



2022年第44期总77期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 中国科学院遗传发育所揭示移动的ARGONAUTE 1d调控水稻低温育性新机制
2. 中国科学院遗传发育所等揭示假尿苷修饰在水稻低温响应过程中的调控机制
3. 山东农大与美国明尼苏达大学合作揭示种子形态发育调控及进化机理

▶ 学术文献

1. 黄瓜非生物胁迫响应相关含缬氨酸-谷氨酰胺基序蛋白的全基因组分析
2. 利用世界黄瓜进行育种系遗传多样性评价及3个园艺性状的全基因组关联研究种质收集

▶ 相关专利

1. 一种远缘杂交嫁接培育辣椒新品种的方法
2. 花椰菜BoTLP1基因的编码序列及其在培育耐盐抗旱转基因

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

植物中的应用

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

2022年11月4日

▶ 前沿资讯

1. 中国科学院遗传发育所揭示移动的ARGONAUTE 1d调控水稻低温育性新机制

简介: 与动物中piRNA类似, 单子叶植物生殖细胞中产生大量21-和24-nt phasiRNA参与雄配子发育, 特别是极端温度下的育性调控, 而有关phasiRNA的合成机制及功能调控却知之甚少。近日, 中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员曹晓风研究组在Science China Life Sciences上, 发表了题为Mobile ARGONAUTE 1d binds 22-nt miRNAs to generate phasiRNAs important for low-temperature male fertility in rice的论文, 揭示了OsAGO1d可从花药壁细胞移动到花粉母细胞, 通过结合22-nt miRNA介导phasiRNA的合成以维持水稻低温育性。前期研究发现, phasiRNA的合成需要22-nt miR2118和miR2275与AGO蛋白形成沉默复合体介导PHAS转录本起始切割, 随后在RDR6及DCLs的加工下, 产生成熟的21-和24-nt phasiRNA (Johnson et al., 2009; Song et al., 2012a; Song et al., 2012b; Teng et al., 2020)。其中, 具有5' C特征的21-nt phasiRNA可装载进入AGO蛋白家族的MEL1中参与减数分裂调控 (Nonomura et al., 2007; Komiya et al., 2014), 而参与phasiRNA产生和发挥功能的其他AGO蛋白尚且未知。研究发现, 水稻OsAGO1d受低温诱导表达, 而OsAGO1d敲除突变株在低温下绒毡层降解延迟, 导致雄性不育。科研人员通过RNA免疫共沉淀实验, 发现OsAGO1d主要结合带有5' U的21-nt phasiRNA、miR2118及miR2275家族成员。研究通过全基因组小RNA测序发现OsAGO1d介导了近千个PHAS位点phasiRNA的产生。RNA原位杂交结果显示, OsAGO1d主要在花药壁细胞中转录, 而免疫荧光与免疫金标的结果则显示OsAGO1d蛋白更多的在花粉母细胞中积累, 表明OsAGO1d蛋白质可从花药壁细胞移动到花粉母细胞中。为探究OsAGO1d的移动对phasiRNA合成的重要作用, 科研人员通过分析依赖于OsAGO1d的phasiRNA组织表达及在花粉母细胞中的分布比例, 揭示OsAGO1d在花药壁细胞中结合miR2118从而负责21-nt phasiRNA的产生, 而OsAGO1d移动到花粉母细胞中主要结合miR2275产生24-nt的phasiRNA。该研究解析了OsAGO1d介导phasiRNA代谢在低温育性调控的重要作用, 其可移动的特性精细调控了不同长度phasiRNA的时空分布, 为花药发育过程中花药壁与花粉母细胞之间信号交流奠定了新的物质基础。研究工作得到国家自然科学基金、中科院战略性先导科技专项及中科院前沿科学重点研究计划的支持。

来源: 中国科学院遗传与发育生物学研究所

发布日期: 2022-10-20

全文链接:

https://www.cas.cn/syky/202210/t20221018_4851626.shtml

2. 中国科学院遗传发育所等揭示假尿苷修饰在水稻低温响应过程中的调控机制

简介: 叶绿体是植物进行光合作用的主要场所, 作为一种半自主型细胞器, 叶绿体拥有独立的核糖体翻译系统。在核糖体生物合成过程中, 核糖体RNAs (rRNAs) 在转录和成熟过程中发生多种化学修饰, 对于植物叶绿体的生物发生至关重要。低温是限制作物地理分布和产量的关键环境因子, 叶绿体可以作为植物感知外界环境变化的感受器, 然而RNA修饰在低温下叶绿体发育和温度响应中的调控机制仍然未知。中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员曹晓风团队和中国水稻研究所研究员魏祥进团队合作, 通过正向

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

遗传学鉴定了水稻苗期温度敏感突变体`ospus1`，表现为低温叶色白化。`OsPUS1`编码水稻叶绿体定位的假尿苷合酶，且受低温诱导表达。`OsPUS1`能够与叶绿体rRNA前体直接结合并催化叶绿体rRNA发生假尿苷修饰。在低温下，`OsPUS1`的功能缺失造成叶绿体rRNA前体异常积累和成熟rRNA的减少，最终导致叶绿体中的核糖体生物合成和翻译状态受到干扰。结合转录组和翻译组分析表明，`OsPUS1`在调控植物生长发育和应激反应状态基因表达中发挥着重要的平衡功能，当这种平衡被破坏后会造成细胞内活性氧ROS的异常积累，最终导致低温下`ospus1`突变体异常白化的表型。该研究结果揭示了假尿苷修饰在水稻叶绿体核糖体生物合成和低温响应中的关键功能，在作物改良方面具有重要应用潜力。相关研究成果以 *Pseudouridylation of chloroplast rRNA contributes to low temperature acclimation in rice* 为题于近日在线发表在 *New Phytologist* 上。研究工作得到国家自然科学基金委、国家重点研发计划、中科院战略性先导科技专项和植物基因组学国家重点实验的支持。

来源：中国科学院遗传与发育生物学研究所

发布日期：2022-10-20

全文链接：

https://www.cas.cn/syky/202210/t20221018_4851625.shtml

3. 山东农大与美国明尼苏达大学合作揭示种子形态发育调控及进化机理

简介：2022年9月7日，山东农业大学与美国明尼苏达大学合作在国际学术期刊 *Molecular Plant* 上发表了题为 “Ancestral HAIKU2 function but divergent epigenetic regulation reveals routes of seed developmental evolution” 的研究论文。研究揭示了种子形态发育调控及进化机理。一些被子植物种子例如禾本科大部分由胚乳组成，而另一些被子植物种子例如拟南芥和大豆大部分由胚胎组成。期间胚乳停止增殖，胚胎吸收胚乳而生长成熟。拟南芥 `IKU2` 是一个受体激酶蛋白和胚乳发育的主要调节因子。研究揭示在水稻、二穗短柄草和大豆中存在功能保守的拟南芥 `IKU2`，因而在拟南芥中调控胚乳增殖的功能是保守的。拟南芥和大豆 `IKU2` 呈现短期表达，其位点的组蛋白 `H3K27me3` 修饰水平逐步升高，基因表达被抑制，胚乳停止增殖。这一修饰由拟南芥 `MEDEA` 甲基转移酶催化。目前报道 `MEDEA` 仅在十字花科中存在并独立进化。在与拟南芥具有相同种子发育模式的大豆中，我们得到了一个 `GmMEDEA`，由 `GmSWN` 进化加倍而来。相反二穗短柄草和水稻 `IKU2` 呈现持续表达。二穗短柄草 `IKU2` 的缺失引起胚乳发育滞泻。因而 `IKU2` 位点的组蛋白 `H3K27me3` 修饰差异导致不同的 `IKU2` 表达模式，胚乳增殖持续性以及截然不同的成熟种子形态结构。进化中功能保守的 `IKU2` 及差异进化的 `MEDEA` 共同作用，为被子植物中极少和极多两种中后期胚乳增殖模式提供了进化依据。山东农业大学吴迪博士为本文第一作者，美国明尼苏达大学倪敏教授和山东农业大学张宪省教授为本文共同通讯作者。本研究得到了国家自然科学基金和山东农业大学的资助。

来源：山东农业大学生命科学学院

发布日期：2022-09-09

全文链接：

<http://life.sdau.edu.cn/2022/0909/c2448a207611/page.htm>

学术文献

1. Genome-wide analysis of valine-glutamine motif-containing proteins related to abiotic stress response in cucumber (*Cucumis sativus* L. (黄瓜非生物胁迫响应相关含缬氨酸-谷氨酰胺基序蛋白的全基因组分析)

简介: Background Cucumber (*Cucumis sativus* L.) is one of the most important economic crops and is susceptible to various abiotic stresses. The valine-glutamine (VQ) motif-containing proteins are plant-specific proteins with a conserved “FxxhVQxhTG” amino acid sequence that regulates plant growth and development. However, little is known about the function of VQ proteins in cucumber. Results In this study, a total of 32 CsVQ proteins from cucumber were confirmed and characterized using comprehensive genome-wide analysis, and they all contain a conserved motif with 10 variations. Phylogenetic tree analysis revealed that these CsVQ proteins were classified into nine groups by comparing the CsVQ proteins with those of *Arabidopsis thaliana*, melon and rice. CsVQ genes were distributed on seven chromosomes. Most of these genes were predicted to be localized in the nucleus. In addition, cis-elements in response to different stresses and hormones were observed in the promoters of the CsVQ genes. A network of CsVQ proteins interacting with WRKY transcription factors (CsWRKYs) was proposed. Moreover, the transcripts of CsVQ gene were spatio-temporal specific and were induced by abiotic adversities. CsVQ4, CsVQ6, CsVQ162, CsVQ19, CsVQ24, CsVQ30, CsVQ32, CsVQ33, and CsVQ34 were expressed in the range of organs and tissues at higher levels and could respond to multiple hormones and different stresses, indicating that these genes were involved in the response to stimuli. Conclusions Together, our results reveal novel VQ resistance gene resources, and provide critical information on CsVQ genes and their encoded proteins, which supplies important genetic basis for VQ resistance breeding of cucumber plants.

来源: BMC Plant Biology

发布日期: 2021-10-25

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/14/Csgk0GNkyk0AR2KeAC9N30sEwg8648.pdf>

2. Assessment of the Genetic Diversity of the Breeding Lines and a Genome Wide Association Study of Three Horticultural Traits Using Worldwide Cucumber (*Cucumis* spp.) Germplasm Collection (利用世界黄瓜进行育种系遗传多样性评价及3个园艺性状的全基因组关联研究种质收集)

简介: Cucumbers are an important economic vegetable crop that is used for fresh or processing purposes worldwide. In this study, we used 264 accessions that consisted of world-wide wild germplasms and advanced breeding lines in order to understand the genetic diversity and the genetic correlation among the germplasm collection. A genotyping-by-sequencing (GBS) approach was applied to obtain dense genome-wide

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

markers coverage (>12,082 SNPs) to construct a high-density haplotype map. Various population stratification methods were performed, and three subgroups were divided based on the genetic diversity, which reflected their geographic regions. According to the phylogenetic analysis, the breeding lines were separated from wild germplasms, and the two distinct groups were divided within the breeding lines. One of the groups mainly consisted of East-Asian varieties, which showed the unique homogenous genotype patterns. Using this germplasm collection, three important horticultural traits of cucumbers—powdery mildew resistance, spine color, and fruit stalk-end color—were evaluated and used to conduct the genome-wide association study (GWAS). All of the significant SNPs and two novel candidate genes (Csa5G453160 and Csa5G471070) for the powdery mildew were identified in chromosome 5 from the natural population, which is where reported major QTLs from various bi-parental population are located. Furthermore, two candidate genes, Csa1G006300 and Csa3G824850, and four candidate genes, Csa2G368270, Csa3G236570, Csa5G175680, and Csa6G448170, were identified for the spine color and the fruit stalk-end color, respectively. These results are expected to be helpful to develop molecular markers of the horticultural traits in cucumbers.

来源: Agronomy

发布日期:2020-11-10

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/14/Csgk0GNkyPyAd300AEr_SuwN43E305.pdf

➤ 相关专利

1. 一种远缘杂交嫁接培育辣椒新品种的方法

简介: 一种远缘杂交嫁接培育辣椒新品种的方法, 涉及辣椒培育新品种的方法, 包括以下步骤: a采用福建永安黄椒为父本, 湖南黄贡椒为母本; b当父本花蕾初开时, 将父本的雄蕊取下; c把雄性花粉收集备用; d把母本的雄蕊去除; 完成父本与母本的授粉; e辣椒全黄时摘下, 充分熟透; f取种成杂交辣椒种。进一步: g将f步骤中所述的杂交种再种植, 形成接穗; h将黄金子弹头辣椒形成砧木; i将接穗插入砧木; j然后取出杂交嫁接辣椒苗移栽大田, 直至成熟, 取种成新品种——黄中皇。本发明的有益效果是: 新品种——黄中皇具有早熟、抗病、高辣、口感好、产量高等特点; 产量高, 亩产平均鲜椒2800—3000千克; 其干鲜两用, 填补了我国目前黄椒干鲜两用的品种空白。

来源: 智慧芽

发布日期:2022-04-17

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/14/Csgk0GNoo3-ASgQ6AAQLr177e94168.pdf>

2. 花椰菜BoTLP1基因的编码序列及其在培育耐盐抗旱转基因植物中的应用

简介: 本发明公开了一个花椰菜BoTLP1基因的编码序列, 及利用上述基因编码序列培育耐盐抗旱转基因植物的方法, 它包括如下步骤: (1)花椰菜总RNA提取及cDNA合成; (2)

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

带酶切位点引物设计、合成；（3）过表达转化载体构建；（4）遗传转化；（5）转基因阳性苗筛选；（6）转基因植物抗逆生物学性状观察。观察结果显示转基因植物与野生型相比具有明显的抗旱耐盐特性，在持续干旱条件下比野生型可以多存活10天以上；在200 mmol/L盐处理下可正常生长。本发明公开的采用基因编码序列培育耐盐抗旱转基因植物的方法，对于揭示花椰菜的耐盐抗旱分子基础及采用基因工程手段培育高耐盐抗旱作物或经济植物具有重要价值。

来源：智慧芽

发布日期：2021-06-25

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/42/Csgk0Ye7gLCAWdA0AAg2BXErA1Q073.pdf>