



2022年第40期总73期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 蔬菜花卉所揭示辣椒驯化选择特征及果实重要性状的遗传基础
2. 蔬菜花卉所创制首个甘蓝单倍体诱导系

▶ 学术文献

1. 根癌农杆菌介导的甜瓜蚜传黄化病毒感染性cDNA克隆的构建
2. 同源盒基因CpD11的启动子变异与西葫芦的深裂叶片有关

▶ 相关专利

1. mF3H突变体及其相关产品和用途
2. 番茄基因SICIPK7在调控植物抗旱性中的应用

中国农业科学院农业信息研究所

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

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10月7日

▶ 前沿资讯

1. 蔬菜花卉所揭示辣椒驯化选择特征及果实重要性状的遗传基础

简介: 近日,中国农科院蔬菜花卉所王立浩研究团队和程锋研究团队在Molecular Plant (IF: 21.949)发表题为Pepper variome reveals the history and key loci associated with fruit domestication and diversification的合作研究成果。该研究对来自12个辣椒种的347份辣椒种质资源开展重测序,构建了一年生栽培辣椒种的全基因组变异图谱,揭示了其驯化选择和育种改良的历程,同时鉴定了辣椒果实朝向、果形、辣味等重要性状的遗传调控位点及其群体选择特征。研究成果极大地加深了我们对栽培辣椒的传播和类型多样化过程的认识,为辣椒品种的遗传改良提供了有力支撑。辣椒起源于中南美洲,在全世界范围广泛种植,我国辣椒播种面积和产值均居各类蔬菜首位,具有重要的产业价值。辣椒栽培品种类型极为丰富,但迄今为止辣椒的驯化选择过程和特征、重要性状的遗传基础尚不清楚。该研究对347份搜集自全球各地的辣椒种质资源进行重测序和变异分析,构建了包含18,372,022个SNPs和802,875个InDels的辣椒变异组图谱。以遗传变异为基础,结合地理来源、果实类型等特征,将一年生辣椒种群体分为了9个主要群组(图1),分别为:1)野生/祖先群组,包括野生和较原始的材料;2)地方种群组;3)育种改良资源群组;4)和6)为灯笼椒群组;5)不同起源、果形多样的育种品种群组;7)中国西北部和北部辣椒资源群组;8)中国中部辣椒资源群组;9)中国西南部云贵川藏等高海拔地区资源群组。通过不同群组的变异和遗传多样性比较,从全基因组水平揭示了辣椒从野生/祖先种、地方品种到类型多样化的现代栽培品种的驯化改良过程(图1)。首次提出辣椒栽培群体的演化经历了两步驯化过程:第1群组果实小,第一步驯化使辣椒果实变长、辣度增加,形成了以地方品种为主的第2组;第二步驯化使辣椒果实进一步变长和变大、果重增加,而辣度则显著降低,形成了育种改良的第3组。辣椒的两步驯化过程伴随不同类型基因集受到强烈的驯化选择。同时,研究揭示了第4和第6组灯笼椒的驯化历史相对较短,首次发现了位于9号和11号染色体上的两个野生基因组片段的关键渗入事件以及辣椒素调控基因Pun1的强烈选择清除与大果灯笼椒(甜椒)的形成密切相关。特别地,研究还发现第9群组在中国辣椒类群中的遗传多样性最高,提示中国西南部可能是辣椒引入较早和来源丰富的地区,具有一定的次级起源或多样化中心的特征。基于变异组数据,进一步开展了辣椒群体的GWAS分析,结合遗传定位等研究,首次在植物中鉴定出并验证了控制果实朝向的关键驯化基因Up。Up基因编码一个与生长素运输相关的蛋白,在其基因上游区域存在一个579 bp的结构变异(SV,缺失)。通过转录组、VIGS等实验发现该基因在不同果实朝向材料中的表达差异与其果实朝向完全关联(图2)。且发现该579 bp变异位于一个逆转座子类型(LINE)的重复序列中,结合甲基化实验数据推测其序列的有无影响了转座子沉默抑制的甲基化强度,从而导致了Up基因的表达差异。除此之外,本研究还定位了辣椒果实重要性状相关的多个基因位点,如调控果形的fsi、调控辣味的punv等。基于以上结果,该研究提出了辣椒重要性状关键基因位点主导辣椒栽培种驯化、分化和类型多样化过程的演化模型。针对果实朝向基因Up、果形调控基因fsi、辣味调控基因Pun1和punv等4个基因,以及2个野生渐渗片段的不同的组合驯化选择,是形成大果灯笼椒甜椒和窄果(或长形)辣椒多样化类型的关键遗传基础(图3)。综上,该研究构建了辣椒栽培种群体的变异组数据集,揭示了辣椒果实驯化和多样化过程中的基因组选择特征和关键基因位点,对果形、辣度及果实朝向等重要性状遗传位点及其调控机制的解析为辣椒功能基因组学研究奠定了重要基础,也为辣椒分子育种与遗传改良提供了重要理论依据。该研究以中国

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

农业科学院蔬菜花卉研究所为第一完成单位，助理研究员曹亚从、张亢、于海龙、陈姝敏和徐东辉研究员为该论文第一作者，程锋研究员、王立浩研究员和意大利国家新技术、能源和可持续经济发展中心Giovanni Giuliano教授为该论文共同通讯作者。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、大宗蔬菜产业技术体系、国家自然科学基金等项目支持。

来源：中国农业科学院蔬菜花卉研究所

发布日期：2022-09-30

全文链接：

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/94b3b5e4d24e4f26a3715ed09237d1d0.htm>

2. 蔬菜花卉所创制首个甘蓝单倍体诱导系

简介：近日，中国农业科学院蔬菜花卉研究所甘蓝青花菜课题组对DMP基因进行敲除，成功获得了甘蓝首个单倍体诱导系。相关研究成果相关研究结果以“In vivo maternal haploid induction based on genome editing of DMP in Brassica oleracea”为题发表在植物学知名期刊《Plant Biotechnology Journal》上。甘蓝类蔬菜（cole vegetables）包含结球甘蓝、青花菜、花椰菜、抱子甘蓝等多种重要蔬菜作物。目前，甘蓝品种大多是杂交种，获得纯系亲本是其育种的关键步骤。相比传统自交和回交的方法，利用双单倍体（DH）育种技术只需要2代即可获得完全纯合的材料，可大大缩短育种年限。甘蓝传统的单倍体诱导技术是体外小孢子或花药培养，该方法步骤繁琐，并且严重受到材料基因型限制。

本研究克隆了一个在花粉中高表达的甘蓝基因BoC03.DMP9，利用CRISPR/Cas9基因编辑技术对其功能进行了研究。boc03.dmp9突变体营养生长正常，但在自交或作为父本杂交的情况下，结实率显著降低。对不同背景的甘蓝材料进行了诱导效率研究，试验表明，boc03.dmp9自交或作为父本进行杂交，均能够诱导产生母本单倍体，诱导率为0.41%-2.35%，没有基因型依赖性。该研究证实了甘蓝DMP9基因的单倍体诱导功能，解决了单倍体诱导受基因型限制的难题。对加速甘蓝育种具有重要的意义，也为其他作物单倍体诱导系的创制提供借鉴。该论文以中国农业科学院蔬菜花卉研究所为第一和通讯作者单位，硕士生赵鑫雨和博士生袁凯文为本论文的共同第一作者，吕红豪研究员和韩风庆助理研究员为本论文的通讯作者。该研究得到了中国农业科学院创新工程和国家现代农业产业技术体系的资助。原文链接：

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/pbi.13934>

来源：中国农业科学院蔬菜花卉研究所

发布日期：2022-09-29

全文链接：

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/dd5ec919cf294da5b37a04e495fd1bed.htm>

➤ 学术文献

1. Construction of an Agrobacterium-mediated infectious cDNA clone of melon aphid-borne yellows virus (根癌农杆菌介导的甜瓜蚜传黄化病毒感染性cDNA克隆的构建)

简介：Melon aphid-borne yellows virus (MABYV), a member of the genus Polerovirus in the

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

family Solemoviridae, has widely spread in recent years and cause yellowing disease on cucurbits. Here, we obtained the complete genome sequence of MABYV bottle guard (*Lagenaria siceraria*) isolate MABYV-KF, and constructed its infectious cDNA clone under the control of the cauliflower mosaic virus (CaMV) 35S promoter by Gibson assembly. The 5,677 nt of its genome shared more than 94.00% sequence identity with the two known MABYV isolates. The inoculation results showed that MABYV infectious cDNA clone could systemically infect bottle guard, cucumber and muskmelon plants, and cause typical yellowing symptom. The virus progeny from the infectious clone could be transmitted between bottle guard plants by aphid. Further analyses revealed that point mutations in the F-box-like motif (Pro57) and C-terminal conserved sequence (Phe211) of P0 cause low viral accumulations in systematic leaves and failed to induce symptom. The infectious clone will be potentially a tool in the investigation of viral pathogenesis, virus-virus interaction and virus-host/-vector interactions.

来源: Virus Research

发布日期:2022-07-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/12/Csgk0GNCgv2AV8eyADm7ZpzdBOY619.pdf>

2. Promoter variation in a homeobox gene, CpDII, is associated with deeply lobed leaf in *Cucurbita pepo* L. (同源盒基因CpDII的启动子变异与西葫芦的深裂叶片有关)

简介: Leaf shape is an important horticultural trait in zucchini (*Cucurbita pepo* L.). Deeply lobed leaves have potential advantages for high-density planting and hybrid production. However, little is known about the molecular basis of deeply lobed leaf formation in this important vegetable crop. Here, we conducted QTL analysis and fine mapping of the deeply lobed leaf (CpDII) locus using recombinant inbred lines and large F2 populations developed from crosses between the deeply lobed leaf HM-S2, and entire leaf Jin-GL parental lines. We show that CpDII exhibited incomplete dominance for the deeply lobed leaf shape in HM-S2. Map-based cloning provided evidence that CpDII encodes a type I homeodomain (HD)- and Leu zipper (Zip) element-containing transcription factor. Sequence analysis between HM-S2 and Jin-GL revealed no sequence variations in the coding sequences, whereas a number of variations were identified in the promoter region between them. DUAL-LUC assays revealed significantly stronger promoter activity in HM-S2 than that in Jin-GL. There was also significantly higher expression of CpDII in the leaf base of deeply lobed leaves of HM-S2 compared with entire leaf Jin-GL. Comparative analysis of CpDII gene homologs in nine cucurbit crop species (family Cucurbitaceae) revealed conservation in both structure and function of this gene in regulation of deeply lobed leaf formation. Our work provides new insights into the molecular basis of leaf lobe formation in pumpkin/squash and other cucurbit crops. This work also facilitates marker-assisted selection for leaf shape in zucchini breeding.

来源: Theoretical and Applied Genetics

发布日期:2022-01-05

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/40/Csgk0YeZMx6ADaMCAC7NtbvM70o581.pdf>

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

➤ 相关专利

1. mF3H突变体及其相关产品和用途

简介：本发明属于植物生物工程技术领域，公开了mF3H突变体及其相关产品和用途。一种mF3H突变体，所述mF3H突变体的氨基酸相对于参考序列至少包含以下突变：第130位精氨酸发生突变，所述参考序列如SEQ ID NO. 1所示序列。本发明通过EMS诱变森林草莓获得突变植株rgpink，经对突变植株和野生型草莓进行全基因组测序，发现F3H为致突基因，进一步发现F3H的第130位精氨酸突变为组氨酸，能抑制花青素合成途径，从而降低花青素在植物中的积累，控制植物的果实颜色呈粉色，其为分子育种创制粉色果实的植物新种质提供了修饰改造的明确位点，具有很强的应用前景。

来源：佰腾网

发布日期：2022-09-16

全文链接：

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/12/Csgk0GNCh02AJAY3ABgJ-A_nx_8440.PDF

2. 番茄基因S1CIPK7在调控植物抗旱性中的应用

简介：本发明公开了一种番茄基因S1CIPK7在调控植物抗旱性中的应用，属于植物基因工程和分子育种技术领域。本发明通过CRISPR/Cas9基因编辑技术敲除番茄基因S1CIPK7，能够在后代中筛除Cas9序列，避免了转基因技术造成的外源基因插入的问题，不会影响其它基因的正常表达。本发明获得了敲除S1CIPK7的纯合突变体，通过一系列实验证明：与野生型相比，S1CIPK7基因敲除突变体植株的干旱胁迫耐受性显著增强，且不干扰植株的生长发育，是一种理想的抗旱种质资源。

来源：佰腾网

发布日期：2022-05-10

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/40/Csgk0YeZnKmAaoafAA70z6EJQ70560.PDF>