



2022年第43期总76期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 田志喜研究组揭示大豆分枝数的调控机制
2. 研究揭示环境湿度调控稻瘟病菌致病力和水稻基础抗性的分子机制
3. New Phytologist | 中国农业大学农业农村部甘薯生物学与生物技术重点实验室刘庆昌研究团队揭示甘薯 IbPYL8-IbbHLH66-IbbHLH118 复合体调控ABA依赖的抗旱性

▶ 学术文献

1. 揭示了安第斯园艺作物甜黄瓜(长寿果)的完整叶绿体基因组及其与其他茄科物种的比较
2. 基于图的泛基因组揭示了与黄瓜农艺性状和驯化相关的结构和序列变异

▶ 相关专利

1. 一种增强花椰菜抗旱性的植物生长调节剂及其制备方法和应用

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

2. 一种拟南芥MAPKKK激酶在育种中的应用

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：23678616

邮箱：agri@ckcest.cn

2022年10月28日

▶ 前沿资讯

1. 田志喜研究组揭示大豆分枝数的调控机制

简介: 大豆 (*Glycine max*) 起源于中国, 是我国乃至世界上重要的粮油饲兼用作物, 为全球供应了一半以上的油料产量和近四分之一的植物蛋白。目前, 中国是世界上最大的大豆进口国, 对外依赖性高, 提升我国大豆产能已经成为保障我国粮食安全迫在眉睫的重大任务。分枝数是决定大豆株型形成的关键因素, 直接影响大豆产量, 大豆分枝数关键基因的鉴定及其调控机制的解析, 对利用分子设计育种培育高产大豆新品种具有重要意义。中国科学院遗传与发育生物学研究所植物细胞与染色体工程国家重点实验室田志喜研究组和广州大学孔凡江课题组研究员合作, 通过连续两年对2,400多份大豆自然种质资源的分枝数进行表型鉴定, 利用全基因组关联分析挖掘到大豆分枝数主效控制基因Dt2。遗传分析发现, Dt2负调控大豆分枝数, CRISPR/Cas9基因敲除株系分枝数明显增多, 小区产量明显提高; 过表达株系分枝数显著降低, 小区产量明显下降。进一步, 通过酵母双杂交、双分子荧光互补和免疫共沉淀实验发现, Dt2、GmAg122和GmSoc1a蛋白可以两两互作。转录组、生物化学和遗传学分析发现, Dt2能够直接结合到GmAp1a和GmAp1d的启动子上, 正调控GmAp1a和GmAp1d的转录, 同时GmSoc1a和GmAg122能促进Dt2对GmAp1a和GmAp1d的转录。由此推演出Dt2调控大豆分枝的分子调控模型: Dt2可结合到GmAp1a和GmAp1d的启动子正调控其转录, GmAg122和GmSoc1a与Dt2的互作可增强了Dt2的转录激活效应。GmAp1a和GmAp1d抑制大豆分枝。此外, 研究还发现Dt2不同单倍型在地理生态区分布上存在差异, 单倍型II主要分布在高纬度地区, 而单倍型I主要分布在中低纬度地区, 这与大豆种质资源的分枝数自高纬度地区至低纬度地区呈逐渐增加的趋势相一致。Dt2敲除突变体可打破纬度带的限制, 提高大豆的地区适应性和产量。该研究以题为“Natural variation of Dt2 determines branching in soybean”于2022年10月28日在线发表于Nature Communications (DOI:10.1038/s41467-022-34153-4), 该研究发现Dt2基因是在大豆自然群体中控制大豆分枝数的关键基因, 同时阐明了Dt2调控大豆分枝的分子机制, 为通过调控分枝开展大豆高产分子设计育种提供了重要理论依据。田志喜研究组博士生梁前进为该论文第一作者, 田志喜研究员以及孔凡江教授为论文共同通讯作者, 该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金委、中科院战略性先导等项目资助。

来源: 中国科学院遗传与发育生物学研究所

发布日期:2022-10-31

全文链接:

http://www.genetics.ac.cn/dtxw/kyjz/202210/t20221031_6541945.html

2. 研究揭示环境湿度调控稻瘟病菌致病力和水稻基础抗性的分子机制

简介: 近日, 中国水稻研究所水稻有害生物防控技术创新团队利用水稻-稻瘟病菌系统, 解析了环境湿度调控稻瘟病发生的机制, 研究结果表明环境湿度对稻瘟病菌致病力和水稻抗性均有显著影响, 揭示了稻瘟病在高湿环境下更易发生的分子机理, 为应对全球气候变化及极端天气频发有效防控稻瘟病提供了重要的理论基础。相关研究成果发表在《植物细胞和环境 (Plant, Cell & Environment)》上。植物病害的发生、发展到流行, 取决于病原、寄主植物和环境三要素的综合作用, 其中湿度是植物病害流行最

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

关键的环境因素之一。多种病害如稻瘟病、纹枯病、稻曲病、小麦赤霉病及玉米叶斑病等的发生和流行都需要高湿环境,因此解析湿度调控病原菌致病力和作物免疫反应的机理对作物病害的防控具有重要的理论意义和应用价值。由稻瘟病菌引起的稻瘟病是水稻最严重的病害之一。稻瘟病菌的分生孢子借风雨传播到稻株上,吸水后萌发形成重要的侵染结构附着胞,附着胞推动侵染栓进入水稻细胞分化形成侵染菌丝,大约7天后扩展为典型的稻瘟病斑。田间观察发现,稻瘟病的发生与环境湿度显著相关,表现为在高湿度条件下更容易发病与流行,然而,目前湿度调控稻瘟病发生的分子机制尚不清楚。该研究团队通过研究结果发现,在低湿条件下,稻瘟病菌分生孢子无法形成附着胞,从而丧失侵染水稻的能力;在高湿条件下确保稻瘟病菌附着胞形成后转入低湿环境,水稻乙烯信号途径基因EIN2和EIL1等被稻瘟病菌显著诱导表达,激活乙烯介导的基础抗性,水稻对稻瘟病的抗性增强;而在高湿条件下,稻瘟病菌的分生孢子吸水萌发形成附着胞,与此同时,水稻乙烯信号途径相关基因不能有效被稻瘟病菌诱导表达,水稻基础抗性降低,最终导致水稻更易感稻瘟病。进一步试验发现,施用乙烯利是提高高湿条件下水稻对稻瘟病抗性的有效策略。该研究得到国家自然科学基金和中国水稻研究所重点研发项目的支持。(通讯员 陈臻琰)

原文链接: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pce.14452>

来源: 中国水稻研究所

发布日期:2022-10-14

全文链接:

<https://caas.cn/xwzx/kyjz/323705.html>

3. New Phytologist | 中国农业大学农业农村部甘薯生物学与生物技术重点实验室刘庆昌研究团队揭示甘薯

IbPYL8-IbbHLH66-IbbHLH118复合体调控ABA依赖的抗旱性

简介: 2022年9月20日, New Phytologist 在线发表了中国农业大学刘庆昌教授课题组题为“The IbPYL8-IbbHLH66-IbbHLH118 complex mediates the abscisic acid-dependent drought response in sweet potato”的研究论文。甘薯(2n=B1B1B2B2B2=6x=90)是重要的粮食、饲料和工业原料,且其高产、稳产、富含淀粉,可以转化为燃料乙醇而被视为重要的粮食和新型生物质能源作物。甘薯较抗旱、耐瘠薄,加强对甘薯抗旱性研究,充分利用我国广阔的干旱瘠薄的丘陵山地,而又不与粮争地,对国家的粮食安全和生物质能源发展意义重大。团队研究发现,甘薯中的两个bHLH蛋白,IbbHLH66和IbbHLH118,在ABA介导的甘薯干旱响应中起到相反的作用。过表达IbbHLH66显著提高甘薯的抗旱性,而过表达IbbHLH118显著降低甘薯的抗旱性。IbbHLH118能够与自身形成同二聚体或与IbbHLH66形成异二聚体。这两个IbbHLHs都能够与ABA受体IbPYL8相互作用。在干旱胁迫下,ABA积累,促进IbPYL8-IbbHLH66-IbbHLH118复合体的形成。IbbHLH118能够直接结合在ABA响应相关基因IbABI5、IbABF2和IbTIP1启动子的Ebox元件上,抑制它们的转录。在干旱胁迫下,IbPYL8-IbbHLH66-IbbHLH118复合体能够降低IbbHLH118对ABA响应相关基因的抑制,激活ABA信号转导途径,从而增强甘薯的抗旱性。综上所述,该研究揭示了甘薯响应干旱胁迫的新机制。研究结果为培育抗旱性强的甘薯新品种提供了重要的基因资源。中国农业大学农业农村部甘薯生物学与生物技术重点实验室在读博士薛璐瑶和魏子豪为该论文的共同第一作者,刘庆昌教授和张欢副教授为该论文通讯作者。

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

翟红 教授、何绍贞 教授、高少培 副教授、赵宁 高级实验师参与了该研究工作。感谢邢诗晗 和 王语新 等同学在研究过程中的付出和帮助！该研究得到了国家重点研发计划项目（2019YFD1001301 / 2019YFD1001300）、国家甘薯产业技术体系和北京市粮食作物创新团队的资助。

来源：中国农业大学农学院

发布日期:2022-09-30

全文链接:

http://cab.cau.edu.cn/art/2022/9/30/art_24507_882973.html

➤ 学术文献

1. Revealing the Complete Chloroplast Genome of an Andean Horticultural Crop, Sweet Cucumber (*Solanum muricatum*), and Its Comparison with Other Solanaceae Species (揭示了安第斯园艺作物甜黄瓜(长寿果)的完整叶绿体基因组及其与其他茄科物种的比较)

简介: Sweet cucumber (*Solanum muricatum*) sect. *Basarthrum* is a neglected horticultural crop native to the Andean region. It is naturally distributed very close to other two *Solanum* crops of high importance, potatoes, and tomatoes. To date, molecular tools for this crop remain undetermined. In this study, the complete sweet cucumber chloroplast (cp) genome was obtained and compared with seven Solanaceae species. The cp genome of *S. muricatum* was 155,681 bp in length and included a large single copy (LSC) region of 86,182 bp and a small single-copy (SSC) region of 18,360 bp, separated by a pair of inverted repeats (IR) regions of 25,568 bp. The cp genome possessed 87 protein-coding genes (CDS), 37 transfer RNA (tRNA) genes, eight ribosomal RNA (rRNA) genes, and one pseudogene. Furthermore, 48 perfect microsatellites were identified. These repeats were mainly located in the noncoding regions. Whole cp genome comparative analysis revealed that the SSC and LSC regions showed more divergence than IR regions. Similar to previous studies, our phylogenetic analysis showed that *S. muricatum* is a sister species to members of sections *Petota* + *Lycopersicum* + *Etuberosum*. We expect that this first sweet cucumber chloroplast genome will provide potential molecular markers and genomic resources to shed light on the genetic diversity and population studies of *S. muricatum*, which will allow us to identify varieties and ecotypes. Finally, the features and the structural differentiation will provide us with information about the genes of interest, generating tools for the most precise selection of the best individuals of sweet cucumber, in less time and with fewer resources.

来源: Data

发布日期:2022-05-18

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/42/Csgk0Ye41vOAJtuRACw79ivp6d0350.pdf>

2. Graph-based pan-genome reveals structural and sequence variations related to agronomic traits and domestication in

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

cucumber (基于图的泛基因组揭示了与黄瓜农艺性状和驯化相关的结构和序列变异)

简介: Structural variants (SVs) represent a major source of genetic diversity and are related to numerous agronomic traits and evolutionary events; however, their comprehensive identification and characterization in cucumber (*Cucumis sativus* L.) have been hindered by the lack of a high-quality pan-genome. Here, we report a graph-based cucumber pan-genome by analyzing twelve chromosome-scale genome assemblies. Genotyping of seven large chromosomal rearrangements based on the pan-genome provides useful information for use of wild accessions in breeding and genetic studies. A total of ~4.3 million genetic variants including 56,214 SVs are identified leveraging the chromosome-level assemblies. The pan-genome graph integrating both variant information and reference genome sequences aids the identification of SVs associated with agronomic traits, including warty fruits, flowering times and root growth, and enhances the understanding of cucumber trait evolution. The graph-based cucumber pan-genome and the identified genetic variants provide rich resources for future biological research and genomics-assisted breeding.

来源: Nature Communications

发布日期:2022-02-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/14/Csgk0GNiIjKAHBUGACMQR4C994w683.pdf>

➤ 相关专利

1. 一种增强花椰菜抗旱性的植物生长调节剂及其制备方法和应用

简介: 本发明创造提供了一种增强花椰菜抗旱性的植物生长调节剂及其制备方法和应用,其有效成分包括茉莉酸、1-甲基环丙烯、赤霉素,所述茉莉酸的浓度为0.1-1mg/L,1-甲基环丙烯的浓度为1-5mg/L,赤霉素的浓度为1-10mg/L。本发明创造所述的植物生长调节剂能够提高干旱胁迫处理后花椰菜幼苗的光合作用;提高叶绿素含量,可以达到促进壮苗的形成,并在一定程度上可抵御干旱胁迫产生的伤害;提高经过干旱胁迫后花椰菜幼苗叶片中可溶性蛋白的含量;经过本发明的植物生长调节剂处理的干旱胁迫后幼苗的SOD活性显著升高,MDA含量明显下降,减轻干旱引起的花椰菜幼苗受伤程度。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-08-24

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/42/Csgk0Ye42RKAblWvAAWsfXHbssA547.pdf>

2. 一种拟南芥MAPKKK激酶在育种中的应用

简介: 本发明公开了一种拟南芥MAPKKK激酶在育种中的应用,涉及农业育种技术领域。所述育种包括通过转基因技术创制十字花科植物的抗旱种质和早花种质。所述十字花科植物包括油菜和花椰菜。所述MAPKKK激酶存在四种剪切体,命名为AS1、AS2、AS3和AS4;所述AS1的过表达植株AS1-OE和AS3缺失的突变体CRISPRAS3-2均表现为不抗旱表型;AS3-OE植株和AS1缺失的突变体CRISPRAS1-1均表现为抗旱表型;所述AS1-OE植株和

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

AS2/4-0E植株表现为早花表型，AS3-0E植株表现为晚花表型。以上研究可为十字花科植物转基因育种工作提供理论依据。

来源：佰腾网

发布日期：2021-05-11

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/14/Csgk0GNiJAaAT5D4AA1SXLXDK0Q116.pdf>