



2023年第6期总91期

# 种质资源保护与创制专题

## 本期导读

### ▶ 前沿资讯

1. 张绍铃教授团队发布梨蛋白基因组图谱
2. 柳李旺教授团队在萝卜基因组组装与抽薹性状遗传调控机理解析方面取得新进展
3. 生科院章文华教授团队在水稻耐盐关键基因鉴定及分子机制研究中取得新进展

### ▶ 学术文献

1. 拟南芥在硅质土壤上的耐盐性进化并不赋予其对盐渍石灰性土壤的耐受性
2. 低红光与远红光比例条件下对通过提高黄瓜叶片光合能力促进耐盐性

### ▶ 相关专利

1. 一种鉴别转基因材料及其自交、杂交、回交后代中内、外源基因的检测引物和方法
2. 一种基于野生种质的优质棉花材料创制方法

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](mailto:agri@ckcest.cn)  
2023年2月10日

## ▶ 前沿资讯

### 1. 张绍铃教授团队发布梨蛋白基因组图谱

**简介:** 1月31日, 南京农业大学作物遗传与种质创新利用全国重点实验室梨创新团队在著名期刊Molecular Plant在线发表了题为“A large-scale proteogenomic atlas of pear”的论文。首次公布了梨24个主要组织器官的蛋白质组定量图谱, 共检测到17953个蛋白, 基于4294个新编码事件改进了梨基因组信息, 通过基因调节网络探索了重要基因之间的联系, 鉴定到花柱中调节花粉管生长的5个新多肽, 提出梨石细胞性状形成的受体激酶翻译后修饰新路径。基于整合蛋白组和转录组数据, 开发了PearEXP数据库 (<http://www.peardb.org.cn>), 实现梨转录和蛋白表达谱、新编码事件的交互式查询。梨是重要的蔷薇科多年生木本果树, 广泛栽培于世界各地。我国梨面积和产量均约占全球70%, 是第一大梨生产国。近年来, 随着高通量测序技术的发展, 多份梨种质资源的基因组信息纷纷公布。这对于揭示梨基因组结构、染色体进化、遗传变异和驯化等具有重要意义, 也为深入挖掘梨重要农艺性状关键基因助力品种改良提供了条件。然而, 由于目前生物信息学工具的局限性, 与大多数物种一样, 梨基因组注释还不完善。同时, 仅有DNA序列数据不足以深入了解其生长发育的动态特征以及与环境互作的特性。蛋白质是生命活动的直接参与者, 近年来蛋白基因组学(Proteogenomics)的发展为完善物种基因组提供了新策略。因此, 开展梨蛋白基因组研究将为深入理解梨物种特征及其动态发育奠定基础。该研究是蔷薇科多年生仁果类果树蛋白组图谱的首次系统报道, 为梨生物学研究提供了大量有价值的数据资源, 并为其他果树和非模式植物蛋白基因组研究提供了新范例。南京农业大学副教授王鹏、钟山青年研究员吴潇和浙江省农业科学院研究员施泽彬为该论文的共同第一作者, 南京农业大学教授张绍铃和吴巨友为该论文的共同通讯作者。深圳迪谱生物科技有限公司许少行、周宝津参与了本项目数据分析。西北大学教授边阳阳对本研究提供了重要指导。南京农业大学其他多位师生也参与了部分工作。该工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、江苏省种业振兴计划等项目资助。

**来源:** 南京农业大学园艺学院

**发布日期:** 2023-02-06

**全文链接:**

<http://news.njau.edu.cn/2023/0206/c18a122205/page.htm>

### 2. 柳李旺教授团队在萝卜基因组组装与抽薹性状遗传调控机理解析方面取得新进展

**简介:** 近日, 作物遗传与种质创新利用全国重点实验室、园艺学院萝卜遗传育种团队在植物学领域权威期刊Plant Biotechnology Journal 在线发表了题为“A chromosome-level genome assembly of radish (*Raphanus sativus*L.) reveals insights into genome adaptation and differential bolting regulation”的研究论文。该论文报道了萝卜晚抽薹种质‘NAU-LB’染色体级别高质量基因组序列图谱, 分析了萝卜基因组进化特征与抽薹开花的转录调控通路, 研究结果丰富了萝卜基因组序列资源, 为研究萝卜基因组遗传变异特征构建了重要序列资源平台, 将为解析萝卜重要园艺性状形成机制、开展生物技术育种提供坚实数据支撑与理论基础。萝卜(*Raphanus sativus*L.)是原产于我国的十字花科重要根菜类蔬菜作物。高质量基因组组装是分离

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

鉴定基因组结构变异、解析目标性状形成遗传机制的重要基础。近年来,虽有不同萝卜基因组图谱陆续公布,然而在基因组完整度、着丝粒区域组装和基因功能注释等方面仍需进一步提升。该研究综合利用Illumina、PacBio、BioNano与Hi-C等技术对‘NAU-LB’进行从头组装(图1),基因组序列总长度为476.32Mb, contig N50为1.76 Mb, scaffold N50达56.88 Mb;其中448.12Mb锚定到萝卜9条染色体上,挂载率为94.08%,共注释到40,306个蛋白编码基因,CEGMA完整度达97.18%。利用着丝粒特异组蛋白CENH3抗体,采用ChIP-seq与荧光原位杂交(FISH)技术,大幅提升了着丝粒区域高度重复序列组装的连续性。‘NAU-LB’基因组含有249.14 Mb (52.31%)重复序列,LTR逆转录转座子占比30.31%。进一步分析表明,有2970个基因中存在转座子元件插入,分析了完整LTR-RTs在基因编码区、启动子及3’UTR区域的分布特征。4DTv与Ks分析表明,萝卜与其它十字花科作物共享一次全基因组三倍化事件(WGT)。进化分析表明,分别有1078个和4445个基因家族存在扩张和收缩( $P < 0.01$ ),显著扩张基因主要富集于离子运输、跨膜转运等生物过程。通过比较基因组分析,鉴定出SNPs、InDels及SVs等遗传变异。在15,497个大片段InDels中,发现‘NAU-LB’的RsVRN1基因启动子536bp处存在一个647bp插入片段,荧光素酶试验分析表明,该插入显著降低RsVRN1In-536单倍型基因启动子活性。通过萝卜肉质根酵母文库筛选,结合Y1H、EMSA与双荧光素酶分析,鉴定出DOF类转录因子RsCDF3特异结合RsVRN1In-536基因启动子647bp插入中DOF结合元件(5’-TACTTTAT-3’),并显著抑制RsVRN1基因转录水平。异源转化拟南芥植株表明RsCDF3基因为抽薹开花负调控因子,初步揭示了其不依赖于CO/FT基因的抽薹开花转录调控通路。进一步遗传分析表明,携带RsVRN1In-536等位基因的F2株系抽薹时间明显晚于仅携带RsVRN1Del-536等位基因的株系(图2),表明RsVRN1In-536等位基因可用于晚抽薹萝卜种质遗传改良与创新利用。作物遗传与种质创新利用全国重点实验室、园艺学院徐良副教授为论文第一作者,柳李旺教授为通讯作者。根茎蔬菜遗传改良与绿色生产创新团队王燕副教授与博士生董俊辉等、南通大学生命科学院王凯教授、澳大利亚西澳大学Chen YL教授与扬州大学园艺园林学院青年教师王沧、马银波博士也参与了此项研究;美国密歇根州立大学(MSU) Shinhan Shiu教授给予建议。该研究得到国家自然科学基金、国家重点研发计划、江苏省种业振兴揭榜挂帅、江苏现代农业(蔬菜)产业技术体系根茎类蔬菜创新团队与江苏高校优势学科建设工程(PAPD)等项目的资助。全文链接:  
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/pbi.14011>.

**来源:** 南京农业大学园艺学院

**发布日期:** 2023-01-29

**全文链接:**

<http://news.njau.edu.cn/2023/0128/c18a122183/page.htm>

### 3. 生科院章文华教授团队在水稻耐盐关键基因鉴定及分子机制研究中取得新进展

**简介:** 近日,南京农业大学生命科学学院章文华教授团队在PNAS在线发表了题为“Transcriptional repressor RST1 controls salt tolerance and grain yield in rice by regulating gene expression of asparagine synthetase”的研究论文。该研究鉴定到一个新的水稻耐盐关键基因RST1,并揭示了其通过抑制天冬酰胺合成酶基因表达来调控水稻盐胁迫响应以及产量形成的分子机制。土壤盐渍化是限制作物生产的主要非生物胁迫之一。土壤中过多的盐分会破坏植物细胞中正常的营养代谢,导致生长受抑、产量下降。然而,植物是如何改变其营养代谢过程来适应盐胁迫的,目前尚不清楚。为了

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

挖掘水稻耐盐关键基因，该团队对EMS诱变的水稻突变体库进行筛选，鉴定到一份耐盐性和产量均显著提高的突变体，并将之命名为rice salt tolerant 1 (rst1) (Deng et al., 2015)。在本研究中，通过图位克隆方法从rst1突变体中分离到一个新的耐盐基因RST1，其编码生长素响应因子OsARF18。RST1功能缺失和过量表达株系分别表现出耐盐和盐敏感表型，表明该基因是水稻耐盐性的负调控因子。研究发现，RST1定位于细胞核中，具有转录抑制活性，能够直接与天冬酰胺合成酶基因OsAS1基因的启动子结合并抑制其表达。来源于rst1突变体变异形式的RST1由于编码区发生一个单碱基替换导致其翻译提前终止并丧失了转录抑制活性。RST1功能缺失导致OsAS1基因表达上调，通过促进天冬酰胺的合成提高氮的利用率，同时减少NH<sub>4</sub><sup>+</sup>的过量积累，从而提高植株的耐盐性。此项工作的另外一个重要发现是，自然变异分析提示RST1基因可以分成3种单倍型，其中优势单倍型RST1Hap III主要存在于粳稻品种中，通过降低其蛋白的转录抑制活性来提高水稻的耐盐性以及粒重。连续两年的大田实验结果表明，RST1功能缺失能够显著提高水稻在正常生长条件下的单株产量并减少盐胁迫条件下的产量损失。该研究揭示了RST1-OsAS1分子模块通过调控氮素利用效率来提高耐盐性和产量的分子机制，不仅拓宽了人们对植物耐盐分子机制的认识，同时为水稻耐盐性和产量的遗传改良提供了重要的遗传材料和基因资源。南京农业大学生命科学学院和作物遗传与种质创新国家重点实验室邓平博士为该论文第一作者，章文华教授、张群教授和井文副教授为该论文的共同通讯作者。章文华团队成员袁静娅讲师、沈立轲副教授、博士生曹成娟，以及南京农业大学王春明教授和江玲教授、江苏沿海地区农科所孙明法研究员、江苏省农科院张保龙研究员、韩国世宗大学JoongHyouon Chin教授等也参与了该工作。该研究获得国家重点研发计划政府间国际科技创新合作重点专项、国家自然科学基金和中央高校基本科研业务费等联合资助。论文链接：<https://doi.org/10.1073/pnas.2210338119>

来源：南京农业大学生命科学学院

发布日期:2022-12-07

全文链接:

<http://news.njau.edu.cn/2022/1207/c18a121751/page.htm>

## ► 学术文献

### 1. Evolution of salt tolerance in *Arabidopsis thaliana* on siliceous soils does not confer tolerance to saline calcareous soils (拟南芥在硅质土壤上的耐盐性进化并不赋予其对盐渍石灰性土壤的耐受性)

简介：Purpose Alkaline salinity constrains crop yield. Previously, we observed local adaptation of *Arabidopsis thaliana* to saline-siliceous soils (pH $\leq$ 7) and to non-saline carbonate soils. However, no natural population of *A. thaliana* was localized on saline-alkaline soils. This suggests that salinity tolerance evolved on saline-siliceous soils may not confer tolerance to alkaline salinity. This hypothesis was explored by addressing physiological and molecular responses to alkaline salinity of *A. thaliana* that differ in tolerance to either non-alkaline salinity or carbonate. Methods *A. thaliana* native to saline-siliceous soils (high salinity, HS), non-saline carbonate soils (high alkalinity, HA), or soils with intermediate levels of these factors (medium saline-alkalinity, MSA) were cultivated in common gardens on saline-siliceous or saline-calcareous substrates.

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

Hydroponics and irrigation experiments confirmed the phenotypes. The growth, mineral concentrations, proline content, osmotic potential, genetic variation distribution, and expression levels of selected genes involved in salinity and alkalinity tolerance were assessed. Results HS performed best on saline-siliceous soil and in hydroponics with salinity (pH 5.9). However, HS was more sensitive to saline-alkaline conditions than HA and MSA. The fitness under saline-alkaline conditions was ranked according to MSA > HA > HS. Under alkaline salinity, MSA best maintained ion homeostasis, osmotic balance, and higher expression levels of key genes involved in saline or alkaline tolerance (AHA1, root HKT1 and FRO2, and shoot NHX1 and IRT1). Conclusion In *A. thaliana*, salinity tolerance evolved on saline-siliceous soils does not provide tolerance to alkaline salinity. Plants native to intermediate conditions (MSA) have more plasticity to adapt to alkaline salinity than those locally adapted to these individual stress factors.

来源: Plant and Soil

发布日期: 2023-01-06

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/4B/Csgk0Yg8uweAIz1PABubEC3xJNU601.pdf>

## **2. Low red to far-red light ratio promotes salt tolerance by improving leaf photosynthetic capacity in cucumber (低红光与远红光比例条件下对通过提高黄瓜叶片光合能力促进耐盐性)**

简介: Soil salinity severely inhibits leaf photosynthesis and limits agricultural production. Red to far-red light ratio (R/FR) affects leaf photosynthesis under salt stress, however, its regulation mechanism is still largely unknown. This study investigated the effects of different R/FR on plant growth, gas exchange parameters, photosynthetic electron transport, Calvin cycle and key gene expression under salt stress. Cucumber seedlings were exposed to four treatments including 0 mM NaCl and R/FR=7 (L7, control), 0 mM NaCl and R/FR=0.7 (L0.7), 80 mM NaCl and R/FR=7 (H7) and 80 mM NaCl and R/FR=0.7 (H0.7) for 9 days in an artificial climate chamber. The results showed that compared to L7 treatment, H7 treatment significantly reduced relative growth rate (RGR), CO<sub>2</sub> assimilation rate (P<sub>n</sub>), maximum photochemical efficiency PSII (F<sub>v</sub>/F<sub>m</sub>), most JIP-test parameters and total Rubisco activity, indicating that salt stress severely inhibited photosynthetic electron transport from PSII to PSI and blocked Calvin cycle in cucumber leaves. However, these suppressions were effectively alleviated by low R/FR addition (H0.7 treatment). Compared to H7 treatment, H0.7 treatment significantly increased RGR and P<sub>n</sub> by 209.09% and 7.59%, respectively, enhanced F<sub>v</sub>/F<sub>m</sub>, maximum quantum yield for primary photochemistry ( $\phi$ ; P<sub>o</sub>), quantum yield for electron transport ( $\phi$ ; E<sub>o</sub>) and total Rubisco activity by 192.31%, 17.6%, 36.84% and 37.08%, respectively, and largely up-regulated expressions of most key genes involved in electron transport and Calvin cycle. In conclusion, low R/FR effectively alleviated the negative effects of salt stress on leaf photosynthesis by accelerating photosynthetic electron transport from PSII to PQ pool and promoting Calvin cycle in cucumber plants. It provides a novel environmentally friendly light-quality regulation technology for high efficiency salt-resistant vegetable production.

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

来源: Frontiers in Plant Science

发布日期:2023-01-06

全文链接:

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1D/Csgk0GP1\\_naABRTQAFEKRFAvT-g276.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1D/Csgk0GP1_naABRTQAFEKRFAvT-g276.pdf)

## ➤ 相关专利

### 1. 一种鉴别转基因材料及其自交、杂交、回交后代中内、外源基因的检测引物和方法

**简介:** 本发明提供了一种鉴别转基因材料及其自交、杂交、回交后代中内、外源基因的检测引物和方法,属于植物生物技术领域。本发明的检测引物包含一条正向引物SEQ ID NO.1和两条反向引物SEQ ID NO.2、SEQ ID NO.3。利用本发明的引物,只需通过常规的PCR和PAGE胶电泳即可区分转基因材料及其自交、杂交、回交后代中的内、外源基因,以及各种内、外源基因组成的基因型,从而在转基因材料当代和后代的繁殖及转育过程中,提高对目标基因型的选择效率。本发明提供的方法操作简便、分型快速、结果直观准确,在植物育种技术领域中的应用前景广阔。

来源: 佰腾网

发布日期:2020-08-28

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/4B/Csgk0Yg8vbKAOrLiAAatFL0aa4VI705.PDF>

### 2. 一种基于野生种质的优质棉花材料创制方法

**简介:** 本发明属于调节基因表达的非编码核酸,如反义寡核苷酸技术领域,公开了一种基于野生种质的优质棉花材料创制方法,所述基于野生种质的优质棉花材料创制方法具体包括:提取野生种质的优质棉花材料DNA;采用基因芯片筛选优质棉花材料相关优质或抗性基因;将筛选的优质或抗性基因进行PCR扩增基因片段;采用农杆菌转化法将扩增之后获得的基因片段导入现有优质棉花细胞内,并将其培育成一个完整的植株;对得到的植株采用线束法进行自交得到F1代棉花;将F1代棉花与母本进行回交得到F2代棉花,将F2代棉花与母本棉花再次回交得到F3代棉花,然后,通过自交纯合获得优质棉花材料。本发明能够充分利用野生种质的棉花优良基因。

来源: 佰腾网

发布日期:2020-01-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1D/Csgk0GPmCKKANjKnAAauFUg5hr8747.PDF>