



2019年第12期总52期

# 小麦遗传育种专题

## 本期导读

### ▶ 前沿资讯

1. 通过对两种小麦亲本及其F6后代生理和叶片蛋白质组学的比较分析揭示其对干旱胁迫的耐受性和敏感性

### ▶ 学术文献

1. 水分胁迫历史和小麦基因型调节根际微生物对干旱的响应
2. 认识小麦专性生物营养真菌的生活方式和致病机制: 基因组学的新时代
3. 普通小麦及其祖先种基因组测序的最新进展

### ▶ 相关专利

1. 基于中麦895的茎秆WSC含量基因标记及应用

中国农业科学院农业信息研究所

联系人: 唐研

联系电话: 0531-66657915

邮箱: [agri@ckcest.cn](mailto:agri@ckcest.cn)

2019年03月25日

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

## ▶ 前沿资讯

### 1. Comparative physiological and leaf proteomic analyses revealed the tolerant and sensitive traits to drought stress in two wheat parental lines and their F6 progenies (通过对两种小麦亲本及其F6后代生理和叶片蛋白质组学的比较分析揭示其对干旱胁迫的耐受性和敏感性)

**简介:** 通过对两个小麦品种Arg(抗旱性)、Arta(抗旱敏感性)和4个杂交品种F6 (B1、B2、W1、W2)的生理和蛋白质组学比较分析,我们对Arg、B1和B2三种小麦品种的抗旱性进行了鉴定。碳代谢、光合作用和解毒/防御蛋白的变化最为显著。耐旱性Arg在干旱胁迫下的应激反应蛋白积累高于敏感性Arta。高水平的铜锌超氧化物歧化酶和两种叶绿体编码酶表明,它们的积累可能提高抗逆性。B1和B2的形态和生理特性证实了它们对干旱胁迫的耐受性,脯氨酸和丙二醛的含量在这两个细胞系中分别高于和低于其他细胞系。这一作用与调节初级代谢和防止脱水和氧化损伤协同作用一同提高了幼苗的生存能力、释放出更大的营养活力和生产能力,超过了耐受性Arg亲本的能力。这些结果表明,B1和B2子代可作为今后中重度干旱条件下小麦育种栽培试验的最佳株系。

**来源:** Environmental and Experimental Botany

**发布日期:** 2019-02-01

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyRnd-AbsY6ACN-yj9XL6k154.pdf>

## ▶ 学术文献

### 1. Water stress history and wheat genotype modulate rhizosphere microbial response to drought (水分胁迫历史和小麦基因型调节根际微生物对干旱的响应)

**简介:** 不同的作物基因型和具有不同水分胁迫历史的土壤孕育着不同的微生物,但它们对植物相关微生物水分胁迫反应的相对影响尚不清楚。盆栽试验中,在不同灌溉历史(灌溉土壤和非灌溉土壤)的半干旱土壤中种植了四种小麦基因型(两种具有公认的抗旱性,两种没有),并暴露在四种土壤含水量水平条件(从高到低)下。在暴露于不同土壤含水量的一个月后,我们检测了植物生物量以及根际的一般(二氧化碳产生)和特殊(大气H<sub>2</sub>的土壤吸收)功能过程。利用实时聚合酶链反应(PCR)进一步测定了根际细菌和真菌的丰度。在低水分条件下,非灌溉土壤中生长的小麦幼苗生物量较低。相比之下,在中等含水量条件下,非灌溉土壤中种植的小麦根系生物量明显高于灌溉土壤中种植的小麦。在低土壤含水量条件下,基因型和土壤灌溉史的CO<sub>2</sub>产量没有差异。然而,我们发现,在低含水量条件下,与以前未灌溉的土壤相比,以前灌溉的土壤中生长的植物根际的H<sub>2</sub>氧化率明显更高,尽管这种变化的强度是基因型所特有的。细菌丰度较真菌丰度对降低土壤含水量更为敏感,主要受土壤水分胁迫史的影响。综上所述,我们的研究结果表明,小麦育种史和土壤水分胁迫史对作物生长性能、特定的和一般的根际过程、以及土壤水分含量下降时根际细菌和真菌的丰度有着不同的影响。

**来源:** Soil Biology and Biochemistry

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

发布日期:2018-11-01

全文链接:

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyRojKAU5e-ABus7\\_I0eP4612.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyRojKAU5e-ABus7_I0eP4612.pdf)

## **2. Understanding the lifestyles and pathogenicity mechanisms of obligate biotrophic fungi in wheat: The emerging genomics era (认识小麦专性生物营养真菌的生活方式和致病机制:基因组学的新时代)**

简介: Obligate biotrophic fungi cause serious and widespread diseases of crop plants, but are challenging to investigate because they cannot be cultured in vitro. The two economically important groups of biotrophic fungi parasitizing wheat are the rust and powdery mildew pathogens, but their obligate biotrophic lifestyles and pathogenicity mechanisms are not well understood at the molecular level. With the advent of next generation sequencing technology, increasing numbers of pathogen genomes are becoming available. Research in plant pathology has entered a new genomics era. This review summarizes recent progress in understanding the biology and pathogenesis of biotrophic fungal pathogens attacking wheat based on pathogen genomics. We particularly focus on the three wheat rust and the powdery mildew fungi in regard to genome sequencing, avirulence gene cloning, effector discovery, and pathogenomics. We predict that coordinated study of both wheat and its pathogens should reveal new insights in biotrophic adaptation, pathogenicity mechanisms, and population dynamics of these fungi that will assist in development of new strategies for breeding wheat varieties with durable resistance.

来源: The Crop Journal

发布日期:2018-02-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyRphuAR-iJAAUi8mYketY580.pdf>

## **3. Current advances in genome sequencing of common wheat and its ancestral species (普通小麦及其祖先种基因组测序的最新进展)**

简介: Common wheat is an important and widely cultivated food crop throughout the world. Much progress has been made in regard to wheat genome sequencing in the last decade. Starting from the sequencing of single chromosomes/chromosome arms whole genome sequences of common wheat and its diploid and tetraploid ancestors have been decoded along with the development of sequencing and assembling technologies. In this review, we give a brief summary on international progress in wheat genome sequencing, and mainly focus on reviewing the effort and contributions made by Chinese scientists.

来源: The Crop Journal

发布日期:2018-02-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyRpMaAetQAAAUtlarxejo156.pdf>

## ▶ 相关专利

### 1. 基于中麦895的茎秆WSC含量基因标记及应用

**简介:** 本发明公开了一种基于中麦895的茎秆WSC含量基因标记及应用。本发明提供了特异引物组,由序列1所示引物A、序列2所示引物B和序列3所示引物C组成。本发明还保护一种鉴定待测小麦的茎秆WSC含量性状的方法。检测待测小麦基于特异SNP位点的基因型。以待测小麦的基因组DNA为模板,采用特异引物组进行KASP,进行荧光扫描,确定待测小麦基于特异SNP位点的基因型。TT基因型小麦的茎秆WSC含量高于CC基因型小麦。特异SNP位点为:小麦基因组中的序列4所示DNA分子的第36位核苷酸;小麦基因组中的序列6所示DNA分子的第223位核苷酸。本发明为育种利用茎秆WSC含量主效QTL位点QWsc .caas-1RS提供了良好工具。

**来源:** 国家知识产权局专利检索及分析

**发布日期:** 2018-09-17

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyRps2AWfHVABcMYMD0jYA489.PDF>