



2022年第47期总80期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 人才强校 | 中国农大张福锁院士团队解析现代玉米育种进程中根系构型的遗传机制
2. 中国农业科学院蔬菜花卉所采后加工课题组在植物多糖研究中取得系列新成果
3. 人才强校 | 中国农大王涛教授、董江丽教授团队绘制根瘤单细胞图谱 发现共生固氮新机制

▶ 学术文献

1. 对Ogura - CMS、Dgms和Maintainer花椰菜株系进行电生理、形态学和转录组学分析
2. 花椰菜花叶病毒35S多聚体增强子需要一个BTB - TAZ蛋白来激活基因

▶ 相关专利

1. 一种诱导大蒜多倍体或突变体的方法
2. 一种大蒜开花抑制基因AsSVP的克隆及其功能解析

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

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11月25日

▶ 前沿资讯

1. 人才强校 | 中国农大张福锁院士团队解析现代玉米育种进程中根系构型的遗传机制

简介：11月17日，《自然-植物》(Nature Plants)在线发表了中国农业大学资源与环境学院、国家农业绿色发展研究院张福锁院士团队植物营养基础创新方向题为《现代育种过程中玉米根系构型变化的全基因组解析》(Genome-wide dissection of changes in maize root system architecture during modern breeding)的研究论文，并同步发表了题为“Maize root system architecture improvement for high-density planting”的研究简报。该研究揭示了随玉米现代育种改良进程，品种不断更替，根系构型变得逐渐陡峭，以适应高产密植群体；关键基因有利优良等位变异得到不断累积，同时挖掘到控制玉米根系构型的两个新基因并初步解析其功能，为基于根系遗传改良提高作物水肥高效利用提供重要的理论依据和基因资源。理想的根系构型是实现作物高产和养分高效的重要保障，根系遗传改良将引领农业生产的“第二次绿色革命”。长期以来，由于在田间条件下调查根系表型存在工作量大、通量低、人为误差大等限制因素，使得大部分根系遗传研究很难反映田间真实的根系构型，且多数为室内模拟条件下苗期根系表型的初定位研究。基于正向遗传学挖掘到的作物根系构型基因非常有限，其分子调控机制更知之甚少。因此，开展田间根系构型遗传研究对作物密植增产和水肥高效利用性状遗传改良尤为重要。为了提高田间根系表型测定的通量和准确度，研究者所在团队搭建了基于二维图像开展根系高通量表型测定平台，大幅度提高了在田间条件下测定玉米根系构型的效率。研究人员利用含有64份美国、114份CIMMYT和200份中国自交系的玉米关联群体，通过两年两点的田间试验，挖取并定量分析近1.5万株玉米的根系构型，发现中国现代玉米育种选择了陡峭的根系(图1)，与陡峭根系构型相关的有利等位变异也在育种进程中得到不断累积。研究还解析了不同育种年代间根系相关基因的选择特征，揭示了24.3%的已知根系基因在玉米驯化和改良过程中受到了选择(图2)。研究人员通过全基因组关联分析和基于根系转录组的共表达分析，发掘到81个玉米根系构型候选基因，并利用转基因玉米明确了其中两个候选基因(ZmRSA3.1和ZmRSA3.2)的功能。同时发现这两个基因对应的有利等位变异，在中国现代玉米育种进程中得到逐渐累积，并在杂交种水平上证明了其在玉米耐密高产中的重要贡献(图3)。最后，分子生物学、植物生理学、生物信息学等证据表明，ZmRSA3.1和ZmRSA3.2通过与生长素响应因子互作，介导生长素通路控制玉米根系生长角度与深度(图4)。综上所述，该研究成果通过根系表型和遗传学的证据，系统揭示了中国现代玉米育种改良进程中根系构型的演变特征，并且在田间条件发掘鉴定到的根系构型的关键基因，为未来基于根系遗传改良提高玉米产量与水肥利用效率提供了重要的基因资源。中国农业大学资源与环境学院潘青春副教授、袁力行教授和陈范骏教授为该论文的共同通讯作者，博士后任伟为第一作者，已毕业及在读研究生：赵龙飞、梁家星、王利锋、李鹏程、刘志刚、李晓杰、张志海、李结平、何坤辉、赵政等参与该研究工作。中国农业大学资源与环境学院张福锁和米国华教授、华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室和洪山实验室严建兵教授、中国农业大学作物功能基因组学与分子育种中心陈丽梅副教授参与此项工作。该研究历时8年，期间陆续获得国家重点研发计划(2021YFF1000500, 2021YFD1200700和2016YFD0100700)、国家自然科学基金(31972485, 31971948)、海南省自然科学基金创新研究团队项目(321CXTD443)、海南省科技计划三亚崖州湾科技城联合项目(320LH011)、中国博士

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

后科学基金（2021M693431）等项目的资助。原文链接：
<https://www.nature.com/articles/s41477-022-01274-z>

来源：中国农业大学

发布日期：2022-11-18

全文链接：

http://news.cau.edu.cn/art/2022/11/18/art_8769_891307.html

2. 中国农业科学院蔬菜花卉所采后加工课题组在植物多糖研究中取得系列新成果

简介：近日，中国农业科学院蔬菜花卉研究所采后加工课题组在植物多糖绿色高效制备与分离纯化、结构表征与体内外生物活性评价研究方面取得重要进展，为蔬菜花卉多糖工业化提取及其在医药、保健品和化妆品等领域的综合开发利用提供了技术支撑和理论依据。四篇论文分别发表在国际权威期刊《International Journal of Biological Macromolecules》（IF=8.025）、《Frontiers in Nutrition》（IF=6.590）、《Molecular Nutrition & Food Research》（IF=6.575）上。针对黄花菜多糖制备工艺缺乏和理化性质不清的问题，选择绿色高效亚临界水制备方法，建立高效制备工艺，并系统评价了不同温度提取黄花菜多糖的理化特性和抗氧化活性，发现亚临界水法制备的黄花菜多糖具有较好的凝胶特性、抗氧化特性，为其在食品、化妆品和药品等领域的广泛利用提供了理论依据。相关研究结果于2022年8月发表在《Frontiers in Nutrition》上，论文第一作者为采后加工课题组硕士研究生遆永瑞，通讯作者为宋子涵助理研究员。原文链接：<https://doi.org/10.3389/fnut.2022.982695>发现黄花菜多糖在糖尿病中的潜在应用（International Journal of Biological Macromolecules IF: 8.025）通过亚临界水法粗提、DEAE-Sepharose Fast Flow纯化等技术手段，成功获得三个黄花菜多糖组分。通过动物实验，发现黄花菜多糖可显著降低二型糖尿病（T2DM）大鼠的空腹血糖、胰岛素、总胆固醇、甘油三酯和低密度脂蛋白含量，改善葡萄糖不耐受和胰岛素抵抗，提升抗氧化酶活性，起到了保护肾脏和胰腺等功效。该研究首次表征了黄花菜多糖分子组成和降糖降脂功效。相关研究成果于2022年8月在《International Journal of Biological Macromolecules》发表，论文第一作者为采后加工课题组硕士遆永瑞研究生，通讯作者为宋子涵助理研究员。原文链接：[https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0141-8130\(22\)01305-8](https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0141-8130(22)01305-8)针对南瓜多糖绿色高效制备工艺缺乏问题，建立了亚临界水法南瓜多糖制备工艺，系统评价了分子组成、理化特性和降血糖效果。研究发现，与传统方法相比，亚临界水法制备的南瓜多糖具有时间短、效率高、分子量低、得率高、纯度高、降血糖活性好的优势。相关研究结果于2022年10月发表在《Molecular Nutrition & Food Research》上，论文第一作者为采后加工课题组硕士遆永瑞研究生，通讯作者为宋子涵助理研究员和张艳利科研助理。原文链接：<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/mnfr.202200160>系统评价不同制备方法对不同品种百合多糖组成和理化性质的影响（Frontiers in Nutrition IF: 6.590）选择亚临界水法和超声辅助提取法，以卷丹、兰州百合和龙牙百合鳞茎为研究对象，制备获得百合多糖，测定不同百合多糖的分子组成和理化性质，发现制备方法对多糖理化性质影响更大。亚临界水法具有得率高、中性糖和糖醛酸含量高、表观粘度大、主要由葡萄糖组成的特点，超声辅助提取的百合多糖主要由葡萄糖和甘露糖组成。相关研究结果于2022年9月发表在《Frontiers in Nutrition》上，论文第一作者为采后加工课题组助理研究员宋子涵、科研助理张艳利，通讯作者为杨盼盼助

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

理研究员和明军研究员。原文链接：<https://doi.org/10.3389/fnut.2022.998942>
以上研究论文均以中国农业科学院蔬菜花卉研究所为第一完成单位和通讯单位。研究得到了国家自然科学基金(32102043)和中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(No. IVF-BRF2021022 和No. Y2022XK30)的资助和支持。

来源：中国农业科学院蔬菜花卉研究所

发布日期:2022-11-14

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/>

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/9b2ed906dc664e4286c04f40e157bae6.htm>

3. 人才强校 | 中国农大王涛教授、董江丽教授团队绘制根瘤单细胞图谱 发现共生固氮新机制

简介: 10月28日, 中国农业大学王涛教授、董江丽教授团队在《分子植物》(Molecular Plant)上在线发表了题为《截形苜蓿根瘤共生细胞与非共生细胞的分化轨迹及生物功能》(Differentiation trajectories and biofunctions of symbiotic and un-symbiotic fate cells in root nodules of *Medicago truncatula*)的研究论文。该团队攻克了分离根瘤单细胞的技术难关, 报道了以截形苜蓿为代表的不定型根瘤单细胞转录组图谱, 揭示了成熟的不定型根瘤中不同转录表达模式的细胞类群, 以及共生细胞类型和非共生细胞类型的分化轨迹和生物学功能, 发现了共生固氮新机制: 固氮细胞将氮同化为谷氨酰胺, 非固氮细胞将谷氨酰胺转化为天冬酰胺供植物生长; 而之前的教科书认为这两个代谢途径都是在固氮细胞完成的。生物固氮是农业可持续发展的重要方向之一, 其中, 豆科植物与根瘤菌共生固氮是全球生物固氮总量贡献最大的模式。根瘤是豆科植物与根瘤菌共生固氮的场所, 在这一特殊器官中发生着复杂的物质、能量、信息交流与转化。根瘤可分为定型根瘤(如大豆、百脉根等)和不定型根瘤(如苜蓿、豌豆等), 其中不定型根瘤呈现为棒状, 具有持续分化的顶端分生组织, 空间上从远端到近端可分为不同区域, 细胞类型更加复杂; 然而, 不定型根瘤目前尚无系统性的细胞类型分析, 不同细胞类型之间的交互和关联也尚不清楚。研究人员首先优化了根瘤原生质体裂解和纯化的实验方案, 以截形苜蓿14 dpi的根瘤为样本, 共收集获得超过18000个根瘤细胞用于后续单细胞转录组测序和分析。经过数据过滤, 共获得9756个根瘤细胞22228个基因的表达数据。在无监督分析条件下, 根瘤细胞被分为13个细胞类群, 包括2类顶端分生细胞(NA1和NA2), 侵染前细胞(PI), 侵染细胞(IF), 2类固氮细胞(NF1和NF2), 根瘤薄壁细胞(NP), 2类非侵染细胞(UiC1和UiC2), 维管相关细胞(VA), 2类未知功能细胞(UN1和UN2), 以及混合无定义细胞(MIX)。通过与根瘤激光捕获显微切割技术(LCM)介导的批量转录组测序(Bulk RNA-seq)进行比较, 并筛选各个细胞类群特异性表达的标记基因构建promoter:GUS报告系统进行验证, 结果均表明分生细胞NA1和NA2主要位于根瘤顶端分生区, 共生类型细胞中侵染前细胞PI和侵染细胞IF主要位于侵染区, NF1主要位于中间区和固氮区, NF2主要位于固氮区; 非共生细胞类型中薄壁细胞NP主要位于根瘤中央区外周尤其是顶端区域, 非侵染细胞UiC1和UiC2主要镶嵌在根瘤中央区共生细胞类型之间, 维管相关细胞VA主要位于外周呈束状环抱根瘤中央区。通过拟时序分析发现, 共生类型细胞和非共生类型细胞分别从两类顶端分生细胞出发沿不同的轨迹分化。对黄酮类物质合成途径关键基因、氨基酸合成及转运途径关键基因的表达模式进行分析, 发现根瘤细胞高度异质, 不同细胞类群可能承担着不同的生物学功能。尤其是氨基酸合成途径, 氮同化产物谷氨酰胺主要在固氮细胞NF2中合成, 而植物

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

利用氮素主要以天冬酰胺形式储存和转运，天冬酰胺则主要在非侵染细胞Uic2中合成；因此，非侵染细胞分担了根瘤氮同化生产线中的重要一环。该研究通过单细胞转录组测序揭示了不定型根瘤的细胞异质性，测序原始数据已提交至国家基因组科学数据中心NGDC (BioProject: PRJCA012129)，并通过网站 (www.medicagowang.com/scrna/) 将分析结果可视化，为解析豆科植物共生固氮的分子机制提供了重要的数据资源。中国农业大学生物学院农业生物技术国家重点实验室王涛教授和董江丽教授为该研究的共同通讯作者，叶沁怡博士、祝富贵博士和在读博士生孙方皓为共同第一作者，博士生王泰程，伍家乐，刘鹏博士，沈晨博士参与了该研究工作。该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金资助。文章链接：<https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.10.019>

来源：中国农业大学

发布日期:2022-11-02

全文链接:

http://news.cau.edu.cn/art/2022/11/2/art_8769_888051.html

➤ 学术文献

1. Electrophysiological, Morphologic, and Transcriptomic Profiling of the Ogura-CMS, DGMS and Maintainer Broccoli Lines (对Ogura - CMS、Dgms和Maintainer花椰菜株系进行电生理、形态学和转录组学分析)

简介: To better serve breeding of broccoli, the electrophysiological, morphological and transcriptomic profiling of the isogenic Ogura-CMS, DGMS and their maintainer fertile lines, were carried out by scanning electron microscopy, investigation of agronomic traits and RNA-sequencing analysis. The agronomic traits of plant height, length of the largest leaf, plant spread angle, single head weight, head width and stem diameter showed stronger performance in Ogura-CMS broccoli than in DGMS line or maintainer fertile line. However, the Ogura-CMS broccoli was poorer in the seed yield and seed germination than in the DGMS line and maintainer fertile line. Additionally, the DGMS broccoli had longer maturation and flowering periods than the Ogura-CMS and maintainer fertile lines. There were obvious differences in the honey gland, happening in the male sterility and fertile lines of broccoli. Additionally, the mechanism regulating Ogura-CMS and DGMS in broccoli was investigated using florets transcriptome analyses of the Ogura-CMS, DGMS and maintainer fertile lines. As a result, a total of 2670 differentially expressed genes (DEGs) were detected, including 1054 up- and 1616 downregulated genes in the Ogura-CMS and DGMS lines compared to the maintainer fertile line. A number of functionally known genes involved in plant hormones (auxin, salicylic acid and brassinosteroid), five Mitochondrial Oxidative Phosphorylation (OXPHOS) genes of *atp8*, LOC106319879, LOC106324734, LOC106314622 and LOC106298585, and three upregulated genes (*Lhcb1*, *Lhcb3* and *Lhcb5*) associated with the photosynthesis-antenna protein pathway, were obviously detected to be highly associated with reproductive development including flowering time, maturity and reproductive period in the Ogura-CMS and DGMS broccoli comparing to their maintainer fertile line. Our research would provide a comprehensive foundation for understanding the

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

differences of electrophysiological, morphological and transcriptomic profiles in the Ogura-CMS, DGMS and maintainer broccoli, and as well as being beneficial to exploring the mechanism of male sterility in Brassica crops.

来源: Plants

发布日期: 2022-04-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/16/Csgk0G0JnBqAMF1NAC90iyQ9RjI385.pdf>

2. A BTB-TAZ protein is required for gene activation by Cauliflower mosaic virus 35S multimerized enhancers. (花椰菜花叶病毒35S多聚体增强子需要一个BTB - TAZ蛋白来激活基因)

简介: The Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*) BTB-TAZ DOMAIN PROTEIN 2 (BT2) contains an N-terminal BTB domain, a central TAZ zinc-finger protein-protein interaction domain, and a C-terminal calmodulin-binding domain. We previously demonstrated that BT2 regulates telomerase activity and mediates multiple responses to nutrients, hormones, and abiotic stresses in Arabidopsis. Here, we describe the essential role of BT2 in activation of genes by multimerized Cauliflower mosaic virus 35S (35S) enhancers. Loss of BT2 function in several well-characterized 35S enhancer activation-tagged lines resulted in suppression of the activation phenotypes. Suppression of the phenotypes was associated with decreased transcript abundance of the tagged genes. Nuclear run-on assays, mRNA decay studies, and bisulfite sequencing revealed that BT2 is required to maintain the transcriptionally active state of the multimerized 35S enhancers, and lack of BT2 leads to hypermethylation of the 35S enhancers. The TAZ domain and the Ca⁺⁺/calmodulin-binding domain of BT2 are critical for its function and 35S enhancer activity. We further demonstrate that BT2 requires CULLIN3 and two bromodomain-containing Global Transcription factor group E proteins (GTE9 and GTE11), to regulate 35S enhancer activity. We propose that the BT2-CULLIN3 ubiquitin ligase, through interactions with GTE9 and GTE11, regulates 35S enhancer activity in Arabidopsis.

来源: Plant Physiology

发布日期: 2022-01-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/44/Csgk0YfgT5KActgbABNzrv-ccfY470.pdf>

相关专利

1. 一种诱导大蒜多倍体或突变体的方法

简介: 本发明公开了一种诱导大蒜多倍体或突变体的方法, 包括如下步骤: 首先, 沿着大蒜鳞茎腹部的一侧切除大蒜鳞茎至根部以上3-8mm处, 然后剔除鳞茎内侧的鳞芽, 直至露出根基底部的生长点; 然后将蒜瓣用诱变剂进行诱导; 再将诱导后的蒜瓣直接种植在大田里, 即得到大蒜多倍体或突变体; 或将诱导后的蒜瓣制备成无菌苗, 利用无菌苗生长点长出来的叶片和根部制取多倍体愈伤组织, 即得到大蒜多倍体。本发明的方法,

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

鳞茎切口带有鳞茎组织，自身带营养组织，在诱导突变体时可直接种在地里，存活率高；还可以将秋水仙素浸泡过的大蒜鳞茎切口制备无菌苗，利用无菌苗生长点长出来的叶片和根部可制取多倍体愈伤组织，不需要种在大田即可得到大蒜多倍体。

来源：智慧芽

发布日期：2022-07-19

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/44/Csgk0YfgUWqAX5u9AAwCohGLCCM520.pdf>

2. 一种大蒜开花抑制基因AsSVP的克隆及其功能解析

简介：本发明属于植物基因工程技术领域，具体涉及一种大蒜开花抑制基因AsSVP的克隆及其功能解析，通过RACE技术进行AsSVP基因的克隆，并对该基因进行生物信息学分析以及该基因在不同器官中RT-PCR和RT-qPCR的分析，并用所获得的基因构建过表达载体进行异源拟南芥遗传转化来验证其基因功能。svp突变体显示性状为开花时间延后，说明AsSVP基因具有抑制开花的功能。由于AsSVP具有抑制开花的功能，后续实验可以通过构建RNAi干涉载体或Cas9载体去除抑制开花效果，促进大蒜开花，培育新品种，在创新大蒜新种质上具有明显的经济价值。

来源：智慧芽

发布日期：2020-10-31

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/17/Csgk0G0JnuaAAdMoACKw91I7nhE480.pdf>