中国农业科学院蔬菜花卉研究所功能基因课题组

揭示了黄瓜显性全雌基因分子作用机制

近期,中国农业科学院蔬菜花卉研究所功能基因课题组和中国农业科学院农业基因组研究所黄三文研究员课题组合作,首次证实了黄瓜中显性全雌基因(Female)编码乙烯合成途径中的关键酶ACS1G,并深入研究了其作用机制。相关研究论文“Gain-of-function of the 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase gene ACS1G induces female flower development in cucumber gynocy”于12月2日在线发表于《The Plant Cell》上。

黄瓜是重要的蔬菜作物,可食用部分是由雌花发育形成的果实,因此,黄瓜雌花率是重要的产量性状。此外,由于黄瓜的花具有多种性别类型,一

直是研究单性花调控机制的重要模式植物。因此研究黄瓜雌花的形成机制具有重要的应用价值和科学意义。

早在二十世纪60代,遗传学家就在黄瓜中发现了三个控制黄瓜单性花性状的重要位点,Female(F),andromonocious(m),androecious(a)。其中F位点控制显性全雌表型,m基因隐性纯合控制两性花的出现,a基因隐性纯合控制全雄表型。并且,F基因上位于a基因。为了简明,将这三个重要基因共同控制黄瓜单性花发育的过程,命名为FAM模型。近年来,A基因和M基因相继被克隆,分别编码ACS11和ACS2,均是乙烯合成途径中的关键酶。

尽管黄瓜的显性全雌基因(Female)在生产中被广泛应用以提高黄瓜产量,但F基因是什么仍然没有确证。功能基因课题组前期通过研究黄瓜基因组的结构变异发现,黄瓜的全雌位点,是基因组上一段30.2 kb的串联重复序列。但由于串联重复序列中不只包含ACS1G,也增加了基因的拷贝数,所以这段串联重复序列中究竟哪个基因是促进雌花形成的全雌基因,仍然是一个疑问。

为回答这个问题,在前期工作的基础上,蔬菜所和基因组所的研究人员和国内外合作伙伴,利用CRISPR/Cas9基因编辑技术和EMS诱变相结合,首次证实了F基因是ACS1G基

因。且由于基因组的结构变异,使得ACS1G获得了不同于雌雄同株材料中ACS1的启动子和新的表达模式。ACS1G在花芽发育早期与ACO2基因的重叠表达,使ACS1G获得了决定雌花形成的功能。由于ACS1G基因在早期花芽中的表达不像ACS11一样具有选择性,所以所有花芽都发育成雌花,这也解释了F基因上位于隐性全雄基因(androecious)的原因。

此项研究完整地解释了黄瓜单性花调控的FAM模型,并整合了近年来被克隆的ACO2和WIP1基因的功能,结合基因时空表达特异性和不同基因间的遗传关系,提出了一个完整的黄瓜单性花发育调控模

型,丰富了葫芦科植物单性花调控的网络,对于培育高产瓜类作物也有重要指导意义。

蔬菜所博士研究生张慧敏、李帅、基因组所博士后杨丽和研究员蔡广华为论文第一作者。蔬菜所孙进京副研究员、张忠华研究员为共同通讯作者,基因组所黄三文研究员对该成果进行总体把关和指导。湖南省蔬菜研究所陈惠明研究员、北京大学白书农教授、西北农林科技大学李征教授、上海交通大学蔡润教授、加州大学戴维斯分校William Lucas教授等也参与了该项目的完成。该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、农科院创新工程等项目的资助。

作物生长模型研究有新进展

农作物空间格局及适宜性研究旨在优化农业主体功能和空间布局,作物生长模型是农业空间格局研究中的重要手段。在第二期研究所创新工程项目(2016-2020)的资助下,农业布局与区域发展团队作物生长模型课题组的相关研究成果发表在《Plant Methods》《European Journal of Remote Sensing》《Journal of Integrative Agriculture》和《光谱学与光谱分析》《农业工程学报》等国内外知名刊物上。

作物表型参数获取是优化模型和分析模型适应性的基础,课题组基于田间试验,比较了高光谱连续统去除法计算LAI与传统植被指数模型反演LAI方法,结合Slogistic模型和三种权重确定方法,建立了多个生育期马铃薯LAI反演和产量估算方法(Plant Methods, 2020; Journal of Applied Remote Sensing, 2020; European Journal of Remote Sensing, 2019; 光谱学与光谱分析, 2018a, 2018b)。作物物候模型是驱动作物生长模型运转的核心部分,通过对作物物候模型光温反应函数在不同生长期加权,创建作物种植适宜区判定方法对比指数,能够实现对作物生长适宜性的精细评价(Journal of Integrative Agriculture, 2017)。此外,将作物生长模型与农业经济模型、GIS技术相融合,可以模型并预测区域作物空间竞争格局(Journal of Integrative Agriculture, 2016; 农业工程学报, 2016)。

在发表上述文章的基础上课题组出版了《马铃薯表观特征及空间分布信息提取及分析》(专著, 2018)和《气象因子对马铃薯种植影响的研究》(译著, 2016)两部著作;申请了一项国家自然科学基金面上项目“基于动态过程导向的马铃薯种植适宜性时空精细化评价研究”(2017-2020, 编号: 41771562)。

国家海水鱼产业技术体系主办

石斑鱼产业发展论坛暨龙头企业对接会召开

由依托中国水产科学研究院海水水产研究所的国家海水鱼产业技术体系(以下简称海水鱼体系)主办,石斑鱼种质资源与品种改良岗位、陵水综合试验站承办的“石斑鱼产业发展论坛暨龙头企业对接会日前”在海南省海口市召开。海南晨海水产有限公司、海南大顺发水产有限公司、临高昌盛水产养殖有限公司、恒兴饲料实业股份有限公司、福建海马饲料有限公司、茂名滨海新区宸熙生物科技有限公司和饶平县万佳水产有限公司等国家及省市级农业产业化重点龙头企业负责人,海水鱼体系相关岗位的岗位科学家、综合试验站站站长等21人参加了会议。

海水鱼体系首席科学家、黄海水产研究所鱼类养殖与设施渔业研究室主任关长涛研究员向前来参会的企业代表表示感谢,他表示,水产龙头企业是推动渔业产业高

质量发展的引领者,是实现渔业现代化的示范者,希望通过海水鱼体系牵头组织的龙头企业对接会,让更多企业了解体系、融入体系,共同为海水鱼产业绿色发展贡献力量。海南晨海水产有限公司副总经理黄春仁、饶平县万佳水产有限公司总经理郑镇雄、海南大顺发水产有限公司董事长李英奋和恒兴饲料实业股份有限公司总经理张勇作为龙头企业代表介绍了企业的业务范围,并针对生产经营中遇到的实际问题提出了亟待解决的技术需求。

与会企业代表郑镇雄总经理在研讨中认为,突如其来的疫情给海水鱼产业带来了巨大的挑战,面对鲜活水产品流通难的问题,饶平县万佳水产有限公司积极与海水鱼体系合作,在国家海水鱼产业技术体系鱼品加工岗位科学家团队的指导下,变“危”为“机”,开发了超低温液

体速冻技术,并将石斑鱼精准加工,分割为鱼头、鱼扒、鱼背鳍、鱼腩鳍、鱼尾鳍、鱼小片、鱼肚和鱼肝等系列产品,多元化的产品显著提升了市场消费者对产品的喜爱,公司销售额得到了提升。

体系专家与企业代表在深入交流中达成多项合作共识。参会的龙头企业代表与体系相关岗位团队签订了技术对接合作协议,协议涵盖了石斑鱼种质改良、营养饲料、疾病防控、流通加工、质量安全和经济市场分析等产业链各环节,签约专家及企业对即将开展的实质性合作充满信心。

“体系搭台,科企对话”是海水鱼体系自2018年以来建立的管理机制,此次对接会将体系产业链各环节的科技成果输送至龙头企业和代表性企业,有利于提升龙头企业科技创新能力,进一步推动我国石斑鱼产业绿色高质量发展。

西瓜果实中糖和有机酸的调控网络被解析

创新工程西瓜栽培与生理团队在西瓜果实糖和有机酸的代谢调控研究方面日前取得了新的进展,解析了西瓜果实发育过程中糖和有机酸的变化规律,鉴定了西瓜果实发育过程中控制糖和有机酸代谢的关键基因网络。这些结果为西瓜品质育种提供了理论依据,对我国西瓜产业的发展 and 育种水平的提高具有重要的科学意义。相关研究成果在线发表在《园艺研究(Horticulture Research)》和《园艺科学(Scientia Horticulturae)》上。

西瓜果实的感官品质是由糖和

有机酸含量决定的,在西瓜果实的发育和成熟过程中,糖和有机酸含量决定了西瓜的口感。刘文革团队利用甜味西瓜‘203Z’和其近等基因系的酸味西瓜‘SrW’为材料,通过转录组和代谢物数据的WGCNA分析寻找与糖酸代谢共表达的基因和基因网络。鉴定了3个基因表达网络,包含2443个基因与西瓜果实中糖酸代谢高度相关。通过显著性和qRT-PCR分析,筛选到了7个参与西瓜果实糖酸代谢的关键基因。其中, Cla97C01G000640、 Cla97C05G087120 和

Cla97C01G018840 为糖转运蛋白; Cla97C03G064990 是一种蔗糖合酶; Cla97C07G128420、 Cla97C03G068240 和 Cla97C01G008870 与苹果酸和柠檬酸高度相关,为苹果酸和柠檬酸转运蛋白。将这些基因在自然群体中进行验证,结果表明这7个基因的表达量与西瓜果实中的糖酸含量呈显著正相关。

该研究得到中国农科院创新工程、现代农业产业技术体系、国家自然科学基金、国家重点研发计划的资助。