



2022年第51期总84期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 马铃薯基因组完成图揭示复杂区域中存在重要农艺性状相关的高度串联复制基因簇
2. 中国农业科学院蔬菜花卉所杨学勇团队利用定向人工进化策略创造葫芦科瓜类作物紧凑株型
3. 北京市农林科学院蔬菜所在韭菜微咸栽培技术及其分子机制研究中取得新进展

▶ 学术文献

1. 乙烯诱导黄瓜(黄瓜*Cucumis sativus* L.)不定根发生过程中关键基因的鉴定
2. 黄瓜(黄瓜*Cucumis sativus* L.)扩展蛋白的全基因组分析及其在果实刺发育中的作用

▶ 相关专利

1. 与西兰花花球低温变紫性状连锁的InDel标记物及引物组和应用

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

2. 用于花椰菜隐性细胞核雄性不育性筛选的PCR引物、试剂盒及其应用

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12月23日

▶ 前沿资讯

1. 马铃薯基因组完成图揭示复杂区域中存在重要农艺性状相关的高度串联复制基因簇

简介: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所马铃薯遗传育种与栽培创新团队和蔬菜分子设计育种创新团队,对马铃薯单倍型DM的基因组进行了全序列组装,获得了包含24个端粒和12个着丝粒完整序列的马铃薯单倍型DM的端粒到端粒(T2T)的基因组完成图(DM8.1),并在之前马铃薯基因组未能完整组装的高度重复序列区域中,发现了调控重要农艺性状的大量串联复制的基因簇。相关研究成果于近日以The gap-free potato genome assembly reveals large tandem gene clusters of agronomical importance in highly repeated genomic regions为题发表在Molecular Plant (IF=21.949)上。马铃薯是仅次于小麦和水稻的世界第三大粮食作物,其同源四倍体遗传和高度杂合性限制了马铃薯遗传育种研究。高质量的参考基因组是马铃薯遗传育种研究的重要基础。双单倍体DM1-3516 R44 (DM)基因组在马铃薯基因组学、遗传和育种研究中作为参考基因组一直发挥着重要作用,其基因组版本自最初的DM4.04 (PGSC, 2011)开始,历经十年提高到了DM6.1 (Pham et al., 2020),但仍然存在161个gap,端粒和着丝粒结构仍不完整,在这些GAP区域以及端粒和着丝粒结构隐藏着什么遗传信息不得而知。随着三代测序技术的发展,特别是高连续性ONT超长测序和高精度HiFi测序的结合,有望克服着丝粒或高重复区域组装困难的问题。Gap-free基因组是基因组组装的最终目标,是深入研究着丝粒、富含转座因子(TE)和重复片段(segmental duplications, SDs)等序列区域的独特基因和变异(SV)的基础。目前实现Gap-free基因组的仅有基因组相对较小的水稻、拟南芥和西瓜。该研究利用Nanopore ONT Ultra-long reads和Hi-C挂载,并结合多种技术方法进行补洞(gap closing),获得了包含24个端粒和12个着丝粒完整序列的马铃薯单倍型DM的T2T基因组完成图(DM8.1)(图1)。研究首先利用ONT ultra-long reads进行三代组装和Hi-C挂载,获得了基因组大小、完整度和连续性均显著优于DM6.1的基因组版本preDM8,其contig N50是DM6.1的两倍。preDM8基因组12条染色体仅含有25个gap,少于DM6.1的161个,并且直接获得了chr05的完整染色体。其次,利用迭代组装、共线性比较、目标序列长片段扩增和HiFi测序等方法填补了preDM8中的25个gap(图2)。其中,在HiFi测序补洞过程中,基于Gap两侧5 kb的序列设计引物,使用long-PCR扩增获得产物并进行测序,结合HiFi测序reads和gap两侧序列进行迭代组装,最终获得了马铃薯DM的gap-free基因组(DM8.1)。研究进一步发现在基因组DM6.1未填补的gap中存在高度串联重复的基因簇,且这些基因调控马铃薯的重要农艺性状,包括patatin、TPS、Cupin、Leucine-rich repeat等基因(图3A)。其中块茎储藏蛋白patatin基因在马铃薯基因组中特异性大量扩增,且这一扩增过程在马铃薯物种形成、驯化和育种改良过程中持续发生;除拷贝数大量扩增之外,patatin的基因功能同时受到了强烈的正向选择;转录组分析显示,这些高度扩增的patatin基因绝大部分在马铃薯块茎中特异性高表达(图3B-E)。基于以上发现,推测patatin基因通过剂量扩增和功能进化在马铃薯作物驯化和块茎形成中发挥了关键作用。该发现同时也提示了通过调控单个或少量关键基因的拷贝数/绝对剂量来进行作物改良的潜在可行性。该研究成果将促进我们对基因组中高度重复序列区域或高重复结构的重视和认识;DM8.1作为茄科作物中第一个基因组完成图,也为其他基因组的完成图组装提供了参考;另外,DM8.1完成图将推动马铃薯及茄科其他作物遗传育种研究的快速发展,具有重要的意义。 中国农业科学

院蔬菜花卉研究所马铃薯遗传育种与栽培创新团队李广存研究员和蔬菜分子设计育种创新团队的程锋研究员为该论文的共同通讯作者，山东省农业科学院蔬菜所杨晓慧副研究员和中国农业科学院蔬菜花卉研究所博士生张令奎为本文第一作者。中国热带农业科学院和中国农业科学院深圳农业基因组研究所的黄三文研究员对该研究进行了指导。该研究得到了国家自然科学基金、山东省良种工程、国家马铃薯产业技术体系、中央级公益性科研院所基本科研业务费专项、中国农业科学院科技创新工程等项目的支持。论文链接：<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1674205222004452>

来源： 中国农业科学院蔬菜花卉研究所

发布日期:2022-12-20

全文链接:

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/f463d2ccb0e4c2b8fedccdlfdca380f.htm>

2. 中国农业科学院蔬菜花卉所杨学勇团队利用定向人工进化策略创造葫芦科瓜类作物紧凑株型

简介：一个物种的种质资源群体内的遗传变异缺乏、同质化严重，是目前主要农作物都面临的遗传基础狭窄的问题。遗传基础狭窄是农作物改良难以取得突破性进展的全球问题。近期，中国农业科学院蔬菜花卉研究所蔬菜功能基因组团队联合国内多家合作单位，针对葫芦科瓜类作物遗传基础狭窄难以获得紧凑株型的问题，提出了一种定向的人工进化策略来创造葫芦科瓜类作物的全新紧凑株型，大大提高了葫芦科瓜类作物的生产效率，显著节省了劳动力的投入。相关研究成果于2022年12月13日以Architecture design of cucurbit crops for enhanced productivity by a natural allele为题发表在Nature Plants上。黄瓜、甜瓜和西瓜等葫芦科瓜类作物是世界上重要的经济蔬菜/水果作物，这些作物的主茎和节间均较长，使得栽培群体的种植密度较低，管理上耗时费工，生产效率低下。具有显性遗传的特征，并且不影响座果和产量的紧凑株型已成为葫芦科作物急需改良的一个重要方向。为了解决这一育种难题，研究团队在2000多份南瓜种质中寻找到唯一一份由显性单基因控制的中国南瓜矮化种质。图位克隆和遗传验证揭示南瓜CmoYABBY1基因的5' UTR上一段76bp的缺失，通过增强CmoYABBY1的蛋白翻译水平，使得南瓜主茎极度缩短。分析发现该76bp序列中存在一个在葫芦科作物中保守的元件B-region，研究团队利用基因编辑工具对黄瓜和西瓜中的B-region进行靶向删除，创造出B-region各种不同的缺失形式，不同程度的增强了YABBY1的翻译量，进而不同程度的缩短了黄瓜和西瓜的主茎长度，从而实现了茎长的精细调节。研究团队根据不同瓜类作物的不同栽培模式，将基因编辑获得的新等位基因植株进行精确配置，发现基因编辑的矮化植株可以显著的提高单位面积产量或显著降低劳动力成本。研究团队认为YABBY1基因上B-region的各种不同缺失是优化葫芦科瓜类作物主茎长度的有效策略，可以大幅度的提高葫芦科作物的生产效率。Nature Plants同期还刊发了林鸿宣院士团队撰写的题为Compact plants enhance productivity的评论文章，对该项成果进行了介绍并给予了高度评价。该论文的第一完成单位和通讯单位为中国农科院蔬菜花卉研究所。第一作者为中国农业科学院蔬菜花卉研究所与西北农林科技大学联合培养博士后王深浩(现为副教授)、中国农业科学院蔬菜花卉研究所读博士生王昆和西北农林科技大学园艺学院李征教授。通讯作者为蔬菜花卉研究所杨学勇研究员。中国热带农业科学院和中国农业科学院深圳农业基因组研究所的黄三文研究员对该研究进行了指导，北京市农林科学院蔬菜研究所的李海真研究员为该成果提供了南瓜种质资源和群体材料。该研究得到了国家自然科学基金和中国农业科学院创新工程等项目的资助。原文链接：

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

<https://doi.org/10.1038/s41477-022-01297-6>

来源: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所

发布日期:2022-12-14

全文链接:

<http://www.ivfcaas.ac.cn/xwdt/zhxw/dc5b42ac3b4746bd9dd117ddfef1f84a.htm>

3. 北京市农林科学院蔬菜所在韭菜微咸栽培技术及其分子机制研究中取得新进展

简介: 近日, 我院蔬菜所栽培与设施科研团队国际学术期刊《Frontiers in Nutrition》(IF=6.590, Q1) 在线发表了题为“Physiological, tranomic, forbid metabolic analyses reveal that mild salinity improves the growth, nutrition, forbid flavor properties of hydroponic Chinese chive (*Allium tuberosum* Rottler ex Spr)” 的 研究论文。该项研究发现轻度盐胁迫能够促进韭菜的风味相关次生代谢物积累, 并据此创新了微咸栽培技术, 使水培韭菜辛辣风味达到露地栽培韭菜水平, 为解决水培韭菜“味淡”的产业难题, 提供了一项轻简实用的技术方案, 进而通过揭示该技术的分子机理, 为技术应用推广提供了科学理论支撑。蔬菜所栽培团队首创韭菜水培生产技术, 有效解决了农药残留超标的产业顽疾。然而, 栽培方式改变导致水培韭菜辛辣度降低、风味不足, 其主要原因是在于韭叶中的风味物质前体分子S-烯基半胱氨酸亚砷(CSO)积累量, 显著低于同茬期的土壤栽培产品。水培韭菜“味淡”严重影响着消费者的购买意愿和农户的种植收益, 困扰着本产业的可持续发展。为攻克韭菜“味淡”的产业难题, 科研团队受到农谚“顺境出产量, 逆境出品质”启发, 经过反复试验筛选, 发现在原营养液配方中添加少量NaCl, 以轻度胁迫刺激CSO合成, 能显著提升韭菜辛辣度, 其它品质指标也明显改善, 产量略增。深入研究证实盐胁迫激活了转录因子AtubHLH1和AtuB3及CSO合成的关键酶基因AtuFM01转录, 共同促进CSO积累。此外, 团队还发现谷氨酸和天冬氨酸是韭叶的优势游离氨基酸, 盐胁迫使谷氨酸含量增加, 韭叶鲜味更浓。基于上述结果, 团队创新了微咸栽培模式, 增味提质效果明显, 并为发展其它水培蔬菜的高品质栽培提供了有益借鉴。论文第一作者为我院蔬菜所刘宁研究员, 通讯作者为武占会研究员和刘宁研究员, 论文写作过程中得到了刘明池研究员和何洪巨研究员(加工所)的悉心指导, 团队的梁浩高级工程师、王宝驹副研究员、季延海高级农艺师、谢龙博士、佟静博士、客座硕士生胡晶晶和韩贝贝等人参与了本项研究工作。该课题得到了国家现代农业产业技术体系、北京市财政专项、“青年英才”计划、“青年基金”、“科创基金”等项目的共同资助。

来源: 北京市农林科学院蔬菜研究所

发布日期:2022-11-11

全文链接:

<https://www.baafs.net.cn/front/news/newsDetails?id=18863&type=215>

➤ 学术文献

1. Identification of Key Genes during Ethylene-Induced Adventitious Root Development in Cucumber (*Cucumis sativus* L.) (乙烯诱导黄瓜

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

(黄瓜 *Cucumis sativus* L.) 不定根发生过程中关键基因的鉴定)

简介: Ethylene (ETH), as a key plant hormone, plays critical roles in various processes of plant growth and development. ETH has been reported to induce adventitious rooting. Moreover, our previous studies have shown that exogenous ETH may induce plant adventitious root development in cucumber (*Cucumis sativus* L.). However, the key genes involved in this process are still unclear. To explore the key genes in ETH-induced adventitious root development, we employed a transcriptome technique and revealed 1415 differentially expressed genes (DEGs), with 687 DEGs up-regulated and 728 DEGs down-regulated. Using Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analysis, we further identified critical pathways that were involved in ETH-induced adventitious root development, including carbon metabolism (starch and sucrose metabolism, glycolysis/gluconeogenesis, citrate cycle (TCA cycle), oxidative phosphorylation, fatty acid biosynthesis, and fatty acid degradation), secondary metabolism (phenylalanine metabolism and flavonoid biosynthesis) and plant hormone signal transduction. In carbon metabolism, ETH reduced the content of sucrose, glucose, starch, the activity of sucrose synthase (SS), sucrosephosphate synthase (SPS) and hexokinase (HK), and the expressions of CsHK2, pyruvate kinase 2 (CsPK2), and CsCYP86A1, whereas it enhanced the expressions of β -amylase 1 (CsBAM1) and β -amylase 3 (CsBAM3). In secondary metabolism, the transcript levels of phenylalanine ammonia-lyase (CsPAL) and flavonoid 3'-monooxygenase (CsF3'M) were negatively regulated, and that of primary-amine oxidase (CsPAO) was positively regulated by ETH. Additionally, the indole-3-acetic acid (IAA) content and the expressions of auxin and ETH signaling transduction-related genes (auxin transporter-like protein 5 (CsLAX5), CsGH3.17, CsSUAR50, and CsERS) were suppressed, whereas the abscisic acid (ABA) content and the expressions of ABA and BR signaling transduction-related genes (CsPYL1, CsPYL5, CsPYL8, BRI1-associated kinase 1 (CsBAK1), and CsXTH3) were promoted by ETH. Furthermore, the mRNA levels of these genes were confirmed by real-time PCR (RT-qPCR). These results indicate that genes related to carbon metabolism, secondary metabolite biosynthesis, and plant hormone signaling transduction are involved in ETH-induced adventitious root development. This work identified the key pathways and genes in ETH-induced adventitious rooting in cucumber, which may provide new insights into ETH-induced adventitious root development and will be useful for investigating the molecular roles of key genes in this process in further studies.

performed with 32,308 adults (17,290 men), in Tianjin, China. Mushrooms consumption was assessed via a self-administered food frequency questionnaire. Handgrip strength was measured using a handheld digital dynamometer. Analysis of covariance were used to evaluate the association between edible mushrooms consumption and handgrip strength. RESULTS After adjusting potential confounding factors [age, body mass index, smoking status, alcohol-consumption status, education levels, employment status, household income, physical activity, family history of diseases (cardiovascular disease, hypertension, hyperlipidemia, and diabetes), metabolic syndromes, total energy intake, and dietary pattern], the least square means (95% confidence intervals) of HGS across consumption of edible mushrooms in males were 42.3 (41.0, 43.6) kg for ≤ 1 time/week, 43.4 (42.1, 44.6) kg for 2-3 times/week, and 43.2 (41.9, 44.4) kg for ≥ 4 times/week (P for trend < 0.001). In females, least square means were 25.1

(24.0, 26.2) kg for ≤1 time/week, 25.7 (24.7, 26.8) kg for 2-3 times/week, and 25.7 (24.7, 26.8) kg for ≥4 times/week (P for trend <0.001). Similar associations were also observed for weight-adjusted HGS.CONCLUSIONSThe study firstly revealed a positive association between edible mushrooms consumption and handgrip strength in both males and females. Further studies are needed to explore the casual relationship.TRIAL REGISTEREDUMIN Clinical Trials Registry. Reg no UMIN000027174. Trial registration website https://upload.umin.ac.jp/cgi-open-bin/ctr_e/ctr_view.cgi?recptno=R000031137.

来源: International Journal of Molecular Sciences

发布日期:2022-09-28

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/19/Csgk0G01HS-AdR4-ADuuKw-VefQ534.pdf>

2. Genome-wide analysis of expansins and their role in fruit spine development in cucumber (*Cucumis sativus* L.) (黄瓜 (黄瓜 *Cucumis sativus* L.) 扩展蛋白的全基因组分析及其在果实刺发育中的作用)

简介: Cucumber is one of the most widely consumed vegetables worldwide, and the fruit spine is an important fruit quality trait. Expansins play critical roles in fruit development; however, the regulation of expansins in cucumber fruit spine development has not been reported. In this study, 33 expansin genes were identified in the cucumber genome V3; additionally, expansin genes in *Citrullus lanatus*, *Cucumis melo*, *Cucurbita maxima*, *Lagenaria siceraria*, and *Benincasa hispida* were also identified. Phylogenetic analysis of expansin proteins in Cucurbitaceae and *Arabidopsis* showed that they evolved separately in each plant species. Phylogenetic analysis showed that *C. maxima* was derived earlier than the other five Cucurbitaceae species. The expression of CsEXPA2, CsEXPA14, and CsEXLA3 varied in cucumber lines with different fruit spine densities. A yeast two-hybrid assay showed that a putative auxin transporter encoded by numerous spine gene (ns) interacts with CsEXLA2, which may be involved in the development of the numerous spines in cucumber. These results provide novel insights into the expansins related to plant development and fruit spine development in cucumber.

来源: Horticultural Plant Journal

发布日期:2022-06-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/47/Csgk0Yf70AKARJ8EAEtTWTDen0c004.pdf>

➤ 相关专利

1. 与西兰花花球低温变紫性状连锁的InDe1标记物及引物组和应用

简介: 本发明公开了一种与西兰花花球低温变紫性状连锁的InDe1标记物及引物组和应用, 该InDe1标记物的核苷酸序列如SEQ ID NO. 6所示, 该InDe1标记物与西兰花花球低温变紫性状紧密连锁, 其物理位置为Chr9. 60169854。本发明的与西兰花花球低温变紫性状连锁的InDe1标记可应用于西兰花花球低温紫/绿性状的辅助选择, 可在早期对育种

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

材料进行批量检测，从而可在早期淘汰大量非理想的材料，检测方便，费用低廉，大幅度减少后期所需的定植、田间管理、表型鉴定的工作量。

来源：佰腾网

发布日期：2022-08-02

全文链接：

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/19/Csgk0G01H-mAe9pFAAbBK_du79c110.PDF

2. 用于花椰菜隐性细胞核雄性不育性筛选的PCR引物、试剂盒及其应用

简介：本发明开发了一种辅助鉴定花椰菜隐性细胞核雄性不育（控制基因为BoMS188）筛选的分子标记、专用引物及其应用。用于鉴定花椰菜隐性核基因雄性不育性的PCR标记，其核苷酸序列为5'-CGCATCTGATGGCAGAGATA-3'和5'-AAGCATCTCGTCCTTGAAACA-3'，用于检测所述PCR标记的引物名称为Cufms-F/Cufms-R，利用本发明提供的引物和试剂辅助鉴定花椰菜隐性雄性不育性，与田间表型的吻合率达到100%，将本发明用于花椰菜育种具有操作简便易行、特异性强、稳定性好、可以实现早期选育等优点，具有重大应用前景。

来源：佰腾网

发布日期：2019-04-12

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/47/Csgk0Yf70xeAYn6PAAS1ioSWWZQ861.PDF>