



2023年第55期总88期

## 种质资源保护与创制专题

### 本期导读

#### ➤ 前沿资讯

1. 研究解析油菜素内酯对陆地棉纤维伸长的调控网络
2. 首个豆科植物根尖单细胞表达图谱问世
3. 研究发现黄花苜蓿抗旱调控关键基因

#### ➤ 学术文献

1. 土壤营养对黄瓜(*Cucumis sativus L.*)花部特征、传粉者吸引和适合度的影响
2. 球孢白僵菌和绿僵菌对黄瓜(*Cucumis sativus L.*)与黄瓜花叶病毒(CMV)代谢互作的影响

#### ➤ 相关专利

1. 一种检测转基因大豆ZH10-6转化体的qPCR引物组及检测方法
2. 一种检测转基因作物中Cry1Ab蛋白的原位比率光电化学传感器的制备方法

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](mailto:agri@ckcest.cn)  
2023年1月20日

## ➤ 前沿资讯

### 1. 研究解析油菜素内酯对陆地棉纤维伸长的调控网络

**简介:** 近日,中国农业科学院棉花研究所棉花分子遗传改良创新团队全面解析了油菜素内酯(BR)对陆地棉纤维伸长的调控网络,为棉纤维品质改良提供了基因资源和理论基础。相关研究结果在线发表在《植物生理(Plant Physiology)》上。棉花是世界上重要的经济作物,棉纤维是纺织工业中天然纤维的主要来源。油菜素内酯是一种重要的植物激素,主要分布在植物生长旺盛的部位,在棉纤维发育中发挥重要作用。喷施油菜素内酯可以促进棉纤维伸长,但其调控棉纤维伸长的分子机制尚未被解析。该研究首先证实了GhBES1.4是棉花油菜素内酯信号途径的关键转录因子,在纤维伸长过程中发挥着重要作用。然后对陆地棉中GhBES1.4介导的油菜素内酯的总体调控网络进行整合,在陆地棉的全基因组水平发掘了GhBES1.4的靶基因,建立了GhBES1.4介导的油菜素内酯调控纤维伸长的转录调控网络。研究进一步筛选到7个高置信度的纤维伸长相关基因,并验证了其中2个关键基因在陆地棉纤维伸长中的功能,为该研究提出的油菜素内酯调控陆地棉纤维伸长的分子网络提供了数据支撑。研究结果为解析棉纤维品质形成的分子机制和遗传改良奠定了重要理论基础。

**来源:** 中国农业科学院棉花研究所

**发布日期:** 2023-01-17

**全文链接:**

<https://www.caas.cn/xwzx/mtbd/325666.html>

### 2. 首个豆科植物根尖单细胞表达图谱问世

**简介:** 首个豆科植物百脉根的根尖单细胞表达图谱日前绘制成功,此项科研成果由中国农业科学院生物技术研究所作物生物技术育种创新团队与国内其他科研单位合作完成,鉴定出根尖的主要细胞类型,发现了新的细胞类型特异基因,并分析了各个细胞类型的潜在功能,对研究豆科植物根系发育、结瘤固氮以及生物育种具有重要意义。豆科植物的根系不仅具有吸收运输养分、支持及贮存有机物质的重要作用,而且还具有根瘤固氮的生态意义。近年来,单细胞技术解析了模式植物拟南芥和作物水稻等根系的单细胞水平的基因表达图谱,然而,豆科植物根系的细胞类型及其功能尚未解析。研究首先对百脉根基因组进行了组装和注释的提升。在此基础上,对根尖解离出的22,688个原生质体进行了转录组测序,得到了高质量的测序结果,并通过新发现的细胞类型特异表达基因鉴定出了根尖的7种主要细胞类型,在国际上首次绘制了豆科植物百脉根的根尖单细胞表达图谱。科研人员进一步分析了不同细胞类型的功能,发现9种激素和固氮相关基因在不同细胞类型的表达规律。另外,与拟南芥根尖单细胞转录组比较分析,进一步表明了不同植物细胞类型的功能以及保守性和差异性。该研究得到国家科技基础资源调查专项、国家自然科学基金、重庆自然科学基金、中国农业科学院科技创新工程项目资助。相关研究成果发表在《植物学报(Journal of Integrative Plant Biology)》上。

**来源:** 中国农业科学院生物技术研究所

**发布日期:** 2023-01-13

**全文链接:**

<https://www.caas.cn/xwzx/mtbd/325628.html>

### 3. 研究发现黄花苜蓿抗旱调控关键基因

**简介:** 近日,中国农业科学院北京畜牧兽医研究所牧草种质资源保护与利用科技创新团队发现黄花苜蓿抗旱调控关键基因ERF053,为进一步提高转基因植物抗逆性和开展牧草抗逆遗传改良研究提供了基因资源和参考。相关研究成果发表在《植物科学前沿》(Frontiers in Plant Science)》上。 黄花苜蓿是一种重要的豆科牧草,具有较强的抗旱性,可作为牧草分子育种的重要基因源。在该研究中,科研人员通过对黄花苜蓿施用甘露醇来模拟干旱胁迫,分析了黄花苜蓿幼苗在不同处理时间点的形态和生理生化指标变化,筛选了黄花苜蓿中差异表达并显著响应干旱胁迫的候选基因。 该研究发现,有四个ERF转录因子基因与黄花苜蓿干旱胁迫密切相关,其中MfERF053基因在黄花苜蓿根中表达水平最高。进一步研究表明,当MfERF053在模式植物拟南芥中过量表达时,植株的根系长度、侧根数量和鲜重在干旱、盐胁迫和外源脱落酸处理的条件下明显优于野生型对照。过表达MfERF053基因的植株在土壤中生长时,其状态也明显优于野生型对照。目前,该基因也已在紫花苜蓿中过量表达,可用于进一步阐明其调控机制并应用于紫花苜蓿的抗逆性状改良。 该研究得到国家自然科学基金和国家现代农业产业技术体系项目的支持。 原文链接:

<http://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.995754/full>

**来源:** 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所

**发布日期:** 2022-11-24

**全文链接:**

<https://www.caas.cn/xwzx/kyjz/324711.html>

## ➤ 学术文献

### 1. Impacts of soil nutrition on floral traits, pollinator attraction, and fitness in cucumbers (*Cucumis sativus* L.).(土壤营养对黄瓜(*Cucumis sativus* L.)花部特征、传粉者吸引和适合度的影响)

**简介:** Annual plants allocate soil nutrients to floral display and pollinator rewards to ensure pollination success in a single season. Nitrogen and phosphorus are critical soil nutrients whose levels are altered by intensive land use that may affect plants' fitness via pollinator attractiveness through floral display and rewards. In a controlled greenhouse study, we studied in cucumbers (*Cucumis sativus*) how changes in soil nitrogen and phosphorus influence floral traits, including nectar and pollen reward composition. We evaluated how these traits affect bumble bee (*Bombus impatiens*, an important cucumber pollinator) visitation and ultimately fruit yield. While increasing nitrogen and phosphorus increased growth and floral display, excess nitrogen created an asymptotic or negative effect, which was mitigated by increasing phosphorus. Male floral traits exhibited higher plasticity in responses to changes in soil nutrients than female flowers. At 4:1 nitrogen:phosphorus ratios, male flowers presented increased nectar volume and pollen number resulting in increased bumble bee visitation. Interestingly, other pollinator rewards remained consistent across all soil treatments: male and female nectar sugar composition, female nectar volume, and pollen protein and lipid concentrations. Therefore, although cucumber pollination success was buffered in conditions of nutrient stress, highly skewed nitrogen:phosphorus soil ratios

reduced plant fitness via reduced numbers of flowers and reward quantity, pollinator attraction, and ultimately yield.

来源：Scientific Reports

发布日期:2022-12-16

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/49/Csgk0YgdFIaAaIM7AEhGMefWEqY739.pdf>

## **2. Impact of Beauveria bassiana and Metarhizium anisopliae on the Metabolic Interactions between Cucumber (*Cucumis sativus L.*) and Cucumber Mosaic Virus (CMV) (球孢白僵菌和绿僵菌对黄瓜(*Cucumis sativus L.*)与黄瓜花叶病毒(CMV)代谢互作的影响)**

**简介：**In natural systems, plantendophyte interactions are important for reducing abiotic and biotic stresses in plants by producing a variety of metabolites that protect plants from pathogens and herbivores. Biocontrol strategies are increasingly being used as a viable alternative to chemical pesticides. Entomopathogenic fungi (EPF) are one of them, and they have been touted as a successful method for biological pest control in plants. Because EPF strains are sensitive to environmental conditions when sprayed, the recently discovered endophytic behavior of several EPF strains has improved their management. Cucumber mosaic virus (CMV) is one of the most common and serious plant viruses worldwide, infecting over 1200 plant species and being spread by more than 80 aphid species. CMV control is directed towards the use of chemical insecticides to eradicate its insect vectors. Endophytic EPF is currently being studied to control plant virus infection, and antagonistic effects have been reported. Metabolomics is an emerging research field for plant metabolite profiling and is employed to study plantendophyte interactions. In the present research, metabolomics approaches were conducted to gain information into mechanisms involved in defense against CMV in endophytes Beauveria bassiana and Metarhizium anisopliae (EPF)-treated diseased cucumber plants. In addition, CMV-induced metabolic changes in cucumber plants were investigated. Our analysis indicated large differences in cucumber metabolites due to endophytes application. In total, six hundred and thirty-one metabolites were differentially expressed in endophyte-treated CMV diseased cucumber plants. Regulation of different kinds of amino acids, organic acids, and phenylpropanoids metabolites could provide insight about plant defense mechanism against CMV pathogen. Important metabolites were found to be regulated in diseased cucumber plants due to fungal endophytes treatment that could possibly confer tolerance to CMV disease.

来源：Horticulturae

发布日期:2022-12-12

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1B/Csgk0GPGYTeAf4V8ADGEV7p5Wyw266.pdf>

## ➤ 相关专利

## 1. 一种检测转基因大豆ZH10-6转化体的qPCR引物组及检测方法

**简介:** 一种检测转基因大豆ZH10-6转化体的qPCR引物组及检测方法，包括外源基因引物对和探针，以及内参基因lectin引物对及探针，其中，外源基因引物对的扩增片段位于外源基因插入片段3'端侧翼，所扩增片段的第1-50bp序列来源于外源插入片段载体序列，第51-101bp序列来源于大豆基因组第17号染色体部分序列，能够特异性的检测ZH10-6转化体，扩增片段长度101bp，具体序列如SEQ ID NO. 1所示。利用该引物组能特异、定量检测出转基因耐除草剂大豆ZH10-6转化体成分，精准定量转基因大豆ZH10-6转化体，为转基因大豆ZH10-6的检测，监管及环境安全评价提供重要技术支持。

**来源:** 佰腾网

**发布日期:** 2021-11-05

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1B/Csgk0GPGY2CAKDSUAA42T52pAKI910.pdf>

## 2. 一种检测转基因作物中Cry1Ab蛋白的原位比率光电化学传感器的制备方法

**简介:** 本发明属于生物传感器技术领域，公开了一种原位比率光电化学免疫传感器制备方法，将其应用于转基因作物中Cry1Ab蛋白的检测。以Au NRs和MB作为双敏化剂，实现PEC信号的双重放大。一方面，以具有SPR效应的Au NRs修饰CdTe QDs作为光电层，实现了初始信号放大。另一方面，将作为PEC信号增强剂的MB嵌入dsDNA中，实现信号二次放大。分别以加入目标物后的光电流和引入MB敏化的Ab2-CdSe QDs-dsDNA产生的光电流做比值，定量检测Cry1Ab浓度。两信号在同一电极获取，两者互为参考，有效地降低了溶液基质及环境因素对电极的干扰。该光电化学传感器检测范围为0.01-100ng·mL<sup>-1</sup>，检出限低至1.4pg·mL<sup>-1</sup>。本发明构建的原位比率PEC传感器具有良好的稳定性、选择性和重现性，实现转基因作物中Cry1Ab蛋白的灵敏检测。

**来源:** 佰腾网

**发布日期:** 2021-08-27

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/49/Csgk0YgdFm6AK1wHAAzITVW9bSU085.pdf>