



2022年第45期总78期

## 种质资源保护与创制专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 中国科学院植物所科研人员揭示淀粉代谢调控花粉育性的分子基础
2. 研究揭示草莓非生物胁迫响应新机制
3. 玫瑰种质资源评价和花香成分研究取得进展

#### ▶ 学术文献

1. 利用GUIDE - tag对CRISPR编辑进行全基因组检测
2. SSR序列分析揭示了萝卜种质资源的种内和种间遗传变异及亲缘关系

#### ▶ 相关专利

1. bHLH转录因子CsSPT及其调节黄瓜耐热能力的应用
2. CsHLS1基因或其编码的蛋白在调控黄瓜植株器官大小中的应用

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](mailto:agri@ckcest.cn)  
2022年11月11日

## ▶ 前沿资讯

### 1. 中国科学院植物所科研人员揭示淀粉代谢调控花粉育性的分子基础

**简介：**花粉中储藏的淀粉为花粉发育、萌发及花粉管伸长提供能量及碳骨架，对花粉的生物学功能和育性具有决定性作用。瞬时淀粉降解后主要以麦芽二糖形式运输到细胞质中，歧化酶2（DPE2）将麦芽二糖降解成葡萄糖，葡萄糖再经下游系列酶的催化进一步合成蔗糖，为植株的营养生长提供原料及能量。DPE2的功能在拟南芥和马铃薯中已有零星报道，但其在植物育性中的功能却几乎未见报道。中科院植物所曲乐庆研究组通过CRISPR-Cas9技术获得了水稻dpe2突变体。dpe2突变体生长发育正常，但结实率显著降低。正反交试验结果显示该突变体为雄性不育。进一步研究发现，dpe2突变体花粉发育正常，但其萌发率和花粉管生长速率均受到明显抑制；dpe2花粉中淀粉、葡萄糖和果糖含量降低，麦芽二糖含量显著升高；培养基中添加葡萄糖或ATP可以部分恢复dpe2花粉的育性表型。研究还发现，dpe2突变体中淀粉磷酸化酶Pho2的表达水平和活性显著升高；pho2突变体呈与dpe2突变体类似的雄性不育表型。这些结果表明，DPE2催化麦芽二糖降解为葡萄糖，而非其后合成的蔗糖，是花粉萌发和花粉管生长的主要能量来源。Pho2与DPE2功能存在部分冗余。该研究阐释了DPE2影响花粉育性的分子机理，对于解析淀粉代谢控制植物花粉发育和雄性不育的分子机制具有重要理论意义。同时为作物新型雄性不育技术系统的分子设计育种研究提供了借鉴和参考。该研究成果于2022年10月25日在线发表于Plant Physiology期刊上，植物所博士研究生陈良珂为论文第一作者，曲乐庆研究员为通讯作者。这项研究得到了中科院战略性先导科技专项和国家自然科学基金的资助。 文章链接：<https://doi.org/10.1093/plphys/kiac496>

**来源：**中国科学院植物研究所

**发布日期：**2022-11-01

**全文链接：**

[http://www.ib.cas.cn/2019gb/kyjz2019/202211/t20221101\\_6542533.html](http://www.ib.cas.cn/2019gb/kyjz2019/202211/t20221101_6542533.html)

### 2. 研究揭示草莓非生物胁迫响应新机制

**简介：**近日，我院林果所草莓研究室在国际主流学术期刊International Journal of Molecular Sciences（IF=6.208/Q1）在线发表了题为“Genome-wide identification, characterization, forbid expression analysis of tubby-like protein (TLP) gene family members in woodland strawberry (Fragaria vesca)”的研究论文。该研究通过对草莓FvTLP基因家族进行系统分析，揭示了FvTLP基因家族的进化模式及其在非生物胁迫应答中发挥的功能。由于草莓生长发育过程中易受到高温、低温、干旱、高盐等非生物逆境的影响，所以挖掘抗逆基因、解析草莓非生物胁迫应答机制，对草莓抗逆育种具有重要意义。该研究首先筛选获得草莓抗逆相关基因TLP，通过对FvTLP基因家族结构及进化分析进行分析，发现草莓TLP家族进化模式与其他植物中TLP家族进化模式存在差异。蛋白互作分析结果表明FvTLPs能够与FvSKP1结合形成E3泛素连接酶复合体——SCF复合体，通过调控靶蛋白降解从而发挥功能。通过基因表达分析和转基因验证，表明FvTLPs广泛参与盐碱、干旱、高低温等非生物胁迫响应并且参与草莓生长发育调控。该研究为解析草莓非生物逆境胁迫应答机制及TLP功能探究奠定了基础。林果所草莓研究室李双桃博士后为该论文第一作者，张运涛研究员和董静副研究员为通讯作者。该研

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

究得到了国家现代农业产业技术体系（CARS-24-A-14）、北京市特色作物创新团队（BAIC04-2022）、北京市农林科学院创新能力建设专项（KJ CX20200114）及北京市农林科学院博士后基金（2020-ZZ-010）项目的资助。

来源：北京市农林科学院林业果树研究所

发布日期：2022-10-28

全文链接：

<https://www.baafs.net.cn/front/technologyServices/newsDetails?id=18833>

### 3. 玫瑰种质资源评价和花香成分研究取得进展

简介：近日，我院草业花卉所在生物学-植物科学类TOP期刊《Frontiers in plant science》（IF6.627/Q1）上发表了题为“Evaluation of Rosa germplasm resources and analysis of floral fragrance components in *R. rugosa*”的研究论文。通过对玫瑰（*R. rugosa*）种质资源的综合评价和不同香型玫瑰品种花香代谢途径分析，明确了中国玫瑰的香气特征，筛选出具有较高经济价值并适于园林绿化及产业应用的品种，为玫瑰品种的优化和育种策略的制定提供科学依据，为建立具有赏药食兼用的玫瑰生态专类园奠定了理论和应用基础。玫瑰（*R. rugosa*）是蔷薇科蔷薇属落叶灌木，起源于中国，是重要的药食同源花卉。玫瑰花型秀美、花色典雅、花香馥郁，为优异的园林庭院用花，据《中国药典》、《中药大辞典》、《纲目拾遗》等药典古籍记载，还具有行气解郁、通经活血、防皱养颜等多种功效。玫瑰花中香茅醇、苯乙醇、香叶醇、芳樟醇和丁香酚等萜烯类、酚类、酯类及醇类化合物含量丰富，亦被现代医学证明具有神经保护、抗氧化、缓解焦虑、抗炎消菌和保护皮肤的作用。玫瑰因其独特的魅力深受大众追捧，产业前景广阔，经济效益显著，规模稳定增长，是助力我国实施乡村振兴战略的理想花卉。数据显示，我国玫瑰花产值2018年已突破80亿元，预计2022年有望突破110亿元。近年来，玫瑰产业快速发展的同时存在种质资源本底不清、品种退化、产品加工落后等问题，制约了发展进程。因此，科学的种质资源系统评价和产品加工工艺的改进亟待实行。根据玫瑰的植物特点，研究人员进行了连续多年的田间17个生物学性状统计和16种目标香气代谢物测定，基于以上数据通过聚类分析将玫瑰等蔷薇属芳香材料【包括玫瑰、现代香味月季（*R. hybrida*）和经典蔷薇芳香种】分成若干类别，明确了玫瑰的香气特性和属内地位，通过层次分析法筛选出具有较高经济价值并适于园林及健康产业应用的品种。进一步选取3个不同香型的玫瑰品种，进行花瓣中挥发性代谢物分析。检测出156种挥发性有机化合物（VOC），通过正交偏最小二乘法判别分析构建OPLS-DA模型挖掘差异代谢物，探究了差异代谢物在单萜类生物合成途径和苯丙氨酸、酪氨酸和色氨酸的生物合成途径中的含量变化规律。玫瑰的芳香成分可应用于园艺疗法、美妆护肤等医疗健康产业，研究结果为蔷薇属种质资源的高效利用和玫瑰功能性的开发提供了基础。

来源：北京市农林科学院草业花卉与景观生态研究所

发布日期：2022-10-18

全文链接：

<https://www.baafs.net.cn/front/news/newsDetails?id=18807&type=215>

## 学术文献

### 1. Genome-wide detection of CRISPR editing in vivo using

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

## **GUIDE-tag (利用GUIDE - tag对CRISPR编辑进行全基因组检测)**

**简介:** Analysis of off-target editing is an important aspect of the development of safe nuclease-based genome editing therapeutics. *in vivo* assessment of nuclease off-target activity has primarily been indirect (based on discovery *in vitro*, in cells or via computational prediction) or through ChIP-based detection of double-strand break (DSB) DNA repair factors, which can be cumbersome. Herein we describe GUIDE-tag, which enables one-step, off-target genome editing analysis in mouse liver and lung. The GUIDE-tag system utilizes tethering between the Cas9 nuclease and the DNA donor to increase the capture rate of nuclease-mediated DSBs and UMI incorporation via Tn5 tagmentation to avoid PCR bias. These components can be delivered as SpyCas9-mSA ribonucleoprotein complexes and biotin-dsDNA donor for *in vivo* editing analysis. GUIDE-tag enables detection of off-target sites where editing rates are  $\geq 0.2\%$ . UDiTaS analysis utilizing the same tagmented genomic DNA detects low frequency translocation events with off-target sites and large deletions *in vivo*. The SpyCas9-mSA and biotin-dsDNA system provides a method to capture DSB loci *in vivo* in a variety of tissues with a workflow that is amenable to analysis of gross genomic alterations that are associated with genome editing.

**来源:** Nature Communications

**发布日期:**2022-01-13

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/15/Csgk0GNuDG-ANj-TADW0nOKNkOQ711.pdf>

## **2. SSR-Sequencing Reveals the Inter- and Intraspecific Genetic Variation and Phylogenetic Relationships among an Extensive Collection of Radish (*Raphanus*) Germplasm Resources (SSR序列分析揭示了萝卜种质资源的种内和种间遗传变异及亲缘关系)**

**简介:** *Raphanus* has undergone a lengthy evolutionary process and has rich diversity. However, the inter- and intraspecific phylogenetic relationships and genetic diversity of this genus are not well understood. Through SSR-sequencing and multi-analysis of 939 wild, semi-wild and cultivated accessions, we discovered that the European wild radish (EWR) population is separated from cultivated radishes and has a higher genetic diversity. Frequent intraspecific genetic exchanges occurred in the whole cultivated radish (WCR) population; there was considerable genetic differentiation within the European cultivated radish (ECR) population, which could drive radish diversity formation. Among the ECR subpopulations, European primitive cultivated radishes (EPCRs) with higher genetic diversity are most closely related to the EWR population and exhibit a gene flow with rat-tail radishes (RTRs) and black radishes (BRs)/oil radishes (ORs). Among Asian cultivated radishes (ACRs), Chinese big radishes (CBRs) with a relatively high diversity are furthest from the EWR population, and most Japanese/Korean big radishes (JKBRs) are close to CBR accessions, except for a few old Japanese landraces that are closer to the EPCR. The CBR and JKBR accessions are independent of RTR accessions; however, phylogenetic analysis indicates that the RTR is sister to the clade of CBR (including JWR), which suggests that the RTR may share the most recent common ancestry with CBRs and JWRs. In addition, Japanese wild

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

radishes (JWRs), (namely, *R. sativus* forma raphanistroides) are mainly scattered between CBRs and EPCRs in PCoA analysis. Moreover, JWRs have a strong gene exchange with the JKBR, OR and RTR subpopulations. American wild radishes (AWRs) are closely related to European wild and cultivated radishes, and have a gene flow with European small radishes (ESRs), suggesting that the AWR developed from natural hybridization between the EWR and the ESR. Overall, this demonstrates that Europe was the origin center of the radish, and that Europe, South Asia and East Asia appear to have been three independent domestication centers. The EPCR, AWR and JWR, as semi-wild populations, might have played indispensable transitional roles in radish evolution. Our study provides new perspectives into the origin, evolution and genetic diversity of *Raphanus* and facilitates the conservation and exploitation of radish germplasm resources.V

来源: Biology

发布日期:2021-10-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/43/Csgk0YfEv9yANE4EAUz9uttGHr0706.pdf>

## ➤ 相关专利

### 1. bHLH转录因子CsSPT及其调节黄瓜耐热能力的应用

**简介:** 本发明属于生物技术领域, 公开了bHLH转录因子CsSPT及其调节黄瓜耐热能力的应用。本发明研究发现, 高温条件下, C<sub>sspt</sub>突变体植株中电解质、丙二醛、谷胱甘肽和超氧阴离子含量提高, 脯氨酸Pro含量降低。转录组分析表明, 与WT植株相比, C<sub>sspt</sub>植株的光合系统和叶绿体组分在高温胁迫下极不稳定。在高温环境下, HSF和HSP家族基因在C<sub>sspt</sub>和WT植株中具有相同的上调表达模式。这些结果表明, CsSPT通过招募光合作用组分、信号通路分子和转录因子来调控高温反应。研究结果为黄瓜的热响应性提供了重要的见解, 并为培育耐热作物提供了潜在的有价值的靶基因。

来源: 佰腾网

发布日期:2022-11-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/15/Csgk0GNuDOKAPkLWABKyBdRMs0929.pdf>

### 2. CsHLS1基因或其编码的蛋白在调控黄瓜植株器官大小中的应用

**简介:** 本发明公开了CsHLS1基因或其编码的蛋白在调控黄瓜植株器官大小中的应用, 涉及农业生物技术领域。本发明通过筛选发现了黄瓜CsHLS1基因与黄瓜叶片大小相关, 黄瓜小叶突变体‘11?1’的株高、叶片面积、果实长度、以及开花当天雄花和子房较野生型‘649’显著减小, 该基因能够应用于筛选叶片大小合适的黄瓜品种, 用于对黄瓜株型进行改良。

来源: 佰腾网

发布日期:2022-09-02

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/43/Csgk0YfEwlGAITN AAnwM5RmxCE664.pdf>

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