作物遗传与种质创新国家重点实验室
（南京农业大学）2008 年度工作总结

作物遗传与种质创新国家重点实验室（以下简称：实验室）围绕着实验室的三个研究方向，遵循“开放、流动、联合、竞争”的运行机制，在国家科技部、财政部、教育部及依托单位的关心和大力支持下，并在实验室学术委员会的具体指导下，实验室全体工作人员认真实施国家科技部新颁布的《国家重点实验室建设与运行管理办法》，一年来，通过不懈的努力，实验室各方面工作呈现出良好的发展势头，取得了较好的成绩。

一、 年度工作计划总结（结合年度工作计划）

1、自主研究课题执行情况

实验室于 2008 年 5 月 28 日就召开了全体工作人员会议，布置 2007-2009 年度自主研究课题的申报工作及注意事项。6 月 17 日组织评审专家对 21 份课题申请进行答辩及评审，经过评委的综合评分，实验室决定对“大豆高产稳产优质品种设计和选育的基础研究”等 10 项课题进行资助。其中支持参与重大国际科技合作计划、开展国际科技合作项目 1 项，开展学科前沿和探索性自主选题研究 4 项，开展从其他渠道获得经费支持不够，但是研究成果可为我国的粮食安全及农业的可持续发展做出重要贡献的自主选题研究 4 项，支持青年科技人员自主创新的自主选题研究 1 项。经过近半年的努力，自主课题的实施对实验室科研成果的促进已经初见成效。

我实验室水稻遗传育种与种质创新团队在植物科学著名的学术刊物 The Plant Journal (影响因子为 6.751)上最近发表了有关水稻谷蛋白合成机理方面的重要成果(Published on Jan 19, 2009, as DOI: 10.1111/j.1365-313X.2009.03801.x)，该研究通过对一个自然变异的水稻谷蛋白突变体 Osvpe 基因的图位克隆和功能分析，从分子水平揭示了引

起水稻谷蛋白前体巨增突变性状的分子机理，阐述了该基因在谷蛋白合成、积累中的地位，为水稻蛋白质育种和功能性水稻品种的选育提供了理论依据。

2、开放课题执行情况

本年度，实验室开放基金课题的支持力度加大，立项课题达 10 项，每项在 6-10 万元不等，资助总额 72 万元。根据《作物遗传与种质创新国家重点实验室开放课题管理办法》的有关规定，申请人员在 7 月前与开放课题负责人讨论课题执行计划及仪器使用，药品消耗和经费开支等有关问题，经开放课题负责人同意后开始执行，截止 12 月底已拨付运行经费 36 万元，申请人员按时递交经开放课题负责人签字的季度工作报告。

二、研究工作和水平

本年度，实验室在研项目 139 项，项目总经费 7833.3 万元，实际到款 2703 万元。另外，中央财政设立了专项经费，基本科研业务费 500 万元、开放运行费 200 万元、科研仪器设备购置费 284 万元等，为实验室的自主创新研究和日常运行维护、对外开放等工作提供了坚强的支撑。

本年度获得省部级奖励 1 项。由万建民教授主持的成果“水稻条纹叶枯病成灾机理及其防控技术”获得江苏省科技进步二等奖，该项目针对水稻条纹叶枯病发生面积大、危害严重，系统揭示了当前耕作制度下水稻条纹叶枯病的发生规律和病害爆发成灾的原因，首次明确了灰飞虱与水稻条纹病毒(RSV)互作中存在不同亲和性的群体，为探测水稻条纹叶枯病的爆发原因以及提高预测精度提供新的理论依据。同时，明确了水稻品种抗条纹叶枯病的类型和机制，建立了鉴定标准和技术规范，并首次研发了“灰飞虱带毒免疫检测试剂盒”，制定了国家行业标准“水稻条纹叶枯病预测预报技术规范”，鉴定筛选出一批抗条纹叶枯病的水稻主栽品种，选育了抗条纹叶枯优质高产水稻品种宁粳 1 号，并进行推广应用。根据上述关键技术，集成创新形成以

“抗、避、断、治”为核心内容的综合防控技术，累计示范推广 6230 万亩，累计效益（含减少损失和节本）约 41 亿元。

不断提高实验室研究水平，通过在国际高水平学术刊物上发表具有重大影响的学术论文，提升实验室在国内外的影响力，是实验室坚持不懈的目标。本年度，实验室发表论文的质量及数量都取得新的突破。实验室发表第一署名论文 199 篇，其中 SCI 论文 66 篇，非第一署名论文 5 篇，其中 SCI 论文 2 篇。王秀娥教授作为共同第一作者在《Genome research》上发表题为“DNA methylation and heterochromatinization in the male-specific region of the primitive Y chromosome of papaya”（影响因子为 11.2）的文章。2008 年 12 月，马正强教授等发表的题为“Genetic mapping of two powdery mildew resistance genes in einkorn (Triticum monococcum L) accessions.”(Theor Appl Genet, 2007, 114(2): 351-358)论文被中国科学技术信息研究所评为 2007 年度“中国百篇最具影响优秀国际学术论文”。

随着实验室科研水平的提高，实验室人员在本领域的知名度逐渐增加，16人次受邀参加国际、国内会议并做大会报告。陈佩度教授、王秀娥教授至奥地利参加国际植物诱变育种大会，做题为“Irradiation induced wheat-alien translocation lines and their application in wheat breeding”的大会特邀报告；马正强教授至匈牙利参加3rd Int. FHB Symposium，做题为“Mapping and validation of sacb resistamce QTLs in the nanda2419 × wangshuibai population”的大会报告；陈劲枫教授至美国参加Downy Mildew Summit，做题为“Cucumber Downy mildew resistance breeding through introgression approach”的大会特邀报告，等等。通过这一系列的学术报告不仅提升了实验室的国际影响力，将我实验室的领先技术与国际大师进行交流也对科学发展起到了一定的促进作用。

作为农业院校的实验室，将研究成果应用于农业生产，解决现代农业中关键技术和理论问题，保障我国粮食安全、高效、可持续发展是实验室发展的根本。实验室注重基础研究和应用研究齐头并进，并逐步实现以应用基础研究为主要发展方向的总体目标。本年度实验室

在应用研究领域也成效显著，获批专利 6 项，申请专利 10 项，国审品种 4 项，获批品种权 2 项，申请品种权 2 项，成果转让 1 项，这些成果的示范、应用和推广也取得了显著的社会和经济效益。

三、队伍建设和人才培养

实验室依托作物遗传育种和蔬菜学两个国家重点学科，在人才培养和科学研究中相互渗透，逐步形成了一支不断开拓进取，在重要作物的基因资源鉴定、育种等方面取得了优异的成绩，并在国内外有一定影响的优秀创新团队。

实验室积极创造条件加强优秀学科带头人和中青年学术骨干的培养，构筑高水平人才高地。为扶植具有强劲发展潜力的中青年学术骨干开展学科前沿的探索研究，2008 年度实验室设立 50 万元/项的自主创新课题 10 项，加大实验室工作人员的自主创新能力，并努力营造宽松民主、潜心研究的科研氛围。

通过“作物遗传与种质创新”111 引智基地的实施，聘请 Kansas State University 的 Bikram S. Gill 教授、Lili Qi 教授等国外具有较高学术影响的专家任兼职教授或讲座教授来实验室进行学术交流，加强和扩大国内外学术交流，并参与国际合作研究，进一步提升实验室的国际影响力。

加强研究队伍人员的自身培养，也是实验室十分重要的一项工作，配合实验室工作需要，在原有人才基础上，选留优秀博士 5 名。本年度，实验室博士后王益华获第一批国家博士后科学基金特别资助、柳李旺、王显生、杨立明等 3 位博士后获得第 43、44 批国家博士后科学基金资助，王显生、柳李旺等 2 位博士后获得 2008 年第一批江苏省博士后科研资助。

目前，在站博士后 18 人、在读博士生 271 人、在读硕士生 542 人，其中国外留学生 6 人。2007 年出站博士后 1 人、毕业博士生 39 人、毕业硕士生 73 人。另外接受国内外访问学者、合作研究人员 69 人次。

四、学术交流与运行管理

实验室本着“开放、流动、联合、竞争”的原则，开展大量的学术交流活动，邀请了21位国内外知名学者、专家讲学，有23人次参加国内外学术会议，并作大会报告。

为进一步增进实验室内部的学术交流，实验室每两周进行一次教授学术专题研讨会，研讨工作进展，介绍新的方法、技术及相应领域的最新进展、科研动态等，学术交流提高了研究人员的兴趣，增加课题组和学科之间的交叉融合，有利于整体水平的不断提高。

依据国家科技部颁发的《国家重点实验室建设与运行管理办法》，结合实验室的运行管理特点，规范、执行各种规章制度，强化了实验室公共平台建设，公共高值仪器的正常运行、维护和开放共享得到了保障，进一步提高了使用效率。

本年度，教育部根据《国家重点实验室建设与运行管理办法》，聘任了实验室第二任的实验室主任和学术委员会主任；依托单位结合本实验室的实际情况，聘任了3名副主任和1名常务副主任。并成立了以主管校长任主任，实验室主任为副主任的实验室管理委员会，成员包括实验室部分学术委员会委员、学校实验室与基地管理处、科技处等部门负责人，讨论和确定实验室的发展方向和运行管理办法等重大事宜。

建立实验室主任每周例会制度。建立年终课题组组长的汇报考评会，对课题组一年的工作进行评估，绩效考核。考核结果与下年科研业务费关联，以提高课题组科研工作的积极性和主动性。

自从实验室“科技产出经费后补助条例”实施以来，取得了明显的激励效果，实验室工作人员科研积极性得到了极大的提高。本年度，对“科技产出经费后补助条例”进行修改，加强了奖励力度，实验室相关科研团队和个人获得的科技成果后补助经费总计达到300万元。

随着实验平台支撑人员的素质和技术水平的提高，在已建立的高水平研究平台的资源共享方面进行探索，逐步有条件地加大公共平台

的开放和共享力度，并争取形成面向南京市的社会化服务体系，为地方政府的经济发展添砖加瓦。

五、实验室公众开放活动

向公众开放是国家重点实验室理应承担的社会责任，也是保证未来国家重点实验室汇集和吸纳优秀人才的重要举措，尤其对青少年科学意识的培养能起到积极的引导作用。1 月份，在南京市教委的组织下，近 200 名高中学生参观了实验室,时常还有来自各地的参观者。每次针对这一活动的专程来访，我室的各课题组都有专人负责讲解,。另外在实验室内部各处布置的展板，图文并茂的介绍深深吸引着学生们的目光。对初次涉猎者来说，虽然内容有些深奥，但毕竟他们近距离的接触到了科学的研究工作，了解到了作为一个国家重点实验室，其科研环境及科研工作的内容。使参观者对实验室有了更感性的认识，对吸引在校大学生选择来实验室从事科研实践工作有明显促进作用，进一步扩大了实验室对外交流范围，提高了实验室的知名度。

六、实验室大事记

根据《国家重点实验室建设与运行管理办法》的有关规定，在依托单位的推荐下，本年度组建第二届学术委员会，盖钧镒院士任学术委员会主任，聘任卢永根院士、戴景瑞院士、陈晓亚院士任学术委员会副主任、谢联辉院士、邓秀新院士、程顺和院士等 11 位教授任学术委员会委员，任期五年。

2008 年 10 月新购置仪器 ABI7500Fast 荧光定量 PCR 仪正式投入使用，仪器价值 45.12 万元，目前该仪器使用正常，日机时量达到 12 小时/天，截止 2008 年 12 月 31 日，总机时量超过 800 小时。该仪器的添置更大满足实验室的科研需求，使原有的仪器设备更加先进、配套和实用，也将显著提高本学科的科学研究水平，以及硕士、博士研究生和博士后等高级人才的培养质量。

七、依托单位与主管部门的支持

依托单位南京农业大学在人、财、物、相关政策等各方面，给予实验室大力的支持和倾斜。

水稻遗传与种质创新团队2008年度科研进展

1. 育种目标性状的基因与基因组分析

水稻作为世界上最重要的粮食作物之一，是全球超过50％人口的主要口粮。随着人们生活水平的提高，人们对稻米品质的要求越来越高。水稻种子在胚乳中积累大量的储藏蛋白，约占籽粒干重的8-10%，其中谷蛋白占70-80%，醇溶蛋白占18-20%，任何对谷蛋白含量和组成的改变都会引起稻米品质的变化。提高种子的谷蛋白含量并降低种子的醇溶蛋白含量将会提高稻米的营养价值，但是对患有肾脏病和糖尿病的人来说，谷蛋白的大量吸收将会导致病情的恶化，他们需要的是低谷蛋白含量的水稻品种。因此，深入研究水稻储藏蛋白合成、积累的分子机制对培育满足不同人群需求的蛋白含量的水稻品种具有重要意义。

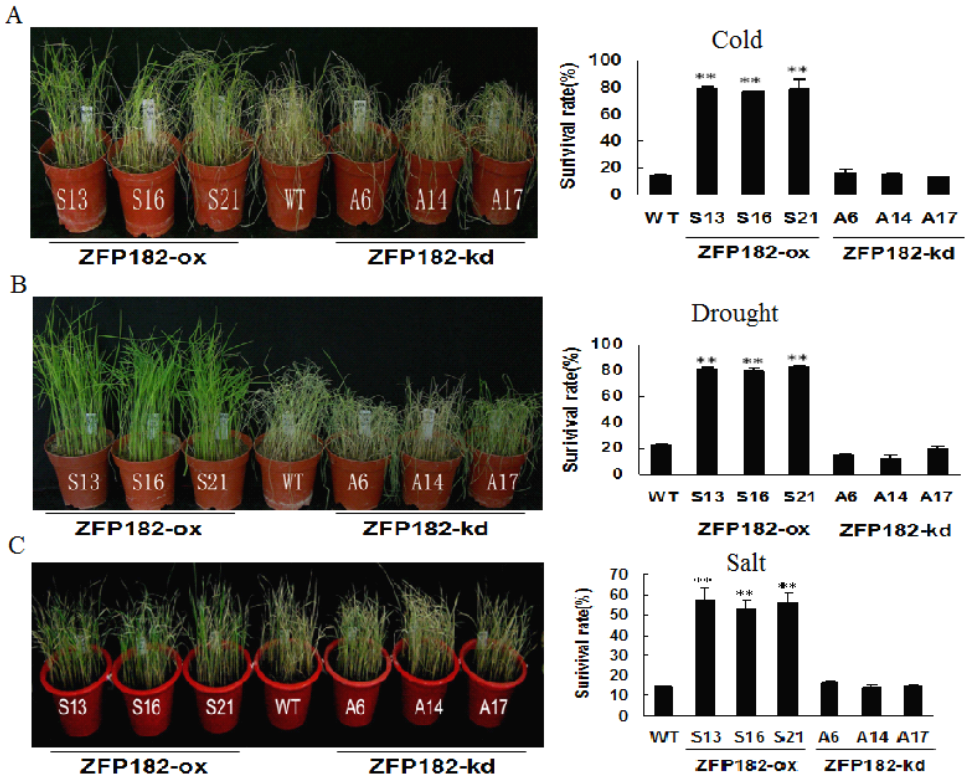
利用一个自然变异的水稻谷蛋白突变体W379构建的群体W379/培矮64//W379 BC1F1群体和W379/培矮64 F2群体，判定W379谷蛋前体剧增性状受一对隐性核基因的控制，并将突变基因精细定位于BAC克隆OSJNBa0091D06物理距离约30kb区域，利用生物信息学的方法，发现该区域存在一个液泡加工酶基因，并命名为osVpe1，采用RT-PCR的方法获得了该基因的编码区，并对该基因在野生型和突变体中的结构、表达模式、叶细胞定位进行系统分析。体外表达分析表明，野生型蛋白能够进行正确的自我剪切成熟，而突变体只能够进行剪切形成中间形式的蛋白，不能形成成熟的蛋白。该研究从分子水平揭示了引起水稻谷蛋白前体巨增突变性状的分子机理，阐述了该基因在谷蛋白合成、积累中的地位，为水稻蛋白质育种和功能性水稻品种的选育提供了理论依据。

各种生物、非生物逆境是限制包括水稻在内的作物生产的重要限制因素。本实验室针对水稻稻瘟病、条纹叶枯病等生物逆境以及低温、高温、高盐、干旱等非生物逆境开展了一系列研究，旨在克隆具有自主知识产权的抗病、抗逆新基因，并进行功能验

证，为作物的抗性基因工程改良服务。目前已经获得了具有自主知识产权的具有抗病或抗逆功能的新基因 5 个，已有 2 个被授予国家发明专利，1 个已经申报国家发明专利。

通过大规模的基因表达研究，鉴定了 20 个与生物或非生物胁迫相关的水稻 TFIIIA 型锌指蛋白(黄骥和张红生，2007)。对在胁迫下表达量增强幅度较高的 2 个基因 ZFP182 和 ZFP252 进行了进一步的研究，转基因功能验证发现过量表达 ZFP252 的水稻转基因植株提高了耐盐和抗旱性(Xu et al.，2008)，进一步的田间试验表明过量表达 ZFP252 的水稻转基因植株提高了对水稻条纹叶枯病的抗性。ZFP182 是我们首个报道的具有转录激活能力的胁迫相关 TFIIIA 型锌指蛋白，为了进一步揭示其功能，已获得了过量表达和敲除 ZFP182 的水稻转基因植株，发现转基因植株显著提高了脯氨酸和可溶性糖类的积累，增强了包括低温、干旱、高盐等非生物胁迫的抗性，在不同胁迫处理下转基因植株的存活率要显著高于未转基因植株。通过基因芯片技术鉴定了 ZFP182 转基因植株中相对于未转基因植株增强表达的基因 21 个，其中 3 个基因编码 DREB 转录因子。进一步瞬时表达分析发现 ZFP182 能启动 OsDREBs 基因启动子驱动的报告基因的表达，推测 ZFP182 是 OsDREBs 基因的上游调控因子，也是水稻抗逆应答反应中的一个重要开关。通过酵母双杂交技术发现 ZFP182 能够与一个胁迫诱导的 MYB 转录因子相互作用，推测 ZFP182 与 MYB 转录因子形成异源二聚体后能够促进下游胁迫防御基因的表达。因此 ZFP252 和 ZFP182 在作物耐逆性基因工程改良中具有极为重要的应用价值。

图 1 ZFP182 转基因水稻的耐逆性分析结果. A. 耐冷性分析; B.



耐旱性分析；C. 耐盐性分析.

2. 种质资源遗传基础与创新

稻瘟病菌是危害水稻生产的主要病害之一。利用抗性基因培育水稻抗性品种是克服稻瘟病危害最经济有效的措施。由于稻瘟病菌群体结构和致病性的变化，含单抗性基因的品种使用效能存在时空性，抗性容易伴随新的致病型菌株的出现而丧失。因此，针对稻瘟病菌的群体结构，开发利用现有的抗性基因资源，挖掘和鉴定新的抗性主基因和广谱的数量抗性基因座位（QTLs），通过分子标记辅助选择的方法实现有利抗性基因的快速转移和聚合，从而培育广谱和持久抗性的水稻品种，是目前水稻抗稻瘟病育种的主要工作。

利用已经构建的黑壳子粳×苏御糯重组自交系群体及次级遗传群体，构建了 282 对分子标记的遗传连锁图（全长 1,867.1 cM），对黑壳子粳中位于第 11 染色体长臂末端的一个持久广谱抗稻瘟病新基因 Pi-hk（t）进行精细定位；进一步对目标区域内的 30 个候选基因进行水稻转基因研究；通过田间表型的抗性鉴

定明确候选基因的功能。

本实验室利用构建的作图群体,对 IR24 抗性主基因 Pi20(t)进行精细定位，鉴定出 5 个紧密连锁的 SSR 标记。利用这 5 个分子标记对 Pi20(t)进行标记辅助选择，在粳稻区可快速高效地实现 Pi20(t)的转移，在籼稻区可快速高效地实现 Pi20(t)与抗性互补的其它主基因的聚合。

DV85 对中国稻瘟病菌株具有高水平的抗性,。根据 Kinmaze（感）× DV85（抗）的重组自交系、BC1F1 和 F2 群体的抗性遗传分析和基因初步定位的结果，确定 DV85 含有抗稻瘟病菌株 97-27-2 的单显性主基因，位于 1 号染色体长臂末端，为新的抗稻瘟病基因，暂命名为 Pidv(t)。进一步将 Pidv(t)精细定位于 C4 和 RM12182 区间，两标记介定的物理距离为 66.9kb。Pidv(t)的精细定位为其标记辅助选择和图位克隆奠定了基础。

3. 作物育种新方法和新品种选育

针对江苏省水稻品种普遍存在着高产、优质与多抗之间的矛盾的现状，以各种优质、专用、抗性等特殊水稻育种基因型材料为亲本，通过复合杂交、回交等育种手段，结合分子标记辅助选择育种手段，充分高效地利用引进品种优良性状的有利基因，开展水稻新品种选育研究。

利用获得的紧密连锁的标记，对谷蛋白、抗稻褐飞虱等性状开展了回交和分子标记辅助定向选择育种研究，已选育一些稳定高代回交品系，如以低谷蛋白水稻新品系 W3660 为供体，以镇稻 88 为轮回亲本，结合分子标记辅助选择，获得低谷蛋白的水稻新品系 W1721，其低谷蛋白特性已纯合，谷蛋白含量稳定在 3.2-3.5%，其他株叶形态、产量、抗性等与镇稻 88 相似，产量与镇稻 88 持平，高抗稻瘟病，中抗白叶枯病，高抗条纹叶枯病，感纹枯病。已于 2007 年 12 月 14 日申请了国家植物新品种权。利用与抗条纹叶枯病基因 Stvbi 紧密连锁的分子标记 BJ11-8 进行分子标记辅助选择，结合产量、品质测定，选育出高产、优质、

抗条纹叶枯病、抗稻瘟病的水稻新品系 W006，2008 年 1 月通过江苏省品种审定委员会的审定，定名为宁粳 3 号。该品种产量水平高，米质优，适口性好，抗稻瘟病、高抗白叶枯、抗纹枯病，抗条纹叶枯病。该品种已申请植物新品种权。2009 年 2 月通过安徽省审定。从日本优质粳稻越光与江苏中熟中粳镇稻 99 配组后代中选育出新品系 W008，该品种较对照镇稻 88 增产 7.13%，株型挺直，耐肥、抗倒，繁茂性较好，易栽培；抗稻瘟病、纹枯病轻，对条纹叶枯病抗性好，熟相好，主要指标米质达国标 3 级优质稻谷标准。已于 2008 年 4 月 22 日申请了新品种权，2009 年 1 月通过国家审定。

本单位已先后育成、并通过审定的水稻品种还有宁粳 1 号、宁粳 2 号、宁粳 3 号、协优 107、II 优 107，其中宁粳 1 号已累计推广 2000 多万亩。培育的肾脏病及糖尿病人专用水稻新品种 W3660、耐贮藏水稻新品种 W017、宁粳 1 号、功能性水稻品种 W025、宁粳 2 号、W107、II 优 107 已获新品种权，还有 7 个新品种申请了植物新品种权。2008 年有 7 个粳稻新品系在国家、江苏、安徽、贵州等省或国家的区试和预试，5 个籼稻新组合参加国家、江西、安徽等省或国家区试和预试。这些品系的共同特点是品质优、丰产性好、抗性强。

小麦遗传与种质创新团队2008年度科研进展

1. 育种目标性状的基因与基因组分析

1)．以小麦重要性状的定位和基因组分析为目标，构建了含897个位点覆盖>4300 cM的基因组标记图谱，所用标记三分之一是PCR标记(Xue et al. 2008a)。

2)．线粒体ATP合酶（FoF1-ATPsynthase）是细胞能量代谢的关键酶。从小麦T-型细胞质雄性不育恢复系N2114的花药中克隆了编码FoF1-ATPsynthase FAd亚基的基因TaFAd，并证明其编码产物定位于线粒体。表达分析和Western杂交分析表明T-CMS花药中TaFAd的表达受到线粒体的反向调控（Xu et al. 2008a)

3)．隐花色素是植物的一类重要蓝光受体。运用简并引物PCR、Southern杂交和生物信息学方法，揭示了小麦隐花色素(CRY)基因家族的组成为CRY1a，CRY1b，CRY2和CRY-DASH，这四个成员在亚基因组水平都是单拷贝基因。小麦、大麦和水稻的CRY1a，CRY1b和CRY2基因分别位于共线性的染色体上。利用RT-PCR和LD-PCR克隆了TaCRY1a和TaCRY2 的全长cDNA及其编码基因。比较小麦和其他单、双子叶植物CRY基因的结构表明不同植物的CRY1和CRY2总体上都具有类似的外显子/内含子结构。CRY亚家族的分化在单、双子叶植物产生之前就已发生，单子叶植物的CRY1又进一步分化为CRY1a和CRY1b。TaCRY1a和TaCRY1b具有不同的表达谱，对逆境胁迫的反应也不一样。 TaCRY1a一级结构不含任何已知的核定位和核输出信号，但瞬时表达实验表明它是一个蓝光依赖的核质穿梭蛋白。分析表明TaCRY1a的N端(AA1-AA492) 和C端 (AA493-AA700) 分别有至少两个和一个区段包含核定位信息，核输出信息仅存在于分子的N端，其N端AA136-AA260区段同时具有足够的核定位和核输出信息(Xu et al. 2008b,)。

3）利用抑制性消减杂交方法克隆差异表达片段EST639，从簇毛麦cDNA文库中筛选到一个类谷胱甘肽硫转移酶基因的全长cDNA ，

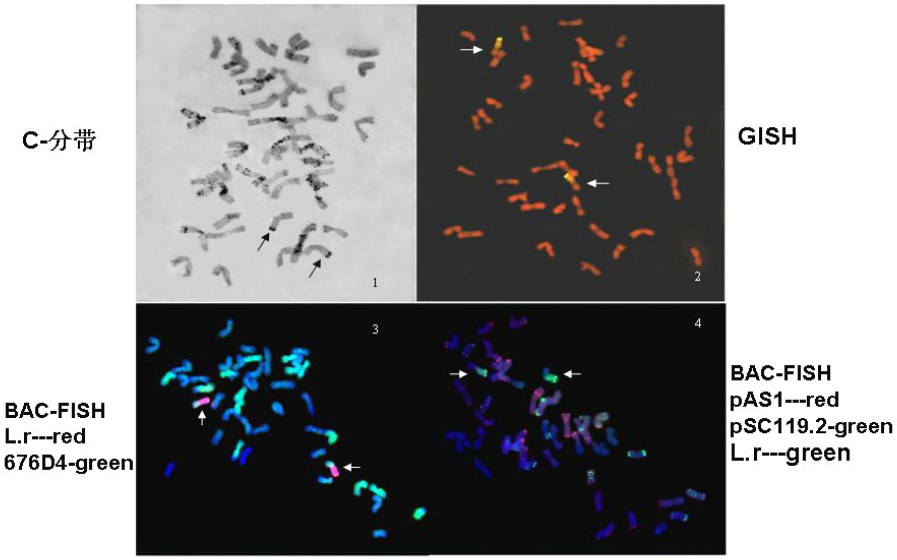
命名为*HvGSTF*。Northern杂交表明，*HvGSTF*在抗、感病簇毛麦叶片中都为组成型高表达,但在受白粉菌侵染的抗、感病簇毛麦中的表达模式不同,却与活性氧的积累模式存在着一致性,推测*HvGSTF*在簇毛麦细胞免受活性氧毒害方面起着重要作用(何华纲等，2008)。

4）利用RT-PCR的方法从普通小麦-簇毛麦6VS/ 6AL易位系克隆到1个*Cyp*基因，命名为*Ta-Hv-cyp*。BLAST 分析表明,推导的Ta2Hv2CyP 蛋白分别与小麦、水稻、玉米、拟南芥的胞质型CyP具有98 %，88 %，85 %和80 %的氨基酸序列一致性。构建的进化树显示,推导的*Ta-Hv-CyP*蛋白与单子叶植物胞质型CyPs的亲缘关系较近（何华纲等，2008）。

5）克隆了一个类似Jacalin蛋白、（目前为止）小麦特有的新基因，该基因参与小麦对生物逆境和部分非生物逆境的抗性。

6）本实验室已经通过基因芯片技术筛选到一个白粉菌诱导后上调表达的抗病相关基因*Hv-S/TPK*，并获得了它的全长cDNA序列。利用*Hv-S/TPK* 的特异引物筛选小麦-簇毛麦6VS/6AL 易位系基因组可转化人工染色体文库，获得了阳性TAC单克隆，并进一步获得了含有*Hv-S/TPK* cDNA 序列的亚克隆。以TAC克隆为探针与小麦-簇毛麦6VS/6AL易位系有丝分裂中期染色体进行荧光原位杂交，结果表明含有*Hv-S/TPK*基因的TAC 克隆来自于簇毛麦（孙玉磊等，2008）。

7）本实验室在小麦中克隆了一个类甜蛋白基因*Ta-T1p*在高抗白粉病的小麦6VS/6AL易位系中能够高水平表达，推测它与白粉病抗性密切相关。为进一步研究该基因的功能,构建了包含在ubi强启动子控制下的*Ta-T1p*基因的表达载体pAHC-T1P，利用基因枪法转化小麦品种扬麦158，获得转 Ta-T1p基因T0、T1和T2代植株，转化植株进行白粉病抗性鉴定表明，*Ta-T1p*基因超量表达的转基因植株，能延缓白粉病发病进程，其白粉病抗性有一定提高。对T2代阳性转化植株进行赤霉病抗性鉴定表明，其抗性与受体对照相比无显著差异（邢莉萍等，2008）。



抗赤霉病小麦—大赖草易位系
T3AS·Lr.7S

5）完成了包含 22 万条肽段的小麦多肽序列数据库，显著提高了小麦蛋白质谱检索的效率(http:genomics.njau.edu.cn)。

2. 种质资源遗传基础与创新

1）综合利用染色体 C-分带、BAC-FISH、重复序列作为探针 FISH 以及双端二体测交分析，鉴定出一个小麦-大赖草小片段插入易位系 Ti1AS·1AL-5LrL-1AL，具有较好的赤霉病抗性，可直接用于小麦的遗传改良；两个大片段易位系 WLS5-2 和 WLS6-3，稳定性好，结实率高，且对赤霉病具有较好的抗性，可作为进一步创造小片段易位的重要资源；顶端易位系 T4BL·4BS-7LrS，易位断点在小麦 4B 染色体 C 带 S1.6 区；相互易位染色体 T7DS-5LrL/T5LrS-7DL 和双易位 T2DS·2DL-7LrS / T2DL-7Lr 纯合体。

2）利用辐射 6VS/6AL 易位系的雌配子诱导 6VS 染色体结构变异，对后代进行鉴定筛选到一个小片段插入易位 NJ2-2，抗病性鉴定表明 NJ2-2 抗病，其插入的外源片段含有 Pm21。NJ2-2 在育种中比 6VS/6AL 易位系有更大的应用前景。用硬粒小麦-簇毛麦双倍体作为花粉辐射基础材料，诱导出涉及簇毛麦 1V-7V 各条

染色体不同大小片段的易位200多个,其中小片段易位占39.7%。从普通小麦-簇毛麦1V异染色体系后代中,分别得到了由着丝粒错分裂产生的涉及1V染色体长臂和短臂的两种端体材料，以及由着丝粒断裂-融合而形成的涉及1V染色体长臂和短臂的易位染色体。这些新的种质资源为小麦育种提供了坚实的物质基础。

3) 根据EST序列或cDNA克隆序列共设计240对引物。其中新设计引物188对,包括已定位于小麦7个部分同源群的EST序列75个，尚未定位的cDNA序列113个；部分已发表的引物52对，包括小麦EST-STS引物28对和根据与小麦第1-7部分同源群相对应的水稻EST序列设计的引物24对。在检测的240对引物中,有34对引物可以在中国春与簇毛麦间扩增出多态性条带,占总引物的14.2%。用这34对引物对亲本及普通小麦-簇毛麦1V-7V二体异附加系进行扩增分析，筛选到簇毛麦多态条带只出现在1个异附加系中并且带纹稳定清晰的引物12对。进一步对亲本及簇毛麦二体异附加系进行PCR扩增分析,鉴定出可用于追踪不同簇毛麦染色体的分子标记。

4)．从一粒小麦、二粒小麦和普通小麦中鉴定和定位了5个抗白粉病新基因,获得了与其紧密连锁的分子标记。其中*pm2026*位于染色体5A(Xu et al. 2008c)。采用分子标记辅助选择的方法，已向普通小麦改良品种转移了三个基因。

5)．利用南大2419×望水白RIL群体定位了5个能在至少两个环境中检测到的低病粒率QTL（Li et al. 2008)。通过对不同类型赤霉病抗性的遗传分析,认为赤霉病抗性主要是抗侵入和抗扩展，提出了进行赤霉病抗性改良的有效途径(Ma et al. 2008，Xue et al. 2008b)。采用分子标记辅助选择，将四个抗赤霉病QTL转移到的扬麦12、绵阳2000和PH691中，育成的近等基因系显著提高了赤霉病抗性。这些近等基因系已用于不同生态区的小麦育种项目。定位了五个影响开花期的染色体区段,分布于染色体1D、2D、4A 和7B。其中两个主效QTL不同于光周期或春化基因，主要控制早熟性(Lin et al 2008)。通过QTL互作分析，确定了12对在多环境下都能被检测到的互作位点，大多

涉及到 这两个主效 QTL。

6). *TaFAd* 基因与恢复基因 *Rf6* 同位于与小伞山羊草 6U 染色体同源的小麦第六群染色体短臂上。根据该基因序列设计的 STS 标记在 N2114×Su3 F2 群体中与育性共分离。将与抗白粉病基因 *Pm1*, *m1m2033* 和 *pm2026*、抗赤霉病 QTL、农艺性状连锁的 RFLP 标记转换成 PCR 标记（Xue et al. 2008a, Xu et al 2008c)。这些 PCR 标记可用于目标性状的分子标记辅助选择 。

3. 作物育种新方法和新品种选育

继续完善“滚动回交结合分子标记的育种体系”。 利用“滚动回交结合分子标记育种体系”，育成高产、多抗小麦新品系 2 个，分别为南农 04Y10 和南农 06Y86，2008 年南农 04Y10 通过国家生产试验，南农 06Y86 参加国家区域试验。

棉花遗传与种质创新团队2008年度科研进展

1. 棉花基因组研究

（1）四倍体饱和遗传图谱建立

遗传图谱是棉花基因组研究的基础。在我室已构建的含功能标记最多的四倍体栽培棉种遗传图谱基础上，进一步开发新的SSR，REMAP，SNP等分子标记，进行四倍体饱和遗传图谱建立。目前新整合图谱含26个连锁群，13对部分同源转化群，2679个位点，覆盖3583.1cM的遗传距离，平均标记间的遗传距离为1.34 cM。同时，基于图谱信息和BAC-FISH技术，开发出第一套完整的四倍体棉染色体特异BAC克隆，通过多色BAC-FISH技术国际上首次对棉花A基因组全套染色体实现染色体大小和染色体编号的整合，为棉花全基因组测序奠定了坚实基础。

结合DNA水平差异，利用CAPs 或SNAP技术将230个棉花重要基因定位在上述遗传连锁图上。为进一步深入开展棉花基因组结构、功能和进化研究奠定了基础。

（2）陆地棉、海岛棉种间分化与棉纤维发育基因组学研究

A、海岛棉纤维发育EST功能分析：选取海岛棉7124胚珠和纤维材料分别构建了纤维发育起始库GB1和纤维发育伸长和加厚库GB2，通过随机5′端测序，获得22612 ESTs序列。进一步拼接分析获得8653个unigenes，其中有4938 个singletons和3715个contigs。进一步对其进行了功能预测、GO分类和KEGG代谢途径分析。

B、海岛棉和陆地棉纤维发育基因表达谱的微阵列分析：以海陆作图群体亲本TM-1和海7124纤维为实验材料，分别提取纤维伸长发育不同时期的RNA，以包含11692个基因探针芯片为平台进行海陆竞争杂交芯片分析，从而构建了陆地棉和海岛棉在纤维细胞伸长和次生壁加厚时期的基因差异表达谱，并揭示了棉纤维细胞在伸长阶段的发育特征。利用cDNA 微阵列比较分析了海陆间的转录本，共得到616个差异表达基因。对其中51个在海岛棉中显著上调表达的基因完成Q-PCR阳性验证，并应用SSR，RT-PCR和SNP/INDEL等分子标记技术将其中40个基因定位到我室海陆遗传图谱上。其中13个定位At亚

组，21 个定于 Dt 亚组，6 个同时定于 At 和 Dt 亚组。这些基因主要编码蛋白激酶、驱动蛋白、生长素反应蛋白、蛋白激酶、伸展蛋白、热激蛋白、脂质转移蛋白、钙离子结合蛋白、转氨酶类蛋白等。其差异表达基因与棉纤维品质关系分析正在进行中。

（3）转纤维发育相关基因的转基因植株获得及相关功能分析

进一步获得转果胶裂解酶，内切-β-1，4-葡聚糖酶和蔗糖合酶，钙调蛋白，受体类似蛋白激酶等基因的一系列转基因植株并进行了相关功能验证。

2. 重要性状 QTL 的筛选与染色体定位

在前期 7235 优质 QTL 定位的基础上，从 7235×TM-1 重组自交系中选择 105、132、133、190、214 家系做母本，TM-1 做父本，配置 BC_1F_2 及其 $F_{2:3}$ 家系。对优质棉纤维品质性状在 Chr.24 上 QTLs 进行精细定位分析。

利用陆地棉抗病品系 60182 与陆地棉感病品种军棉 1 号为亲本材料，配置 F_2 及其 $F_{2:3}$ 家系。分别接种非落叶型黄萎病菌株 BP2，落叶型黄萎病菌株 VD8 和 T9，以及它们的等浓度混合病菌，获得 60182 抗黄萎病 QTL 的分布特点。这些抗病 QTL 的定位对分子标记辅助聚合多个抗病位点以及克隆抗病基因均有重要意义。

3. 优异种质发掘与创新

本实验室从 2001 年开始以 TM-1 轮回亲本，海岛棉海 7124 为供体亲本，借助分子标记辅助选择进行陆地棉标准系 TM-1 为背景的海 7124 单片段染色体置换系的创建工作。目前已成功构建了几乎覆盖海岛棉基因组的海 7124 染色体片断置换系 440 个，置换片断的平均长度为 10.9 cM，总长度为 3283.03 cM，是棉花基因组总长度 3514.6 cM 的 0.93 倍。每个株系内被替换的染色体片段长度不一，最短为 3.5 cM，最长片段为 23.2 cM。利用这些单片断置换系材料，进一步筛选出优质、抗黄萎病、矮杆，株型结构好的优异资源材料 30 余个。

同时利用 T-DNA，EMS 和远缘杂交技术，开展了棉花种质创新研究。

4. 棉花杂种优势利用及杂交种培育

在以前杂交种培育的工作基础上，“南农 10 号”2008 年通过国家农作物品种审定委员会审定。

在新品种的推广利用方面，近几年南农系列杂交种累计推广抗虫棉杂交种 2500 多万亩。产生 20 多亿元的经济和社会效益。

大豆遗传与种质创新团队2008年度科研进展

1. 大豆高密度遗传图谱构建

构建了高密度（>1500个分子标记）的大豆遗传图谱。对7个群体（6个RIL和1个BIL群体）已进行了作图，初步整合获得一张含1659个标记的分子遗传图谱，覆盖大豆基因组长度的2510.6cM，包括199个RFLP、1138个SSR、262个AFLP、39个EST、TFs-3’ end 8个和13个形态和抗性标记，标记间平均距离为1.51cM。

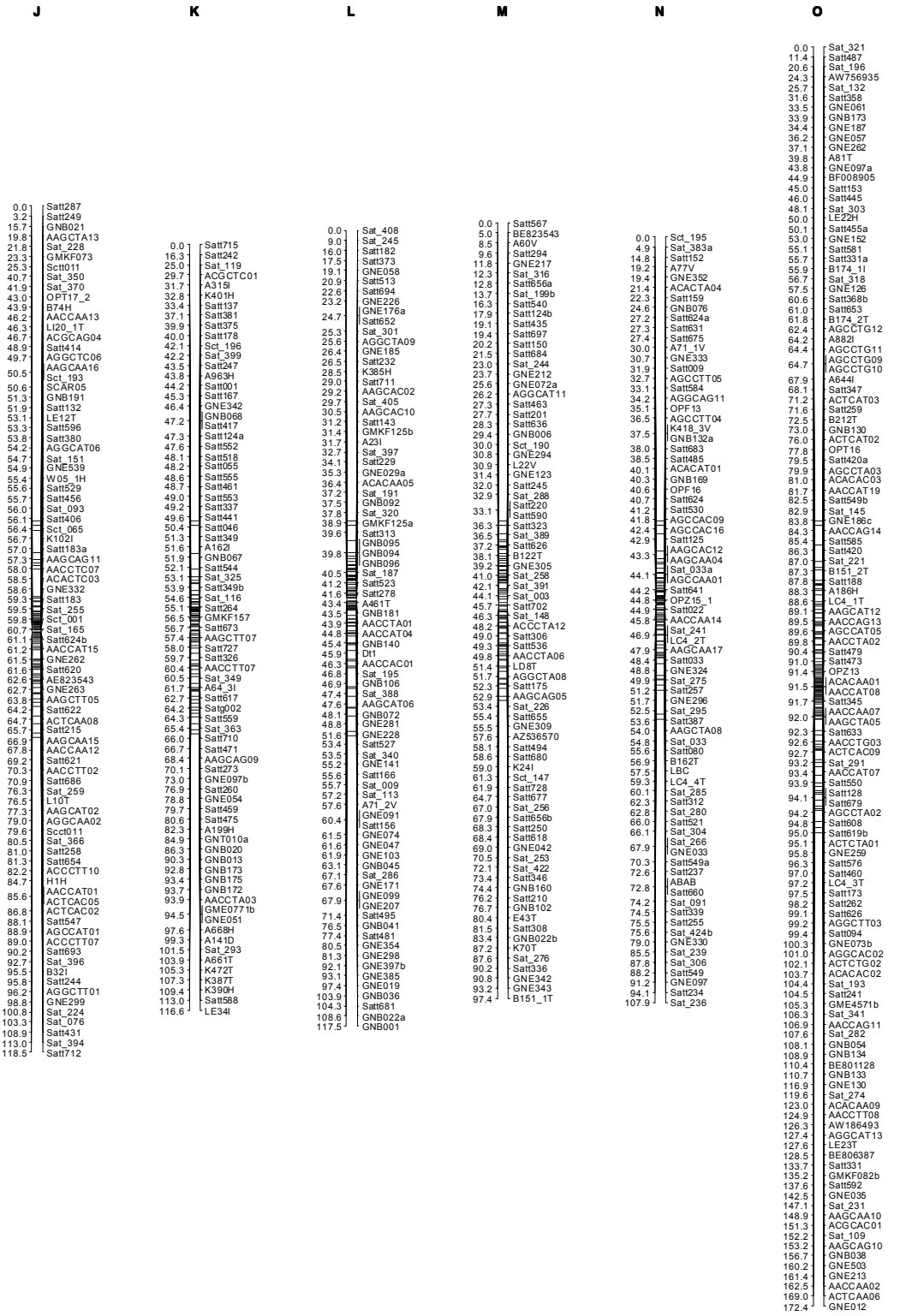
2. 我国黄淮和南方主要大豆育成品种家族产量和品质性状优异等位变异在系谱中的传承

黄淮南方主要大豆育成品种家族公共亲本具有的优异等位变异随着育种轮次推移所传递的等位变异有所减少，而新的优异等位变异有不断增加趋势。大豆育成品种主要家族拥有各自的优势等位变异;它们在产量、百粒重、蛋白质含量和脂肪含量优异等位变异来源和分布表现各不相同;在分子水平上证实了育成品种的部分优异等位变异来自亲本。大豆育成品种是经过连续地从不同的祖先亲本中累积目标性状的增效基因，同时优异基因也在丢失，因而保存过去的品种以供新品种选育。

A1
0.0 Satt684
17.2 AZ536570
21.3 Sat_368
26.3 A407B
30.1 Satt276
31.9 AGGCAT14
34.4 Sat_385
37.0 GNE070a
38.9 Satt449
39.8 Sat_384
41.2 Satt591
41.9 Sat_265
42.5 GMKF059b
43.1 Sat_410
45.2 Satt364
46.8 Satt300
47.4 Satt499
51.1 Sat_407
52.3 L13V
53.1 Satt593
54.8 Sat_356
55.9 GNE041
60.2 B30T
60.8 GNE384
63.1 K418_2V
65.5 Sat_171
68.2 Satt648
70.5 Satt385
72.0 AAGCAG02
AAGCAA01
73.0 ACTCTC03
ACTCTC02
74.1 AGCCTG05
76.3 Satt572
78.1 LD24V
79.2 Satt619
79.9 GNE119
80.3 Satt619a
83.0 A725_1V
83.8 GNE454
84.1 Satt545
85.1 Satt511
87.5 Sat_374
89.8 K400I
91.0 AGCCAC06
AGCCAC07
92.1 Satt200
92.9 Satt236
94.1 Satt211
94.5 GMKF148b
96.1 Sat_267
97.0 Satt225
98.5 Satt258
99.5 A176T
100.4 GNE118
100.5 GMKF148a
102.3 K636I
103.0 GMKF104a
103.3 GNE254
104.4 A170T
105.8 Satt174
108.2 Satt599
109.2 GNE110
115.2 GNE045
119.0 AQ851518
120.3 GNE065
121.2 Satt183b
122.4 Satt128
123.1 Satt349a
126.5 GNE055
127.6 Sat_217
131.6 GNB086
144.0 Satt354
A2
0.0 Sat_406
8.1 A85I
9.7 Satt177
11.6 Satt177a
11.7 Satt589
12.2 GNE157
GNE068
13.0 BE820148
14.2 Sat_181
15.5 Sat_409
16.4 GNB103
24.4 AACCAC20
24.7 GNE106
29.9 GMKF149a
30.5 Sat_157
30.9 K418_1V
36.3 Sat_162
40.5 Sat_215
43.0 GMENOD2B
45.6 Satt632
47.0 Satt424
50.9 A724T
53.2 Satt377
55.1 AW132402
59.4 Satt341
59.8 A111H
68.8 Sat_199
75.9 Satt525
76.1 Satt119
77.9 A117_2H
78.1 GNE072b
79.7 Satt455b
80.4 Sat_140
80.8 Satt089
81.5 A117_1D
82.5 Sat_199a
84.1 Satt327a
87.2 Sat_250
89.3 LA7_2T
89.9 GNB098
90.8 Satt233
91.8 A96V
92.0 Satt437
96.1 Sat_310
97.7 Satt508
98.2 A690D
98.5 AGGCAA04
99.5 Satt329
99.8 GNB113
ACCCAA05
101.5 AGCCAA02
102.2 K2T
103.2 Satt158
103.3 ACCCAA06
104.1 Satt707
105.3 Sat_232
105.7 Sat_392
105.8 ACACAT02
106.7 GNT132
107.9 GNE486
108.5 GNE034
109.0 ACACAC12
110.0 GNE124
Sct_194
110.9 AGCCAC05
111.7 Sat_131
112.0 Satt209
112.1 AGCGAG02
112.9 Satt133
113.7 AGCCAC14
114.7 GNE079
116.2 Sat_378
117.0 Sat_138
118.7 LE44D
119.2 Sat_419
Sat_036b
120.7 Satt455
123.5 STAS8_1T
123.7 Sat_249
125.0 Sat_294
Satt333
126.8 STAS8_5T
129.4 Satt409
131.1 STAS8_8T
139.5 Satt228
142.3 GNB104a
146.4 Sat_347
146.9 GNE376
148.4 STAS813T
149.8 STAS8_9T
152.3 STAS8_7T
152.8 STAS8_4T
153.6 STAS810T
156.3 STAS811T
158.1 STAS814T
159.6 STAS817T
161.1 STAS816T
162.6 STAS812T
166.4 STAS818T
171.3 STAS819T
172.5 STAS820T
177.4 STAS8_3T
178.7 STAS8_6T
180.6 ACACTC05
181.4 STAS815T
185.5 STAS8_2T
188.1 LE31T
190.5 Satt371
194.1 A676I
B1
0.0 Sat_156
5.6 Satt509
8.6 Sat_411
12.9 Sat_261
15.9 Satt426
19.4 Satt251
21.9 Satt638
31.0 Satt197
31.5 A333I
34.0 Satt194
34.2 A118T
37.8 A520T
38.9 BE806308
41.3 GMKF164
41.9 B219V
42.0 Sat_128
44.2 GNE062
45.9 GNB132b
46.5 Sat_149
46.8 OPT17_1
48.8 Satt597
50.4 GNE037
51.4 Sat_360
51.9 GNB145
52.5 GNE001a
53.2 Sat_247
53.5 Satt359
54.6 GMKF046
56.1 AAGCAT01
56.2 GMKF003
58.8 AACCAC10
59.6 AACCAC11
60.8 Satt444
60.9 GMKF168b
64.9 GNE307
67.9 GMpti_D
68.1 Satt583
69.0 Satt332
69.9 ACCCTG06
70.2 AAGCAT11
70.6 AACCAT17
71.0 AACCAT18
AAGCAC09
72.7 AGCCTG15
73.2 Satt415
77.9 GMKF082c
81.1 LC35I
85.8 GMKF080
95.5 GMKF177
105.6 GMKF104b
B2
0.0 Satt577
2.4 GMKF168a
7.1 A685H
12.6 Sat_177
16.0 GNE018
23.5 Sat_264
34.2 Sat_342
0.0 Sct_034
4.7 Satt168
10.1 Satt304
12.8 ACCCTG01
13.0 AAGCAC11
13.2 Sat_191a
13.8 Sat_355
14.5 Sat_230
14.8 Sct_094
16.2 Satt122
16.9 Sat_182
18.4 Satt070
18.9 Satt020
19.6 OPF04
20.4 Satt318
20.8 AAGCTA15
21.2 AACCTA08
21.3 Satt066
21.9 AACCAC12
22.7 Satt556
22.8 ACCCTG04
23.6 Satt272
23.7 GNE421
25.0 Sat_189
25.5 GNE186b
25.9 AACCAT02
27.5 A148I
29.8 Satt474
31.4 ACTCAT01
34.4 Satt534
37.6 AGCCTG13
39.2 S506
39.3 OPZ20_1
41.1 AGCCTG18
42.1 AW620774
42.6 ACACAT11
43.1 AGCCTG17
43.9 Satt063
44.5 AGCCTG14
45.5 AACCAT14
46.0 A516_1H
46.9 Satt560
48.6 Sat_424
49.7 A516_2H
51.6 GNE049
51.7 A519T
52.5 Sat_424a
54.3 Satt726
56.5 A953_2H
62.8 A953_1H
64.6 B221T
64.9 Satt126
66.3 GNE263
70.6 Satt687
C1
0.0 GNB127
4.0 GNB017
4.4 GNB130
8.7 Satt565
9.6 Gpatr
9.9 AACCAC06
10.5 AACCTT09
12.1 ACACTC02
14.1 AAGCAC06
14.3 ACACTC01
15.8 Satt396
16.2 Sat_140
17.3 Satt194
19.4 A130I
20.1 AAGCTC03
24.2 Sat_337
27.8 K300I
32.6 GNB129
33.9 GNE096
36.5 Satt713
38.5 Sat_311
39.9 Satt607
42.2 Satt646
43.5 GNB043
44.4 Satt139
46.2 GMKF102
46.5 GNE125
47.3 OPZ18_3
48.0 Satt718
48.9 AGGCTG01
49.3 AW277661
49.4 Satt190
49.7 Satt404
49.9 ACTCTA07
GMHZ
50.4 Satt476
51.0 Satt361
51.2 Satt399
Satt532a
51.4 ACCCTA01
51.6 ACACTA02
51.9 Satt161
52.2 Satt314b
52.8 Satt289
53.3 Satt136
53.8 GNE116
GNB137
54.3 Satt294
54.4 Satt488b
55.1 GNB009
55.5 KNBS22I
56.2 GNE176b
57.5 GNE116b
58.3 GNB004
59.6 GNB075
60.4 Sat_416
60.8 GNE002
62.0 Satt661
63.0 Sat_042
64.8 Sct_191
69.9 Sat_207
70.3 A256I
72.5 GNB128
72.6 LC11T
73.6 Sat_357
81.4 GMAC7L
89.9 Satt338
98.5 Satt524
C2
0.0 Sat_153
4.8 GNE397a
14.7 Satt322
15.3 GMAC7L
20.1 Sat_265
22.8 Satt560c
27.6 LI26T
28.3 Satt346
29.0 AGCCTA05
29.7 Sat_213
31.4 AGCCTA06
33.6 A63_1T
33.8 Satt505
36.5 Satt286
37.4 Satt643
38.0 GMKF143
39.9 A397I
40.6 Sat_402
41.2 Sat_418b
41.3 Satt658
43.0 OPF19_2
43.7 K11_3T
44.2 Satt477
44.9 Satt277
45.1 Sat_076
45.4 ACTCAC06
45.6 B131V
46.3 Sat_312
47.2 Satt708
47.4 OPW13
48.3 Satt319
49.1 GMKF059a
49.2 Sat_142
49.3 GNB211
49.4 Satt557
49.6 ACGCAT06
50.0 Satt365
AGCCAC10
50.7 AGCCTC08
51.5 ACACTA01
51.6 Sat_263
52.4 GNB083
53.0 GNB062
53.5 Satga001
53.8 GNB050
54.8 GNE043
55.6 Satt307
GNE226
56.4 GME4162
57.0 ACCCAA03
58.4 Sat_251
59.0 GNE317
59.3 GNE046
60.2 Sat_362
60.6 Satt433
61.9 Satt489
63.6 Satt316
64.8 Satt079
65.1 GNE175
68.7 GNB057
70.2 T
70.4 Sat_238
74.0 A748V
77.1 Sat_252
77.7 GNB215a
84.8 Staga001
D1a
0.0 Satt507
9.1 Sat_353
12.6 Satt532b
16.6 GNE072c
19.6 GNE498
23.5 Satt179
28.9 Satt383
0.0 LE11T
14.5 Satt531
16.7 A941V
17.1 A947V
24.2 Sat_332
25.2 Sat_346
25.8 Sat_413
28.2 A20T
31.5 Satt321
34.3 A280_1B
36.4 ACCCAA12
37.5 Sat_201
37.6 A280_2D
38.4 Satt267
39.6 Satt295
Satt254
46.1 Satt198
Sat_346
51.3 Satt436
53.2 Satt468
57.6 Sat_343
62.9 Sat_345
64.9 AW781285
71.7 LE21H
72.8 AAPK
74.2 Sat_036
77.6 Satt071
79.0 GNT126b
80.5 GNT126a
83.1 Sat_305
86.7 GMKF008b
90.6 Sat_160
95.3 GMKF008a
96.5 Satt147
101.4 Satt408

整合的大豆遗传图谱

整合的大豆遗传图谱（续）



整合的大豆遗传图谱（续）

3. 大豆雄性不育机理和不育基因遗传研究

对大豆核不育突变体 CT-2s 开展小孢子败育的细胞形态学和不育基因的 SSR 标记研究，主要结果有：CT-2s 小孢子从单核居中小孢

子期开始出现败育，到单核靠边小孢子期时败育更为明显，不能进行有丝分裂，从而不能形成包含一个生殖细胞和一个营养细胞的二胞花粉，在败育过程中出现细胞质稀薄、收缩、解体，细胞核退化、解体，核仁异常大等异常现象，而花药组织包括绒毡层、中层、药室内壁、维管束等均未观察到明显异常变化。随机选取组合 CT-2s 不育株×N2899 的一个 F1：2 株行群体作为分子标记定位群体，采用 980 对大豆 SSR 引物对 CT-2s 不育基因进行 SSR 标记和定位，结果找到两个 SSR 标记 Satt345 和 Sat_299 与 CT-2s 不育基因连锁，其遗传距离分别为 6.92cM 和 10.21cM，参照 Song 等整合的大豆遗传连锁图谱，初步将 CT-2s 不育基因定位到 O 连锁群和 I 连锁群上。

4. 大豆抗病性的标记定位

大豆疫霉根腐病抗性的遗传分析及基因定位的初步研究，遗传分析表明，大豆对疫霉根腐病完全抗性和部分抗性分属不同遗传体系，完全抗性由 1 对主基因控制，抗病对感病表现为显性；部分抗性由 1 对加性主基因+加性－显性多基因控制，两类抗性都有育种价值，并且在早世代选择是有效的。选育聚合有完全抗性和部分抗性的品种是使大豆获得疫霉根腐病高水平抗性和持久抗性的最佳途径。使用豫 25 与感病材料 NG6255 和郑 92116 与 NH5 分别杂交构建了两个 F2:3 群体，进行基因定位，通过 SSR 结合 BSA 的方法进行了分子作图，结果显示豫豆 25 和郑 92116 的抗性是由同一个显性单基因控制，暂定名为 RpsYu25，根据 SSR 标记的位置，该基因被定位在大豆连锁群 N 上。

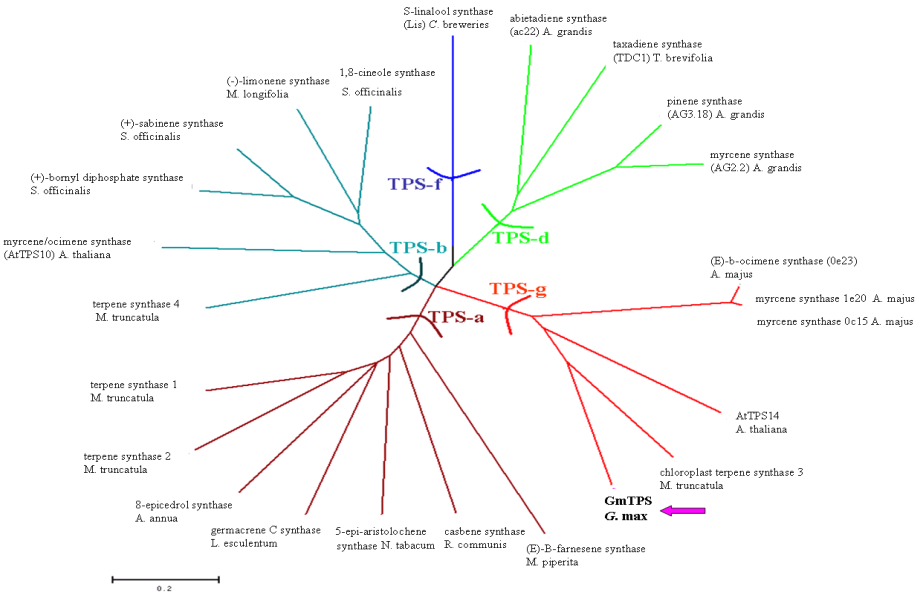
大豆对胞囊线虫抗性和主要农艺性状的自然选择效应的研究，通过抗病性鉴定比较同一杂交组合在两地衍生群体对胞囊线虫抗性的遗传与变异。结果表明：NJ(RN)P7 群体和 JN(RN)P7 群体的抗性均受 3 对隐性基因控制，大豆对胞囊线虫的抗性发生了明显的自然选择效应，经表型方差分解证实群体间遗传结构存在差异是主要原因之一。在抗性鉴定的基础上，结合 SSR 标记比较两个群体抗病性的遗传与变异。结果表明：两个群体中均能筛选到与 1、2、3 和 5 号生理小种抗性有关的标记，及与主效抗病基因位点 rgh1 有关的两个标记 Satt163、Satt309，且 NJ(RN)P7 群体中筛到位于 A2 连锁群上未见报

道与抗病有关的标记Satt333。

5. 大豆基因克隆和表达分析

从大豆中克隆了催化MEP途径生物合成的第一个限速酶基因GmDXS1并进行了表达分析。序列分析表明GmDXS1基因编码的蛋白与其它植物DXS蛋白有很高的同源性,具有DXS蛋白固有的特征和保守域: N端有引导DXS定位于质体的转运肽，该转运肽在细菌中是没有的; 含有绝对保守的功能位点His; 含有硫胺素（TPP）结合域,（起始于保守序列-GDG-,终止于保守序列-LNDN-）和DXS的指纹氨基酸基序DRAG。系统进化分析表明GmDXS1基因属于I类植物DXS。表达分析表明GmDXS1基因在光合组织中表达，且其表达受高温诱导。Southern blot分析发现该基因在大豆基因组中只有一个拷贝，推测可能是功能蛋白。将GmDXS1基因与GFP融合转化烟草植株，绿色荧光蛋白检测证明GmDXS1基因定位于叶绿体。对转基因植株的萜类化合物的含量进行测定发现，GmDXS1基因的过量表达显著了提高烟草叶绿素、类胡萝卜素和赤霉素的含量，而降低了脱落酸的含量。

从33份大豆材料中克隆了IFS1,IFS2基因.对于IFS1基因，在发现的共116 个SNPs中有三个位点与四种含量都显著相关,分别为: 5’UTR的两个位点(157 A/G,696 A/G);第一个外显子的一个位点(1143 T/C)，该位点的突变导致氨基酸序列由serine变成了proline。对于IFS2基因，在发现的共104 个SNPs中有两个位点与四种含量都显著相关，分别为: 第一个外显子的一个位点(1508 C/T, 同义);第二个外显子的一个位点(2353 G/A)，该位点的突变导致氨基酸序列由valine变成了methionine。我们认为这些位点是与大豆种子异黄酮含量最有可能相关的causitive SNPs，可以为功能性分子标记的开发提供有利的信息。



6. 大豆新品种选育

国审大豆新品种 2 个(南农 31、南农 32)。国家区试 1 个春毛豆，1 个春大豆，省区试 2 个春毛豆。此外，在油菜基因克隆、资源创新、新品种培育方面也取得进展。

蔬菜遗传与种质创新团队2008年度科研进展

1. 蔬菜作物遗传与基因表达

以感黑斑病品种‘短白梗’为材料,叶面喷雾SA,用半定量RT-PCR检测叶片中Bcchi、BcPR4、BcAF基因的表达变化，并在SA处理后24 h接种黑斑病菌。结果表明,SA喷雾处理后显著诱导了BcAF、BcPR4、Bcchi在‘短白梗’中的表达，推测SA诱导系统抗性在提高黑斑病抗性方面起到重要作用。

采用大田病圃人工诱发鉴定和温室人工苗期诱发鉴定的方法,对8份不结球白菜品种进行了TuMV病害的抗病性鉴定。研究发现不结球白菜对TuMV抗性遗传符合一对加性-显性主基因+加性-显性多基因模型(D-1)，抗性的显性效应不明显，呈负向部分显性，且显性效应是由主基因控制的。对不结球白菜抗性性状的改良要以主基因为主,同时注意显性基因负向效应的影响。多基因遗传率大于主基因遗传率，环境方差占表型方差比例较大，容易受到外界环境影响。

以不结球白菜品种‘苏州青’为供试材料，研究了不同硝态氮水平对其产量、主要营养品质及硝酸盐含量的影响; 同时对硝酸盐诱导的氮代谢过程中的关键酶基因进行了克隆和序列分析; 对硝酸盐代谢途径的限速酶硝酸还原酶基因进行了功能鉴定; 并对各基因在氮素处理下的表达特征进行了分析。

利用已知抗真菌蛋白基因的保守序列设计引物,获得了不结球白菜重要的抗真菌蛋白基因，为转基因研究、增强不结球白菜抗真菌病害奠定了基础。同时，利用cDNA-AFLP技术，从病原菌诱导处理的不结球白菜中筛选到一个重要的几丁质酶基因Bcchi片段,通过RT-PCR和RACE技术，获得了该基因cDNA全长序列，序列分析发现与已知的不结球白菜几丁质酶基因具有较低的同源性。另外，还进行了不结球白菜抗逆相关转录因子（BrNAC）的克隆及耐热耐寒相关蛋白（SP1和ThpI）的功能鉴定。

为阐述异源多倍体基因组倍性与基因表达之间的关系，以甜瓜属黄瓜与酸黄瓜的3种不同倍性异源多倍体-双单倍体种间杂种F1、异

源三倍体黄瓜和异源四倍体 C. hytivus 及其双亲为试材，比较研究了过氧化物酶（POD）、谷氨酸脱氢酶(GDH) 和天冬氨酸转氨酶(AAT)在不同倍性异源多倍体中的酶谱表达特性。发现表明甜瓜属异源多倍体在不同的酶系统中，酶谱表达可能会表现出截然相反的基因组剂量效应。

为了研究Cucumis属植物基因组的进化机制，根据Ty1-copia类逆转座子逆转录酶的保守区设计简并引物，通过PCR扩增从黄瓜属野生种酸黄瓜和栽培黄瓜中均扩增出260 bp 左右的目标条带。获得了21条来源于酸黄瓜和栽培黄瓜的逆转录酶序列，通过核苷酸聚类分为5个家族。将这些逆转录酶的氨基酸序列与已登录的不同物种同一类型逆转录酶的氨基酸序列进行聚类分析，表明可能有共同起源。

Por 基因是编码叶绿体合成酶的关键基因，对于植物光合作用具有重要作用。采用了人工合成的异源四倍体（HHCC）及其双亲本（HH 和 CC）为材料，发现黄瓜 Por 基因在异源四倍体的 S1 代沉默、S2 代再激活；在 S3 和 S4 代依旧可以发现转录产物，但是产物序列已经改变。表明由于多倍体化诱导了黄瓜 Por 基因的快速沉默和突变，基因突变、如碱基替换和内含子残留是早期多倍体基因进化的一种模式。

对萝卜主要营养品质性状进行了遗传分析，发现干物质重的最适遗传模型为两对完全显性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型，可溶性总糖 TSS 含量的最适遗传模型为两对加性-显性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型；VC 含量的最适遗传模型为加性-显性-上位性多基因混合遗传模型；蛋白质和粗纤维的最适遗传模型为两对加性-显性-上位性主基因 + 加性-显性-上位性多基因混合遗传模型；硝酸盐含量的最适遗传模型为一对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型。

研究了萝卜积累镉能力的基因型差异，发现 46 个基因型 Cd 含量差异显著（Bioinformatics & Biomedical Engineering (ICBBE 2008), 4696-4699）。采用营养液培养的方法，研究了萝卜品种地下部分和地上部分 Pb 吸收和累积的差异。结果表明，各基因型萝卜总 Pb 累积量

随着 Pb 处理浓度的上升而上升；地上部分 Pb 累积量为 0.13-110.28 mg/kg ，地下部累积量为 0.67-14511.8.6mg/kg ，地下部分 Pb 含量显著高于地上部分。不同基因型萝卜对于 Pb 的吸收累积能力差异显著。另外，还对铅胁迫下萝卜肉质根、萝卜花芽分化过程中基因组 DNA 甲基化敏感扩增多态性 (MSAP) 进行了分析 (Acta Horticulturae 774, ISHS 2008)。

2. 优异种质发掘与创新

利用 SRAP 分子标记分析了国内外 64 份不结球白菜种质资源的 DNA 遗传多样性和遗传分化。21 对引物组合共检测出 215 个位点，其中 112 个为多态性位点，多态性比率达 52.09%，平均每对引物组合产生 10.24 个位点和 5.33 个多态性位点。不结球白菜各类型中普通白菜的 Nei´s 基因多样性指数（0.1410）和遗传丰富度[(190)88.37%]最高； 各生态区域中江淮流域不结球白菜的 Nei´s 基因多样性指数（0.1451）和遗传丰富度[(185)86.05%]最高；国内的 Nei´s 基因多样性指数(0.1293)和遗传丰富度（(188)87.44%）分别高于国外。遗传变异估算表明，不结球白菜遗传分化系数 58.22%，大部分变异存在于种群间；基因流为 0.4031，说明群体间基因流动较少，遗传分化程度较高。以遗传相似系数 0.872 为截值，可把不结球球白菜分为 VI个类群。

黄瓜耐热种质资源是黄瓜耐热性研究和育种的关键。为了获得黄瓜耐热性材料，以不同生态型黄瓜品种为试材，经田间自然高温幼苗期与成株期耐热性筛选，结合人工高温幼苗耐热性筛选，结果获得耐热黄瓜材料6个，热敏黄瓜材料2个，为黄瓜耐热性与热害研究提供了基础材料。

三体是植物性状或基因染色体定位的重要染色体工程材料，研究采用同源三倍体回交以创制黄瓜三体材料，同时，比较分析三倍体瓜的染色体行为，以揭示三体形成的细胞遗传学机制。根据形态学的差异可将这些三体分为四类。本研究创制的黄瓜三体为遗传图谱的染色体定位提供了便利的物质基础。

来自种间杂交后代的渐渗系是转导利用外源有用基因的重要材料。综合运用田间成株期鉴定和苗期人工接种，筛选抗霜霉病的黄瓜渐渗系。研究发现苗期抗性和成株期抗性显著相关,说明通过苗期接种能够鉴定黄瓜对霜霉病的抗性。因此分别采用温室苗期人工接种和田间成株期鉴定分析评价来源于栽培黄瓜和野生酸黄瓜种间杂交后代的 20 份渐渗系对霜霉病的抗性,筛选到具有霜霉病抗性的 6 份黄瓜渐渗系材料，其中 72124、72146 的抗性优于美国 627US,对黄瓜抗霜霉病育种具有重要意义。

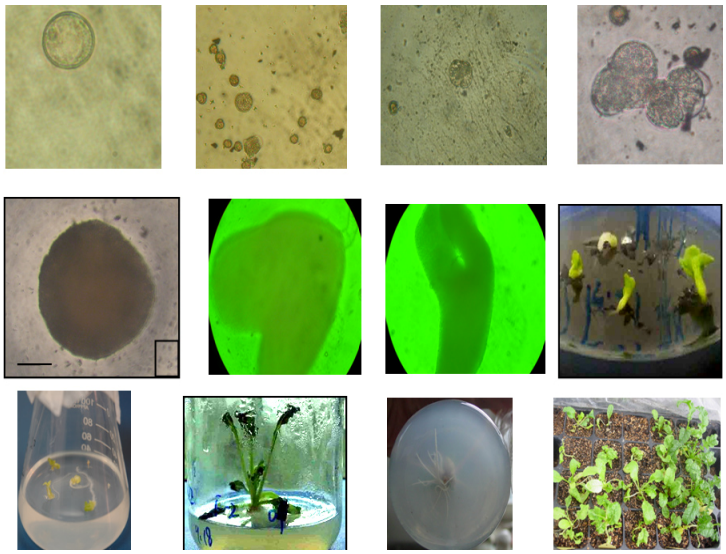
采用营养液培养的方法，筛选了Cd与Pb吸收累积低的萝卜优异种质。对42个不同基因型萝卜品种的主要营养品质进行综合评价，发现不同萝卜干物质含量与可溶性糖、Vc和蛋白质含量达到了极显著正相关，因此，干物质含量影响着可溶性糖、Vc和蛋白质含量。利用主成分分析法综合评价，得出基因型Nau-17，Nau-11，Nau-6，Nau-10 和Nau-28的综合营养品质突出，可以作为优质的萝卜种质资源，也可以为今后的萝卜营养品质育种提供了种质。

3. 作物育种新方法与新品种选育

利用筛选出的优异种质，配制了不结球白菜新组合 2 个，均表现品质佳、株型美观，深受消费者欢迎，暂定名为‘翠冠’、‘锦秀’。

不结球白菜‘翠冠’新品种

研究了快速获得萝卜单倍体的育种方法。通过对基因型、热激、花粉发育时期、不同培养基及其添加物质等几个方面对小孢子培养体系进行优化，无需利用其它复杂的培养方式，就可以使小孢子的胚诱导率提高到 17.03 个/105。



利用小孢子培养技术对萝卜种质资源进行创新利用

同时获得萝卜小孢子的再生植株，并对其倍性利用根尖细胞染色体计数和流式细胞仪进行鉴定，证实成功获得萝卜单倍体再生植株。相关技术“一种获得萝卜单倍体的育种方法已申请国家发明专利。

研究了一种克隆已知 DNA 序列（基因）侧翼基因组序列的方法。该方法包括：部分限制性内切酶消化，接头连接和一个热循环 PCR 扩增。通过该方法，获得了黄瓜全雌标记 TG/CAC234 的下游序列。

作物逆境分子遗传改良课题组2008年度科研进展

本课题组着重以水稻和番茄为材料，进行了养分高效利用育种目标性状的基因与基因组分析，种质资源遗传基础与创新以及新品种选育等研究工作。主要进展如下:

1、 系统地研究了水稻氮/磷吸收转运起重要作用的氮/磷转运蛋白，包括OsPht1家族13个基因和OsNRT2/OsNAR2家族6个基因和水稻质膜质子泵基因的表达特征和功能。通过构建各自的启动子+GUS/GFP报告基因载体转化水稻，分析了水稻OsPht1基因在不同供磷水平下的时空表达模式、水稻OsNRT2/OsNAR2基因在不同供氮水平和形态下的时空表达模式。利用多种异源表达体系分别研究了OsPT2、OsPT6和OsNRT2吸收磷酸盐、硝酸盐的动力学特征和介质酸碱度的影响。通过RNAi方法获得了Ospt2、Ospt6、OsNRT2.1、OsNRT2.2、OsNRT2.3与OsNAR2.1基因沉默的转基因株系，并通过盆栽试验进行了生理功能分析。筛选到一个与氮、磷养分供应状况有关的水稻质膜质子泵OsA8；获得并鉴定了Tos17插入引起的单拷贝插入的osa8突变体，发现OsA8不仅与根系磷的吸收有关，而且还影响水稻体内的磷从根系向地上部的转移。部分结果已发表在Plant J（IF 6.75)、J Exp Bot (IF 3.92)等。

2、 从番茄等茄科作物中克隆到了菌根特异性强烈诱导表达的磷酸盐转运体基因PT4、PT5及其它们的启动子。通过其启动子加GUS报告基因的转基因分析发现了非常保守的可能与菌根信号转录因子结合的cis-element。构建了番茄菌根的cDNA文库；发现一个受不同菌根菌调控的番茄糖转运体LeST3;通过芯片分析和RT-PCR验证筛选到了数个独立于磷信号的菌根信号microRNAs及其它们的靶基因。部分结果发表在Plant Soil、Plant Growth Regulation，另有两篇已投稿。

3、 针对我国现有水稻主产区氮磷肥高量投入、利用率低下和钾素供应不足这一生产现状，正在运用基因工程技术将本实验室已经鉴定功能的氮磷高效吸收利用的关键基因转入优良水稻品种，创建具有氮

磷养分高效的高产稳产水稻新品系，为转基因水稻的大规模应用奠定基础。

植物营养分子遗传学研究课题组2008年度科研进展

本课题组着重以水稻和番茄为材料，进行了养分高效利用育种目标性状的基因与基因组分析，种质资源遗传基础与创新以及新品种选育等研究工作。主要进展如下:

4、 系统地研究了水稻氮/磷吸收转运起重要作用的氮/磷转运蛋白，包括OsPht1家族13个基因和OsNRT2/OsNAR2家族6个基因和水稻质膜质子泵基因的表达特征和功能。通过构建各自的启动子+GUS/GFP报告基因载体转化水稻，分析了水稻OsPht1基因在不同供磷水平下的时空表达模式、水稻OsNRT2/OsNAR2基因在不同供氮水平和形态下的时空表达模式。利用多种异源表达体系分别研究了OsPT2、OsPT6和OsNRT2吸收磷酸盐、硝酸盐的动力学特征和介质酸碱度的影响。通过RNAi方法获得了Ospt2、Ospt6、OsNRT2.1、OsNRT2.2、OsNRT2.3与OsNAR2.1基因沉默的转基因株系，并通过盆栽试验进行了生理功能分析。筛选到一个与氮、磷养分供应状况有关的水稻质膜质子泵OsA8；获得并鉴定了Tos17插入引起的单拷贝插入的osa8突变体，发现OsA8不仅与根系磷的吸收有关，而且还影响水稻体内的磷从根系向地上部的转移。部分结果已发表在Plant J（IF 6.75）、J Exp Bot (IF 3.92)等。

5、 从番茄等茄科作物中克隆到了菌根特异性强烈诱导表达的磷酸盐转运体基因PT4、PT5及其它们的启动子。通过其启动子加GUS报告基因的转基因分析发现了非常保守的可能与菌根信号转录因子结合的cis-element。构建了番茄菌根的cDNA文库；发现一个受不同菌根菌调控的番茄糖转运体LeST3;通过芯片分析和RT-PCR验证筛选到了数个独立于磷信号的菌根信号microRNAs及其它们的靶基因。部分结果发表在Plant Soil、Plant Growth Regulation，另有两篇已投稿。

6、 针对我国现有水稻主产区氮磷肥高量投入、利用率低下和钾素供应不足这一生产现状，正在运用基因工程技术将本实验室已经鉴定功能的氮磷高效吸收利用的关键基因转入优良水稻品种，创建具有氮磷养分高效的高产稳产水稻新品系，为转基因水稻的大规模应用奠定

基础。

存在的问题与下一年工作重点

本年度，实验室在科学研究、学科建设、人才培养和运行管理等方面取得了一些成绩，但与优秀的实验室相比还是存在着一定的差距，尤其是在日趋激烈的竞争形势下，结合学术委员会的建议以及上次评估工作中的专家意见和建议，提出下一年的工作设想:

1. 进一步加强相关基础研究，提高科研产出的规模和水平

围绕实验室的研究方向和研究特点，实验室定位在应用基础研究型，如何围绕实验室的研究方向和国家重大需求，组织能够承担国家重大研究项目的有机群体，产出具有影响力的标志性成果，提高学术地位是实验室的当务之急。实验室应注意分析基础研究和应用研究两个层次上不同类型研究内容的优先主次，注意突出每个研究方向的重点和发展主线，提出切实、明确的工作目标，提高科学研究产出的规模和水平。

2. 各方向之间加强学术交流，以利于整体水平的进一步提高

开放和交流是实验室高效运行的原则之一，实验室在国内和国际间的合作交流表现为规模小、层次低；实验室部分研究结构和实验场所也需要进一步调整，在今后的工作中，实验室将尽快建立健全和有效落实经常性的内部学术交流和沟通制度，以保证资源优势在解决重大科学问题和国家重大需求上得到集中体现和发挥。

3. 依靠依托单位的坚实保障，扩大实验室的影响

依托单位在实验室建设过程中给予了人、财、物、政策等方面的大力支持，根据科技部、教育部的要求，除基础设施条件建设以外，依托单位应进一步创造条件，改善工作环境，使实验室真正成为独立运行的科研实体，运行补助费给予配套，以保障对外开放、学术交流、设备维护等各项工作的顺利开展，提高开放课题的研究层次和经费额度，吸引国内外学者来实验室进行合作研究，提高开放程度，发挥实验室的辐射作用，扩大在国内外的积极影响。

4. 落实运行管理的各项具体措施，加大实验室的内部凝聚力和对外

吸引力

实验室应落实运行管理的各项具体措施，在实验室内部引进竞争机制，大力培养和引进具有活力的年轻研究人员，鼓励创新研究，增进实验室学术研究氛围，同时，加强充实公共平台的科研技术力量，保障实验室科学研究的顺利开展。