



2023年第7期总92期

## 种质资源保护与创制专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 遗传发育所在植物热形态建成研究中取得进展
2. 遗传发育所在小麦胚发育的表观组调控方面取得进展
3. 研究发现驯化选择水稻DNA寒害损伤修复机制及优异模块

#### ▶ 学术文献

1. CsMYC2参与了黄瓜 (*Cucumis sativus*) 贮藏过程中胰蛋白酶诱导的苯丙素生物合成的调控
2. 黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 组蛋白基因家族的全基因组鉴定、系统发育和表达分析

#### ▶ 相关专利

1. 基于多重PCR测序的黄瓜全基因组背景选择SNP标记系统及其应用
2. 一种水稻抗白叶枯病基因xa5的分子标记及其应用

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)  
2023年2月17日

## ▶ 前沿资讯

### 1. 遗传发育所在植物热形态建成研究中取得进展

**简介:** 了解植物对高温的响应机制将有助于培育适应未来高温气候的作物。植物可感知温度变化,并在称为热形态建成的过程中相应地调整发育与形态以适应高温。这种表型可塑性意味着复杂的基因表达重编程,而这其中的调控机理仍有待解析。中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员姜丹华研究组在前期研究中发现,一个染色质重塑因子IN080能够在高温响应基因上介导组蛋白变体H2A.Z的去除,并激活这些基因的表达和促进热形态建成,然而H2A.Z去除本身似乎并不足以使基因激活(Xue et al., Molecular Plant, 2021)。为了进一步分析高温下H2A.Z去除引发的基因激活机制,科研人员进行了蛋白互作筛选并发现IN080通过转录延伸子PAF1复合体与另一个组蛋白变体H3.3的分子伴侣ASF1-HIRA相连。与IN080的功能相似,H3.3在高温下促进热响应基因上Po1 II的转录延伸,从而激活基因表达和热形态建成。此外,研究还发现H2A.Z去除引发的基因转录激活普遍需要H3.3的装配,且其中富集大量环境响应相关基因。这些结果表明组蛋白H2A.Z的去除和H3.3的装配紧密协调,从而通过组蛋白变体的动态置换重编程基因转录,以帮助植物适应高温或其它环境变化。1月17日,相关研究成果以Coordinated histone variant H2A.Z eviction and H3.3 deposition control plant thermomorphogenesis为题,在线发表在New Phytologist上。研究工作得到国家自然科学基金,国家重点研发计划和中科院先导的支持。

**来源:** 中国科学院遗传与发育生物学研究所

**发布日期:** 2023-02-02

**全文链接:**

[https://www.cas.cn/syky/202302/t20230202\\_4873773.shtml](https://www.cas.cn/syky/202302/t20230202_4873773.shtml)

### 2. 遗传发育所在小麦胚发育的表观组调控方面取得进展

**简介:** 胚胎发育是生物生命周期中至关重要的环节之一,在动植物中存在广泛的保守性和特异性。动物胚胎发育过程中存在基因组范围内表观遗传修饰的重编程事件,并影响了胚胎发育的进程。胚胎发育过程也适用于探究表观修饰及转录调控对细胞命运决定的贡献。然而,人们对于植物胚发育过程中转录及表观修饰层面变化的了解要滞后于动物,存在一些盲区。基于以上背景,中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员肖军团团队聚焦异源六倍体小麦,构建了小麦胚发育过程的参考表观基因组,包括多种组蛋白修饰状态、染色质可及性和时序性的转录因子-基因的调控网络。该数据突出了早期胚发育过程表观遗传修饰重塑在动植物之间的保守性和特异性,尤其是H3K27ac和H3K27me3的重编程过程。在小麦中,激活型修饰H3K27ac和抑制型修饰H3K27me3会依次在受精后的第2天和第4天发生重排。这与动物早期胚胎发育过程中的表观修饰重编程存在区别。H3K27ac的重排主要发生在维持花器官形态的基因上,H3K27me3的重排主要发生在干细胞相关基因上。随着胚发育的进程,H3K27me3丢失,H3K27ac与染色质可及性增加,基因组呈现出相对宽松的染色质环境,允许转录因子自由结合,从而调控基因转录并决定细胞命运转变,逐渐建立胚的形态。而在胚成熟过程中,一些组织或器官分化的特征基因上H3K27me3修饰的增加和染色质可及性的下降造成了基因顺式作用元件位置的染色质凝缩,可能阻碍了器官的形态建成。胚发育的早期、晚期由H3K27me3修饰和染色质可及性主导转录调控,中期由H3K27ac和转录因子调控网络主导转录调控,这

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

也构成了胚“时期特异转录调控差异”的模型。普通小麦是异源六倍体植物，具有三个亚基因组和高比例的转座子（TE占比>85%）。表观修饰存在广泛差异，与亚基因组特异性表达相关，尤其是抑制性的表观修饰，如H3K27me3。同时，TE在三联体基因调控区域的不同插入可能也影响了亚基因组成员的偏好性表达。该研究为小麦胚发育提供了丰富的数据库资源，有助于合子体激活及胚形态建成过程重要调控因子的挖掘和功能解析。

相关研究成果以Dynamic chromatin regulatory programs during embryogenesis of hexaploid wheat为题于近日在线发表在Genome Biology上。研究工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金的资助。

来源：中国科学院遗传与发育生物学研究所

发布日期:2023-01-29

全文链接:

[https://www.cas.cn/syky/202301/t20230119\\_4872794.shtml](https://www.cas.cn/syky/202301/t20230119_4872794.shtml)

### 3. 研究发现驯化选择水稻DNA寒害损伤修复机制及优异模块

简介：农作物应对全球气候变化引起的异常温度需要具备优异耐受模块，品种设计需依赖细胞寒害感知防御“信号网络”“修复机制”的原理。在前期研究中，中国科学院院士、中科院植物研究所研究员种康研究组在水稻寒害感知与防御“信号网络”中发现了包括感受器、激酶、叶绿体维生素E-K1代谢途径、转录因子和海藻糖代谢在内的一系列元件及其之间的网络关系。然而，关于寒害专一的DNA修复系统是如何建立的则知之甚少。最新研究发现，具有特异性的人工驯化选择的自然变异耐寒基因模块能够修复寒害引起的DNA损伤。研究基于数据空间降维理念，通过数学算法将多维尺度的数据合降维的全基因组关联分析，即数据整合GWAS（DM-GWAS），在水稻中系统鉴定到耐寒QTL遗传位点与主效基因COLD11，其突变引起耐寒性的显著降低，编码区存在GCG密码子重复，且与DNA修复活性和耐寒性具有正相关性，受到强的驯化选择。这是首次报道驯化选择的寒害DNA修复优异等位模块新机制。该模块具有重要的应用潜力，为耐寒分子设计育种中对关键位点进行精细调控开辟了新途径。

1月7日，相关研究成果在线发表在Science Advances上。该工作由植物所种康研究组、数学与系统科学研究院研究员李启寨、遗传与发育生物学研究所研究员程祝宽、植物所研究员葛颂等合作完成。研究工作得到中科院战略性先导科技专项和国家自然科学基金基础科学中心项目的支持。

来源：中国科学院植物研究所

发布日期:2023-01-10

全文链接:

[https://www.cas.cn/syky/202301/t20230110\\_4866957.shtml](https://www.cas.cn/syky/202301/t20230110_4866957.shtml)

## 学术文献

### 1. CsMYC2 is involved in the regulation of phenylpropanoid biosynthesis induced by trypsin in cucumber (*Cucumis sativus*) during storage (CsMYC2参与了黄瓜(*Cucumis sativus*)贮藏过程中胰蛋白酶诱导的苯丙素生物合成的调控)

简介：Trypsin has a new activity of scavenging superoxide anion and generating hydrogen

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

peroxide. Trypsin can significantly improve the storage quality of *C. sativus*. To illustrate the mechanism of trypsin-induced resistance in fruits and vegetables, an integrated analysis of widely targeted metabolomics and transcriptomics was carried out. Transcriptomic results showed that 1068 genes highly related to phenylpropanoid biosynthesis gathered in the brown module were obtained by WGCNA. In KEGG analysis, differentially expressed genes (DEGs) were also highly enriched in EIP (Environmental Information Processing) pathways “Plant hormone signal transduction (map04075)” and “MAPK signaling pathway-plant (map04016)”. Next, 87 genes were identified as the leading edge by GSEA analysis. So far, CsMYC2 was highlighted as a key transcription factor that regulates phenylpropanoid biosynthesis identified by GSEA and WGCNA. Furthermore, the major route of biosynthesis of phenylpropanoid compounds including coumarins, lignins, chlorogenic acid, flavonoids, and derivatives regulated by trypsin was also illustrated by both transcriptomic and metabolomic data. Results of O2PLS showed that CsMYC2 was positively correlated with Rosmarinic acid-3-O-glucoside, Epigallocatechin, Quercetin-3-O-sophoroside (Baimaside), and so on. Correlation between CsMYC2, phenylpropanoid related genes, and metabolites in *C. sativus* was illustrated by co-expression networks. Roles of CsMYC2 were further checked in *C. sativus* by VIGS. The results of this study might give new insight into the exploration of the postharvest resistance mechanism of *C. sativus* induced by trypsin and provide useful information for the subsequent mining of resistance genes in *C. sativus*.

来源: Plant Physiology and Biochemistry

发布日期:2023-02-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1E/Csgk0GPv0o0ASHHiAFa8roDYUQw894.pdf>

## **2. Genome-wide characterization, phylogenetic and expression analysis of histone gene family in cucumber (*Cucumis sativus* L.). (黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 组蛋白基因家族的全基因组鉴定、系统发育和表达分析)**

简介: Histones are essential components of chromatin and play an important role in regulating gene transcription and participating in DNA replication. Here, we performed a comprehensive analysis of this gene family. In this study, we identified 37 CsHistones that were classified into five groups (H1, H2A, H2B, H3 and H4). The closely linked subfamilies exhibited more similarity in terms of motifs and intron/exon numbers. Segmental duplication (SD) is the main driving force of cucumber CsHistones expansion. Analysis of cis-regulatory elements in the promoter region of CsHistones showed that CsHistones can respond to a variety of stresses. RNA-Seq analysis indicated that the expression of most CsHistones was associated with different stresses, including downy mildew, powdery mildew, wilt, heat, cold, salt stress, and waterlogging. Expression analysis showed that several genes of H3 group were highly expressed in different reproductive organs. Notably, CsCENH3 (CsHistone30) has the characteristics of a variant histone, and we demonstrated that CsCENH3 was localized on the nucleus and its proteins were expressed in centromere region. These findings provide valuable information for the identification and potential functions of Histone genes

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

and ideas for the cultivation of CENH3-mediated haploid induction lines in cucumber.

来源: International Journal of Biological Macromolecules

发布日期: 2023-01-23

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/4C/Csgk0YhF70yAeZTWANDFydjbdJA972.pdf>

## ➤ 相关专利

### 1. 基于多重PCR测序的黄瓜全基因组背景选择SNP标记系统及其应用

**简介:** 本发明公开了一套基于多重PCR测序的黄瓜全基因组背景选择SNP标记系统及其应用, 涉及遗传育种技术领域。本发明利用生物信息学方法从大量黄瓜种质资源基因组数据中挑选出518个多态性高、通用性好且分布均匀的单拷贝SNP标记, 该套SNP标记系统能够用于黄瓜DNA指纹数据库构建、种质资源鉴定、亲缘关系分析、种子纯度检测及遗传初定位当中。本发明所述SNP标记的参考基因组版本号为Cucumber (Chinese Long) v2, 利用多重PCR测序技术对该套SNP标记系统进行分型, 检测的准确度和分辨率均很高, 实现了高通量、低成本、自动化安全检测, 将来可用于分子遗传育种工作当中。

来源: 佰腾网

发布日期: 2021-10-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1E/Csgk0GPvPISAT-n1AIXiFjoGGBI989.PDF>

### 2. 一种水稻抗白叶枯病基因xa5的分子标记及其应用

**简介:** 本发明涉及植物生物技术领域, 具体涉及一种水稻抗白叶枯病基因xa5的分子标记及其应用。本发明提供由如SEQ ID NO. 1-3所示的引物扩增得到的水稻抗白叶枯病基因xa5的分子标记以及包括SEQ ID NO. 1-3所示引物的xa5基因特异性引物组合。该标记实现了只需将简易提取的DNA样品通过简单的PCR和PAGE凝胶电泳检测即可完成对xa5的基因分型, 预测水稻白叶枯病抗性, 具有基因分型准确、成本更低廉、检测通量和检测效率更高等优势, 为水稻抗白叶枯病新种质的筛选和xa5基因在种质资源抗性改良中的应用提供了高效的方法。

来源: 佰腾网

发布日期: 2020-11-13

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/4C/Csgk0YhF8Y-AR5YnAAmdFC10my4168.PDF>