



2022年第46期总79期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 中国农业科学院基因组所发布首个当归基因组，研究解析香豆素合成和进化机制
2. 华中农业大学揭示油菜含油量的基因调控网络
3. 山东农业大学郑成超、吴长艾课题组发现植物DNA去甲基化调控的新机制

▶ 学术文献

1. 对声称对第一个商业化基因组编辑植物进行检测和定量的实时PCR方法的评估
2. GREPore-seq: 通过长距离PCR和纳米孔测序检测基因编辑后变化的稳健工作流程

▶ 相关专利

1. 一种抗寒花椰菜种质的制备方法及应用
2. 枫叶型黄瓜植物

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

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11月18日

▶ 前沿资讯

1. 中国农业科学院基因组所发布首个当归基因组，研究解析香豆素合成和进化机制

简介：“山药，当归，枸杞，GO”，周杰伦的《本草纲目》中有一句耳熟能详的歌词。当归 (*Angelica sinensis*)，被誉为“血中圣药”，具有润肠通便、补血活血、调经止痛之功效。在《药学辞典》中记载道“因能调气养血，使气血各有所归，故名“当归”。当归不仅能入药，还常常用来煲汤，著名的补血养血的“四物汤”的原料就包括当归。近日，中国农业科学院基因组所王丽课题组组装完成了首个伞形科当归属重要药用植物当归的染色体级别参考基因组序列，解析破译了当归调气养血奥秘，为伞形科植物进化提供了新见解，揭示了镇痛补血主要成分—香豆素类化合物的合成和进化机制。相关研究成果发表在《植物杂志 (The Plant Journal)》上。研究人员利用HiFi和Hi-C技术开展了当归的全基因组测序和组装，组装得到基因组大小为2.37 Gb(Contig N50为25.42 Mb)，组装完整率98.6%，共注释得到43,202个基因。研究发现当归与伞形科植物水芹大约在2,770万年前发生分化，并经历一次芹亚科特有的全基因组加倍事件。研究人员通过基因组、转录组和代谢组分析，对当归简单香豆素合成基因及其转录因子进行研究，筛选了当归中简单香豆素合成和调控的关键基因。如调控伞形花内酯合成的COSY，秦皮乙素合成的F6’H和相应的转录因子NAC和MYB等。以上结果为香豆素类化合物的生物合成提供了新的思路，并为加快香豆素类化合物的遗传学研究和医学应用提供了基础。呋喃香豆素类在被子植物中主要分布在四个科：伞形科、桑科、芸香科和豆科。该论文系统研究了呋喃香豆素合成路径中的限速酶prenyltransferase (PT) 基的进化历史。通过分析PT基因从苔藓植物到被子植物的演化历史，阐明PT基因重复的时间和机制，表明呋喃香豆素合成在伞形科、桑科、芸香科和豆科中独立进化。该研究结果为呋喃香豆素合成在被子植物中的进化机制提供了重要的见解。基因组所王丽研究员和莫道克大学任永林教授为论文的通讯作者。博士生韩晓栩和博士后李诚为论文的共同第一作者。该研究得到了国家重点研究与发展计划(2020YFA0907900)、国家自然科学基金(32070242)、深圳市科技计划(KQTD2016113010482651)、深圳市大鹏新区科技创新与产业发展专项基金(RC201901-05, PT201901-19)、中国博士后科学基金(2020M672904)、广东省基础及应用基础研究基金(2020A1515110912)的支持。原文链接：<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.16007>

来源：中国农业科学院农业基因组研究所

发布日期：2022-11-15

全文链接：

<https://agis.caas.cn/xwzx/kyjz/9fac97216e4d4476ae3deee9d3ba8da6.htm>

2. 华中农业大学揭示油菜含油量的基因调控网络

简介：11月7日，华中农业大学油菜团队联合生物信息团队在Genome Biology发表了题为“Comprehensive transcriptional variability analysis reveals gene networks regulating seed oil content of *Brassica napus*”的研究论文。该研究全面描述了油菜种子发育过程中转录组变异调控图谱，并结合机器学习与深度学习算法挖掘了油菜种子含油量调控新基因，研究结果为多倍体植物的不对称调控提供了借鉴。基因表达调控在植物表型和适应性中起着至关重要的作用。遗传变异可以通过影响基因表达进而调

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

控植物的表型，表达数量性状位点（eQTL）研究将基因组变异和基因表达性状联系起来，在解析植物性状的关键基因和调控网络方面发挥了重要作用。群体转录组数据为解析遗传变异到表型架起了桥梁。热点eQTL的解析可以帮助挖掘关键调控因子，最终构建基因调控网络。对于多倍体植物，eQTL也可以帮助解析亚基因组间调控特征。甘蓝型油菜是世界上重要的油料作物，提高种子含油量是油菜重要的育种目标之一。油菜是异源四倍体，基因组十分复杂，含油量基因的克隆和调控网络解析在现阶段依然充满挑战。该研究对开花后20天（20 DAF）和40天（40 DAF）两个发育阶段的油菜种子的转录变异进行了全面分析并且构建了调控图谱。在20 DAF和40 DAF分别检测到79,605和76,713个表达的基因以及53,759和53,550个独立的eQTL（图1）。首次在油菜中将eQTL和染色质可及性相结合，发现当相邻的基因对受到local eQTL的调控且具有相同的染色质开放状态时，能表现出更强的基因表达捎带模式。多倍体植物的亚基因组之间普遍存在不平衡的调节。eQTL分析也为剖析多倍体植物亚基因组间遗传调控和了解异源多倍体亚基因组间同源基因对（HGPs）表达特征提供了丰富的信息。本研究发现油菜An亚基因组相对于Cn亚基因组，具有更丰富的变异和更高的eQTL分布密度。亚基因组间比较分析表明，同源基因对存在反馈调控，以维持部分基因的表达剂量平衡。此外，本研究鉴定了141个热点eQTL，并且在A09染色体上确定了一个影响含油量的关键热点，69.73%的含油量全转录组关联分析显著基因的eQTL与该热点共定位。为了进一步预测该热点中影响含油量的关键调控因子和调控网络，该研究使用了856个RNA-seq和59个ATAC-seq数据集构建了XGBoost和Basenji模型，预测并验证了转录因子NAC13和SCL31是含油量的正向调控因子。该研究全面表征了油菜发育中种子的基因调控特征，并构建了油菜eQTL数据库。重点利用多组学分析方法对调控油菜含油量的热点eQTL候选基因进行了预测，成功克隆了两个调控含油量的转录因子，并构建了油菜种子含油量的调控网络。研究结果为多倍体植物的亚基因组不对称调控提供了基础和丰富的遗传资源，也为油菜含油量遗传改良提供重要理论依据。华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室博士生谭增栋为该论文第一作者，赵虎博士、郭亮教授和谢为博教授为该论文通讯作者。德国吉森大学Rod Snowdon教授和Agnieszka Golicz博士、华中农业大学刘克德教授、姚璇副教授和鲁少平副研究员等参与了该研究。该研究受到国家杰出青年科学基金、国家自然科学基金青年基金和湖北洪山实验室重大项目资助。

来源：华中农业大学植物科学技术学院

发布日期：2022-11-09

全文链接：

<http://news.hzau.edu.cn/2022/1109/65044.shtml>

3. 山东农业大学郑成超、吴长艾课题组发现植物DNA去甲基化调控的新机制

简介：DNA甲基化是一种重要的表观遗传学修饰，在植物、动物和细菌中广泛存在，它参与多种生物学过程。基因组整体的DNA甲基化水平不仅取决于DNA甲基化的建立和维持，而且取决于DNA去甲基化的程度。鉴定新的DNA去甲基化调节因子对揭示基因组DNA甲基化水平调控机制十分关键。JIPB 近日在线发表了山东农业大学郑成超、吴长艾课题组题为“DEMETHYLATION REGULATOR 1 regulates DNA demethylation of the nuclear and mitochondrial genomes”的研究论文（<https://doi.org/10.1111/jipb.13386>）。该研究发现了一个新的DNA去甲基化调节因子DEM1，DEM1不仅参与核基因组和线粒体基因组DNA的去甲基化，而且在植物发育

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

和逆境反应中起到重要作用。利用CHOP-PCR技术检测选定位点的甲基化水平并且基于全基因组重亚硫酸氢盐测序的数据,发现demr1突变体全基因组DNA甲基化水平明显升高。体内和体外实验证明DEM1直接与DNA去甲基化酶关键基因ROS1启动子结合, demr1突变体中ROS1基因启动子的DNA甲基化水平比野生型降低了60%, ROS1的转录水平显著降低。demr1突变体中约40%的高度差异甲基化区域(hyper-DMRs)同样存在于ros1突变体中,遗传分析表明DEM1作用于ROS1上游,在种子萌发和幼苗建成阶段正调节ABA信号。此外,DEM1功能的丧失会导致线粒体基因组DNA甲基化水平升高,线粒体结构受损。总之,该研究表明,DEM1是一个新的核基因组和线粒体基因组DNA的去甲基化调节因子,参与植物的生长发育和逆境应答过程。 山东农业大学生命科学学院博士研究生王镇和北京生命科学研究所以后郑昊为论文共同第一作者,郑成超教授和吴长艾教授为通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金的资助。

来源: 山东农业大学生命科学学院

发布日期:2022-10-20

全文链接:

<http://life.sdau.edu.cn/2022/1020/c2448a210387/page.htm>

► 学术文献

1. Assessment of the Real-Time PCR Method Claiming to be Specific for Detection and Quantification of the First commercialised Genome-Edited Plant (对声称对第一个商业化基因组编辑植物进行检测和定量的实时PCR方法的评估)

简介: A real-time PCR method was recently published with a claim to be specific for the detection and identification of some genome-edited oilseed rape (OSR) lines commercialised in North America. The method was designed to detect a single base mutation in the AHAS1C gene, which confers herbicide tolerance. The authors claim that the method is event-specific for the genome-edited OSR line 5715 and fulfils all requirements for GMO analytical methods according to EU regulations. We have thoroughly assessed the method in relation to the minimum performance requirements (MPR) established by the European Network of GMO Laboratories (ENGL). The method was found to be sufficiently sensitive and robust when tested with pure genomic DNA of the OSR line 40 K. However, our results show that the method is not event-specific and detects also OSR lines carrying the same point mutation caused by somaclonal variation. Moreover, impaired robustness was observed using non-modified genomic DNA at the amount specified in the original protocol. Significant non-specific PCR amplifications with PCR products as non-target template DNA and with genomic DNA from numerous OSR varieties as well as from wild radish were found by three ISO/IEC 17025 accredited reference laboratories in tests using different master mixes and PCR cycler models. The assessment shows that the method does not meet the MPR for qualitative PCR methods and therefore is not fit-for-purpose for official controls of genetically modified products in the EU. Suggestions are provided for conditions under which analytical methods for genome-edited organisms should be validated.

来源: Food Analytical Methods

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

发布日期:2022-08-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/44/Csgk0YfTPlEAYzEVADftL20RWAI714.pdf>

2. GREPore-seq: A robust workflow to detect changes after gene editing through long-range PCR and nanopore sequencing (GREPore-seq: 通过长距离PCR和纳米孔测序检测基因编辑后变化的稳健工作流程)

简介: To achieve the enormous potential of gene-editing technology in clinical therapies, one needs to evaluate both the on-target efficiency and unintended editing consequences comprehensively. However, there is a lack of a pipelined, large-scale, and economical workflow for detecting genome editing outcomes, in particular insertion or deletion of a large fragment. Here, we describe an approach for efficient and accurate detection of multiple genetic changes after CRISPR/Cas9 editing by pooled nanopore sequencing of barcoded long-range PCR products. Recognizing the high error rates of Oxford nanopore sequencing, we developed a novel pipeline to capture the barcoded sequences by grepping reads of nanopore amplicon sequencing (GREPore-seq). GREPore-seq can assess nonhomologous end-joining (NHEJ)-mediated double-stranded oligodeoxynucleotide (dsODN) insertions with comparable accuracy to Illumina next-generation sequencing (NGS). GREPore-seq also reveals a full spectrum of homology-directed repair (HDR)-mediated large gene knock-in, correlating well with the fluorescence-activated cell sorting (FACS) analysis results. Of note, we discovered low-level fragmented and full-length plasmid backbone insertion at the CRISPR cutting site. Therefore, we have established a practical workflow to evaluate various genetic changes, including quantifying insertions of short dsODNs, knock-ins of long pieces, plasmid insertions, and large fragment deletions after CRISPR editing. GREPore-seq is freely available at GitHub (<https://github.com/lisiang/GREPore-seq>) and the National Genomics Data Center (NGDC) BioCode

来源: Genomics, Proteomics & Bioinformatics

发布日期:2022-07-13

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/16/Csgk0GN8iVGALyahABLweesNigI170.pdf>

➤ 相关专利

1. 一种抗寒花椰菜种质的制备方法及应用

简介: 本发明公开了一种抗寒花椰菜种质的制备方法。它是将花椰菜松散型胚性愈伤组织作为材料采用EMS培养基进行离体诱变，并以羟脯氨酸筛选诱变细胞系，通过低温环境再生获得花椰菜抗寒植株，为抗寒花椰菜品种选育奠定基础。利用低温和羟脯氨酸结合筛选诱变的松散型胚性愈伤组织，其筛选可靠、效率高。本发明的方法胚性愈伤组织很容易获得再生植株，一旦获得突变的愈伤组织，随后就可以获得再生突变株，而不需要再进行愈伤组织再生的诱导，为育种节约了时间。

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

来源: 智慧芽

发布日期:2022-09-09

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/16/Csgk0GN8j0qA01vKAAXpTVBN-nE125.pdf>

2. 枫叶型黄瓜植物

简介: 提供了一种具有枫叶型裂叶的突变体黄瓜植物CC81221或其衍生的具有枫叶型叶片单隐性核基因的黄瓜植物, 还提供了枫叶型黄瓜植物的选育、分子鉴定和应用方法。

来源: 智慧芽

发布日期:2017-10-05

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/16/Csgk0GN8kVKAT5gyADTJaRGo92U922.pdf>