



2022年第49期总82期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 中国农业科学院基因组所樊伟团队发布苋菜参考基因组并探究苋菜素的生物合成机制
2. 中国农大张小兰教授课题组揭示黄瓜果实长度调控新机制

▶ 学术文献

1. 黄瓜(黄瓜 *Cucumis sativus* L.)黄叶表型基因CscpFtsY的精细定位
2. 果糖激酶和果糖激酶样基因的比较特性和表达谱分析: 探索它们在黄瓜发育和叶绿素生物合成中的作用

▶ 相关专利

1. 甲基磺酸乙酯离体诱变大蒜抗叶枯病突变体的方法
2. 多主棒孢菌CcTLS1蛋白与编码基因及其应用

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12月9日

▶ 前沿资讯

1. 中国农业科学院基因组所樊伟团队发布苋菜参考基因组并探究苋菜素的生物合成机制

简介：12月6日，《DNA研究（DNA Research）》在线发表了基因组所樊伟团队研究成果，题为“Chromosome-scale *Amaranthus tricolor* genome provides insights into the evolution of the genus *Amaranthus* and the mechanism of betalain biosynthesis”。本研究首次组装了苋菜染色体级别参考基因组，解析了苋菜在苋属植物中的演化地位，并探究了苋菜中主要色素苋菜素的生物合成机制。研究成果将推动苋菜的分子育种改良，并有助于提高苋菜素的生物合成效率。苋菜又名汗菜、青香苋等，是包括中国在内的东亚人民喜爱的一种叶菜，富含赖氨酸、矿物质和微量元素等营养成分。苋菜属于石竹目苋科苋属 *Albersia* 亚属，有多个栽培种，除在东亚地区作为蔬菜外，在欧洲苋菜也被当作园艺观赏植物。我国古代著名药典《本草纲目》和《神农本草经》等都对苋菜的益处有所描述，“六月苋，当鸡蛋，七月苋，金不换”则是对苋菜绝佳的赞美，近代著名作家周作人曾专为苋菜写过《苋菜梗》一文。现有的苋属植物可以根据用途分为谷物苋、蔬菜苋和杂草苋三大类，千穗谷和老鸦谷是谷物苋的代表，苋菜是蔬菜苋的重要代表，糙果苋和长芒苋是杂草苋的代表。本研究发布的苋菜基因组是蔬菜苋的首个基因组，填补了蔬菜苋缺乏基因组水平研究的空白，丰富了苋属植物的历史演化研究。本研究通过整合PacBio HiFi、Oxford Nanopore ultra-long和Hi-C测序技术，成功组装出了苋菜染色体级别的参考基因组。组装得到的基因组大小为520 Mb，Contig N50为906 Kb，其中99.58%的序列被定位在17条染色体上，注释得到了27,813个蛋白编码基因。通过宏观共线性分析和分子钟推断，本研究推测苋菜基因组大约在2700万年前发生过一次全基因组复制事件，该复制事件发生在苋亚科的最近共同祖先时期。红苋菜中含有大量的苋菜素，已经被食品工业用作天然食品添加剂（国标：GB 1886.110—2015）。由于人工合成色素具有诱发癌症等健康风险，而天然色素价格较高，因此提高苋菜素的生物合成效率具有重要意义。苋菜具有多个栽培种，其中红色栽培种富含苋菜素，而绿色栽培种苋菜素含量很低。本研究除了组装出红色苋菜的染色体级别参考基因组，也组装了绿色苋菜的高质量Contig水平基因组，揭示了两栽培种之间的基因组结构变异，同时也比较了不同颜色叶片的基因转录水平差异。基因表达差异分析表明DODA α 1在红色叶片中高表达，而在绿色叶片中表达很低，而且是红绿叶片基因表达差异最显著的基因，因此该基因或许在苋菜素合成途径中发挥关键作用。进一步研究发现苋菜素合成通路关键基因DODA α 1和CYP76AD α 1在苋菜基因组的16号染色体的同一个拓扑相关结构域（TAD）中，这可能与它能够高效地合成苋菜素有关。本研究首次组装了苋菜染色体级别参考基因组，解析了苋菜在苋属植物中的演化地位，并为苋菜中苋菜素生物合成机制提供了新见解。此外，苋菜中还富含角鲨烯和抗菌肽，其中角鲨烯传统上来源于鲨鱼和鲸等海洋动物，具有降低胆固醇等有益健康的功效，同时是电脑硬盘的润滑剂和化妆品的重要成分；而抗菌肽是具有抗菌活性的碱性多肽物质，通常由数十个氨基酸残基组成，对细菌有很强的杀伤作用，具有重要的医疗价值。基因组数据为相关生物学研究奠定了基础，也为苋菜的育种改良和抗逆耐旱等研究提供了重要的资源。基因组所博士生王恒超、硕士生许栋为文章的共同第一作者，樊伟研究员为文章通讯作者，该研究得到了中国农业科学院青年英才计划、中国农科院科技创新工程和深圳市重点实验室基金（ZDSYS20141118170111640）的支持。原文链接：

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

<https://doi.org/10.1093/dnares/dsac050>

来源: 中国农业科学院深圳农业基因组研究所

发布日期:2022-12-07

全文链接:

<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/d62c3fcllee7d4bb38f749c43cd30b4a7.htm>

2. 中国农大张小兰教授课题组揭示黄瓜果实长度调控新机制

简介: 近日, 中国农业大学园艺学院张小兰教授课题组与美国威斯康辛大学麦迪逊分校翁益群课题组在《植物细胞》(The Plant Cell) 杂志在线发表题为“基因的自然变异参与调控黄瓜果实长度变异”(Natural variation in CRABS CLAW contributes to fruit length divergence in cucumber) 的研究论文。该研究通过图位克隆和功能研究解析了黄瓜YABBY家族转录因子CRABS CLAW (CsCRC) 调控黄瓜果长变异的分子机制。果长是影响黄瓜产量和外观品质的重要农艺性状, 也是区分不同市场类型黄瓜的重要指标。不同黄瓜种质间果实长度差异巨大(5~60 cm), 遗传变异显著。尽管已有一些调控基因和影响黄瓜果实长度的QTLs被发现, 但对黄瓜果实长度自然变异及其分子调控机制仍知之甚少。课题组前期研究发现FS5.2是影响黄瓜果长性状的主效QTL。本研究利用由近等基因系(NIL)构建的分离群体进行图位克隆, 鉴定其候选基因为CRABS CLAW (CsCRC)。CsCRC基因序列上的非同义SNP (G/A) 突变导致了FS5.2位点变异。在携带CsCRCA位点的短果型近等基因系fs5.2-NIL中, 果实长度降低了34~39%。165份黄瓜种质中的位点多样性分析发现CsCRCA位点只存在于7份短圆形西双版纳黄瓜中, 而野生黄瓜和栽培黄瓜均为CsCRCG位点。并且, 在黄瓜不同果实长度的自然群体中CsCRCG基因的表达模式与果长呈正相关性。利用遗传转化, 在fs5.2-NIL中的CsCRCG过表达回补试验与在栽培长果形材料中的CsCRCG-RNAi试验, 均证明CsCRCG通过影响果实细胞的大小进而正调控黄瓜果实长度。进一步通过蛋白-DNA互作试验发现CsCRCG(而不是CsCRCA)可以直接结合并促进下游靶基因CsARP1 (Auxin response protein) 的表达, 其敲除突变体Csarp1导致果实细胞变小, 果实长度显著变短。因此, 本研究表明CsCRCG通过对其下游靶基因CsARP1基因的转录激活正向调节细胞增大和果实伸长, 该研究结果为不同果长黄瓜新品种的培育提供了重要的理论和工作基础。中国农业大学已毕业博士砗根(现就职于内蒙古大学)、威斯康辛大学麦迪逊分校已出站博士后潘玉朋(现就职于西北农林科技大学)、中国农业大学已出站博士后刘小凤(现就职于青岛农业大学)及中国农业大学在读博士生李敏为论文共同第一作者。中国农业大学张小兰教授与美国威斯康辛大学麦迪逊分校翁益群教授为该论文的共同通讯作者。该工作得到了国家自然科学基金、湖湘高层次人才聚集工程创新人才项目以及111引智基地项目的资助。

来源: 中国农业大学

发布日期:2022-11-28

全文链接:

http://news.cau.edu.cn/art/2022/11/28/art_8769_892723.html

学术文献

1. Fine mapping of CscpFtsY, a gene conferring the yellow leaf

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

phenotype in cucumber (*Cucumis sativus* L.) (黄瓜(黄瓜*Cucumis sativus* L.)黄叶表型基因CscpFtsY的精细定位)

简介: Background Leaf color mutants are ideal materials to study pigment metabolism and photosynthesis. Leaf color variations are mainly affected by chlorophylls (Chls) and carotenoid contents and chloroplast development in higher plants. However, the regulation of chlorophyll metabolism remains poorly understood in many plant species. The chloroplast signal-recognition particle system is responsible for the insertion of the light-harvesting chlorophyll a/b proteins (LHCPs) to thylakoid membranes, which controls the chloroplast development as well as the regulation of Chls biosynthesis post-translationally in higher plants. Results In this study, the yellow leaf cucumber mutant, named yl, was found in an EMS-induced mutant library, which exhibited a significantly reduced chlorophyll content, abnormal chloroplast ultrastructure and decreased photosynthetic capacity. Genetic analysis demonstrated that the phenotype of yl was controlled by a recessive nuclear gene. Using BSA-seq technology combined with the map-based cloning method, we narrowed the locus to a 100 kb interval in chromosome 3. Linkage analysis and allelism test validated the candidate SNP residing in CsaV3_3G009150 encoding one homolog of chloroplast signal-recognition particle (cpSRP) receptor in Arabidopsis, cpFtsY, could be responsible for the yellow leaf phenotype of yl. The relative expression of CscpFtsY was significantly down-regulated in different organs except for the stem, of yl compared with that in the wild type (WT). Subcellular localization result showed that CscpFtsY located in the chloroplasts of mesophyll cells. Conclusions The yl mutant displayed Chls-deficient, impaired chloroplast ultrastructure with intermittent grana stacks and significantly decreased photosynthetic capacity. The isolation of CscpFtsY in cucumber could accelerate the progress on chloroplast development by cpSRP-dependant LHCP delivery system and regulation of Chls biosynthesis in a post-translational

来源: BMC Plant Biology

发布日期: 2022-11-06

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/18/Csgk0G0iu6iAPrRIAlzxl_j3yos572.pdf

2. A Comparative Characterization and Expression Profiling Analysis of Fructokinase and Fructokinase-like Genes: Exploring Their Roles in Cucumber Development and Chlorophyll Biosynthesis (果糖激酶和果糖激酶样基因的比较特性和表达谱分析: 探索它们在黄瓜发育和叶绿素生物合成中的作用)

简介: Fructokinase (FRK) and fructokinase-like (FLN), belonging to the phosphofructokinase B type subfamily, share substantial sequence similarity, and are crucial in various plant physiological processes. However, there is limited information regarding what functionally differentiates plant FRKs from FLNs. Here, a total of three CsFRKs and two CsFLNs were identified from the cucumber genome. Their significant difference lay in the structure of their G/AXGD motif, which existed as GAGD in CsFRKs, but as G/ASGD in CsFLNs. Comparative phylogenetic analysis classified CsFRKs and CsFLNs into five

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

sub-branches consistent with their quite different exon/intron organizations. Both transcriptome data and RT-qPCR analyses revealed that CsFRK3 was the most active gene, with the highest expression in the majority of tissues tested. Moreover, the expression levels of two putative plastidic genes, CsFRK1 and CsFLN2, were significantly positively associated with chlorophyll accumulation in the chlorophyll-reduced cucumber mutant. Briefly, both CsFRK and CsFLN genes were involved in the development of sink tissues, especially CsFRK3. CsFRK1 and CsFLN2 were recognized as candidates in the chlorophyll biosynthesis pathway of cucumber. These results would greatly assist in further investigation on functional characterization of FRKs and FLNs, especially in the development and chlorophyll biosynthesis of cucumber.

来源: International Journal of Molecular Sciences

发布日期: 2022-06-22

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/46/Csgk0Yf5cEGAccoCOAC6xMIBGgvo934.pdf>

➤ 相关专利

1. 甲基磺酸乙酯离体诱变大蒜抗叶枯病突变体的方法

简介: 本发明提供一种甲基磺酸乙酯离体诱变大蒜抗叶枯病突变体的方法, 目的是为无性繁殖的大蒜品种改良和新种质资源创制提供离体诱变定向筛选突变方法, 并获得符合育种目标性状的抗病突变体。本发明以大蒜茎盘为外植体, 通过对切成“十”字形的大蒜茎盘进行浓度为1%的EMS处理时长为6 h, 再通过1 M硫代硫酸钠溶液终止诱变反应后, 擦干, 接种在附加有30%大蒜叶枯病粗毒素的MS培养基上进行离体培养, 可获得抗叶枯病突变体。

来源: 佰腾网

发布日期: 2021-11-02

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/46/Csgk0Yf5cvSAX8jeABBMPcELZ3o549.pdf>

2. 多主棒孢菌CcTLS1蛋白与编码基因及其应用

简介: 本发明公开了多主棒孢菌CcTLS1蛋白与编码基因及其应用。本发明的实验证明, 多主棒孢菌CcTLS1基因被敲除后, 所得到的多主棒孢菌敲除突变体相较于野生菌株在黄瓜叶片上病斑面积大幅减小; 多主棒孢菌敲除突变体的菌丝生长速度明显低于野生型多主棒孢菌; 多主棒孢菌敲除突变体纤维二糖水解酶活性明显低于野生型多主棒孢菌。表明多主棒孢菌敲除突变体CcTLS1基因的缺失可导致多主棒孢菌对黄瓜侵染能力的下降。本发明所提供的CcTLS1基因及其应用在黄瓜棒孢叶斑病的防控方面具有重要意义。

来源: 佰腾网

发布日期: 2021-10-08

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/18/Csgk0G0ivgWAaN6gAA-QTmXrDww566.pdf>