



2023年第8期总93期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 马铃薯害虫马铃薯甲虫高质量基因组被破译
2. 我科研人员发现接近完整的白菜基因组
3. 玉米“杂种优势”之谜被破解

▶ 学术文献

1. 黄瓜(黄瓜*Cucumis sativus* L.)单性结实相关基因同源物的全基因组鉴定和特征分析
2. 尖孢镰刀菌F012非致病型菌株诱导黄瓜(黄瓜*Cucumis sativus* L.)植株缺铁反应

▶ 相关专利

1. 用于检测番茄根结线虫抗性的SNP位点组合及其应用
2. 一种萝卜种质的创制方法

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
2023年2月24日

▶ 前沿资讯

1. 马铃薯害虫马铃薯甲虫高质量基因组被破译

简介: 近日,中国农业科学院植物保护研究所经济作物虫害监测与防控创新团队联合浙江大学昆虫研究所等国内多家单位,破译了马铃薯毁灭性害虫马铃薯甲虫高质量基因组,该研究对于马铃薯甲虫风险评估、精准监测和科学防控具有重要指导意义,相关研究结果发表在Nature旗下著名学术期刊《Scientific Data》。马铃薯甲虫,属于鞘翅目、叶甲科,是国际公认的马铃薯重要毁灭性检疫害虫,先后被列入我国“进境植物检疫性有害生物名录”、“一类农作物病虫害名单”和“国家重点管理外来入侵物种名录”。马铃薯甲虫原产北美,1993年在我国新疆伊犁地区首次发现,对我国马铃薯产业造成极大的威胁,除对马铃薯造成毁灭性灾害外,还会危害番茄、茄子、辣椒、烟草等多种经济作物和粮食作物,直接关系到我国生物安全、生态安全和粮食安全。该研究利用HiFi测序数据和Hi-C辅助组装技术,获得马铃薯甲虫染色体基因组1,008.42Mb,Scaffold N50达到58.32Mb。注释获得蛋白编码基因29,606个。组装挂载染色体18条。通过1:1:1单拷贝基因数据集,对马铃薯甲虫和其他14种鞘翅目昆虫基因组进化分析发现,马铃薯甲虫与其他鞘翅目昆虫相比,存在1,260个扩增基因家族和716个收缩基因家族。其中扩增家族主要富集在DNA整合、巨噬等生化过程,收缩基因家族主要富集在L-鸟氨酸跨膜运输、调控转运蛋白活性等生化过程。马铃薯甲虫大量的基因家族扩展或收缩可能在其入侵扩散和抗药性演化等生态适应机制方面扮演一定的功能,该研究结果为马铃薯甲虫甚至鞘翅目类害虫生物生态学研究 and 精准绿色防控技术研发奠定了遗传学基础。本研究由中国农业科学院植物保护研究所、浙江大学昆虫研究所、新疆农业科学院植物保护研究所、中国科学院动物研究所等多家单位合作完成。该研究得到广东省基础与应用基础研究重大项目、国家重点研发计划“马铃薯两减”和国家自然科学基金项目资助。

来源: 新华网 2023年2月6日

发布日期: 2023-02-23

全文链接:

<https://www.caas.cn/xwzx/mtbd/326175.html>

2. 我科研人员发现接近完整的白菜基因组

简介: 记者从中国农科院获悉,近日,该院的蔬菜花卉研究所分子育种创新团队研究获得接近完整组装的白菜基因组,揭示白菜着丝粒的快速进化特征。相关研究成果在线发表在《植物生物技术(Plant Biotechnology Journal)》上。白菜是世界上栽培历史最悠久的蔬菜作物之一,是我国栽培面积最大的叶用蔬菜。作为芸薹属作物中第一个完成基因组测序的物种,白菜参考基因组为白菜作物的基因组研究和遗传改良奠定重要基础。但是,目前的白菜参考基因组仍然存在几百个缺口,其10条染色体的着丝粒结构组装均不完整。据介绍,该团队利用三代测序技术,获得接近完整的白菜基因组。该基因组填补了白菜基因组中绝大多数缺口,完成了8条染色体从端粒到端粒的完整组装,仅有2条染色体仍存在一个缺口;该基因组是目前组装最为完整的白菜基因组。研究还发现,着丝粒区域长末端重复序列的平均插入时间为14万年,显著晚于泛着丝粒区域,表明白菜的着丝粒区域经历着快速进化。该研究得到国家重点研发计划、中国农业科学院科技创新工程项目等项目支持。

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

来源: 工人日报 2023年2月17日

发布日期:2023-02-17

全文链接:

<https://www.caas.cn/xwzx/mtbd/326075.html>

3. 玉米“杂种优势”之谜被破解

简介: 中国农业科学院生物技术研究所玉米功能基因组创新团队与华南农业大学等单位合作, 构建了玉米核心自交系泛基因组、对14个自交系及其杂交种进行比较分析, 解析了玉米杂种优势形成机理。该研究将大大促进世界范围内玉米功能基因组研究的推进, 也为阐明玉米杂种优势机理及培育高产杂交玉米品种奠定了坚实的理论基础和遗传资源。 杂种优势是指杂种第一代往往比双亲表现出更优良性状的现象。利用杂种优势是作物育种最主要方法之一。玉米是世界第一大农作物, 也是杂种优势最强、应用最成功的作物, 目前97%以上的玉米品种都是基于杂种优势的杂交种。但长期以来, 玉米杂种优势形成的机理一直未能阐述清楚, 导致杂交种的选育主要依赖于经验, 因此阐明杂种优势的形成机理对进一步缩短育种周期, 提高育种效率, 获得突破性新品种具有重要的理论意义。 该研究筛选了代表全世界范围内几乎所有温带玉米杂种优势类群的12份骨干玉米自交系, 通过三代测序等技术组装了它们的高质量基因组, 结合已发表的B73和Mo17基因组, 对这14个自交系及其两两组配所得的杂交种进行比较分析, 发现玉米自交系间存在着大量由大片段DNA插入或缺失等导致的结构变异, 而这些结构变异对基因表达变化及杂种优势类群分化具有重要贡献, 玉米杂种优势与亲本间结构变异的数量呈显著正相关, 而与亲本基因组间相似程度呈显著负相关, 说明玉米杂种优势与双亲基因组水平的遗传互补性密切相关, 为杂种优势的遗传互补模型提供了强有力的支持。结合遗传和分子生物学证据, 挖掘到了ZmAC02和ARGOS12个关键产量杂种优势位点, 证明了其以超显性效应发挥作用。 该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、中国农业科学院科技创新工程等支持。相关研究成果在线发表在《自然·遗传学 (Nature Genetics)》上。

来源: 人民政协报 2023年2月2日

发布日期:2023-02-07

全文链接:

<https://www.caas.cn/xwzx/mtbd/325849.html>

➤ 学术文献

1. Genome-wide identification and characterization of parthenocarpic fruit set-related gene homologs in cucumber (*Cucumis sativus* L.) (黄瓜(黄瓜 *Cucumis sativus* L.) 单性结实相关基因同源物的全基因组鉴定和特征分析)

简介: Cucumber (*Cucumis sativus* L.), a major horticultural crop, in the family Cucurbitaceae is grown and consumed globally. Parthenocarpy is an ideal trait for many fruit and vegetables which produces seedless fruit desired by consumers. The seedlessness occurs when fruit develops without fertilization which can be either natural or induced. So far, a

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

limited number of genes regulating parthenocarpic fruit set have been reported in several fruit or vegetable crops, most of which are involved in hormone biosynthesis or signalling. Although parthenocarpic cucumber has been widely used in commercial production for a long time; its genetic basis is not well understood. In this study, we retrieved thirty five parthenocarpic fruit-set related genes (PRGs) from bibliomic data in various plants. Thirty-five PRG homologs were identified in the cucumber genome via homology-based search. An in silico analysis was performed on phylogenetic tree, exon-intron structure, cis-regulatory elements in the promoter region, and conserved domains of their deduced proteins, which provided insights into the genetic make-up of parthenocarpic-related genes in cucumber. Simple sequence repeat (SSR) sequences were mined in these PRGs, and 31 SSR markers were designed. SSR genotyping identified three SSRs in two polymorphic genes. Quantitative real-time PCR of selected genes was conducted in five cucumber lines with varying degrees of parthenocarpic fruit set capacities, which revealed possible association of their expression with parthenocarpic. The results revealed that homologs CsWD40 and CsPIN-4 could be considered potential genes for determination of parthenocarpic as these genes showed parental polymorphism and differential gene expression in case of parthenocarpic and non-parthenocarpic parents.

来源: Scientific Reports

发布日期: 2023-02-10

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/54/Csgk0YhPJWuAYFa-AFMi.jeVMglo429.pdf>

2. The nonpathogenic strain of *Fusarium oxysporum* FO12 induces Fe deficiency responses in cucumber (*Cucumis sativus* L.) plants (尖孢镰刀菌FO12非致病型菌株诱导黄瓜(*Cucumis sativus* L.)植株缺铁反应)

简介: MAIN CONCLUSION FO12 strain enhances Fe deficiency responses in cucumber plants, probably through the production of ethylene and NO in the subapical regions of the roots. Rhizosphere microorganisms can elicit induced systemic resistance (ISR) in plants. This type of resistance involves complex mechanisms that confer protection to the plant against pathogen attack. Additionally, it has been reported by several studies that ISR and Fe deficiency responses are modulated by common pathways, involving some phytohormones and signaling molecules, like ethylene and nitric oxide (NO). The aim of this study was to determine whether the nonpathogenic strain of *Fusarium oxysporum* FO12 can induce Fe deficiency responses in cucumber (*Cucumis sativus* L.) plants. Our results demonstrate that the root inoculation of cucumber plants with the FO12 strain promotes plant growth after several days of cultivation, as well as rhizosphere acidification and enhancement of ferric reductase activity. Moreover, Fe-related genes, such as FRO1, IRT1 and HA1, are upregulated at certain times after FO12 inoculation either upon Fe-deficiency or Fe-sufficient conditions. Furthermore, it has been found that this fungus colonizes root cortical tissues, promoting the upregulation of ethylene synthesis genes and NO production in the root subapical regions. To better understand the effects of the FO12 strain on field conditions,

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

cucumber plants were inoculated and cultivated in a calcareous soil under greenhouse conditions. The results obtained show a modification of some physiological parameters in the inoculated plants, such as flowering and reduction of tissue necrosis. Overall, the results suggest that the FO12 strain could have a great potential as a Fe biofertilizer and biostimulant.

来源: Scientific Reports

发布日期: 2023-02-09

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/26/Csgk0GP4c.jyAebEZAGy6rNHWY18583.pdf>

➤ 相关专利

1. 用于检测番茄根结线虫抗性的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根结线虫抗性的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根结线虫抗性基因Mi-1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根结线虫抗性鉴定,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: 2022-11-15

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/54/Csgk0YhPJ5qADzDZACHoROB1zvQ103.PDF>

2. 一种萝卜种质的创制方法

简介: 本发明公开了一种萝卜种质的创制方法,该方法包括如下步骤: 1) 二环系双亲本材料的创制: 将变异潍农潍县萝卜与高密堤东萝卜杂交得到二环系父本WD-1,将天津卫青萝卜与变异潍农潍县三号大青萝卜杂交得到二环系母本TD-1; 2) DH系供体杂交后代植株的创制: 将二环系父本与二环系母本TD-1进行杂交和自交后挑选出供体植株并标号为WT1-4-27、WT1-4-30,将其作为游离小孢子培养的供体植株; 3) 优异DH系的创制: 4) 二倍体的根肿病抗性检验: 5) DH系加倍: 6) 四倍体亲本加工适应性: 7) 适宜加工的抗根肿病萝卜种质的创制; 本发明的种质具有皮色深绿、抗病性好、甜度高且产量高,生长周期短。

来源: 佰腾网

发布日期: 2022-01-21

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/26/Csgk0GP4dKCAaRb6AAgKQPX-L6I572.PDF>