



2022年第6期总41期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 小麦基因组编辑抗病育种研究取得进展
2. 李文强等《Crop Journal》2022年
3. 中国农大获批成立全国农学领域目前唯一前沿科学中心和基因编辑重点实验室
4. 卓创中心张保龙团队在植物学知名期刊《Plant Biotechnology Journal》上发表高水平研究论文

▶ 学术文献

1. 黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 基因组用于WRKY转录因子和顺式作用元件的硅层分析
2. STEME系统：体内定向进化的新工具。
3. 低磷处理下大豆WRKY转录因子家族的生物网络分析
4. WRKY转录因子WRKY8促进番茄对病原菌侵染的抗性，并介导番茄对干旱和盐胁迫的耐受性
5. 来自苦荞的一个WRKY转录因子FtWRKY46提高了转基因拟南

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

芥的耐盐性。

➤ 相关专利

1. 丝瓜的内参基因及其引物和应用
2. 与丝瓜全雌性状紧密连锁的Indel分子标记及其应用

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2月11日

▶ 前沿资讯

1. 小麦基因组编辑抗病育种研究取得进展

简介: 民为国基，谷为民命。粮食安全是国家安全的重要基础，是关乎国运民生和社会稳定的头等大事。植物病害每年造成全球作物减产可达30%，全球气候变化、耕作制度改变及种植品种单一化等多种因素的叠加，致使植物病害更加频繁发生，严重威胁全球和我国粮食安全。选育和推广抗病新品种是防治作物病害经济、有效和环境友好的策略。病原菌的成功侵染需要利用植物感病基因，感病基因的突变通常能够赋予植物广谱持久的抗病性。然而，感病基因具有重要的生理功能，其突变给植物生长发育带来多种负面效应，这进一步反映了病原菌的狡猾，也因此限制了感病基因在植物抗病育种中的应用。多年来，科学家苦苦寻找打开这一重要抗性遗传资源宝库的金钥匙。2月9日，我国科学家在《自然》(Nature)上，发表了题为Genome-edited powdery mildew resistance in wheat without growth penalties的研究长文，阐明了小麦新型mlo突变体既抗白粉病又高产的分子机制；通过基因组编辑在主栽小麦品种中对感病基因MLO相关遗传等位实现精准操控，快速获得广谱抗白粉病又高产优质的新种质。该研究为感病基因在抗病育种中的实际应用提供了新路径。小麦是最重要的主粮作物之一，为超过三分之一的人口提供能量来源，其产量和品质直接关系到世界粮食安全。小麦白粉病是由真菌(*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*)引起的一种世界范围内危害小麦生产的重要病害。中国科学院遗传与发育生物学研究所高彩霞团队和微生物研究所邱金龙团队致力于主粮作物基因组编辑抗病育种研究。2014年，两个团队合作，在《自然-生物技术》(Nature Biotechnology)上发表研究成果，利用基因组编辑技术定向突变小麦的感病基因MLO，获得了对白粉病具有广谱持久抗性的材料，展示了基因组编辑在复杂基因组农作物育种中的应用潜力。然而，正如在其他多种植物中观察到的表型一样，研究发现小麦mlo突变体表现出白粉病抗性的同时也出现了早衰、植株变矮、产量下降等负面表型，从而可能限制其在生产上的应用。科研团队不断探索如何在抗病育种中进一步利用MLO基因，从而实现“鱼与熊掌可以兼得”。研究在大量的基因组编辑小麦突变体中筛选获得一个新型mlo突变体Tamlo-R32。该突变体表现出对白粉菌完全的抗性，同时生长发育和产量正常。经过八年的通力合作，研究人员最终解析了小麦Tamlo-R32突变体表型形成的分子机制，发现在Tamlo-R32突变体基因组的TaMLO-B1位点附近存在约304Kb的大片段删除，染色体三维结构的改变导致上游基因TaTMT3的表达水平上升，进而克服了感病基因MLO突变引起的负面表型，最终实现了抗病和产量的双赢。MLO基因的功能在不同植物中是保守的，研究进一步发现在模式植物拟南芥中过表达TMT3也能克服其mlo突变体的负面表型。该研究证明了叠加的遗传改变可以克服感病基因突变带来的生长缺陷，为作物抗病育种研究提供了新的理论视角。为了将研究成果应用于抗病育种，科研人员利用传统育种方法将Tamlo-R32突变体与我国小麦主栽品种进行杂交，并通过几代回交将抗病优良性状引入主栽品种中。更为重要的是，研究利用CRISPR基因组编辑技术，可以直接在小麦主栽品种中创制相应的基因突变，仅2-3个月便成功在多个小麦主栽品种中获得了具有广谱白粉病抗性，且生长和产量均不受影响的小麦新种质。相比于传统育种方法，基因组编辑育种极大地缩短了育种进程。该研究是小麦抗白粉病育种的重要进展，充分展现了基因组编辑在现代农业生产中应用前景，并为培育抗病高产作物品种提供了新的策略和技术路线。研究工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、中国科学院大学生物互作卓越中心等的支持。

来源: 中国科学院遗传与发育生物学研究所

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

发布日期:2022-02-10

全文链接:

https://www.cas.cn/yw/202202/t20220210_4824875.shtml

2. 李文强等《Crop Journal》2022年

简介: 作物根系构型直接影响根的固着、支撑、吸收和转运等多方面功能。根系如何感知重力并调控其伸长方向——根向地性生长机制是植物科学研究中的一个重要基础问题,并对作物根系遗传改良具有理论研究意义。在模式植物拟南芥中大量研究表明——生长素极性运输对根向地性感知发挥重要调控作用。然而,在绝大多数作物中,根向地性生长的分子调控机制还有待阐明。该研究从水稻93-11中鉴定到一个无向地性突变体wavy root 1 (war1),图位克隆表明其野生型基因编码生长素转运蛋白OsPIN2。OsPIN2基因功能缺失突变导致war1突变体根丧失向地性应答,进而引起根波浪状卷曲伸长、根系角度增大及深度降低等异常表型。同野生型相比,war1突变体根尖生长素极性运输受阻,导致整个根冠尤其小柱细胞区生长素浓度异常且生长素转运和分布紊乱,并引起小柱细胞内淀粉体沉淀减少,因而根尖失去向地性感知。结果表明OsPIN2通过调控根尖生长素转运和分布以及淀粉体沉淀等生理过程,进而控制根的向地性生长。此外,研究者还发现OsPIN2参与调控ABA合成和信号应答等生理过程。OsPIN2基因功能缺失导致突变体种子萌发对外源ABA超敏感,根中ABA含量升高,ABA合成和信号转导途径中相关关键基因表达改变,以及幼苗对干旱胁迫抗性降低。研究结果进一步阐明了生长素信号调控根系向地性生长并作用于ABA途径的作用机制,为定向遗传改良水稻根系构型和非生物胁迫抗性提供了新的思路。文章链接: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2021.12.004>

来源: 西北农林科技大学生命科学学院

发布日期:2022-01-27

全文链接:

<https://sm.nwafu.edu.cn/kxyj/kydt/74b2e4c3bbff4dfcb09affa1cc346836.htm>

3. 中国农大获批成立全国农学领域目前唯一前沿科学中心和基因编辑重点实验室

简介: 1月21日,中国农业大学在学校国际会议中心举行教育部分子设计育种前沿科学中心(以下简称“中心”)暨农业农村部基因编辑创新利用重点实验室(以下简称“实验室”)成立大会,这也是全国农学领域目前唯一的前沿科学中心和基因编辑部级重点实验室。学校党委书记姜沛民,校长孙其信,副校长钱学军、林万龙、田见晖出席会议。会议由副校长杜太生主持。会上,姜沛民宣读了教育部批文。教育部在批文中指出,希望中国农业大学把中心作为探索现代大学制度的试验区,充分发挥其在人才培养、科学研究、学科建设中的枢纽作用,深化体制机制改革,面向世界汇聚一流人才,促进学科深度交叉融合、科教深度融合。要以建设成为我国在相关基础前沿领域最具代表性的创新中心和人才摇篮、打造战略科技力量,成为具有国际“领跑者”地位的学术高地为目标,按照目标任务实、研究团队实、物理空间实、投入保障实的要求加快建设,率先实现前瞻性基础研究、引领性原创成果的重大突破,在关键领域自主创新中发挥前沿引领作用。校长、中心管委会主任、首席科学家孙其信对两个平台的正式成立表示祝贺,并对今后工作重点及相关举措提出要求,他表示,一是种业科技创新事关国家粮食安全,事关国家初级农产品保障,更事关国家安全。以习近平同志为核心的党中央始终把种业

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

振兴、种源自主可控作为事关国家发展和安全的重大命题，先后作出系列决策部署。面对立足新发展阶段、贯彻新发展理念、构建新发展格局的新时代战略全局部署，打好种业“翻身仗”是事关国家安全、经济发展、民生改善的重大科技创新，更是中国农业大学积极主动向党中央看齐、履行社会主义大学办学使命、勇于承担历史责任的具体行动，意义重大，使命光荣。二是中国农业大学种业创新具备雄厚历史积累，拥有新时代显著优势，要坚定创新自信促进科技发展。新中国成立以来，中国农业大学在农作物、畜禽、微生物、果树等方面开展的研究走在全国前列，为祖国种业科技创新作出了不可磨灭的历史性贡献。进入新时代，学校同样取得了一批如自主基因编辑器、自主知识产权白羽肉鸡等引领国家种业发展、填补国家空白的开创性成果。在教育部和农业农村部的信任支持下两个平台正式成立，更加激励着农大师生面对种业振兴目标，要坚定创新自信，紧抓创新机遇，勇攀科技高峰，自觉肩负起光荣历史使命的责任与信心。三是要全力以赴推进前沿科学中心和重点实验室建设。各相关部门要进一步提高政治站位，充分认识种业科技创新的崇高历史使命和重大政治责任；要牢牢抓住和用好服务国家战略所带来的难得的历史性机遇；要凝心聚力、整合力量、推动发展，打好种业科技创新攻坚战；要尽快拿出平台建设实施方案，认真落实、积极配合、服从安排；要瞄准重大任务，特别是重大技术突破、重大种质资源突破、重大品种突破。四是要进一步弘扬科学家精神，弘扬中国农业大学的优秀文化传统。老一辈科学家为种业振兴作出了历史性成就，留下了宝贵的精神财富，是一代代新农大人不断走向未来的最大自信。我们要厚植爱党爱国爱社会主义的情怀，要永葆敢为天下先的创新精神，要凝聚团结奋斗一往无前的磅礴力量，再创中国农业大学种业科技创新的新成果、新时代。五是要在干事创业中保持艰苦奋斗的朝气与本色。新中国取得的令世界刮目相看的伟大成就，是中国人民在党的领导下艰苦奋斗干出来的，正是大力弘扬艰苦奋斗精神，中华民族才实现了从站起来、富起来到强起来的伟大飞跃。相信在学校党委的坚强领导下，在相关部门的指导推进中，在一批批科学家的共同努力下，中国农业大学将为我国种业振兴再创新成就，再造新辉煌！

据悉，前沿科学中心是我国高等学校基础研究珠峰计划的核心内容，是教育部推动高等学校加强基础研究、实现创新引领的重要举措。国家计划在全国高校布局30-40个前沿科学中心，目前已有25个前沿科学中心获批建设，分子设计育种前沿科学中心是目前农学领域唯一的前沿科学中心。中心作为学校直属的二级实体研究机构，纳入学校前沿交叉科学研究院管理。中心实行双聘和专聘相结合的方式聘任科研人员，人员规模为150人。中心聚焦重要经济性状遗传基础、环境适应性的分子基础和农业生物分子设计育种3个基础前沿研究，以玉米、小麦、生猪、蛋鸡等为主要研究对象，致力于破解分子设计育种基础前沿问题，攻克种源卡脖子技术瓶颈，实现高产优质和环境友好型新品种的精准培育，为打赢种业翻身仗提供强有力的科技支撑。现场还举行了农业农村部基因编辑创新利用重点实验室成立仪式，农学院教授赖锦盛受聘为实验室主任。为加强基因编辑研究工作，基因编辑核心技术攻关团队也同时成立，包括作物、动物、园艺、草业和微生物五个方向300多人的攻关团队。前期赖锦盛教授团队研发的cas12i和cas12j蛋白专利在2021年获得国家专利局授权，并向美国、欧盟、日本等多个国家递交了专利申请。利用自主知识产权的cas12i/j基因编辑器储备了一批玉米、小麦的产品。近期，新研发的cas3c蛋白具有更好的编辑效果，属于“第二代剪刀”，目前已申请专利，并在不同农业生物上开始使用，有望实现重大突破。实验室成立后，将与分子设计育种前沿科学中心的建设形成合力，共同支撑打好种业翻身仗。

来源：中国农业大学

发布日期：2022-01-21

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

全文链接:

http://news.cau.edu.cn/art/2022/1/21/art_8769_809863.html

4. 卓创中心张保龙团队在植物学知名期刊《Plant Biotechnology Journal》上发表高水平研究论文

简介: 近日, 我院卓越创新中心张保龙研究团队克隆了棉花重要功能基因GhMYB36。该团队研究发现GhMYB36可同时调控棉花对黄萎病的抗性和耐旱性, 并深入解析了其调控的分子机制。该成果为棉花抗黄萎病和耐旱性的分子改良提供了基因储备和材料基础。相关研究成果在线发表在植物学知名期刊《Plant Biotechnology Journal》(工程技术一区, 影响因子9.803)上。干旱和黄萎病严重影响棉花生长发育、限制棉花产量和品质。克隆棉花耐旱和抗黄萎病基因并解析其分子机制对提高棉花产量和品质具有重要意义。该团队研究发现R2R3-MYB转录因子GhMYB36受黄萎病菌及干旱诱导表达, 其在拟南芥和棉花中过表达能够增强转基因植株对黄萎病的抗性和干旱的耐受性。进一步研究表明GhMYB36能够结合到病程相关蛋白1 (PR1) 的启动子上并激活其表达, 从而提高棉花和拟南芥的耐旱性和黄萎病抗性。此外, 在正常生长条件下, GhMYB36的过表达不会对转基因株系的生长造成负面影响, 这表明GhMYB36可能在植物基因工程方面具有巨大应用潜力。江苏省农业科学院卓越创新中心刘廷利和陈天子为共同第一作者, 论文通讯作者为张保龙研究员。这项工作得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金、江苏省重点研发计划、江苏省自然科学基金和江苏省农业自主创新资金的资助。

来源: 江苏省农业科学院

发布日期: 2021-11-26

全文链接:

<http://newkeyan.jaas.ac.cn/show-1534-998-1.html>

➤ 学术文献

1. In-silico analysis of cucumber (*Cucumis sativus* L.) Genome for WRKY transcription factors and cis -acting elements (黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 基因组用于WRKY转录因子和顺式作用元件的硅层分析)

简介: WRKY genes, comprises one among a large clan of transcription factor (TFs) genes in the plant kingdom, playing a fundamental role in the vegetative and reproductive growth, development and stress responses of a plant. In spite of several studies on cucumber (*Cucumis sativus* L.), WRKY genes and their interaction with stress response is limited. The present study, on the whole genome of cucumber was analyzed for WRKY genes which recognized 62 CsWRKY genes associated with the proteins obtained from lineages of supplementary plants. The physicochemical properties reveal the CsWRKY gene is ser-rich TF (6.7018.40 %). The chromosomal distribution showed that all putative CsWRKY genes were distributed in seven chromosomes, enriched on chromosome 3 and 6 and least on chromosome 5. Based on phylogenetic analysis, along with motif determination and gene structure analysis, CsWRKY s are categorized as a Group I, II and III. The Group II further subdivided as Groups IIa-e. In the present study, it was observed that Group II WRKY-TFs

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

was the largest group containing 43 WRKY genes containing a single WD (WRKY domain - WRKYGQK/WRKYGKK) and C₂H₂ type zinc finger structure (C-X₄₋₅-C-X₂₃-H-X₁-H). The data also revealed that chromosome 3 and 5 contained all the three major groups and chromosome 6 contained I and II WRKY genes with uneven distribution. STRING analysis of selected CsWRKY proteins expressed in response to abiotic stress interacts with the CsMAPK proteins. Analysis of cis-acting elements and results suggest that CSWRKY genes play important role in response to biotic and abiotic stress. Response also predicted the candidate gene expression in cucumber during its development under different cellular condition.

来源: Computational Biology and Chemistry

发布日期:2020-04-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0F/F3/Csgk0GIIdkUiAJvHkAG3FeU1kX40419.pdf>

2. The STEME system: a novel tool for directed evolution in vivo .(STEME系统: 体内定向进化的新工具。)

简介: Directed evolution can be rapidly applied for engineering proteins, studying gene functions, and obtaining mutants with important agronomic traits. Recently, Caixia Gao and Jiayang Li's team from the Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, worked together to engineer novel saturated targeted endogenous mutagenesis editors (STEMEs), realizing in vivo directed evolution and function selection in plants. This system integrated the existing two single-base editing techniques, successfully induced C:G>T:A and A:T>G:C double-base editing in plants, and artificially evolved into herbicide-resistant rice through targeting the OsACC carboxyltransferase domain coding sequence. This new method of gene directed evolution in vivo displays great application potential in important agronomic trait screening and plant functional gene researches. Here we introduce the composition, editing efficiency, and application principle of the STEME system, and compare it with the existing directed evolution methods, so as to provide a reference for accelerating the innovation of crop germplasm resources.

来源: 遗传

发布日期:2020-03-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0F/F7/Csgk0GIId4UmAVNcvAAq8xS8U4gU447.ca.j>

3. Biological Network Analyses of WRKY Transcription Factor Family in Soybean (Glycine max) under Low Phosphorus Treatment (低磷处理下大豆WRKY转录因子家族的生物网络分析?)

简介: WRKY transcription factor (TF) is plant specific genes and play essential roles involved in biotic and abiotic stress tolerance. Gene co-expression network (GCN) analysis is effective tool for the interpretation of transcriptomic data. In this study, a co-expression network of 152 WRKY genes using publicly available microarray data (GSE78242) was

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

constructed under low phosphate (Pi) treatment in soybean (*Glycine max*). A total of 149 nodes and 641 edges were obtained from CGN and seven seed genes were identified. Particularly, Glyma.19G094100 and Glyma.16G054400 seed genes (orthologue to *Arabidopsis* WRKY75) were found to have a direct connection to P deficiency. Promotor analyses of seed genes revealed the variations in the number of cis-regulatory elements (CREs) ranging from 80 to 137 with a total of 835 CREs. The methylation profile of Glyma.04G218700 (orthologue to *Arabidopsis* WRKY51) was found higher than other seed genes. As a result, our findings can be used as a scientific basis to cope with P deficiency in soybean as well as abiotic stress tolerance. In addition, these findings of this study may prove the crop improvement studies in future, especially genetically engineered soybean plants.

来源: Journal of Crop Science and Biotechnology

发布日期:2020-03-01

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/21/Csgk0YZ0QT6AFKe_ABXsngn9NM8441.pdf

4. The WRKY transcription factor WRKY8 promotes resistance to pathogen infection and mediates drought and salt stress tolerance in *Solanum lycopersicum* (WRKY转录因子WRKY8促进番茄对病原菌侵染的抗性, 并介导番茄对于干旱和盐胁迫的耐受性)

简介: WRKY transcription factors play a key role in the tolerance of biotic and abiotic stresses across various crop species, but the function of some WRKY genes, particularly in tomato, remains unexplored. Here, we characterize the roles of a previously unstudied WRKY gene, SIWRKY8, in the resistance to pathogen infection and the tolerance to drought and salt stresses. Expression of SIWRKY8 was up-regulated upon *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 (*Pst*. DC3000), abiotic stresses such as drought, salt and cold, as well as ABA and SA treatments. The SIWRKY8 protein was localized to the nucleus with no transcription activation in yeast, but it could activate W-box-dependent transcription in plants. The overexpression of SIWRKY8 in tomato conferred a greater resistance to the pathogen *Pst*. DC3000 and resulted in the increased transcription levels of two pathogen-related genes SIPR1a1 and SIPR7. Moreover, transgenic plants displayed the alleviated wilting or chlorosis phenotype under drought and salt stresses, with higher levels of stress-induced osmotic substances like proline and higher transcript levels of the stress-responsive genes SIAREB, SIDREB2A and SIRD29. Stomatal aperture was smaller under drought stress in transgenic plants, maintaining higher water content in leaves compared with wild-type plants. The oxidative pressure, indicated by the concentration of hydrogen peroxide (H₂O₂) and malondialdehyde (MDA), was also reduced in transgenic plants, where we also observed higher levels of antioxidant enzyme activities under stress. Overall, our results suggest that SIWRKY8 functions as a positive regulator in plant immunity against pathogen infection as well as in plant responses to drought and salt stresses.

来源: Physiologia Plantarum

发布日期:2020-01-13

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/25/Csgk0YZ0kVaAcUvkAFy31AZEKPw106.pdf>

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

5. A WRKY transcription factor, FtWRKY46, from Tartary buckwheat improves salt tolerance in transgenic Arabidopsis thaliana (来自苦荞的一个WRKY转录因子FtWRKY46提高了转基因拟南芥的耐盐性。)

简介: The WRKY transcription factor family includes plant-specific transcription factors that are widely involved in plant biotic and abiotic stress responses, growth and development. Tartary buckwheat is a type of small grain with strong resistance to adverse growing conditions. No systematic exploration of the WRKY family in Tartary buckwheat has yet been reported. In this paper, we report the FtWRKY46 gene from Tartary buckwheat and study its role in salt tolerance. FtWRKY46 has transcriptional activation activity in yeast, and FtWRKY46 fused to yellow fluorescent protein localizes to the nucleus. Further studies have found that its transcriptional activation region is located at the N-terminus. A yeast one-hybrid assay indicated that FtWRKY46 could bind to a W-box and activate reporter gene expression. Similarly, transient cotransfection showed that FtWRKY46 could specifically bind to W-box regions and activate reporter gene expression in plants. Furthermore, ectopic expression of FtWRKY46 could enhance Arabidopsis tolerance to salt stress. More specifically, the seed germination rate, root length, chlorophyll content and proline content were significantly higher in transgenic plants ectopically expressing FtWRKY46 than in WT plants after salt stress ($P < 0.05$), while MDA levels were significantly lower than in WT plants ($P < 0.05$). Additionally, salt treatment increased the expression of stress-related genes. To summarize, our results suggest that ectopic expression of FtWRKY46 enhance the stress tolerance of transgenic plants by modulating ROS clearance and stress-related gene expression.

来源: Plant Physiology and Biochemistry

发布日期: 2019-11-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/21/Csgk0YZ0PtGAQk4AAD75WDj4S-U684.pdf>

➤ 相关专利

1. 丝瓜的内参基因及其引物和应用

简介: 本发明公开了丝瓜不同组织的内参基因, 为PP2A和/或 β -ACTIN, 所述内参基因PP2A的序列如SEQ ID No. 1所示; 所述内参基因 β -ACTIN的序列如SEQ ID No. 2所示。本发明的内参基因PP2A、 β -ACTIN比其他内参基因具有更高的稳定性, 并且这两个内参基因是筛选出来的, 是丝瓜不同组织中最稳定的内参基因, 数据真实可靠, 解决了现有丝瓜基因表达分析中没有内参基因的现状, 也能够提高检测效率和检测结果, 具有较高的实用价值, 为丝瓜在不同组织中获得功能基因表达的精确定量数据提供有力支持, 为丝瓜基因功能研究提供理论基础。

来源: 佰腾网

发布日期: 2021-11-02

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

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0F/F7/Csgk0GIId4xGADxoiAA5YHSCNhYM777.PDF>

2. 与丝瓜全雌性状紧密连锁的Indel分子标记及其应用

简介: 本发明公开了与丝瓜全雌性状紧密连锁的Indel分子标记M4547, 位于9号染色体44.96-49.10Mb之间, 其核苷酸序列如SEQ ID NO.1所示。可利用其对丝瓜的育种后代进行苗期全雌性鉴定, 其在苗期的检测准确率可达98.5%, 省去了成株期雌性鉴定, 节省成本、提高育种效率。同时省去制种过程中母本人工去雄的程序, 大大提高了生产效率, 同时避免了人工去雄不彻底、产生假杂种的情况, 确保了杂交种的纯度, 加速育种进程。本发明的鉴定方法具有快速、准确、操作简单等优点, 具有较大的应用前景。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-01-22

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/25/Csgk0YZ0kxqARMK9AAcTaBfKYrE901.PDF>