



2022年第48期总81期

## 种质资源保护与创制专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 研究揭示植物营养生长的表观遗传协同调控新机制
2. 基因中心植物质谱成像技术入选Trends in Plant Science 月度技术
3. 研究解析当归高质量基因组并揭示香豆素合成进化机制

#### ▶ 学术文献

1. 花椰菜花叶病毒P6功能失调组蛋白去乙酰化酶HD2C促进病毒感染
2. 花椰菜miRNA和lncRNA的全基因组预测及其在转录后基因调控中的作用

#### ▶ 相关专利

1. CsSEC23基因在提高黄瓜果皮光泽性中的应用
2. 兼抗四种植物病毒的6种黄瓜花叶病毒RNA2突变型质粒及其应用

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](mailto:agri@ckcest.cn)  
2022年12月2日

## ▶ 前沿资讯

### 1. 研究揭示植物营养生长的表观遗传协同调控新机制

**简介:** 近日,中国农业科学院生物技术研究所玉米功能基因组团队解析了植物高光效和高产等多重发育程序的表观遗传协同调控分子机理,首次揭示了真核生物中不同的表观遗传修饰间的互作关系和功能,为研究植物生长发育、环境适应性及高产稳产作物培育提供了新的方向。相关研究成果发表在《前沿科学(Advanced Science)》上。植物的营养生长受多重发育程序的调控,并直接影响种子发育和作物产量。但植物响应环境、平衡复杂的发育程序以维持营养生长阶段能量积累和快速生长的分子机制目前尚不清楚。该研究发现植物特异蛋白EMF1能调控RNA甲基化和组蛋白修饰在全基因组水平上的协作关系,在植物营养生长阶段可同时作为抑制子和激活子调控特定的开花、种子发育以及叶绿体发育和光合作用等关键下游靶基因转录。两个不同的作用方式精确调控了植物正常的营养生长,促进了植物的光合作用,从而为植物生殖生长和种子的形成积累了能量。该研究不仅为植物表观遗传和基因组学相关研究提供了重要数据资源,而且深入揭示了RNA甲基化在染色质表观修饰可塑性的贡献,并为复杂的表观调控网络在作物高光效、高产等基因转录调控中的作用提供了新认知。该研究得到了国家自然科学基金、国家重点研发计划、中国农业科学院科技创新工程等项目支持。(通讯员 崔艳) 原文链接: <https://doi.org/10.1002/adv.202204885>

**来源:** 中国农业科学院生物技术研究所

**发布日期:** 2022-11-25

**全文链接:**

<https://www.caas.cn/xwzx/kyjz/324774.html>

### 2. 基因中心物质谱成像技术入选Trends in Plant Science月度技术

**简介:** 近日,基因中心作物品质控制与多组学技术创新团队在国际权威学术期刊Trends in Plant Science(IF=22.012,中科院一区TOP)发表题目为“Mass Spectrometry Imaging Techniques: A Versatile Toolbox for Plant Metabolomics”的Technology of the Month论文。基因中心殷志斌副研究员为论文第一作者,黄文洁为第二作者,晏石娟研究员和Alisdair R. Fernie教授为共同通讯作者。传统的植物代谢组学旨在揭示特定条件下植物组织中含有的代谢物种类及其含量的全局特征,然而对植物组织中代谢物进行精准空间定位在阐明代谢物的合成、转运及调控机制方面具有重要意义。质谱成像(Mass spectrometry imaging, MSI)以其无需探针标记、非特异性检测、可一次分析同时获得多个代谢物分子的空间分布等优势,为传统代谢组学分析提供了全新的可视化视角和多维的信息深度。按照离子源不同,可将质谱成像技术分为基质辅助激光解吸/电离质谱成像(MALDI-MSI)技术、二次离子质谱成像(SIMS imaging)技术、解吸电喷雾电离质谱成像(DESI-MSI)技术、激光溅射-电喷雾电离(LA-ESI-MSI)质谱成像等(如图1所示)。随着质谱技术中各种采样/电离方法和质量分析器的不断提升,使得新兴MSI技术可以提供不同组织类型、空间分辨率、质量分辨率、分析速度、检测灵敏度等的定制分析。例如,利用MALDI-MSI技术可以获得玉米种子中糖类、氨基酸类、脂类等多种代谢物随不同萌发时间的空间分布成像变化(如图2所示)。通过这些功能性代谢物的组织特异性分布信息,可为作物种子的生长、发育和生物/非生物胁迫响应

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

等调控机制提供更深入的见解。尽管目前新兴的MSI技术在植物代谢组学研究中的应用仍然较少,但随着高空间分辨质谱成像技术的不断发展和完善,相信该技术将会在植物单细胞研究中展现更广阔的应用前景。本研究得到广东省重点领域研发计划、广东省“特支计划”科技创新青年拔尖人才、广州市“青年科技人才托举工程”项目等多个科研项目的资助。原文链接:  
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1360138522002941#!>

来源:广东省农业科学院农业生物基因研究中心

发布日期:2022-11-24

全文链接:

[http://www.agrogene.ac.cn/news\\_view.asp?Id=385](http://www.agrogene.ac.cn/news_view.asp?Id=385)

### 3. 研究解析当归高质量基因组并揭示香豆素合成进化机制

**简介:** 近日,中国农业科学院深圳农业基因组研究所经济作物全基因组设计育种创新团队发布首个伞形科药用植物当归染色体级别参考基因组序列,并揭示了香豆素类化合物合成和进化机制,为伞形科植物进化提供了新见解。相关研究成果发表在《植物杂志(The Plant Journal)》上。当归是伞形科草本植物,具有润肠通便、补血活血、调经止痛之功效。然而当归的全基因组尚未被报道,限制了其遗传发育、药材品质以及分子育种的研究。研究人员对当归进行了全基因组测序和组装,基因组大小为2.37 Gb,组装完整率为98.6%,共注释得到43202个基因。首次发现当归与伞形科植物水芹大约在2770万年前发生分化,并经历一次芹亚科特有的全基因组加倍事件,初步解释了当归基因组的进化规律。同时,筛选得到当归中简单香豆素合成和调控的关键基因,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。该研究得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金、深圳市科技计划、中国博士后科学基金、广东省基础及应用基础研究基金等项目的支持。(通讯员马昕怡) 原文链接:  
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.16007>

来源:中国农业科学院深圳农业基因组研究所

发布日期:2022-11-22

全文链接:

<https://www.caas.cn/xwzx/kyjz/324600.html>

## ➤ 学术文献

### 1. Cauliflower mosaic virus P6 Dysfunctions Histone Deacetylase HD2C to Promote Virus Infection (花椰菜花叶病毒P6功能失调组蛋白去乙酰化酶HD2C促进病毒感染)

**简介:** Histone deacetylases (HDACs) are vital epigenetic modifiers not only in regulating plant development but also in abiotic- and biotic-stress responses. Though to date, the functions of HD2C—an HD2-type HDAC—in plant development and abiotic stress have been intensively explored, its function in biotic stress remains unknown. In this study, we have identified HD2C as an interaction partner of the Cauliflower mosaic virus (CaMV) P6 protein. It functions as a positive regulator in defending against CaMV infection. The hd2c

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

mutants show enhanced susceptibility to CaMV infection. In support, the accumulation of viral DNA, viral transcripts, and the deposition of histone acetylation on the viral minichromosomes are increased in hd2c mutants. P6 interferes with the interaction between HD2C and HDA6, and P6 overexpression lines have similar phenotypes with hd2c mutants. In further investigations, P6 overexpression lines, together with CaMV infection plants, are more sensitive to ABA and NaCl with a concomitant increasing expression of ABA/NaCl-regulated genes. Moreover, the global levels of histone acetylation are increased in P6 overexpression lines and CaMV infection plants. Collectively, our results suggest that P6 dysfunctions histone deacetylase HD2C by physical interaction to promote CaMV infection.

来源: Cells

发布日期:2021-09-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/45/Csgk0YfoMdmAeOWsABS7eFp12bA661.pdf>

## **2. Genome-wide prediction of cauliflower miRNAs and lncRNAs and their roles in post-transcriptional gene regulation (花椰菜miRNA和lncRNA的全基因组预测及其在转录后基因调控中的作用)**

简介: Cauliflower (*Brassica oleracea* var. *Botrytis*) is an important vegetable crop for its dietary and medicinal values with rich source of vitamins, dietary fibers, flavonoids and antioxidants. MicroRNAs (miRNAs) are small non-coding RNAs (ncRNAs), which regulate gene expression by inhibiting translation or by degrading messenger RNAs (mRNAs). On the other hand, long non-coding RNAs (lncRNAs) are responsible for the up regulation and the down regulation of transcription. Although the genome of cauliflower is reported, yet the roles of these ncRNAs in post-transcriptional gene regulation (PTGR) remain elusive. In this study, we have computationally predicted 355 miRNAs, of which 280 miRNAs are novel compared to miRBase 22.1. All the predicted miRNAs belong to 121 different families. We have also identified 934 targets of 125 miRNAs along with their functional annotation. These targets are further classified into biological processes, molecular functions and cellular components. Moreover, we have predicted 634 lncRNAs, of which 61 are targeted by 30 novel miRNAs. Randomly chosen 10 miRNAs and 10 lncRNAs are experimentally validated. Five miRNA targets including squamosa promoter-binding-like protein 9, homeobox-leucine zipper protein HDG12-like, NAC domain-containing protein 100, CUP-SHAPED COTYLEDON 1 and kinesin-like protein NACK2 of four miRNAs including bol-miR156a, bol-miR162a, bol-miR164d and bol-miR2673 are also experimentally validated. We have built network models of interactions between miRNAs and their target mRNAs, as well as between miRNAs and lncRNAs. Our findings enhance the knowledge of non-coding genome of cauliflower and their roles in PTGR, and might play important roles in improving agronomic traits of this economically important crop.

来源: Planta

发布日期:2021-04-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/45/Csgk0YfoMUyARfsDACsCT77I0-E238.pdf>

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. CsSEC23基因在提高黄瓜果皮光泽性中的应用

**简介：**本发明公开了CsSEC23基因在提高黄瓜果皮光泽性中的应用。黄瓜果皮光泽调控基因，为黄瓜CsSEC23基因，核苷酸序列如SEQ ID NO. 1所示。本发明通过筛选发现了黄瓜CsSEC23基因与黄瓜果皮光泽性相关，黄瓜果皮光泽突变体‘gp1’的果皮光泽性较野生型‘649’显著提高，该基因能够用于筛选果皮高光泽性的黄瓜品种，用于对黄瓜品质进行改良。

**来源：**佰腾网

**发布日期：**2022-11-11

**全文链接：**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/18/Csgk0GOW1MOAb7iDAAo119Pj6VI084.pdf>

### 2. 兼抗四种植物病毒的6种黄瓜花叶病毒RNA2突变型质粒及其应用

**简介：**本发明公开了一组兼抗四种植物病毒的黄瓜花叶病毒(CMV)RNA2突变型质粒及其应用，属于植物病毒学和分子生物学技术领域。在先前获得的CMV RNA2的2b蛋白缺失型突变体pCCFR2?2bPTIII基础上，本发明进一步在新的2b蛋白终止密码子后分别插入不同排列次序的TMV、TVBMV和PVY的保守片段，得到6个含有TMV、TVBMV和PVY不同排列次序基因片段的黄瓜花叶病毒RNA2的2b蛋白缺失型突变体，该组质粒转化农杆菌后，分别与含有CMV Fny野生型RNA1和野生型RNA3质粒的农杆菌混合后预先接种，可以预防CMV、TMV、TVBMV和PVY强毒株系的侵染，可作为兼抗CMV、TMV、TVBMV和PVY的四价弱毒疫苗。

**来源：**佰腾网

**发布日期：**2022-08-23

**全文链接：**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/46/Csgk0YftjweAI7fCAB2qQY2EHhw235.pdf>