

基于 Internet 的新疆农业科学院南繁种质资源数据库构建

任海龙¹,张 龔²,徐 麟^{1,2},高 强¹,王天地¹,符小发¹,陈积豪¹

(1. 新疆农业科学院 海南三亚农作物育种试验中心,海南 三亚 572014;2. 新疆农业科学院 农作物品种资源研究所,新疆 乌鲁木齐 830091)

摘要:为实现新疆农业科学院南繁种质资源数据的共享,采用 Python 开发语言、Postgresql 数据库及浏览器/服务器(B/S)的架构,建立基于 Internet 的新疆农业科学院南繁种质资源数据库,该数据库具有南繁种质资源信息查询等基本功能。

关键词:新疆;南繁;种质资源;数据库

中图分类号:S602.4 文献标识码:A 文章编号:1002-2767(2017)06-0106-02 DOI:10.11942/j.issn1002-2767.2017.06.0106

种质资源是生物多样性的的重要组成部分,是作物育种和农业生产的物质基础。国内外都十分重视种质资源的收集、保存、评价和利用工作,现已建立多个基于 Internet 的种质资源数据库平台,对于种质资源信息的交流与应用起到了重要的作用。

南繁是我国首创的一种育种方式,在缩短农作物育种年限,加速世代繁育,种子纯度鉴定等方面发挥着重要的作用。据统计,全国育成的 70% 农作物新品种都经过南繁。新疆农业科学院的南繁工作始于 20 世纪 60 年代,50 多年来,每年都有 30 多名科技人员(最多达 60 多人)前往海南岛,开展南繁加代、品种选育等工作。新疆农业科学院南繁基地汇集了新疆农业科学院哈密瓜研究中心、经作所、园艺所、核生所、粮作所和植保所等科研团队,吴明珠院士等一批专家学者,对加快自治区农作物新品种选育起到了重要的作用。新疆农业科学院南繁基地每年繁育 10 多种农作物,1 万余份育种材料。为有效管理和利用这些信息,更好地为新疆南繁服务,现开发了基于 Internet 的新疆农业科学院南繁种质资源数据库。

1 数据库的总体设计目标

2016 年新疆农业科学院海南三亚农作物育种试验中心,利用数据库管理和应用软件开发系统,结合新疆农业科学院南繁基地种质资源保存

的实际情况,对保存的南繁种质资源,包括粮食作物(玉米)、油料作物(大豆、花生、油菜、油葵)、经济作物(棉花)、蔬菜(番茄、黄瓜、豆角、四棱豆、黄秋葵)、西甜瓜(哈密瓜、西瓜、甜瓜)、果树(无花果、石榴、葡萄、桃树、枣树)、其它(金花菜)等 20 余种,1 000 余份资源,建立新疆农业科学院南繁种质资源数据库。实现对南繁种质资源数据的保存、查询和高效管理,并以网络的形式向新疆农业科学院各下属南繁育种单位及相关农作物育种部门发布。

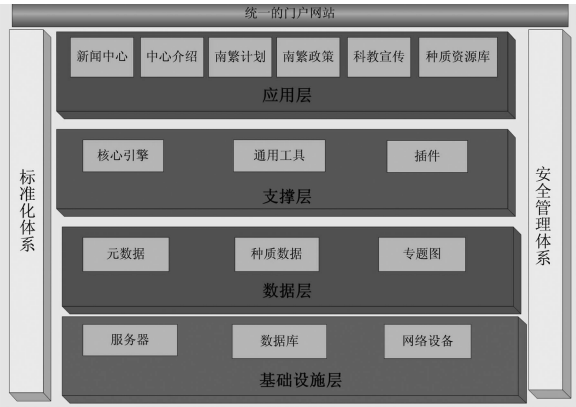


图 1 新疆南繁种质资源数据库构架图
Fig. 1 Database skeleton drawing of Xinjiang germplasm breeding in Hainan

2 数据库数据的采集和规范

在进行南繁种质资源的数据采集时,为实现南繁种质资源数据库信息的充分共享,数据库参考了中国作物种质资源信息系统(CGRIS)上规范化的描述语言。采用的名词术语与国家或国际标准保持一致,以方便南繁种质资源的收集、保存、鉴定、评价、研究和利用,确保数据的规范性、严密

收稿日期:2017-04-20
基金项目:新疆维吾尔自治区公益性科研院所基本科研资助项目(KYGY2016121)
第一作者简介:任海龙(1985-),男,黑龙江省阿城人,博士,助理研究员,从事农业科研管理工作。E-mail: renhailong_2006@163.com。
通讯作者:徐麟(1968-),男,学士,研究员,从事作物种质资源研究。E-mail: hnsyxulin@163.com。

性和科学性。

3 数据库库表结构的设计

数据库库表结构的设计严格依据《农作物种质资源技术规范》丛书中对大豆、棉花、向日葵和玉米等种质资源描述规范和数据标准的规定,以便用于相关单位的科学参考和信息交流。以大豆为例,将其分为五部分:

第一部分是基本信息,包括库编号、统一编号、品种名称、译名、科名、属名、学名、产地来源、保存单位等,这部分主要是介绍南繁大豆材料的基本情况;第二部分是农艺性状调查信息,包括生育日数、株高、分枝数、百粒重、单株粒数、单株荚数等,这部分主要是介绍南繁大豆材料的农艺性状情况;第三部分是品质性状调查信息,包括蛋白质含量、脂肪含量等,这部分主要是介绍南繁大豆材料的品质性状情况;第四部分是抗性调查信息,包括白粉病、病毒病、疫霉病、抗旱性等,这部分主要是介绍南繁大豆材料的抗性情况;第五部分是多媒体数据信息,包括照片等,这部分主要是形象化介绍南繁大豆材料。

4 数据库网络平台的实现

为实现新疆农业科学院南繁种质资源数据的共享,本数据库结合了国内其它种质资源数据库的设计经验,采用 Python 开发语言、Postgresql 数据库及浏览器/服务器(B/S)的架构,通过网络客户端接口为用户提供了功能完备的人机交互式的图形界面,使用户在任何一个地方只要通过一个普通的浏览器即可实现对新疆南繁种质资源信息的访问与查询。数据库的 Internet 主页面见图 2,查询页面见图 3。



图 2 新疆南繁种质资源数据库主页面

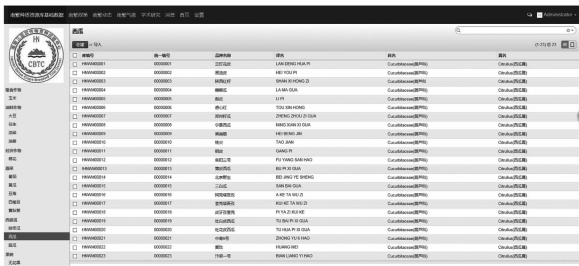


图 3 新疆南繁种质资源数据库查询页面
Fig. 3 Queries page of Xinjiang germplasm database breeding in Hainan

5 结论

种质资源数据库的构建是提高种质资源利用率的有效途径,受到世界各国的重视。目前世界上最大的种质资源信息应用平台是美国的种质资源数据信息平台,该种质资源信息网络平台中心拥有植物种质资源超过 53 万份。除此之外,德国、俄罗斯、澳大利亚、加拿大、日本和北欧等国都相继建立了各自的种质资源数据库。我国对种质资源数据库的建设也十分重视,已建成了拥有 200 种作物(隶属 78 个科、256 个属、810 个种或亚种)、41 万份种质信息、2 400 万个数据项值、4 000 兆字节的中国作物种质资源信息系统(CGRIS)。同时,我国许多省区也都建立了自己的农作物种质资源信息平台,如:广东、江苏、福建、海南、湖北、河北、山西、黑龙江、贵州、甘肃、内蒙古等。还有针对特定的物种建立的种质资源数据库,如:水稻、葡萄、茄子、茶、花生、甘蔗等。这些平台的建立对促进作物育种具有积极的推动作用。

南繁制种基地是全国最大、最开放、最具影响的农业科技试验区,但到目前为止,还未建立相应的种质资源信息化管理系统。新疆南繁种质资源数据库的建立,有利于提高对南繁种质资源数据管理的信息化水平,为今后南繁育种工作提供科学参考。

参考文献:

- [1] 徐麟,任海龙,武鲁粤,等.南繁育种基地发展新模式的探索——以新疆农业科学院为例[J].中国种业,2012(12):36-37.
- [2] 肖菁,宋羽,张金波.基于 Internet 的新疆农作物种质资源数据库平台的构建[J].北方园艺,2010(10):241-242.
- [3] 曹永生,方涛.国家农作物种质资源平台的建立和应用[J].生物多样性,2010,18(5):454-460.
- [4] 刘健宏.基于 Internet 的种质资源数据库平台建设研究[J].农业网络信息,2006(12):81-82,99.
- [5] 瞿华香,丁建,魏玲玲,等.农作物种质资源及其数据库研究进展[J].中国农学通报,2013(11):193-197.

Fig. 2 Home page of Xinjiang germplasm database breeding in Hainan

原位 PCR 原理及应用

罗 帅,杨洪一

(东北林业大学 生命科学学院,黑龙江 哈尔滨 150040)

摘要:原位 PCR 是一种灵敏度特别高的基因水平上检测技术,该技术通过将原位杂交技术和普通的 PCR 技术相结合,从而可以检测出组织或细胞中低浓度的特异序列。为促进原位 PCR 技术的发展完善,简要介绍了原位 PCR 的基本原理、流程及应用情况。

关键词:原位杂交;PCR;原位 PCR

中图分类号:Q78 **文献标识码:**A **文章编号:**1002-2767(2017)06-0108-04 **DOI:**10.11942/j.issn1002-2767.2017.06.0108

传统 PCR 技术自 Mullis 等^[1]人发明以来,由于其高度的特异性和敏感性,能够将微量的 DNA 或 RNA 进行大量扩增,以便进行后续分析。但是该技术需要将组织或细胞进行破碎,从中提取出核酸为模版进行扩增,不能反映出扩增的目的产物与组织之间的关系,与细胞形态无关,并且不能在细胞内精确的定位。而 Gall 和 Pardue^[2]建立原位杂交技术能够揭示出扩增的目的片段与目的组织之间的关系,具有良好的组织定位的能力,但其敏感性较低,对低浓度的目的基因检测能力较差。所以通过将二者结合起来,建立了一种新的方法——原位 PCR。它不但具有高度的敏感性,可以检测出组织或细胞中低浓度的

DNA 或 RNA,又可以对含有目的片段的组织或细胞进行精确的定位,进一步揭示出目的片段与组织或细胞间的形态结构信息,因此,在众多学科领域中广泛的应用。

1 原位 PCR 的基本原理

Hasse 等于 1990 年建立了一种把 PCR 技术和原位杂交技术相结合起来的原位多聚酶链式反应技术(in situ PCR),简称原位 PCR^[3]。这次扩增是在管中进行,其基本原理与普通 PCR 的扩增原理基本相同;首先将完整的细胞用 4%的 PFA 固定液固定,然后通过 Proteinase K 处理,从而允许引物、酶以及游离核苷酸进入核膜,该过程是利用细胞膜作为袋子,在进行反转录后可以直接在载玻片上进行 PCR 的过程,从而省略从样品组织中提取 RNA 的过程,还可以减少信号的丢失。众多研究人员都相继报道了原位 PCR 实验,并将研究对象从完整细胞悬液发展为细胞涂片、石蜡切片和冰冻切片等^[4]。研究的方法也在不断的进

收稿日期:2017-04-24
基金项目:黑龙江省自然科学基金资助项目(LC2016005)
第一作者简介:罗帅(1992-),男,安徽省阜阳市人,在读硕士,从事微生物学研究。E-mail: 847613797@qq.com。
通讯作者:杨洪一(1978-),男,吉林省九台市人,博士,副教授,从事微生物学研究。E-mail:hyi01@tom.com。

Establishment of Germplasm Database Breeding in Hainan of Xinjiang Academy of Agricultural Sciences Based on Internet

REN Hai-long¹, ZHANG Yan², XU Lin^{1,2}, GAO Qiang¹, WANG Tian-di¹, FU Xiao-fa¹, CHEN Ji-hao¹

(1. Hainan Center, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Sanya, Hainan 572014; 2. Institute of Crop Germplasm Resource, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi, Xinjiang 830091)

Abstract: In order to share the data of germplasm database breeding in Hainan of Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, the database platform was developed that was based on internet technologies using Python development language, Postgresql database and the Browser/Server (B/S) system. The database has many basic functions, such as the information inquiry of germplasm database breeding in Hainan.
Keywords: Xinjiang; breeding in Hainan; germplasm; database