



2023年第57期总90期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 基因组所研发出植物线粒体基因组组装新工具GSAT
2. 白菜T2T基因组揭示着丝粒快速进化特征
3. 中国农大张小兰课题组揭示黄瓜雌蕊育性调控新机制

▶ 学术文献

1. 了解RNA编辑及其在基因编辑中的应用
2. 盐度驯化通过引发叶片的一系列生理过程来缓解番茄幼苗的盐胁迫

▶ 相关专利

1. 一种分析转基因植物中DNA整合信息的方法及用途
2. 一种提高转基因植物种子中 α -亚麻酸含量的方法

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
2023年2月3日

▶ 前沿资讯

1. 基因组所研发出植物线粒体基因组组装新工具GSAT

简介:近日,基因组所武志强课题组在《生物信息学简报(Briefing in Bioinformatics)》在线发表了题为“Master graph: an essential integrated assembly model for the plant mitogenome based on a graph-based framework”的研究论文,报道了一种新的植物图形化线粒体基因组的构建策略与组装工具GSAT (graph-based sequence assembly toolkit),并应用在模式物种水稻和拟南芥中。同于大多数植物叶绿体基因组和动物线粒体基因组保守的单一环状分子结构,植物线粒体基因组的分子结构相对更加复杂和多变。植物线粒体基因组的大小变幅很大,从68 kb (*Viscum scurruloideum*)到11,319 kb (*Silene conica*),相差可达百倍以上;序列重组十分频繁,具有包括环状、线状、分枝状等多种不同的分子结构。但其基因编码序列则高度保守,突变速率远低于核基因组和叶绿体基因组。然而,现有的植物线粒体基因组组装工具仍然倾向于产生一个或多个环状序列作为最终组装形式,对于线粒体基因组多样化的结构信息难以进行充分解析。因此,目前仍然缺乏系统性的可靠工具来探索植物线粒体基因组的完整结构信息,这也是导致植物线粒体基因组的完成程度远远落后于动物线粒体基因组和植物叶绿体基因组的主要原因。为了实现植物线粒体基因组结构信息的完整评估,我们提出了图形化线粒体基因组的组装形式,以涵盖其所有序列和结构形式。借助于植物线粒体基因组常用的主环(Mater circle)模型,我们将图形化线粒体基因组称为主图(Master graph),其中包含了所有化学计量水平的线粒体DNA序列和潜在结构信息。在此基础上,我们开发了植物线粒体基因组组装新工具GSAT(下载地址:<https://github.com/hwc2021/GSAT>),能够利用二、三代高通量基因组测序数据,通过图形化比对策略快速组装获得植物的图形化线粒体基因组。研究人员将GSAT应用于两个模式植物物种水稻和拟南芥线粒体基因组主图(MMG)的组装。水稻和拟南芥的MMG长度分别为346,562 bp和358,041 bp,分别包含9个和6个contig,12个和8个link,可分别进一步分为6个和3个最小主环与4个和2个最小次环。拟南芥的核-线粒体转移片段(NUMTs)对线粒体基因组中同源结构的频率评价有很强的影响,而水稻的NUMTs则影响相对较弱。两个物种的线粒体-叶绿体转移片段(MTPTs)对MMG的评估没有影响。对所有潜在的重组结构进行了分析,结果显示,除了核基因组同源结构外,MMG结构的出现频率比非MMG结构高得多。这些结果充分展示了线粒体基因组分子结构的多样性。对潜在环状和线状结构的分析进一步支持了水稻和拟南芥线粒体基因组中的多种主要结构,并可完全反映在MMG中(图2)。本研究为组装和应用图形化植物线粒体基因组来评估其泛结构变异提供了一个高效和准确的研究模型,并为后续的进化和功能研究奠定了重要基础。基因组所博士后贺文闯为论文第一作者,课题组长武志强研究员为论文通讯作者。基因组所博士后向坤莉、剑桥大学博士后陈菜金、基因组所研究生王杰也参与了该研究。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、中国农业科学院青年英才项目的支持。文链接:<https://doi.org/10.1093/bib/bbac522>

来源:中国农业科学院深圳农业基因组研究所

发布日期:2023-01-31

全文链接:

<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/6a8fd3ef683e47cf93879d34d8ca73b8.htm>

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

2. 白菜T2T基因组揭示着丝粒快速进化特征

简介: 白菜类蔬菜 (*Brassica rapa*) 是世界上栽培历史最悠久的蔬菜作物之一, 是我国栽培面积最大的叶用蔬菜。作为芸薹属作物中第一个完成基因组测序的物种 (Wang et al., 2011), 白菜参考基因组 (Chiifu v1.5、v2.5和v3.0) 为白菜类作物的基因组研究和遗传改良奠定重要基础, 同时也为其他芸薹属作物的基因组组装工作提供重要参考。但是白菜参考基因组 (Chiifu v3.0) 仍然存在几百个未组装的缺口, 其10条染色体的着丝粒结构组装均不完整。近日, 中国农业科学院蔬菜花卉研究所分子育种创新团队在植物科学领域国际权威期刊《植物生物技术》 (*Plant Biotechnology Journal*, IF=13.3) 在线发表了一篇题为 “A near-complete genome assembly of *Brassica rapa* provides new insights into the evolution of centromeres” 的研究论文。该研究获得白菜接近完整组装的基因组, 揭示白菜着丝粒的快速进化特征。该团队利用ONT和Hi-C等测序结合的组装策略, 获得了白菜T2T基因组Chiifu v4.0。该基因组包含424.59 Mb序列、12条contigs, 其Contig N50值为38.26 Mb, 是目前已发表的芸薹属基因组中最高的。Chiifu v4.0填补了Chiifu v3.0中绝大多数gap, 完成了8条染色体从端粒到端粒的完整组装, 仅有2条染色体仍存在一个缺口的组装; 该基因组是目前最为完整的白菜类作物基因组组装。基于白菜Chiifu v4.0基因组, 研究发现白菜着丝粒区域主要富集ALE和CRM类型的LTRs; 通过比较不同白菜亚种间的着丝粒序列, 发现白菜亚种间着丝粒序列相似性较低, 说明白菜亚种间着丝粒分化显著; 进一步研究发现, 着丝粒区域主要富集Copia类型的LTRs, 而泛着丝粒区域主要富集Gypsy类型的LTRs, 而且发现着丝粒区域的LTRs插入时间要显著晚于泛着丝粒区域。这些结果暗示, 白菜的着丝粒区域经历着快速进化, 而LTRs的插入可能是导致着丝粒快速进化的因素之一。该研究获得的白菜接近完整的T2T基因组, 促进了我们对着丝粒等高度重复结构的认识。Chiifu v4.0基因组为白菜功能基因组研究和下一步分子设计育种研究奠定了基础, 也将推动其他芸薹属作物遗传育种研究的快速发展。

中国农业科学院蔬菜花卉研究所博士后张磊和梁建丽副研究员为论文共同第一作者, 王晓武研究员和武剑研究员为通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划、基本科研业务费、创新工程项目和中国博士后科学基金的支持。原文链接: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pbi.14015>

来源: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所分子遗传课题组

发布日期: 2023-01-19

全文链接:

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/17aad37a1bd042b7a76323941d6f1940.htm>

3. 中国农大张小兰课题组揭示黄瓜雌蕊育性调控新机制

简介: 近日, 中国农业大学园艺学院张小兰团队在《自然-通讯》 (*Nature Communications*) 期刊上发表了题为 “子房表达的ALCATRAZ基因调控黄瓜花粉管穿出” (*Pollen tube emergence is mediated by ovary-expressed ALCATRAZ in cucumber*) 的研究论文, 揭示了黄瓜中bHLH转录因子ALCATRAZ (ALC) 正向介导了黄瓜花粉管在雌蕊内的 “穿出” 过程, 并通过促进两个快速碱化因子小肽CsRALF4/19在子房传输通道的表达来正调控雌蕊育性。双受精是被子植物种子发生和有性繁殖的前提。授粉后, 花粉管携带两个精细胞沿着雌蕊内传输通道向胚囊延伸的过程中, 会接收到来自雌蕊或胚珠各种信号物质的诱导, 因此花粉管在雌蕊内的移动是定向而受到精准调控的。在拟南芥中, 根据距离胚珠的远近, 雌性组织对花粉管的导向分为胚珠前导向 (花粉管进入子房前受到的导向) 和胚珠导向 (胚珠一对一吸引花粉管的导向)。此外, 在这两个过程之

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

间，还有一个重要的过渡阶段，称作花粉管“穿出”（pollen tube emergence：花粉管改变延伸方向由传输通道延伸至隔膜表面的过程），迄今为止，还未有报道来自雌性组织的基因正向调控这一生物学过程。该研究首先对花粉管在雌蕊内的延伸过程进行了详细阐释，在黄瓜中划分和标识了胚珠前导向、花粉管“穿出”和胚珠导向等过程。花粉管在雌蕊内的传输通道一般形成于心皮融合。与拟南芥心皮对卷融合不同，黄瓜心皮（通常多于三个）背向卷合形成了独特形态的传输通道。黄瓜子房传输通道由内向外分为内侧、外侧和末端通道。黄瓜授粉后，进入子房的花粉管首先沿着内侧通道延伸至更靠近胚珠的外侧通道，短暂延伸后，花粉管改变原来的延伸方向（向子房底部）转而靶向胚珠所在的位置（末端通道），这个重定向过程被命名为黄瓜花粉管“穿出”（pollen tube emergence）。为探索黄瓜上bHLH转录因子CsALC的功能，利用CRISPR-Cas9基因编辑技术创制了CsALC功能缺失突变体，该突变体雌蕊育性降低了95%。花粉管延伸的苯胺蓝染色发现在Csalc雌蕊内延伸的花粉管密度相比野生型并无明显差异，但鲜少观察到花粉管进入胚珠的现象。进一步观察发现，在Csalc外侧通道延伸的花粉管只是向下（子房底部）延伸，并未如WT出现向胚珠转向的趋势；而子房横切显示浓密的花粉管像是停滞在外侧通道并不向末端通道的胚珠处延伸，表现出花粉管“穿出”缺陷。对Csalc传输通道的阿尔新蓝染色显示Csalc内无论是花柱还是子房传输通道其结构形态和细胞构成均与野生型无差，但主要成分细胞外基质（多糖）的含量略微减少。转录组测序共挖掘到28个与WT的差异表达基因，其中一个编码快速碱化因子的基因CsRALF19及其旁系同源基因CsRALF4在Csalc子房内表达显著下调。与拟南芥RALF4/19不同的是，黄瓜CsRALF4/19除了在花粉中高量表达外，也在子房的传输通道内明显表达。Csralf4 Csralf19双突变体表现出完全的雄性不育，其花粉管一经萌发便爆炸，说明该基因在维持雄配子体完整性方面与拟南芥功能趋于保守。有趣的是，Csralf4 Csralf19双突变体雌性育性也下降了60%，其雌蕊内延伸的花粉管密度降低，胚珠靶向效率降低，说明CsRALF4/19在黄瓜雌蕊组织内的新功能。综上，该研究揭示了CsALC通过介导花粉管“穿出”过程以及促进小肽CsRALF4/19在雌蕊传输通道内的表达来正调控黄瓜雌蕊育性。中国农业大学的程志华博士和刘小凤博士为论文并列第一作者，周朝阳副教授和张小兰教授为共同通讯作者。本研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金等项目的资助。

来源：中国农业大学

发布日期：2023-01-18

全文链接：

http://news.cau.edu.cn/art/2023/1/18/art_8769_896610.html

➤ 学术文献

1. Understanding RNA editing and its use in gene editing (了解RNA编辑及其在基因编辑中的应用)

简介：RNA molecules regulate and participate in a vast array of cellular processes, and the scientific community is now well into a new era in which some aspect of RNA biology—as a tool, therapeutic, diagnostic, or central player in fundamental biological processes—is becoming increasingly important. Any abnormality in RNA often results in a deficiency of protein production, which may also cause various diseases. Among the various types of RNA processing, RNA editing is an enigmatic reaction in which the sequence context at the RNA

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

level is rewritten. This review summarizes our current understanding of RNA editing in various organisms especially focusing on C-to-U and U-to-C RNA editing in plants and pentatricopeptide repeat (PPR) proteins that are responsible for target RNA recognition and editing reactions. An overview of the recent developments in synthetic RNA editing tools and future perspective of the use of PPR system for gene therapy is also provided.

来源: Gene and Genome Editing

发布日期: 2022-12-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1C/Csgk0GPcvYeACzPGAAAdhpTVD79k924.pdf>

2. Salinity acclimation ameliorates salt stress in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) seedlings by triggering a cascade of physiological processes in the leaves (盐度驯化通过引发叶片的一系列生理过程来缓解番茄幼苗的盐胁迫)

简介: Salinity stress remains a major global impediment to agricultural productivity. Recent studies have shown that pre-exposure to mild stress primes plants against subsequent stress events, this is termed acclimation. However, it is not well-known if cultivar differences influence the salinity acclimation process. Moreover, the key regulatory physiological processes underlying salinity acclimation in tomato remain unclear. Hence the present study was aimed at investigating these phenomena. Tomato seedlings of acclimating (Rodede) and non-acclimating (NA, Heinz) cultivars were pre-treated with 0 (NPT) and 10 mM NaCl (PT) for 7 days and then subjected to 150 mM NaCl for 14 days under hydroponic conditions. Shoot dry weight and mean growth rate were remarkably improved only in acclimating cultivar Rodede while no significant differences were induced by PT in NA cultivar Heinz. These were coincidental with considerable reductions in leaf Na⁺ concentration in PT Rodede, but were nonetheless 2-folds higher than in Heinz. Therefore, the much better performance in acclimating cultivar points to an efficient sequestration of Na⁺ in the vacuole, thereby preventing cytosolic Na⁺ toxicity. This was further supported by hyperaccumulation of proline and activation of antioxidant enzymes in PT plants. Consequently, PT acclimating plants accumulated less H₂O₂ in leaves and suffered less membrane damage. Unlike in leaves, despite remarkable reductions in root Na⁺ concentration by PT in NA cultivar, lack of accompanying improvements in growth suggests that in tomatoes, key physiological processes underlying the acclimation process were operating in leaves.

来源: Scientia Horticulturae

发布日期: 2020-04-30

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/4A/Csgk0YgzcSKAZlizAA0piRQABHo760.pdf>

相关专利

1. 一种分析转基因植物中DNA整合信息的方法及用途

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

简介：本发明属于生物信息处理领域，公开了分析转基因植物中DNA整合信息的方法及用途，包括如下步骤：将转基因植物的基因组测序序列分别与植物的基因组序列和转基因载体序列对比，筛选比对到植物基因组和转基因载体序列的SCR；根据SCR对比位置将SCR分组；每个SCR分组中每条SCR未被比对的序列部分按照序列长度从长到短排列，如果短序列出现在长序列中，则短序列与长序列属于一个SCR亚组；每个SCR亚组中最长的未比对到转基因载体的序列部分精确比对植物基因组和转基因载体序列，根据SCR亚组比对到转基因载体和植物基因组的信息获得转基因插入位点信息。本发明的方法可以评估转基因植物多种插入情形等插入片段分子特征。

来源：佰腾网

发布日期：2022-07-12

全文链接：

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/4A/Csgk0YgzcuGAWZRcABum4Qs_jhnU638.pdf

2. 一种提高转基因植物种子中 α -亚麻酸含量的方法

简介：本发明公开了一种提高转基因植物种子中 α -亚麻酸含量的方法。该方法，是将胚乳特异表达 ω -3脂肪酸脱氢酶基因的表达盒导入植物中，筛选得到在胚乳中特异性表达所述 ω -3脂肪酸脱氢酶基因的转基因植物；所述胚乳特异表达 ω -3脂肪酸脱氢酶基因的表达盒包括植物胚乳特异性启动子及其下游连接的 ω -3脂肪酸脱氢酶基因。本发明可改良种子品质，适用于 α -亚麻酸大规模生产和培育可稳定遗传的种子中高 α -亚麻酸含量的转基因作物。

来源：佰腾网

发布日期：2013-03-20

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1C/Csgk0GPcyzWALveUAEN3HVi1QkU196.PDF>