



2022年第41期总74期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 基因组所发布茼蒿参考基因组并探讨其特殊气味来源
2. 我科学家领衔提出基因组-环境组集成预测的智能育种新策略
3. 颜健教授团队联合多家单位完成草果“*Amomum tsao-ko*”高质量基因组组装工作及解析草果特有风味物质生物合成

▶ 学术文献

1. 基于结构和机理的单荧光蛋白生物传感器设计
2. 生物传感器及纳米材料生物传感器的研究进展

▶ 相关专利

1. 一种以花梗为外植体的花椰菜高效遗传转化方法
2. 一种基因编辑系统及其应用

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10月14日

▶ 前沿资讯

1. 基因组所发布茼蒿参考基因组并探讨其特殊气味来源

简介: 10月10日,《脱氧核糖核酸研究(DNA Research)》在线发表了基因组所樊伟团队研究成果,题为“Chromosome-level genome of a leaf vegetable *Glebionis coronaria* provides insights into the biosynthesis of monoterpenoids contributing to its special aroma”。本研究首次组装了茼蒿染色体级别参考基因组,解析了茼蒿基因组演化历史,并探讨了茼蒿特殊气味的来源。研究成果将推动茼蒿的生物育种改良与次生代谢物调控机制的深入解析。茼蒿为菊科(Asteraceae)茼蒿属(*Glebionis*)一年生草本植物。茼蒿叶片狭小,二回羽状深裂,光滑无毛,颜色碧绿似翡翠。茼蒿的花如同缩小版的向日葵花盘,边缘舌状花由内而外从黄色渐变为白色,花开时宛如一个个小太阳,洋溢着灿烂的笑脸。平常大家吃的茼蒿是开花之前较为幼嫩的茎叶,肥嫩多汁,清爽可口,有“安心气,养脾胃,消痰饮,利肠胃”之功效。本研究以小叶茼蒿为研究对象,综合利用PacBio HiFi测序、Hi-C染色质构象捕获测序技术和自主开发的组装工具EndHiC构建了高质量茼蒿参考基因组。茼蒿基因组大小为6.8 Gb,是目前已测序的菊科二倍体物种中最大的基因组。常见的大基因组一般是近期基因组加倍造成的,而茼蒿基因组除4000~4500万年前经历了菊科祖先三倍化之外,主要是由最近数十万年间LTR转座子持续活动造成的。茼蒿原产于地中海,大约在公元5世纪左右逐渐传播到中国,进而作为蔬菜栽培利用。面对不断变化的生存环境和人类的驯化选择,茼蒿基因组可能以产生和容纳大量序列变异的方式适应环境和生存繁衍。喜爱吃茼蒿的朋友对茼蒿的特殊清香气味印象深刻。本研究发现茼蒿的特殊气味可能与挥发性萜烯代谢物有关,尤其是8-oxocitronellyl enol和isopiperitenol等单帖物质,其合成酶基因在茼蒿中显著扩张,并且在茎叶中高表达。萜烯类次生代谢物能够帮助植物适应环境,抵御病虫害,促进传粉和繁殖。除萜烯外,茼蒿还含有茼蒿素、黄酮类等生物活性物质,利用参考基因组有助于进一步研究它们的代谢基因和调控机制。基因组所博士后王森、硕士生王安琪为文章的共同第一作者,樊伟研究员为文章通讯作者,该研究得到了中国农业科学院青年英才计划、深圳市重点实验室基金(ZDSYS20141118170111640)、中国农科院科技创新工程支持。原文链接:
<https://doi.org/10.1093/dnares/dsac036>

来源: 中国农业科学院农业基因组研究所

发布日期: 2022-10-12

全文链接:

<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/6b0e3c919f544af7905b4a71e811d441.htm>

2. 我科学家领衔提出基因组-环境组集成预测的智能育种新策略

简介: 近日,中国农业科学院作物科学研究所作物分子育种技术和应用创新团队联合多家单位,提出了大数据和人工智能驱动下的智能育种新策略——基因组-环境组集成预测。这一新策略的提出,将改变过去主要利用基因型和表型进行选择的育种模式,使未来育种能够在基因型-表型-环境型全方位信息支撑下,准确预测特定基因型在特定环境下的表现,实现真正意义上的适应气候变化、适应特定环境的定向育种。相关研究成果发表在《分子植物(Molecular Plant)》。植物表型是其基因型与环境共同作用的结果。目前育种中所采用的基因组选择技术大多是根据个体的基因型来预测表型,很

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

少考虑个体所处环境对表型预测的影响。把一个基因型完全了解的个体置于环境因素已知的条件下，理论上就可以对其表型进行精准预测。 该研究全面介绍了引入不同时空的环境型变异及其与基因型和表型的数据集成所产生的大数据对人工智能的挑战，讨论了基因组-环境组集成预测有关的概念及其模型的构建、优化与实施。有关基因、代谢途径和网络的信息可以转化成为新一维的基因型数据，并集成到预测模型之中。基于预测的作物重新设计可以在微观水平上针对基因、代谢和网络，在宏观水平上针对个体、群体和物种。该研究展望了如何利用智能育种提升植物改良的遗传增益，包括集成和利用各种育种技术和方法，通过平台、技术、设施、群体、数据、模型、甚至育种材料的共享，实现资源利用和育种效率的最大化，在开源育种和服务平台的支持下，有效地开展智能育种。基因组-环境组集成预测新策略将推动智能育种和作物栽培生理等领域的重大变革。（通讯员 卫斐） 原文链接：
[https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(22\)00295-7](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(22)00295-7)

来源：中国农业科学院作物科学研究所

发布日期:2022-10-09

全文链接:

<https://www.caas.cn/xwzx/kyjz/323516.html>

3. 颜健教授团队联合多家单位完成草果“Amomum tsao-ko”高质量基因组组装工作及解析草果特有风味物质生物合成

简介：草果(Amomum tsao-ko)是姜科豆蔻属重要的香料作物,也是传统的中药材。成熟的干果具有独特的香气和辛辣味而被人们广泛用作香料。草果具有重要的经济和药用价值,在我国云南、广西、贵州等地被广泛栽培,其中,云南省怒江傈僳族自治州依托得天独厚的自然资源和生态环境推广种植草果,据统计2020年草果的种植面积已达111.4万亩,怒江州已是全国草果的核心产区,也是实现当地群众共同富裕的重要经济作物。由于草果分子育种技术尚处在基础研究阶段,独特香气形成的生物学机制尚未清楚,草果基因组及相应的香气合成分子机理研究对后续草果产业的发展具有重要意义。近日,国际学术期刊Horticulture Research在线发表了我校联合怒江绿色香料产业研究院、中国农业科学院深圳基因组研究所、广东药科大学等8家单位完成的题为“Chromosome-level genome assembly of Amomum tsao-ko provides insights into the biosynthesis of flavor compounds”的研究论文。该研究组装了草果的染色体级别基因组,揭示了草果中特殊的香气和辣味的物质在不同组织部位、果实不同成熟时期的含量、调控基因和合成途径。(1)通过高深度的三代测序(ONT)技术(100×深度)获得了202g测序数据,使用NECAT和Racon软件对基因组进行组装以及抛光,获得了2.08Gb大小的contig级别基因组,其中N50= 4.7Mb,随后使用Hi-C数据进行染色体挂载(95.2%挂载率)最终得到草果染色体级别的参考基因组。比较基因组分析表明,草果和姜子在约92百万年前发生了分化,开始了豆蔻属的进化过程。(2)文章在草果基因组中鉴定出49个TPS基因,与其它5个物种基因组中TPS基因的系统发育分析的结果表明:草果基因组中大部分TPS归属于TPS-a/b两个亚家族,同时发现了草果中4个没有明显聚集于任何TPS亚家族的TPS基因,它们的产生可能由于物种分化后的基因复制时间产生。草果在染色体结构上,不同染色体的长度有着比较明显的差异,其中1号染色体长度比较长,其中63%的TPS基因聚集在一号染色体上。(3)蒎醛类化合物是草果特有辛辣风味的主要来源,其在植物中的合成过程尚未明确。文章对草果不同成熟期的果实与不同部位进行了转录组和代谢组学分析,通过转录组与代谢组关联分析,结合已有文献对草果TPS

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

合成通路进行解析,提出了草果中辛辣物质茛苕醛类化合物可能的合成过程。在草果基因组获得了与茛苕醛类化合物合成高度相关的12个候选基因。作者进一步通过对39份草果群体进行重测序及茛苕醛代谢物测定,使用mGWAS方法获得了一个关键候选基因(该基因功能为:香叶基香叶酰基转移酶活性)。这些成果为草果辛辣味合成研究、草果品质质量及育种奠定坚实的基础。本研究得到了怒江州科技计划扶贫项目、国家自然科学基金和广东省科技计划项目的资助。我校资源环境学院青年教师黎平博士、2019级博士生白根祥、2020级硕士研究生龙俊儒,怒江绿色香料产业研究院何江斌,中国农业科学院深圳基因组研究所刘博副研究员为本文共同第一作者;我校资源环境学院颜健教授、怒江绿色香料产业研究院胡剑研究员、中国农业科学院深圳基因组研究所钱万强研究员、广东药科大学杨全教授、南方医科大学孙丽荣副研究员为论文的共同通讯作者。

来源: 华南农业大学资源环境学院

发布日期:2022-09-27

全文链接:

<https://www.scau.edu.cn/2022/0927/c11310a325488/page.htm>

➤ 学术文献

1. Structure- and mechanism-guided design of single fluorescent protein-based biosensors (基于结构和机理的单荧光蛋白生物传感器设计?)

简介: Intensiometric genetically encoded biosensors, based on allosteric modulation of the fluorescence of a single fluorescent protein, are powerful tools for enabling imaging of neural activities and other cellular biochemical events. The archetypical example of such biosensors is the GCaMP series of Ca²⁺ biosensors, which have been steadily improved over the past two decades and are now indispensable tools for neuroscience. However, no other biosensors have reached levels of performance, or had revolutionary impacts within specific disciplines, comparable to that of the Ca²⁺ biosensors. Of the many reasons why this has been the case, a critical one has been a general black-box view of biosensor structure and mechanism. With this Perspective, we aim to summarize what is known about biosensor structure and mechanisms and, based on this foundation, provide guidelines to accelerate the development of a broader range of biosensors with performance comparable to that of the GCaMP series.

来源: Nature Chemical Biology

发布日期:2021-02-08

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/41/Csgk0YevqKeAXW2UACwZXgb-Js126.pdf>

2. A Review on Biosensors and Recent Development of Nanostructured Materials-Enabled Biosensors (生物传感器及纳米材料生物传感器的研究进展)

简介: A biosensor is an integrated receptor-transducer device, which can convert a biological

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

response into an electrical signal. The design and development of biosensors have taken a center stage for researchers or scientists in the recent decade owing to the wide range of biosensor applications, such as health care and disease diagnosis, environmental monitoring, water and food quality monitoring, and drug delivery. The main challenges involved in the biosensor progress are (i) the efficient capturing of biorecognition signals and the transformation of these signals into electrochemical, electrical, optical, gravimetric, or acoustic signals (transduction process), (ii) enhancing transducer performance i.e., increasing sensitivity, shorter response time, reproducibility, and low detection limits even to detect individual molecules, and (iii) miniaturization of the biosensing devices using micro- and nano-fabrication technologies. Those challenges can be met through the integration of sensing technology with nanomaterials, which range from zero- to three-dimensional, possessing a high surface-to-volume ratio, good conductivities, shock-bearing abilities, and color tunability. Nanomaterials (NMs) employed in the fabrication and nanobiosensors include nanoparticles (NPs) (high stability and high carrier capacity), nanowires (NWs) and nanorods (NRs) (capable of high detection sensitivity), carbon nanotubes (CNTs) (large surface area, high electrical and thermal conductivity), and quantum dots (QDs) (color tunability). Furthermore, these nanomaterials can themselves act as transduction elements. This review summarizes the evolution of biosensors, the types of biosensors based on their receptors, transducers, and modern approaches employed in biosensors using nanomaterials such as NPs (e.g., noble metal NPs and metal oxide NPs), NWs, NRs, CNTs, QDs, and dendrimers and their recent advancement in biosensing technology with the expansion of nanotechnology.

来源: Sensors

发布日期:2021-02-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/41/Csgk0YevqCiAE57mADhWF2KtnYk965.pdf>

➤ 相关专利

1. 一种以花梗为外植体的花椰菜高效遗传转化方法

简介: 本发明公开了一种以花梗为外植体的花椰菜高效遗传转化方法,该方法包含:(1)花梗外植体的选取:以松散型花椰菜作为供体植株,选取横径在0.3~0.8cm的花梗作为外植体;(2)外植体的灭菌;(3)外植体的预培养;(4)外植体的浸染;(5)外植体与菌液共培养;(6)外植体延迟培养;(7)外植体筛选培养;(8)抗性芽的生根培养;(9)再生植株的阳性检测。本发明的方法首次建立了以花椰菜花梗为外植体的高效遗传转化,结合PCR检测和GUS染色结果,遗传转化植株阳性率达到了10~15%,在花梗芽再生过程中,不需要愈伤组织的诱导,可以直接再生出芽,大大缩短了芽再生所需时间。

来源: 佰腾网

发布日期:2022-08-02

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/41/Csgk0Yevqp2AfDJRAAv8PO-PAAI319.PDF>

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

2. 一种基因编辑系统及其应用

简介：本发明提供了一种基因编辑系统及其应用。其中，基因编辑系统包括基因编辑元件和改造内含子，改造内含子为包含多顺反子tRNA-gRNA的内含子；利用改造内含子增强基因编辑元件的表达；基因编辑元件包括Cas效应蛋白和CRISPR重复序列；CRISPR重复序列由多顺反子tRNA-gRNA加工而成。解决了现有技术中在植物中缺少高效率的基因编辑系统的问题，适用于植物基因编辑领域。

来源：佰腾网

发布日期：2022-06-28

全文链接：

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/13/Csgk0GNY9e2AG_ZHABA67UsaJbI936.PDF