



2022年第2期总37期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 分子植物卓越中心揭示水稻耐热调控新途径
2. 华中农业大学生物质能团队在能源作物和能源微生物的遗传改良与生化转化方面取得研究进展
3. 黄瓜产量与品质基因挖掘及其分子育种国际领跑

▶ 学术文献

1. RLB（水稻侧枝）在OsCKX4上招募PRC2介导的H3K27三甲基化来调节侧枝
2. 类似体细胞胚胎发生的柑橘孢子体无融合生殖模式珠心胚胎的调控
3. 研究了 *rnase zs1* 的结构特征和底物识别性能
4. 大麻科技品种SSR位点调查：研究遗传变异的成本效益分析的优化
5. 通过种子克隆植物：遗传模型和候选基因以增加有性作物无融合生殖工程的基础知识

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

➤ 相关专利

1. 一种提升耐热纤维素酶活力和热稳定性的方法
2. 一种纤维素酶突变体及其应用

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：王丽娟，张玉玮，信丽媛

联系电话：022-23678616

邮箱：agri@ckcest.cn

2022年1月14日

▶ 前沿资讯

1. 分子植物卓越中心揭示水稻耐热调控新途径

简介: 全球气候变暖成为威胁世界粮食安全的一大重要问题, 据报道, 年平均温度每升高1°C, 将会对水稻、小麦、玉米等粮食作物带来3%~8%左右的减产。植物在与高温的长期对抗中, 进化出了不同的应对机制: 一方面, 植物可以通过“积极应对”来提高自身对于未折叠蛋白的清除能力, 从而维持蛋白内稳态平衡以获得高温抗性(如TT1) (Li et al., 2015); 另一方面, 植物也可以通过“以静制动”的方式, 使自身钝感, 减少热响应消耗, 维持正常的生理活动, 并且在热胁迫结束后快速重建以提高热胁迫下的生存能力。通过遗传学手段, 挖掘耐高温的自然位点并对其调控机制进行深入研究, 对于作物耐高温遗传改良具有重要意义。G蛋白一直是植物生长发育和胁迫响应中的研究热点, 但是其在热胁迫耐受的分子机制方面还未有深入研究; 钙信号作为第二信使, 在逆境信号的传导过程中发挥着重要作用, 但是钙信号如何在热信号通路下游被解码, 并转导为生理生化响应, 目前还没有合理的解释。自然位点因其在生产应用上的重要意义受到广泛关注, 但是其定位难度较大, 尤其是定位与耐热等复杂性状相关的位点挑战更大。继在2015年定位克隆了水稻首例抗热的QTL位点TT1, 近日, 中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员林鸿宣团队又分离克隆了水稻抗热QTL TT2, 相关研究成果以TT2 controls rice thermotolerance through SCT1-dependent alteration of wax biosynthesis为题在Nature Plants上发表。该成果揭示了联合G蛋白、钙信号、蜡质代谢等分子层面的水稻耐热调控新途径。该研究团队通过正向遗传学方法从水稻耐热遗传资源中定位克隆到了TT2, 其编码一个G蛋白 γ 亚基, 并且负向调控水稻的耐热性; 热带粳稻来源的TT2存在一个SNP, 使其编码一个提前终止形式的蛋白, 获得较强的耐热性, 而在高温敏感的温带粳稻中, 该SNP的占比较低。在热胁迫下, 相较于对照, 携带耐热性位点的近等基因系NIL-TT2HPS32苗期成活率显著提高, 并且成熟期的单株产量也显著提高, 增幅达54.7%, 表明该基因位点在农业生产上有重要的应用价值。进一步的研究发现, TT2的功能有无, 影响到热胁迫后的蜡质代谢通路, 在高温敏感的对照株系中, 蜡质相关调控基因呈现出明显的受热诱导而下调的趋势, 而在抗热的NIL-TT2HPS32株系中, 有一部分蜡质基因则呈现出不响应热且稳定表达的趋势, 其中包括一个正向调控蜡质合成的重要转录因子OsWR2。在抗热的NIL-TT2HPS32株系中敲除OsWR2, 发现其耐高温的表型消失, 证明在高温胁迫下维持正常的蜡质含量对于水稻耐热是至关重要的。为了进一步建立TT2与OsWR2表达水平的调控关系, 研究人员通过对OsWR2上游启动子的分析, 发现了一类钙调素结合转录因子(CAMTA)的结合元件CG1-like motif, 并通过同源比对, 找到了两个水稻的CAMTA家族成员, 并命名为SCT1和SCT2; 进一步实验证明SCT1可以直接结合OsWR2的启动子, 影响OsWR2的表达, 并且负向调控水稻的耐热性。SCT1带有钙依赖的钙调素(CaM)结合位点, 可以通过与CaM的互作来解码胞内的钙信号。G蛋白之前被多次报道参与动植物的钙信号调控(如RGA1) (Ma et al., 2015), 该研究也证实了TT2的功能缺失会导致热诱导的钙信号减弱。当正常功能的TT2存在时, 高温会诱导钙信号的产生并使得胞内钙浓度提高, 高浓度的钙离子会被CaM感知, 并促进CaM与SCT1的互作, 从而加强CaM对于SCT1转录活性的抑制, 最终导致OsWR2在高温条件下表达量迅速下调, 蜡质减少并最终无法抵御高温, 呈现出热敏感的表型。当TT2功能缺失时, 热诱导的钙信号减弱, 进而减弱了SCT1与CaM的互作, 降低了CaM对于SCT1转录活性的抑制, 最终维持了OsWR2在高温胁迫下的正常表达和稳定的蜡质含量, 呈现出抗热表型。综上所述, 该研究首次系统地G蛋白调控、钙信号传导及解码、蜡质代谢通路联

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

系起来，阐明了一条从上游信号产生到下游生理生化响应的调控通路，该通路独立于以往已知的通过热激蛋白、活性氧清除以及未折叠蛋白清除参与的植物耐热调控途径，是植物抗热领域的重要进展。TT2是一份作物耐热育种的珍贵基因资源，对未来作物借助分子设计手段实现定点耐热遗传改良具有重要意义。

来源：中国科学院分子植物科学卓越创新中心

发布日期：2022-01-11

全文链接：

https://www.cas.cn/syky/202201/t20220107_4821152.shtml

2. 华中农业大学生物质能团队在能源作物和能源微生物的遗传改良与生化转化方面取得研究进展

简介：近日，我校生物质与生物能源团队夏涛副教授课题组，整合作物和酵母的遗传改良，以及生物质转化工艺的绿色优化，提出作物秸秆高效绿色资源化利用的新思路。相关研究成果分别以“Down-regulation of OsMYB103L distinctively alters beta-1,4-glucan polymerization and cellulose microfibrils assembly for enhanced biomass enzymatic saccharification in rice”和“Double integrating XYL2 into engineered *Saccharomyces cerevisiae* strains for consistently enhanced bioethanol production by effective xylose and hexose co-consumption of steam-exploded lignocellulose in bioenergy crops”为题，发表于国际生物能源领域知名期刊Biotechnology for Biofuels和Renewable Energy。作物秸秆生物质是极具发展前景的可再生资源，经微生物转化，可以制造大宗生物燃料和高值生物材料。然而，生物质主要来源于植物细胞壁，受细胞壁天然抗降解性和酿酒酵母木糖利用局限性的影响，目前作物秸秆的转化利用存在成本高、效率低等问题。纤维素是生物质的主要成分，其高度结晶化和聚合化是生物质酶解糖化的关键限制因素，通过遗传改良手段，特异性改善纤维素的结构特性是解决这一问题的突破口。夏涛副教授课题组通过鉴定水稻脆秆突变体(Osfc9/myb103)，发现下调表达纤维素合成上游转录因子OsMYB103L，显著降低纤维素的结晶指数和聚合度，改变纤维素微纤丝的纳米结构。成熟稻秆经温和预处理后，木质纤维素的酶解糖化效率显著提高10%至28%。此外，RNA-seq和DAP-seq分析发现，OsMYB103L可能通过调控纤维素合酶和微纤丝组装相关基因，介导纤维素的生物合成和有序沉积。该研究为纤维素生物合成的转录调控提供了新思路，有利于能源作物的遗传改良和秸秆的综合利用。传统酿酒酵母的木糖代谢能力低，木糖的有效利用成为木质纤维生物质高效转化的瓶颈问题。目前，已有研究在改良酿酒酵母木糖代谢途径方面开展了大量工作，其中包括异源表达木糖还原酶XYL1(XR)和木糖醇脱氢酶XYL2(XDH)基因，但由于木糖醇分泌的积累，导致细胞内氧化还原失衡，重组酿酒酵母对木糖发酵缓慢，乙醇产量低。夏涛团队通过筛选合适的融合蛋白连接XDH和XR，同时优化重组菌株的XDH/XR的活性比，达到酿酒酵母高效利用木糖生产乙醇目的。在工业酿酒酵母SF7中，采用基因融合技术表达XYL1和XYL2的重组菌株SF7-Ft3，可以消耗95%木糖。在重组菌株SF7-Ft3过表达XYL2，可持续提高小麦、玉米秸秆和芒草的木糖利用，使生物乙醇产率提高11%至42%。该研究为酵母工程高效利用木糖提供了新策略，并获得2项国家发明专利。生命科学技术学院夏涛副教授为两篇文章的通讯作者，吴雷明博士和张明亮博士为Biotechnology for Biofuels杂志文章的共同第一作者，博士生何博洋为Renewable energy杂志文章第一作者。近年来，夏涛副教授课题组在红外光谱高通量检测细胞壁聚合物技术(Biotechnology for Biofuels, 2017)、纤维素结构定向改良与燃料乙醇高

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

效转化机理 (Green Chemistry, 2018)、木质纤维素绿色解聚与高效酶解机制 (Green Chemistry, 2019; BioResources, 2019)、重金属污染农田作物秸秆无害化处理和纤维素乙醇发酵残渣资源化利用途径 (Carbohydrate Polymers, 2018; Industrial Crops and Products, 2020; Biochemical Engineering Journal, 2021) 等方面取得了系列研究进展。

来源: 华中农业大学植物科学技术学院

发布日期:2021-12-31

全文链接:

<http://news.hzau.edu.cn/2021/1231/62422.shtml>

3. 黄瓜产量与品质基因挖掘及其分子育种国际领跑

简介: 黄瓜是我国园艺作物鲜少依赖外国品种的作物,栽培面积和产量均居世界首位。为进一步把握未来种业发展的主动权,持续领跑国际黄瓜基础研究的国际领先地位,其品质及产量育种已成为了国内外同行竞争的热点及重点。株型直接影响黄瓜的产量和生产成本,而果实的外观品质决定产品的商品价值,基于此,我校园艺学院张小兰和任华中教授团队围绕黄瓜株型变异和果实外观品质形成的调控网络,开展了系列前瞻性研究。黄瓜株型调控与基因挖掘。围绕分枝、叶形和有限生长三个株型性状,揭示了CsBRC1基因通过直接抑制生长素运输基因CsPIN3的活性来负向调控黄瓜侧枝伸长发育的新机制;发现了CsIVP和CsSHAN调控黄瓜叶片形状的基因网络;阐明了CsLFY和CsTFL控制黄瓜有限/无限生长的作用机理,为针对不同目标市场的理想株型的黄瓜育种提供理论依据和基因资源。黄瓜外观品质形成的分子遗传机制解析。围绕果长、刺瘤、子房和心室发育四个果实外观品质性状,发现了MADS-box转录因子 CsFUL1在东亚长果材料中出现了单碱基突变CsFUL1A,CsFUL1A通过抑制CsSUP和生长素运输基因CsPIN/7的表达来负向调控果长;挖掘了系列刺瘤相关基因CsTBH、CsTS1并阐明通过激素路径参与刺瘤形成的调控机理;明确了细胞分裂素和氮磷养分协同调控黄瓜超级子房的花冠开发,导致‘头顶鲜花’的黄瓜果实形成;鉴定并解析了CsGID1a、CsSPL和CsWOX1调控黄瓜心室发育和芒果形果实形成的分子作用机制;以及CsCLV3调控心室数目变异的基因网络,为优良果形的黄瓜育种提供理论基础和标记选择。团队以第一或通讯作者在PNAS、Plant Cell、PLoS Biol 等SCI期刊上发表论文50余篇,应邀在Curr Opin Plant Biol和Hortic Res期刊撰写黄瓜研究综述,研究成果入选2020年中国农业十大科技进展,Plant Cell 亮点论文(2019)以及ESI 高被引论文(2篇)。基于黄瓜株型及外观品质基因的生物功能解析,开发了分枝、果长、果瘤、亮度等分子标记,培育了中农大21、22、25等系列黄瓜新品种,品种分别于2012年和2016年通过山东省及北京市作物新品种审(鉴)定,并已在山东、河南等地作为春大棚主要栽培品种被大面积推广应用。团队获批国家杰出青年基金1项、国家自然科学基金的重点基金2项和国际合作重点基金1项,并获农业部神农中华农业科技创新团队奖、中国园艺学会华耐园艺科技奖等奖励。

来源: 中国农业大学园艺学院

发布日期:2021-11-01

全文链接:

http://news.cau.edu.cn/art/2021/11/1/art_8769_794151.html

学术文献

1. RLB (RICE LATERAL BRANCH) recruits PRC2-mediated H3K27 tri-methylation on OsCKX4 to regulate lateral branching (水稻侧枝) 在OsCKX4上招募PRC2介导的H3K27三甲基化来调节侧枝)

简介: Lateral branches such as shoot and panicle are determining factors and target traits for rice (*Oryza sativa* L.) yield improvement. Cytokinin promotes rice lateral branching; however, the mechanism underlying the fine-tuning of cytokinin homeostasis in rice branching remains largely unknown. Here, we report the map-based cloning of RICE LATERAL BRANCH (RLB) encoding a nuclear-localized, KNOX-type homeobox protein from a rice cytokinin-deficient mutant showing more tillers, sparser panicles, defected floret morphology as well as attenuated shoot regeneration from callus. RLB directly binds to the promoter and represses the transcription of *OsCKX4*, a cytokinin oxidase gene with high abundance in panicle branch meristem. *OsCKX4* over-expression lines phenocopied *rlb*, which showed upregulated *OsCKX4* levels. Meanwhile, RLB physically binds to Polycomb repressive complex 2 (PRC2) components *OsEMF2b* and co-localized with H3K27me₃, a suppressing histone modification mediated by PRC2, in the *OsCKX4* promoter. We proposed that RLB recruits PRC2 to the *OsCKX4* promoter to epigenetically repress its transcription, which suppresses the catabolism of cytokinin, thereby promoting rice lateral branching. Moreover, antisense inhibition of *OsCKX4* under the LOG promoter successfully increased panicle size and spikelet number per plant without affecting other major agronomic traits. This study provides insight into cytokinin homeostasis, lateral branching in plants, and also promising target genes for rice genetic improvement.

来源: plant physiology

影响因子: 8.340/Q1

发布日期: 2021-11-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0F/F0/Csgk0GHpDhCAL21MAB7GzWrJaVs378.pdf>

2. Regulation of nucellar embryony, a mode of sporophytic apomixis in Citrus resembling somatic embryogenesis (类似体细胞胚胎发生的柑橘孢子体无融合生殖模式珠心胚胎的调控)

简介: Apomixis, is an asexual mode of seed formation resulting in genetically identical or clonal seed with a maternal genotype. Apomixis has not been reported in seed crops where its flexible application in plant breeding could accelerate delivery of new varieties. By contrast, a sporophytic form of apomixis termed nucellar or adventitious embryony is common in the Rutaceae containing Citrus crop species. Here, multiple embryos develop from the maternal, somatic, nucellar cells of the ovule. They are incorporated into the enlarging embryo sac containing the sexually derived zygotic embryo and endosperm, which are products of double fertilization. Recent research has provided insights to the molecular basis for nucellar

embryony. Here, we review the current understanding of the initiation, genetic basis and evolution of nucellar embryony in Citrus, and discuss prospects for future study and breeding applications of Citrus sporophytic apomixis.

来源: Current Opinion in Plant Biology

影响因子: 7.834/Q1

发布日期:2021-02-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/1E/Csgk0WHpD52AHP9uAB0CyREMpcg767.pdf>

3. The structural characteristics and the substrate recognition properties of RNase ZS1 (研究了 rnase zs1的结构特征和底物识别性能)

简介: TMS5 encodes an RNase ZS1 protein that can process ubiquitin-60S ribosomal protein L40 family (Ubl40) mRNAs to regulate thermo-sensitive genic male sterility in rice. Despite the importance of this protein, the structural characteristics and substrate recognition properties of RNase ZS1 remain unclear. Here, we found that the variations in several conservative amino acids alter the activation of RNase ZS1, and its recognition of RNA substrates depends on the structure of RNA. RNase ZS1 acts as a homodimer. The conserved amino acids in or adjacent to enzyme center play a critical role in the enzyme activity of RNase ZS1 and the conserved amino acids that far from active center have little impact on its enzyme activity. The cleavage efficiency of RNase ZS1 for pre-tRNA-MetCAU35 and Ubl401 mRNA with cloverleaf-like structure was higher than that of pre-tRNA-AspAUC9 and Ubl404 mRNA with imperfect cloverleaf-like structure. This difference implies that the enzyme activity of RNase ZS1 depends on the cloverleaf-like structure of the RNA. Furthermore, the RNase ZS1 activity was not inhibited by the 5' leader sequence and 3' CCA motif of pre-tRNA. These findings provide new insights for studying the cleavage characteristics and substrate recognition properties of RNase ZS.

来源: Plant Physiology and Biochemistry

影响因子: 4.270/Q1

发布日期:2021-01-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/1E/Csgk0WHpDw6Ab5jwAIwqjGx6ZMY142.pdf>

4. SSR loci survey of technical hemp cultivars: The optimization of a cost-effective analyses to study genetic variability (大麻科技品种SSR位点调查: 研究遗传变异的成本效益分析的优化)

简介: Our study aimed to optimize a selection of a suitable combination of SSRs (Simple Sequence Repeats) for determination of technical Cannabis cultivars and genetic variability level. We used sequences of 23 published SSR families (107 alleles) and amplified them in 28 cultivars. One of the alleles possesses no selective information (SSR family CAN1660) due to its presence in every single tested cultivar. We excluded it, together with another 11 least informative alleles. After data filtration, we used 96 alleles to do recursive sub-sampling

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

of random alleles' sets. We found a minimal set of 8 alleles (in three different combinations) to distinguish 28 analyzed cultivars from each other. Our results contribute to saving resources and to reduce the performance time of the molecular analysis.

来源: Plant Science

影响因子: 4.729/Q2

发布日期:2020-09-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/1E/Csgk0WHpEMSAEYRZAEJ1KSE1VTc832.pdf>

5. Cloning plants by seeds: Inheritance models and candidate genes to increase fundamental knowledge for engineering apomixis in sexual crops (通过种子克隆植物: 遗传模型和候选基因以增加有性作物无融合生殖工程的基础知识)

简介: Apomixis is desirable in agriculture as a reproductive strategy for cloning plants by seeds. Because embryos derive from the parthenogenic development of apomeiotic egg cells, apomixis excludes fertilization in addition to meiotic segregation and recombination, resulting in offspring that are exact replicas of the parent. Introgression of apomixis from wild relatives to crop species and transformation of sexual genotypes into apomictically reproducing ones are long-held goals of plant breeding. In fact, it is generally accepted that the introduction of apomixis into agronomically important crops will have revolutionary implications for agriculture. This review deals with the current genetic and molecular findings that have been collected from model species to elucidate the mechanisms of apomeiosis, parthenogenesis and apomixis as a whole. Our goal is to critically determine whether biotechnology can combine key genes known to control the expression of the processes miming the main components of apomixis in plants. Two natural apomicts, as the eudicot *Hypericum perforatum* L. (St. John's wort) and the monocot *Paspalum* spp. (crowngrass), and the sexual model species *Arabidopsis thaliana* are ideally suited for such investigations at the genomic and biotechnological levels. Some novel views and original concepts have been faced on this review, including (i) the parallel between Y-chromosome and apomixis-bearing chromosome (e.g., comparative genomic analyses revealed common features as repression of recombination events, accumulation of transposable elements and degeneration of genes) from the most primitive (*Hypericum*-type) to the most advanced (*Paspalum*-type) in evolutionary terms, and (ii) the link between apomixis and gene-specific silencing mechanisms (i.e., likely based on chromatin remodelling factors), with merging lines of evidence regarding the role of auxin in cell fate specification of embryo sac and egg cell development in *Arabidopsis*. The production of engineered plants exhibiting apomictic-like phenotypes is critically reviewed and discussed.

来源: Journal of Biotechnology

影响因子: 3.307/Q2

发布日期:2012-06-30

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0F/F0/Csgk0GHpD7aAEQPyAB2Snb21Nsg853.pdf>

➤ 相关专利

1. 一种提升耐热纤维素酶活力和热稳定性的方法

简介: 本发明公开了一种提升耐热纤维素酶活力和热稳定性的方法, 所述方法包括: 对耐热纤维素酶中保守的N-糖基化序列N88-E89-T90和底物结合区中保守的非催化氨基酸Y173进行定点突变, 将第90位苏氨酸突变为丙氨酸, 将第173位酪氨酸突变为苯丙氨酸。本发明对耐热纤维素内切酶CTendo45保守的N-糖基化序列和底物结合区中保守的非催化氨基酸进行了定点突变, 突变后的耐热纤维素酶突变酶的酶活力大幅提升, 并且在高温条件下的热稳定性明显改善。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-07-20

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/OF/F0/Csgk0GHpEhWAF1cNAAwf0vq-1A4469.PDF>

2. 一种纤维素酶突变体及其应用

简介: 本发明涉及酶制剂领域, 具体涉及一种纤维素酶突变体及其应用。所述的纤维素酶突变体相较于野生型, 其与纤维织物结合的CBD结构域发生了替换, 替换后突变体的除毛和起花效果均优于野生型, 取得了意料不到的技术效果。本发明提供的纤维素酶突变体可广泛应用于纺织加工领域, 在pH 4.0-8.5范围内应用, 效果良好; 除毛干净, 对织物强力损失小; 牛仔水洗, 起花小, 花点较小, 批差稳定; 且相同酶活的纤维素酶突变体的应用效果显著优于野生型, 能大大节约生产成本, 提高经济效益。

来源: 佰腾网

发布日期:2020-11-27

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/OF/F0/Csgk0GHpEUWADLpWAAjMMpWc0-o768.PDF>