



2022年第38期总71期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 研究揭示拟南芥细胞器基因组重组与变异积累规律
2. 植物所科研人员发现大豆百粒重新的驯化基因及其优异等位变异演化模式
3. 生物所和信息中心团队联合构建生菜种质资源与多组学综合数据库LettuceGDB

▶ 学术文献

1. 改良和高效的发根农杆菌介导的遗传转化方案：番茄根特异性抗性基因功能分析的有效工具
2. 南瓜基因功能研究的高效瞬时转化系统
3. CRISPR/Cas9介导的番茄黄曲叶病毒和白粉病抗性番茄的产生
4. 番茄类胡萝卜素异构酶的靶向编辑揭示了5' UTR区在基因表达调控中的作用

▶ 相关专利

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

1. 番茄SIDA02基因及其应用
2. 番茄谷氧还蛋白SIGRXC9基因及应用

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9月23日

▶ 前沿资讯

1. 研究揭示拟南芥细胞器基因组重组与变异积累规律

简介: 近日, 基因组所武志强课题组在《植物杂志 (The Plant Journal)》在线发表了题为“Long-read sequencing characterizes mitochondrial and plastid genome variants in *Arabidopsis msh1* mutants”的研究论文, 报道了拟南芥 MSH1 参与介导的细胞器基因组重组与变异积累规律。植物的线粒体与叶绿体具有自己的遗传物质 DNA, 即线粒体基因组与叶绿体基因组。开花植物的线粒体基因组包含大量的重复序列, 包括长度大于1 kb的大重复序列, 50 bp到1 kb的中等重复序列, 以及小于50 bp的短重复序列。但即使在模式植物中, 这些重复序列仍然存在注释不正确与不完整的情况。细胞核编码的MSH1蛋白定位于叶绿体和线粒体, 参与维持细胞器基因组稳定性。据报道, 拟南芥 *msh1* 突变体线粒体基因组中等重复序列异常重组增加, 线粒体与叶绿体基因组中超低频变异 (SNVs/indels) 积累增多。但基于杂交条带或短读长测序的研究难以获得全局性的重复序列重组图谱, 并且缺乏对不完全相似重复序列重组产物内部的SNVs/indels进行系统性分析。这些局限性对我们精准地理解植物细胞器基因组结构与序列的变异积累模式造成阻碍。为了系统性地探究植物细胞器基因组变异积累规律, 该研究选用拟南芥 *msh1* 突变体为研究材料, 利用高精度长读长 (PacBio HiFi) 测序检测了拟南芥 *msh1* 突变体中细胞器基因组的结构变异 (structural variants), 单碱基变异 (SNVs) 以及插入缺失 (indels) 变异特征, 绘制了线粒体基因组重复序列介导重组精细图谱 (图1), 并分析了线粒体与叶绿体基因组变异积累模式的差异。HiFi测序在解析不完全相似重复序列重组产物内部的SNVs/indels分布具有优势, 能够同时检测到交换 (crossover) 和非交换 (non-crossover) 的异位重组 (图2)。与基于短读长的研究相比, 该研究分析发现 MSH1 能够抑制重复序列之间非交换的异位重组。最后, 该研究推测 MSH1 表达量变化可能造成线粒体和叶绿体基因组结构和序列变异增加, 而变异积累模式的差异可能是两套基因组进化轨迹差异的原因之一 (图3)。该研究增进了我们对细胞器遗传变异模式的认识, 为改造细胞器遗传物质, 优化作物育种提供了理论支持。武志强研究员为本论文通讯作者, 博士后邹益为本论文第一作者, 博士研究生朱伟东和美国科罗拉多州立大学Daniel B. Sloan教授也参与该研究。本研究得到了国家自然科学基金、深圳市科学技术创新委员会、中国博士后科学基金与美国国立卫生研究院的支持。

来源: 基因组所

发布日期: 2022-09-19

全文链接:

<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/3c91213f23774e7dbf291f61a16a952e.htm>

2. 植物所科研人员发现大豆百粒重新的驯化基因及其优异等位变异演化模式

简介: 栽培大豆是由野大豆驯化而来, 百粒重 (种子大小) 是大豆驯化的关键性状之一, 也是大豆产量构成要素, 但人们对其遗传调控基础知之甚少。解析大豆百粒重调控基因及其分子模块, 阐明其在大豆种子大小自然变异和驯化中的招募机制, 将有助于理解大豆的驯化过程, 为大豆增产育种提供原材料和理论基础。中科院植物所贺超英研究组与合作者通过分析大豆百粒重增大突变体*sss1*, 发现候选基因GmSSS1位于19号染色体

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

一个已知的大豆百粒重数量性状位点区域。研究表明GmSSS1编码SPY直系同源蛋白，基因编辑使其功能丧失后导致大豆百粒重减小，过表达该基因使百粒重增加，而过表达Gmss1则使百粒重进一步增加，但其它农艺性状变化不大。进一步分析表明，相对于GmSSS1，突变基因Gmss1编码蛋白的第182位氨基酸发生了由E（谷氨酸）到Q（谷氨酰胺）的替换，这一氨基酸的非同义替换显著增强了GmSSS1对大豆百粒重的增大作用，增产效果明显。通过大豆核心种质群体的进化分析，发现GmSSS1单倍型在野生和栽培大豆种质中都经历了多样化过程，而Gmss1单倍型也存在于大豆种质中，且编码含182-Q型的优异等位变异起源于黄河中下游地区，在大豆驯化改良过程中被选择并显著扩张。以上研究结果揭示了一个新的调控大豆百粒重的重要基因GmSSS1及其优异等位变异模式与大豆种子大小变异间的演化关系，发现了SPY同源基因的新功能，展现了进化的可重复性（可预测性），为提高大豆百粒重与产量提供了新的重要分子模块和新思路。该成果于2022年9月6日在线发表于New Phytologist期刊上。植物所博士研究生朱韦韦为论文第一作者，贺超英研究员为通讯作者。中国农科院作科所邱丽娟研究员也参与了该工作且为论文共同通讯作者。该研究得到中科院重点部署、中科院战略性先导科技专项和国家自然科学基金等项目的资助。 文章链接：<https://doi.org/10.1111/nph.18461>

来源：中国科学院植物研究所

发布日期:2022-09-09

全文链接:

http://www.ib.cas.cn/2019gb/kyjz2019/202209/t20220909_6510980.html

3. 生物所和信息中心团队联合构建生菜种质资源与多组学综合数据库LettuceGDB

简介：近日，生物所和信息中心团队联合在国际主流期刊Plant Communications（IF=8.625）在线发表题为 LettuceGDB: the community database for lettuce genetics forbid omics 的研究论文，该研究整合了生菜多种组学数据和超过1000份种质资源信息，构建了生菜综合数据库LettuceGDB (<https://lettucegdb.com/genome>)，以加速生菜科学研究和育种实践。生菜作为全球重要的叶菜类蔬菜和菊科的代表植物，具有很高的经济价值和学术意义。在过去的十几年中，关于生菜的基因组、转录组、代谢组、表型组等多组学数据方面得到大规模积累，增加了对构建生菜综合数据库的需求。在此，研究者结合公共的多个组学数据和研究者育种团队获得的不同类型的数据，建立了一个综合生菜数据库，即 LettuceGDB (<https://www.lettucegdb.com/>)。作为组学数据中心，当前LettuceGDB 包含两个详细注释的参考基因组，超过1,000 种生菜品种的重测序数据，通过人工和前沿表型组学技术对全球1,300 多份种质资源进行了数百万条表型记录数据，重新分析了 256 个 RNA-Seq 数据集，完整鉴定了生菜的 miRNA，测定了代表性栽培品种和野生近缘种的代谢物，以及收集梳理了过去十年发表的生菜研究相关的论文。在用户友好的界面上开发了对应于不同数据类型五种可分级访问的功能，除了汇总和展示大量数据外，这些功能还提供了对这些数据的便捷浏览和检索功能。此外，还提供Assembly Converter等 8个内置工具，可用于数据下载和浏览、功能基因探索和实验实践。除了作为生菜多组学数据的枢纽外，研究者相信 LettuceGDB 可以成为生菜知识和信息共享中心。北京市农林科学院和北京大学联合培养已毕业博士郭仲龙、北京市农林科学院生物所助理研究员李波、北京市农林科学院信息中心杜建军研究员为论文第一作者，北京市农林科学院杨效曾研究员、赵春江院士、郭新宇研究员为论文通

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

讯作者。北京大学李磊教授，北京市农林科学院魏建华研究员和北京农学院韩莹琰教授参与了该研究。该研究得到了国家自然科学基金，北京市博士后基金，北京市农林科学院创新能力建设和协同创新中心等经费的支持。

来源：北京市农林科学院生物所

发布日期:2022-09-05

全文链接:

<https://www.baafs.net.cn/front/technologyServices/newsDetails?id=18720>

➤ 学术文献

1. Improved and Highly Efficient Agrobacterium rhizogenes-Mediated Genetic Transformation Protocol: Efficient Tools for Functional Analysis of Root-Specific Resistance Genes for Solanum lycopersicum cv. Micro-Tom (改良和高效的发根农杆菌介导的遗传转化方案：番茄根特异性抗性基因功能分析的有效工具)

简介：Gene function analysis, molecular breeding, and the introduction of new traits in crop plants all require the development of a high-performance genetic transformation system. In numerous crops, including tomatoes, Agrobacterium-mediated genetic transformation is the preferred method. As one of our ongoing research efforts, we are in the process of mapping a broad-spectrum nematode resistance gene (Me1) in pepper. We work to transform tomato plants with candidate genes to confer resistance to nematodes in Solanaceae members. The transformation technology development is designed to produce a reproducible, rapid, and highly effective Agrobacterium-mediated genetic transformation system of Micro-Tom. In our system, a transformation efficiency of over 90% was achieved. The entire procedure, starting from the germination of seeds to the establishment of transformed plants in soil, was completed in 53 days. We confirmed the presence of the NeoR/KanR and DsRed genes in the transformed roots by polymerase chain reaction. The hairy root plants were infected with nematodes, and after 3 months, the presence of DsRed and NeoR/KanR genes was detected in the transformant roots to confirm the long-term effectiveness of the method. The presented study may facilitate root-related research and exploration of rootpathogen interactions.

来源：Sustainability

发布日期:2022-04-12

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeD3pmAID1pAD-t3Er6qw007.pdf>

2. An efficient transient transformation system for gene function studies in pumpkin (Cucurbita moschata D.) (南瓜基因功能研究的高效瞬时转化系统)

简介：Currently, gene exploration and molecular breeding in pumpkin (Cucurbita moschata Duch.) is a challenging process. There are limited efficient stable transformation methods for pumpkin. Transient transformation is a promising tool for the study of gene function. Here,

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

an efficient *Agrobacterium*-mediated transient transformation system was developed for gene function studies in pumpkin. In this system, the function of salt-tolerant gene *StNHX1* was confirmed by over-expression in germinated seeds. The *CmPHD1-EGFP* fusion protein was detected in the nucleus of cotyledon epidermal cells. This system can be used to analyze gene function and protein subcellular localization in pumpkin. Its advantages are highly efficient, cost-effective and time-saving (~14 days). It may play a key role in gene exploration and molecular breeding in pumpkin, especially in large-scale analyses.

来源: *Scientia Horticulturae*

发布日期: 2021-05-10

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeH-a2AAAtANAKNLSq0xOKI778.pdf>

3. CRISPR/Cas9-Mediated Generation of Pathogen-Resistant Tomato against Tomato Yellow Leaf Curl Virus and Powdery Mildew (CRISPR/Cas9介导的番茄黄曲叶病毒和白粉病抗性番茄的产生)

简介: Tomato is one of the major vegetable crops consumed worldwide. Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) and fungal *Oidium* sp. are devastating pathogens causing yellow leaf curl disease and powdery mildew. Such viral and fungal pathogens reduce tomato crop yields and cause substantial economic losses every year. Several commercial tomato varieties include Ty-5 (*SIPelo*) and Mildew resistance locus o 1 (*SIMlo1*) locus that carries the susceptibility (S-gene) factors for TYLCV and powdery mildew, respectively. The clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)/CRISPR-associated protein (Cas) is a valuable genome editing tool to develop disease-resistant crop varieties. In this regard, targeting susceptibility factors encoded by the host plant genome instead of the viral genome is a promising approach to achieve pathogen resistance without the need for stable inheritance of CRISPR components. In this study, the CRISPR/Cas9 system was employed to target the *SIPelo* and *SIMlo1* for trait introgression in elite tomato cultivar BN-86 to confer host-mediated immunity against pathogens. *SIPelo*-knockout lines were successfully generated, carrying the biallelic indel mutations. The pathogen resistance assays in *SIPelo* mutant lines confirmed the suppressed accumulation of TYLCV and restricted the spread to non-inoculated plant parts. Generated knockout lines for the *SIMlo1* showed complete resistance to powdery mildew fungus. Overall, our results demonstrate the efficiency of the CRISPR/Cas9 system to introduce targeted mutagenesis for the rapid development of pathogen-resistant varieties in tomato.

来源: MDPI

发布日期: 2021-02-13

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/11/Csgk0GMtcdGATYf8AEVq1-RiHgY042.pdf>

4. Targeted editing of tomato carotenoid isomerase reveals the role of 5' UTR region in gene expression regulation (番茄类胡萝卜素异构酶

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

的靶向编辑揭示了5' UTR区在基因表达调控中的作用)

简介: CRISPR/Cas9 based genome editing is an effective and useful tool adopted from the bacterial immune response system for altering specific, pre-determined DNA sequences in eukaryotes. Such targeted changes are finding wide application in human health as well as in precision breeding of crop plants for improved traits. Mutations in the coding and regulatory regions can have varying impacts on the function of the gene. In the current study, we demonstrate this on tomato carotenoid isomerase, a key gene in the carotenoid biosynthesis pathway. Mutations were generated in the 5' UTR and exon 1 of the carotenoid isomerase gene using CRISPR/Cas9 expression via Agrobacterium-mediated transformation of tomato variety Periyakulam 1 (PKM1). Molecular and biochemical studies demonstrate that CRISPR-mediated point mutations in the exon sequence lead to complete knockout of protein function whereas deletion in 5' UTR region lowers the expression of the gene leading to changes in plant phenotype.

来源: Plant Cell Reports

发布日期: 2021-01-15

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeEI60AQe9_AC1MePV5gF0734.pdf

➤ 相关专利

1. 番茄S1DA02基因及其应用

简介: 本发明属于生物技术领域，公开了番茄S1DA02基因及应用。本发明首次从番茄中获得番茄生长素氧化酶S1DA02基因，并且通过利用农杆菌介导的方法将S1DA02在番茄AC(Ailsa Craig)中过量表达，得出S1DA02过量表达可同时促进番茄种子萌发、引起植株矮化。

来源: 佰腾网

发布日期: 2022-07-29

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/11/Csgk0GMtdW2AWCq2AAp-2T9PQe0449.pdf>

2. 番茄谷氧还蛋白S1GRXC9基因及应用

简介: 本发明公开了一种番茄谷氧还蛋白S1GRXC9基因及应用，本发明首次从番茄中获得番茄谷氧还蛋白S1GRXC9基因，并且通过利用农杆菌介导的方法将S1GRXC9从番茄MT (micro-Tom) 中敲除进行功能验证，得出S1GRXC9基因缺失可诱导番茄植株对冷胁迫敏感，同时出现株高降低、叶长和叶宽降低等矮化症状，这也体现了S1GRXC9在调控番茄发育及响应低温胁迫中的具有重要的作用。

来源: 佰腾网

发布日期: 2022-07-01

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/3F/Csgk0YeEJaKAU4_0AAaa9Ye50So733.pdf