



2023年第9期总94期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 农学院甘祥超教授团队发布端粒到端粒的无缺失染色体组装技术新路线
2. 研究发现基因组中保守非编码序列参与植物远程基因互作的新机制
3. 山东农业大学王永红教授在水稻分蘖角度分子机制方面取得新进展

▶ 学术文献

1. DUS检测与SNP指纹图谱在黄瓜品种鉴定中的比较
2. 黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 中OVATE家族蛋白的全基因组分析

▶ 相关专利

1. 一种加工专用型大豆蛋白种质的创制方法
2. 一种水稻抗白叶枯病基因Xa27的分子标记及其应用

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
2023年3月3日

▶ 前沿资讯

1. 农学院甘祥超教授团队发布端粒到端粒的无缺失染色体组装技术新路线

简介: 近日,南京农业大学农学院甘祥超教授与其原德国马克斯·普朗克植物育种研究所团队在《Nature Communications》上发表题为“GALA: a computational framework for de novo chromosome-by-chromosome assembly with long reads”的研究论文,并发布了相应的开源软件GALA (<http://github.com/ganlab/gala>),为利用三代测序实现端粒到端粒的无缺失染色体组装提供了一条全新的技术路线。植物和动物基因组中通常包含多条染色体,比如水稻有12对染色体,而我们人类有23对染色体。现有的染色体分离技术虽然可用实现染色体的物理分离,但是该技术依赖昂贵仪器,需要大量人力物力,难以大规模应用于基因组测序。对当前的整个基因组混合测序的数据,现有的基因组组装算法都是“先组装、后染色体分离”的流程。本研究针对现有的测序技术中多条染色体混合、数据互相串扰的瓶颈问题,首创了“先分离,后组装”的技术路线。利用多层统计网络模型,研发了将无参考序列组装复杂的流程模块化技术,首次实现了三代测序中Pacbio、Nanopore数据的集成组装,和多种异质性数据如参考基因组、遗传图谱以及Hi-C数据的灵活利用,并开发了算法GALA。首先利用多层统计网络模型实现对预组装和原始数据编码,并利用计算机图论经典算法对数据纠错。然后利用统计网络对原始测序数据实现染色体级别的分离,该网络模型同时也可以Hi-C、Bionano、近亲或者同物种参考基因组信息辅助数据分离。利用GALA这种先数据分离,然后组装的策略,我们可以实现线虫、水稻基因组端粒到端粒的无缺失组装。对更复杂的人类基因组,仅利用Nanopore测序数据,也能实现多条染色体的无缺失组装,进一步分析表明,部分染色体中的缺失是源自数据自身的缺失造成的。德国马克斯·普朗克植物育种所博士研究生Mohamed Awad 为该论文第一作者,农学院甘祥超教授为该论文通讯作者。该研究得到德国马克斯·普朗克研究所科研基金、国家自然科学基金、江苏省前沿引领技术基础研究专项、现代作物生产省部共建协同创新中心等项目的资助。

来源: 南京农业大学农学院

发布日期: 2023-02-22

全文链接:

<http://news.njau.edu.cn/2023/0222/c18a122391/page.htm>

2. 研究发现基因组中保守非编码序列参与植物远程基因互作的新机制

简介: 真核生物染色质以三维折叠的方式存在于细胞核,这种空间结构参与细胞的重要生命活动。细胞中的基因表达受到转录因子(TFs)和增强子等蛋白因子调控,它们的互作影响染色质三维结构。保守非编码序列(CNSs)参与募集TFs和增强子等调控蛋白,然而CNSs是否参与远程基因互作尚不清楚。近日,中国农业科学院蔬菜花卉研究所蔬菜分子设计育种创新团队在植物科学领域国际权威期刊《植物学报(英文版)》(Journal of Integrative Plant Biology, IF=9.1)在线发表了一篇题为“Conserved noncoding sequences correlate with distant gene contacts in Arabidopsis and Brassica”的研究论文。该研究发现CNSs参与基因之间的染色质远程互作,CNSs富集活性组蛋白修饰并且募集TFs,进而导致基因的启动子区域与另一个基因的下游区域发生远程互作,

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

最后调控互作的基因产生协同表达。该团队利用Hi-C实验技术，获得白菜和甘蓝的全基因组染色质互作数据，进一步结合拟南芥的Hi-C数据集分析，发现拟南芥、白菜和甘蓝中分布在不同染色体上的基因频繁发生远程空间互作，并且主要集中在基因的启动子区域（5'端上游2 kb）和另一个基因的下游区域（3'端下游2 kb）。进一步研究发现，含有较多CNSs的基因发生远程互作的频率更高，并且CNSs越多，转录因子结合位点和活性组蛋白修饰标记就越多。此外，对于具有CNSs的远程互作基因，基因间协同表达趋势更加明显。该研究揭示了CNSs参与远程基因互作的新机制：CNSs富集活性组蛋白修饰并参与招募转录因子，进而介导基因的5'端与另一个基因的3'端发生远程互作，最终确保互作基因的协调表达。这篇论文揭示了保守非编码序列在蔬菜作物中基因远程互作的重要意义。中国农业科学院蔬菜花卉研究所博士后张磊为论文第一作者，王晓武研究员为通讯作者。该研究得到了国家重点实验室、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等支持。原文链接：<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jipb.13465>

来源：蔬菜分子设计育种创新团队

发布日期:2023-02-17

全文链接:

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/aa04e82b005749cd9d64ee62aa06d77e.htm>

3. 山东农业大学王永红教授在水稻分蘖角度分子机制方面取得新进展

简介：分蘖角度作为水稻株型建成的一个重要因素之一，是决定水稻群体有效种植密度和单位面积产量的关键。之前的研究表明水稻的分蘖角度与茎的重力反应密切相关。植物的重力反应是指植物感受到重力刺激后重新调整生长方向从而维持各器官与重力方向最适角度的一种现象。经典的淀粉平衡石学说认为植物对重力的感应是通过植物体内富含淀粉的造粉体沉降来实现的，造粉体在重力感应细胞中作为平衡石起到感应重力的作用。植物如何感应重力一直是植物科学研究的难点和热点。近年来，王永红教授团队与中科院遗传发育所李家洋院士、浙江大学吴殿星教授等团队合作在水稻分蘖角度研究领域取得了一系列重要研究进展，建立了水稻分蘖角度的遗传调控网络，研究成果相继发表在PNAS (2014), The Plant Cell (2018), Molecular Plant (2019, 2022), New Phytologist (2021), Plant Biotechnology Journal(2023)等学术期刊。近日，王永红教授团队发现核基因编码的叶绿体蛋白LAZY3(LA3)作为水稻重力感应细胞中淀粉合成的必需因子，通过介导水稻早期的重力感应参与调控水稻茎的重力反应和分蘖角度。该研究利用一个自发突变的水稻分蘖角度突变体1a3，通过图位克隆的方法克隆了LA3基因。研究表明，1a3突变体分蘖角度与野生型相比显著增大，其重力反应和生长素侧向运输存在严重缺陷。通过对重力感应器官中的淀粉进行染色发现，1a3突变体重力感应组织中淀粉完全缺失。LA3编码一个叶绿体定位的蛋白，可以通过其色氨酸富集区(Tryptophan-rich region, TRR)内的两个亚结构域与淀粉结合，从而呈现出点状分布的亚细胞定位特征。进一步研究发现LA3与实验室前期鉴定到的一个重力感应组织中淀粉合成的必需因子LA2互作，并与淀粉合成途径中的关键酶OsPGM形成蛋白复合体调控水稻重力感应器官中淀粉的合成，进而通过介导水稻早期的重力感应调控水稻重力反应和分蘖角度。遗传学分析表明LA3与LA2作用于同一个遗传途径中，并位于水稻分蘖角度关键调控因子LA1的上游参与调控水稻重力反应和分蘖角度。有趣的是，尽管1a3和1a2突变体的重力感应器官中淀粉完全缺失，但其重力反应仅部分缺陷，分蘖角度也仅适度

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

增大,表明水稻中存在一条不依赖于淀粉平衡石的重力感应途径。该研究不仅极大地丰富了水稻分蘖角度的遗传调控网络,同时也对淀粉平衡石学说提出了挑战。更为重要的是,LA1、LA2、LA3基因对其它产量性状没有显著影响,对于三个基因的深入研究将在水稻株型改良、提高群体产量中发挥重要作用。相关研究结果以“LAZY3 interacts with LAZY2 to regulate tiller angle by modulating shoot gravity perception in rice”为题近期发在Plant Biotechnology Journal上。中科院遗传发育所已毕业的博士生蔡月月、浙江农林大学黄林周博士、山东农业大学在读博士生宋宇琪为该论文的共同第一作者,山东农业大学生命科学学院王永红教授和王文广副教授为该论文的通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金、中国科学院战略性科技先导专项、国家重点研发计划和山东省顶尖人才“一事一议”项目的资助。

来源: 山东农业大学生命科学学院

发布日期:2023-02-17

全文链接:

<http://life.sdau.edu.cn/2023/0217/c2448a213969/page.htm>

➤ 学术文献

1. Comparison of DUS testing and SNP fingerprinting for variety identification in cucumber (DUS检测与SNP指纹图谱在黄瓜品种鉴定中的比较)

简介: Variety identification plays an important role in protecting the intellectual property of varieties, ensuring seed quality, and encouraging breeding innovation. Currently, morphological evaluation in the field, such as distinctness, uniformity, and stability(DUS) testing, and DNA fingerprinting in the laboratory using molecular markers are two dominant methods used for variety identification. Few studies have compared the results of these approaches, and the relationship between the two methods is obscure. In this study, 134 dominant cucumber varieties were evaluated using 50 DUS testing traits and genotyped by 40 single nucleotide polymorphisms(SNPs). The 40 SNPs were developed in our previous study and are well suited for variety identification. In the DUS testing, significant positive or negative correlations among 50 DUS traits were observed, and 20 core traits, including 15 fruit traits, were further selected to increase field inspection efficiency. This suggested that fruit shape plays an important role in variety identification. The ratio of fruit length/diameter was the most important trait, explaining 9.2% of the phenotypic variation. In the DNA fingerprinting test, the 40 SNPs were highly polymorphic and could distinguish all of the 134 cucumber varieties, and 14 core SNPs were selected to improve the identification rate. Interestingly, the population structure analysis of 134 cucumber varieties by phenotypic data in the DUS test was in accordance with the genotypic data from the DNA fingerprinting, indicating that all varieties could be divided into the same four subgroups: European type, North China type, South China type, and hybrids of the North China and South China types. Moreover, linear correlativity of distinguishment for each pair of varieties was observed between the DUS test and the DNA fingerprinting. These results indicated that these two methods have good application in future research, especially for the scaled-up

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

analysis of hundreds of varieties.

来源: Horticultural Plant Journal

发布日期:2022-09-15

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/54/Csgk0YhUdpiA0JWeABlxM00JW-I277.pdf>

2. Genome-wide analysis of OVATE family proteins in cucumber (*Cucumis sativus* L.) (黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 中OVATE家族蛋白的全基因组分析)

简介: OVATE family proteins (OFPs) are plant-specific proteins with a conserved OVATE domain that regulate plant growth and development. Although OFPs have been studied in several species, their biological functions remain largely unknown in cucumber (*Cucumis sativus* L.). This study identified 19 Cs OFPs distributed on seven chromosomes in cucumber. Most Cs OFP genes were expressed in reproductive organs, but with different expression patterns. Ectopic expression of Cs OFP12-16c in *Arabidopsis* resulted in shorter and blunt siliques. The overall results indicated that Cs OFP12-16c regulates silique development in *Arabidopsis* and may have a similar function in cucumber.

来源: Journal of Integrative Agriculture

发布日期:2022-04-14

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/26/Csgk0GP9weCADZULAA_yNj3S9L4505.pdf

➤ 相关专利

1. 一种加工专用型大豆蛋白种质的创制方法

简介: 本发明公开了一种加工专用型大豆蛋白种质的创制方法, 利用大豆种质资源中存在的丰富的种子主要贮藏蛋白7S和11S组分亚基含量变异基因, 通过聚合育种和杂交育种等方式, 并结合SDS-PAGE法和分子鉴定手段进行鉴定和选择, 首先创制出仅含7S组分种质和仅含11S组分种质; 再分别与筛选获得的系列高含7S组分的种质和系列高含11S组分的种质配置杂交组合, 通过选择和稳定, 最终获得系列仅含且高含7S组分和仅含且仅高含11S组分的材料并培育成品系; 分别进行营养特性、功能性和加工特性评价, 再将这些品系分门别类成适用于不同加工产品的专用型大豆材料, 从而为大豆加工利用提供优质专用型原料。

来源: 佰腾网

发布日期:2021-08-31

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/55/Csgk0YhYYdiAJa18AAeNOUtc-b4166.PDF>

2. 一种水稻抗白叶枯病基因Xa27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Xa27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

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

因Xa27的分子标记以及包括SEQ ID NO. 1-3所示引物的Xa27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Xa27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Xa27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/M00/10/27/Csgk0GQBrGiAGD4WAA1jpDbzd04477.PDF>