947255), and *Nigrospora laticolonia* (accession no. MW947253) were identified. HPLC analysis was used for the identification of phenolic compounds (PCs) and flavonoid compounds (FCs) in the extracts. Results: The highest inhibition percentage of fungal growth (IPFG) against *F. oxysporum* was obtained with *P. fluorescens*, *T. viride*, and *E. camaldulensis* LE (4000 mg/L); *F. solani* with *P. fluorescens*, *T. viride*, and *C. sinensis* LE (4000 mg/L); *Exserohilum rostratum* with *P. fluorescens*, *Ficus benghalensis* FE (4000 mg/L) and *E. camaldulensis* LE (4000 mg/L), and *N. laticolonia* with *P. fluorescens*. Using HPLC analysis, the abundant PCs in *E. camaldulensis* LE were pyrogallol, and caffeic acid, those in *C. sinensis* LE were syringic acid and ferulic acid, and those in *F. benghalensis* FE were gallic acid and syringic acid. In addition, the abundant FCs in *E. camaldulensis* LE were kaempferol, and naringin, those in *C. sinensis* LE were hesperidin and quercetin, and those in *F. benghalensis* FE were kaempferol and quercetin. Under greenhouse experiments, *T. viride* and *E. camaldulensis* LE (4000 mg/L) followed by *P. fluorescens* + *T. viride* treatments gave the best results of zucchini plants in terms of leaf area, fruits number per plant, yield per plant, and total yield (marketable and non-marketable). Conclusions: Plant extracts and bioagents can be used to control some zucchini fungal pathogens and increase the productivity performance of zucchini plants.

来源: Horticulturae

发布日期: 2021-09-23

全文链接:

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

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/11/Csgk0GNBHWiAIqJ1ADI6k6fw6-k056.pdf>

## ➤ 相关专利

### 1. 番茄WRKY37蛋白在调控番茄抗叶片衰老能力、提高番茄产量中的应用

**简介:** 本发明涉及基因工程技术领域, 尤其涉及番茄WRKY37蛋白在调控番茄抗叶片衰老能力、提高番茄产量中的应用。本发明发现番茄WRKY37蛋白可以调控番茄的抗叶片衰老能力以及调控番茄的果实产量。在实际应用中, 可以通过基因编辑手段敲除番茄中的WRKY37基因, 抑制WRKY37蛋白的表达, 以获得抗叶片衰老能力更强的番茄品系; 或通过slwrky37-K0植株与其他番茄品种杂交, 培育抗衰老及高产量番茄品种。本发明利用CRISPR-Cas9基因组定点编辑系统突变番茄WRKY37基因, 创制了高产番茄株系, 该番茄株系的抗叶片衰老能力显著提高, 产量也显著提高, 具有重要的应用价值。

**来源:** 佰腾网

**发布日期:** 2022-07-05

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/11/Csgk0GNBIB-Aeyk9AAmJ3US88t4902.PDF>

### 2. 用于检测番茄灰叶斑病抗性的SNP位点组合及其应用

**简介:** 本发明涉及植物生物技术领域, 具体涉及一种用于检测番茄灰叶斑病抗性的SNP位点组合及其应用。基于此, 本发明开发了一种能够快速、直观且有效鉴定目标SNP位点基因型状态的引物组合、试剂盒以及检测方法。应用本发明可实现对番茄灰叶斑病抗性基因Sm区段单倍型的快速、精准和高通量检测, 具有操作简单、成本低廉、可自动化、通量效率高、标记稳定、安全无毒无害等优点, 可以在番茄苗期快速、准确和高通量的进行番茄灰叶斑病抗性鉴定, 降低人工接种鉴定和田间移栽工作量, 提高育种效率、降低育种成本、加速育种进程, 非常适合现代商业化育种应用及大规模遗传改良研究。

**来源:** 佰腾网

**发布日期:** 2022-06-07

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeX0deAR54tACLnoKD9UDE197.PDF>

### 3. 一种转GAD2基因番茄植株快速获得的方法

**简介:** 本发明公开了一种转GAD2基因番茄植株快速获得的方法, 包括步骤S1. 构建pBWA(V)HS?GAD2基因过表达载体; S2. 在得到pBWA(V)HS-GAD2基因过表达载体后, 利用农杆菌浸染子叶法获得转基因, 并对转基因苗进行培养, 得到转GAD2基因番茄植株; 通过本方法所得到的上述方法得到的番茄植株的过量表达GABA的新型番茄的GABA的含量是野生型的1.5-2倍, 不仅可以提高番茄抗逆性, 易于种植, 可以提高产量, 而且提高番茄的有机酸含量, 提高品质; 同时由于本番茄植株矮小, 果实小巧可爱, 还可以作为保健食品, 有益健康, 为番茄的分子育种和遗传改良提供种质新材料, 具有广阔的应用前景。

**来源:** 佰腾网

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

发布日期:2022-03-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeX072ABsQUAA0QJt3gt9I513.PDF>