



2022年第19期总54期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 前沿 | 南农白菜系统生物学课题组在不结球白菜抗逆方面取得多项新进展
2. 西甜瓜种质资源与遗传育种团队成功克隆西瓜雄性不育调控基因CIATM1并解析其自调控机理

▶ 学术文献

1. CsSHINE1的功能拷贝数变异与黄瓜果实表皮网化强度有关。
2. 终末花1和终末花1d对温度和光周期信号的响应抑制黄瓜的生长
3. 基因组学：定位番茄风味基因。
4. 叶绿体5基因突变在黄瓜果皮中的积累与复制

▶ 相关专利

1. 一种鉴定甜瓜牛花花品种种子纯度的InDel分子标记及其应用

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

2. 黄瓜木质素生物合成关键酶基因CsCSE及其应用
3. 黄瓜CsERF025基因及其在促进黄瓜果实顺直发育中的应用

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5月13日

▶ 前沿资讯

1. 前沿 | 南农白菜系统生物学课题组在不结球白菜抗逆方面取得多项新进展

简介：近期，园艺学院侯喜林/李英教授团队连续在《抗氧化剂》《植物学杂志》《园艺研究》发表多项不结球白菜抗逆相关研究进展。由于过去几十年发生的无限制的工业化和城市化，非生物胁迫中的重金属胁迫因其范围广、毒性强、影响时间长、不可逆等特点，已经成为全球关注的焦点。而铜作为一种重要的重金属元素，在植物生长发育过程中发挥着关键作用。因此，研究植物应对铜胁迫的分析机制就显得尤为重要。关于胞质定位型谷胱甘肽还原酶参与逆境抵御的研究已有很多，但是其调控植物铜耐受性的分子机理还不清楚。2022年2月，Antioxidants在线发表了园艺学院李英教授为通讯作者的论文“BcGR1.1, a Cytoplasmic Localized Glutathione Reductase, Enhanced Tolerance to Copper Stress in Arabidopsis thaliana”，该论文揭示了不结球白菜BcGR1.1增强植物铜耐受性的分子机理。本研究表明，在不结球白菜中，BcGRs的4个同源基因分为两种亚细胞定位类型：细胞质定位型和叶绿体定位型。其中BcGR1.1对铜胁迫最为响应。与野生型拟南芥相比，BcGR1.1过表达植株表现出较好的生长状态。这是由于BcGR1.1的表达可以调节AsA-GSH循环，提高GSH积累、ASA利用和部分抗氧化酶活性，以清除铜胁迫引起的ROS，从而提高植物对铜胁迫的耐受性。2022年4月，The Plant Journal在线发表了园艺学院侯喜林/刘同坤教授为通讯作者的论文“BrABF3 promotes flowering through the direct activation of CONSTANS transcription in Pak choi”，该论文揭示了干旱胁迫下ABA诱导的成花机制。开花使植物从营养生长阶段顺利过渡到生殖生长阶段，适时成花转变是高等植物生命周期中一个至关重要的生物过程，受到内/外源因素、各种信号网络及众多基因的综合调控。各种非生物胁迫，如营养缺乏、盐和干旱等，也影响开花时间。而植物早花作为一种干旱逃逸机制，在水稻、拟南芥和不结球白菜等多种植物中保守存在。该研究通过各种遗传和生化实验，首次证实不结球白菜BrABF3是除CDFs、FBHs和TCPs转录因子以外能直接与CO启动子结合并激活其表达的转录激活因子，并由此介导ABA诱导的成花转变过程。这一机制可能是确保白菜适时过渡到开花阶段所必需的，尤其是在干旱胁迫条件下。4月27日，Horticulture Research接受发表了园艺学院侯喜林/刘同坤教授为通讯作者的论文“Regulatory interaction of BcWRKY33A and BcHSFA4A promotes salt tolerance in non-heading Chinese cabbage [Brassica campestris (syn. Brassica rapa) ssp. chinensis]”，该论文揭示了不结球白菜BcWRKY33A和BcHSFA4A协调增强不结球白菜耐盐性的分子机制。盐渍化是威胁作物发育和生产的一种常见的环境胁迫，在全球变暖和严峻的环境挑战下，土壤盐渍化加剧导致全球耕地面积逐渐减少。植物在生长发育的过程中，盐胁迫往往影响种子的萌发速度，限制根系的吸收能力和正常生长，最终导致植物萎蔫甚至死亡。因此，了解植物耐盐性的分子机制具有重要意义。众所周知，WRKY33作为植物防御过程中重要转录因子被广泛研究，然而，其参与植物响应盐胁迫过程的潜在分子机制尚未完全明确。该研究表明，不结球白菜BcWRKY33A定位于细胞核，具有较强的转录激活能力。在盐胁迫下，BcWRKY33A的表达被强烈诱导，并在植物的根系中大量积累，促进高盐环境下的根系发育。同时，BcWRKY33A与BcHSFA4A相互作用，协同调控下游耐盐基因（如BcZAT12和BcHSP17.6A）的转录与表达，从而赋予不结球白菜较强的耐盐能力。园艺学院侯喜林教授/李英教授团队近日发表的多项研究为不结球白菜抗逆性的遗传改良提供了分子基

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

础，课题组张昌伟、肖栋、黄菲艺等多位老师和研究生也参与了该项研究。以上研究工作受到国家自然科学基金（32072575）、国家大宗蔬菜产业技术体系（CARS-23-A16）、江苏省农业科技自主创新项目（CX(20)2017）、江苏省种业振兴项目（JBGS[2021]015）、江苏省高等学校重点学科建设专项资金（PAPD）项目等资助。

来源：南京农业大学园艺学院

发布日期：2022-04-28

全文链接：

<http://news.njau.edu.cn/2022/0428/c18a118555/page.htm>

2. 西甜瓜种质资源与遗传育种团队成功克隆西瓜雄性不育调控基因C1ATM1并解析其自调控机理

简介：近日，园艺学院西甜瓜种质资源与遗传育种团队在《Horticulture Research》在线发表了题为《Disruption of the bHLH transcription factor Abnormal Tapetum 1 causes male sterility in watermelon》的研究论文。西瓜（*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai）是葫芦科重要的经济作物，因其果实汁多味甜、营养丰富，在世界范围广泛栽培。杂种优势利用是提高作物综合农艺性状的主要育种策略，商品种也多采用杂交一代种；而雄性不育系是作物杂种优势利用和杂交种生产的优良材料。然而目前西瓜雄性不育研究基础还很薄弱，且调控基因尚未被克隆，不仅阻碍了优质不育系的创制与应用，而且限制了西瓜生殖发育调控机理的研究。本研究以课题组鉴定的西瓜雄性不育系Se18为核心材料，通过细胞学特征分析，明确了其败育的根本原因和关键时期。遗传分析表明Se18不育性状由单隐性基因控制，因Se18绒毡层发育异常被命名为C1ATM1（Abnormal Tapetum 1）。基于图位克隆策略，将C1ATM1定位于Chr06染色体上54.01kb区间内，该区间有5个功能注释基因。qRT-PCR分析表明，bHLH转录因子C1a010576在Se18雄花花蕾中显著下调表达；序列分析表明，在Se18中该基因的第二个外显子存在10 bp缺失，导致其重要结构域bHLH Interaction and Functional (BIF) 缺失；亚细胞定位表明，C1ATM1是一个核蛋白，无BIF结构域的截短蛋白C1ATM1-10bp的核定位信号缺失；组织特异性及原位杂交分析发现，C1ATM1在雄花中的表达量显著高于其他组织，且在花药发育的S6、S7和S8a时期的绒毡层及小孢子母细胞中高度表达。基于CRISPR/Cas9技术，在雄性可育的西瓜种质‘YL’中对候选基因进行转基因功能验证，获得两个纯合编辑株系，均表现为完全雄性不育，且其花药细胞学缺陷与Se18相似。至此，本研究克隆到了第一个西瓜雄性不育调控基因C1ATM1，首次通过CRISPR/Cas9和西瓜遗传转化技术获得雄性不育系，为优质西瓜雄性不育系的创建奠定基础，具有重大的生产应用潜力；基于序列差异，开发了与不育性状紧密连锁的分子标记，加速了西瓜雄性不育系的分子标记辅助育种应用进程。进一步分析发现C1ATM1在转录水平上存在明显的剂量效应，通过双荧光素酶、GUS活性检测及酵母单杂交试验发现C1ATM1可以结合自身启动子进而转录调控自身表达。由此，本研究首次揭示了C1ATM1自调控机理在花药发育中的作用，丰富了bHLH转录因子在植物生殖发育过程中的调控机理，具有重要的科学研究意义。园艺学院已毕业博士研究生张锐敏（现工作单位山东农业大学）为该论文的第一作者，张显教授和魏春华副教授为该论文的共同通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划（2018YFD 0100704）、国家自然科学基金（31701939）、财政部和农业农村部：国家现代农业产业技术体系（CARS-25）等项目的资助。

来源：西北农林科技大学园艺学院

发布日期：2021-12-09

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

全文链接:

<https://news.nwafu.edu.cn/xscg/e87994370b8f45d4897c62835c9d73d2.htm>

➤ 学术文献

1. Functional copy number variation of CsSHINE1 is associated with fruit skin netting intensity in cucumber, *Cucumis sativus*. (CsSHINE1的功能拷贝数变异与黄瓜果实表皮网化强度有关。)

简介: Fruit skin netting in cucumber (*Cucumis sativus*) is associated with important fruit quality attributes. Two simply inherited genes H (Heavy netting) and Rs (Russet skin) control skin netting, but their molecular basis is unknown. Here, we reported map-based cloning and functional characterization of the candidate gene for the Rs locus that encodes CsSHINE1 (CsSHN1), an AP2 domain containing ethylene-responsive transcription factor protein. Comparative phenotypic analysis in near-isogenic lines revealed that fruit with netted skin had different epidermal structures from that with smooth skin including thicker cuticles, smaller, palisade-shaped epidermal and sub-epidermal cells with heavily suberized and lignified cell walls, higher peroxidase activities, which suggests multiple functions of CsSHN1 in regulating fruit skin netting and epidermal cell patterning. Among three representative cucumber inbred lines, three haplotypes at three polymorphic sites were identified inside CsSHN1: a functional copy in Gy14 (wild type) with light fruit skin netting, a copy number variant with two tandemly arrayed functional copies in WI7120 with heavy skin netting, and a loss-of-function copy in 9930 with smooth skin. The expression level of CsSHN1 in fruit exocarp of three lines was positively correlated with the skin netting intensity. Comparative analysis between cucumber and melon revealed conserved and divergent genetic mechanisms underlying fruit skin netting/reticulation that may reflect the different selection histories in the two crops. A discussion was made on genetic basis of fruit skin netting in the context of natural and artificial selections of fruit quality-related epidermal features during cucumber breeding.

来源: Theoretical and Applied Genetics

发布日期: 2022-02-12

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/05/Csgk0GKddTSAbz3sACfCoq-waGM003.pdf>

2. TERMINAL FLOWER 1 and TERMINAL FLOWER 1d respond to temperature and photoperiod signals to inhibit determinate growth in cucumber (终末花1和终末花1d对温度和光周期信号的响应抑制黄瓜的生长)

简介: Plants monitor environmental cues to balance their vegetative and productive growth by optimizing their inflorescence architecture. TERMINAL FLOWER 1 (TFL1) and its orthologs regulate the inflorescence structure in cucumber, yet the mechanisms underlying their responses to environmental factors and the formation of terminal flowers remain elusive.

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

Here, we performed map-based cloning to identify the gene that controls a season-dependent determinate growth phenotype and found that it was caused by the complete deletion of CsTFL1 in the genome of cucumber line WI1983Hde. In the CsTFL1 deletion plants (CsTFL1del), determinate growth could be partially rescued by high-temperature and long-day conditions. The expressions of CsTFL1 and its ortholog CsTFL1d could be upregulated by long-day and high-temperature signals. Knockdown of CsTFL1d resulted in determinate growth and the formation of terminal flowers in WT. These results indicate that the induction of CsTFL1d expression by long-day and high-temperature might partially rescue determinate growth of CsTFL1del. Furthermore, biochemical analyses showed that CsTFL1d interacts directly with CsNOT2a, which indicated that CsTFL1d and CsTFL1 function via similar regulatory mechanism. Our data suggest that CsTFL1 and CsTFL1d co-contribute to inhibit determinate growth by responding to temperature and photoperiod signals. It provides mechanistic insights into how environmental cues sculpt the inflorescence architecture of cucumber.

来源: Plant ,Cell & Environment

发布日期:2021-05-02

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/05/Csgk0GKdcRqAV1LtAD7WveLJ-3g876.pdf>

3. Genomics: Tomato flavour genes mapped. (基因组学: 定位番茄风味基因。)

简介: Tastier tomatoes could be on the menu if breeders reintroduce lost gene variants involved in the production of flavour compounds. Harry Klee at the University of Florida in Gainesville, Sanwen Huang at the Chinese Academy of Agricultural Sciences in Shenzhen and their team analysed the chemical composition and genetics of 398 tomato cultivars comprising old, modern and wild varieties. The modern ones produced fewer volatile chemicals that correlate with pleasant flavour. The researchers identified the gene variants needed to make these chemicals and found that many have been lost as breeders have selected for yield. The findings could help breeders to improve the flavour of tomatoes with minimal reductions in yields, the authors say.

来源: Nature Volume

发布日期:2017-02-02

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/05/Csgk0GKdcnmAAsb2AAAt1STB75iU292.pdf>

4. An ACCUMULATION AND REPLICATION OF CHLOROPLASTS 5 gene mutation confers light green peel in cucumber (叶绿体5基因突变在黄瓜果皮中的积累与复制)

简介: The peel color of fruit is an important commercial trait in cucumber, but the underlying molecular basis is largely unknown. A mutant showing light green exocarp was discovered from ethyl methane sulfonate (EMS) mutagenized cucumber line 406 with dark green exocarp. Genetic analysis showed the mutant phenotype is conferred by a single recessive

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

gene, here designated as lgp (light green peel). By re-sequencing of bulked segregants, we identified the candidate gene Csa7G051430 encoding ACCUMULATION AND REPLICATION OF CHLOROPLASTS 5 (ARC5) that plays a vital role in chloroplast division in Arabidopsis. A single nucleotide polymorphism (SNP) causing amino acid alteration in the conserved GTPase domain of Csa7G051430 showed co-segregation with the altered phenotype. Furthermore, the transient RNA interference of this gene resulted in reduced number and enlarged size of chloroplasts, which were also observed in the lgp mutant. This evidence supports that the non-synonymous SNP in Csa7G051430 is the causative mutation for the light green peel. This study provides a new allele for cucumber breeding for light green fruits and additional resource for the study of chloroplast development.

来源: Journal of Intergrative Plant Biology

发布日期:2015-03-23

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/33/Csgk0Yb0I1SADaNdABzqI01zpkc956.pdf>

➤ 相关专利

1. 一种鉴定甜瓜牛花花品种种子纯度的InDel分子标记及其应用

简介: 本发明公开了一种鉴定甜瓜牛花花品种种子纯度的InDel标记及其应用。该标记序列如下: C46-F: TTGGTGCAACTCCTCCAAC, C46-R: GCCCAACCACGTGACATTAT, 该标记在杂种一代中同时具有父本14500、母本14503的特异性扩增产物。利用该标记对牛花花品种样品进行检验, 其检验的纯度结果与田间种植鉴定的纯度结果完全一致, 说明该标记可以用于快速检测牛花花甜瓜品种的种子纯度。

来源: 佰腾网

发布日期:2022-04-15

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/05/Csgk0GKdpfeAOQbqAAvdNRRSLDQ982.PDF>

2. 黄瓜木质素生物合成关键酶基因CsCSE及其应用

简介: 本发明属于植物分子生物学、基因工程技术领域, 具体涉及一种黄瓜木质素生物合成关键酶基因CsCSE及其应用, 该基因全长编码区序列见SEQ ID NO. 1, 其编码的氨基酸序列见SEQ ID NO. 2。以高抗白粉病品系黄瓜B21? a? 2? 1? 2为试材, 克隆CsCSE基因全长编码序列并将其插入植物过表达载体pRI101; 克隆CsCSE基因5'端特异性片段并将其插入病毒诱导基因沉默表达载体pTRV2, 通过农杆菌介导瞬时转化黄瓜子叶。对转化株系进行白粉病菌接种鉴定, 证明了CsCSE基因在黄瓜抗白粉病菌过程中的正调控作用, 为实际生产中培育抗病、稳产黄瓜新品种提供理论依据, 对我国蔬菜产业具有重要应用价值。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-06-25

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/33/Csgk0Yb0WLiAB28AABhQ1kGDWEU103.PDF>

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

3. 黄瓜CsERF025基因及其在促进黄瓜果实顺直发育中的应用

简介: 本发明公开了一种黄瓜CsERF025基因及其在促进黄瓜果实顺直发育中的应用,所述黄瓜基因CsERF025的核苷酸序列如SEQ ID NO. 1所示, CsERF025全长513bp; 其编码的氨基酸序列如SEQ ID NO. 2所示, 编码170个氨基酸, 属于AP2/ERF家族蛋白基因。本发明利用农杆菌介导的遗传转化方法转化黄瓜, 获得的转基因植株经生物学功能验证, 表明本发明所克隆的CsERF025基因具有促进果实顺直发育的功能, 可为植物顺直果实分子设计育种提供新的基因资源, 为实施绿色农业、安全农业提供新的遗传资源; 同时该基因的开发和利用有利于指导黄瓜育种和栽培、提高黄瓜生产的优质商品率、降低农业生产成本、增加农民收入, 减少果实弯曲给农民带来的经济损失, 提高黄瓜栽培的经济效益, 促进农业产业高效发展。

来源: 佰腾网

发布日期:2019-05-17

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/33/Csgk0Yb0VdSAOzXuAAthRfrehL4539.PDF>