

农业部蔬菜作物基因资源与种质创制北京科学观测实验站简况

试验站名称	农业部蔬菜作物基因资源与种质创制北京科学观测实验站					
依托单位	中国农业科学院蔬菜花卉研究所			服务学科领域	园艺学	
试验站联系人	李蕾	联系电话	010-82109531	联系邮箱	lixixiang@caas.cn/wanghaiping@caas.cn	
试验站地理位置	河北省廊坊市广阳区(县)					
试验站网址						
试验站区位条件	地形特点	平原	海拔(m)	~100	土壤类型	偏沙性壤土
	年均降水量(mm)	570	年平均温度(℃)	11.5	无霜期(天)	257
	气候类型	暖温带半湿润季风型大陆气候, 冬季盛行西北风				
	其他区位条件					
试验站支撑条件	试验场地条件	试验地面积(亩)	42	可共享面积(亩)	42	
	基础设施条件	建筑面积(m ²)	600	可共享面积(m ²)	300	
		主要基础设施	现有蔬菜试验基地 100 亩, 种质保存隔离池 1824m ² 、种质保存槽 2265m ² ; 日光温室 6 栋, 面积约 3800 平方米; 自动化抗病抗逆性鉴定控温控光温室和种源贮藏库 112m ² , 挂藏间 120m ² ; 塑料大棚 15 栋, 面积 4800 m ² , 网棚 11 栋, 面积 1400 m ² ; 晒场 1 个; 办公用房、实验室、宿舍、厨卫等设施配套齐全。			

		仪器设备（台套）	95	设备价值（万元）	235.99
	配置仪器设备	主要仪器设备	荧光正置显微镜、超纯水仪、便携式叶面积仪、台式冷冻离心机、空气恒温振荡器、冷冻干燥机、种子鼓风式净度仪、PCR仪、凝胶成像仪、简易温度湿度数据采集器等		
近年开展的代表性工作（在科学研究、长期观测、产业示范等方面已完成或取得阶段进展的工作，不超过3项）	序号	项目名称		项目类别	实施单位
	1	园艺作物种质资源发掘与创新利用/2013BAD01B04		“十二五”农村领域国家科技计划课题	中国农业科学院蔬菜花卉研究所等19个单位
	项目成效	14个单位连续五年的协作攻关，在种质资源鉴定方面，利用新研发的分子标记，结合已有分子标记和基因序列信息，实现了对12种蔬菜作物13991份种质的38个优异（特异）性状的基因型的高效鉴定。在优异基因源挖掘方面，对12种蔬菜75份优（特）种质资源的重要性状采用表型遗传分析、分子标记和定位、多组学分析相结合的策略开展了优异基因源挖掘，建立15个重要性状的分子标记，鉴定17个优异性状的42个主效QTLs。在园艺作物种质创新利用方面，建立了青花菜和萝卜属间杂交技术和无性繁殖蔬菜作物芋的成花诱导技术，集成应用远缘杂交、诱变、细胞工程、分子标记等技术，创造了15种蔬菜作物具有优质、抗病虫、抗逆、高产、高效、专用等优异性状突出的新种质50份。补充收集入库89种蔬菜作物的稀（特）种质资源2613份，拓展了蔬菜基因库。			
	2	蔬菜种质资源收集、鉴定、编目与繁种入库/2016, 2017, 2018 NWB037		农业部物种资源保护项目	中国农业科学院蔬菜花卉研究所等一个单位
	项目成效	近三年收集资源1000余份，更新资源1800余份，分发资源3829份，支撑发表论文37篇，服务各级各类项目71项，服务单位80个，人次91人，			
	3	黄瓜核心种质性型多样性及其稳定性的表观遗传学研究		国家自然科学基金项目	中国农业科学院蔬菜花卉研究所

	项目成效	<p>黄瓜是植物性别研究的模式植物，其性别表达受遗传、激素和环境调控，具有不稳定性和可塑性特征。为探明黄瓜性别温光调控的分子机理，对 322 份表型核心种质的调查发现，绝大部分春播黄瓜植株受苗期低温短日照影响，雌花节率均高；秋播黄瓜植株受苗期高温、长日照的影响，雌花节率普遍降低。然后，我们从 DNA 甲基化调控和转录后 miRNA 调控两个表观遗传学角度揭示了光温对黄瓜性型表达的调控机制。(1) 采取全基因组亚硫酸盐测序 (WGBS) 从单核苷酸水平检测光、温对茎尖 DNA 甲基化的影响，表明高温和长日照主要影响位于异染色质区域的 CHH (H=A/C/T) 序列；高温提高 DNA 甲基化水平，长日照降低 DNA 甲基化水平。DNA 甲基化改变的区域与 24nt siRNA 的变化呈显著正向关联，显示光、温通过依赖 siRNA 的 DNA 甲基化 (RdDM) 通路来影响 DNA 甲基化。光照和温度存在互作，但是温度更具决定性。在基因区域特别是含 TE 的基因区域附近也观察到高温诱导的 DNA 甲基化的显著变化，并导致 TE 和附近基因表达水平降低。乙烯作为“性激素”，其合成及信号传导的关键基因如 ACO、MADS-box、ERBP 等的甲基化水平发生了改变，并伴随着基因表达水平的改变。(2) 依赖于 miRNA 的转录后调控：小 RNA 测序从各处理茎尖组织鉴定出 366 个 miRNA，结合降解组测序鉴定了 46 个 miRNA 的 127 靶基因。尽管 4 个 miRNA 的表达在长日照或高温诱导下发生显著改变，而靶标基因表达水平没发生显著改变。值得关注的是，某些 miRNA 的靶基因涉及甲基转移酶、乙烯响应调控开花和花芽分化的转录因子、春化和生长发育基因。综上所述，本研究首次通过 WGBS、RNA-seq、小 RNA-seq 以及降解组测序，揭示了光、温影响黄瓜性别表达的表观遗传学机制。该调控机制将通过正在进行的群体验证进一步得到确认。这些研究结果及科学发现不仅为黄瓜的高产栽培和遗传改良提供了理论依据，而且为揭示其他植物的性别调控机制提供了新的线索。项目在研期间发表标注论文 6 篇 (高质量 SCI2 篇)，后续 2 篇 SCI 论文正在投稿中。培养博士后 1 名和硕士研究生 2 名。</p>		
目前主要实施的工作项目 (不超过 3 项)	序号	项目名称	项目类别	实施单位
	1	蔬菜优异种质资源精准鉴定与创新利用 (2016YFD0100204)	十三五国家重点研发计划课题	中国农业科学院蔬菜花卉研究所等 19 个单位
	2	萝卜优异黑腐病抗源抗病基因的精细定位、克隆及功能分析	国家自然科学基金项目	中国农业科学院蔬菜花卉研究所
	3	物种资源保护和国家蔬菜种质资源子平台	农业部物种资源保护项目和科技部国家农作物种质资源共	中国农业科学院蔬菜花卉研究所等 12 个单位

			享服务平台 项目
开放共享方向	科学研究方面	为国家重大研发项目、国家自然科学基金项目、国际合作项目、创新工程项目等基础和应用基础研究提供材料支撑。	
	长期观测方面	为全国蔬菜种质资源保护体系、长期观测试验站点、产业体系试验站提供鉴定评价和基础观测材料，并跟踪观测结果。	
	产业示范方面	为新品种保护和品种审定机构提供参照品种，为国家地理标志产品的申报和产业化提供古老地方品种，为生产提供多样化的优质传统品种等。	
开放共享特色	通过网络、微信公众号、QQ群，邮件、学术会议、现场观摩会议等多种形式和渠道宣传种质资源的收集保存现状，推介优异种质资源。采用免费、合作研究共享等多种形式开展共享服务。		
开放管理办法	(可加附件)		
开放收费标准	(可加附件)		

照片 3 张，像素宽 800 以上，高不限。

