



2023年第10期总95期

种质资源保护与创制专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 品质分子改良课题组揭示番茄STM3-J2复合体拮抗调控花序分枝数的分子机制
2. 农学院吴玉峰教授团队联合康奈尔大学Jian Hua教授合作揭示mRNA m6A修饰调控低温抗性和翻译效率的分子机制
3. 农学院张文利课题组发表关于植物中基于低样品量/单细胞的染色质状态鉴定技术综述

▶ 学术文献

1. CRISPR/Cas9介导的无DNA BoIMYB28编辑开发富含萝卜苷的花椰菜 (*Brassica oleracea* var. *italica*))
2. 花椰菜 (*Brassica oleracea* L. var. *botrytis*) 花粉母细胞的部分去突触与作物的非整倍体有关吗?

▶ 相关专利

1. 远缘杂交技术创制番茄新种质的方法及其在番茄改良中应用

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

2. 水稻基因OsHsp40及其在制备具有非生物胁迫抗性转基因植物中的用途

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10日

▶ 前沿资讯

1. 品质分子改良课题组揭示番茄STM3-J2复合体拮抗调控花序分枝数的分子机制

简介：花序分枝数量决定果实数目，同时影响果实大小，是番茄重要的农艺性状之一，合适的花序分枝数已经成为优异番茄品种的一个重要指标。番茄花序分枝形成过程中分生组织发育进程和调控机制与拟南芥、水稻等其他模式植物非常不同。因此，揭示花序形态建成的调控网络对深入阐明番茄花序发育的生物学机理具有重要的科学意义。近日，The Plant Cell 在线发表了中国农业科学院蔬菜花卉研究所品质分子改良课题组题为Antagonistic regulation of target genes by the SISTER OF TM3-JOINTLESS2 complex in tomato inflorescence branching 的研究论文。该研究利用ChIP-seq发现花序分枝正调控因子STM3与负调控因子J2在IM（花序分生组织）和FM（花分生组织）中共同结合195个下游靶基因，而STM3激活靶基因的表达，J2抑制靶基因的转录。另外，STM3可以和J2形成异源复合体并阻碍了J2进入细胞核，因此突变STM3可以明显增强J2对下游基因的结合能力。而J2不但通过直接结合STM3启动子抑制其转录，也影响STM3对下游基因的结合，J2突变显著增强STM3对FUL1及共同靶基因的结合。本研究揭示了STM3和J2通过拮抗机制参与番茄花序分枝数量调控的分子机制，为深入理解植物花序发育提供了新思路。

中国农业科学院蔬菜花卉研究所已毕业博士王晓甜、博士研究生刘志强和硕士研究生白靖伟为共同第一作者，崔霞研究员为该论文的通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金重点项目(31930099)、国家重点研发计划(2022YFF1003002)和中国农业科学院科技创新工程项目的资助。原文链接：<https://academic.oup.com/plcell/advance-article/doi/10.1093/plcell/koad065/7071455>

来源：中国农业科学院蔬菜花卉研究所

发布日期：2023-03-09

全文链接：

<https://ivf.caas.cn/xwdt/zhxw/ac5cbf3f7f0f48ba9f9354cc2b472dc0.htm>

2. 农学院吴玉峰教授团队联合康奈尔大学Jian Hua教授合作揭示mRNA m6A修饰调控低温抗性和翻译效率的分子机制

简介：近日，南京农业大学吴玉峰教授团队联合康奈尔大学Jian Hua教授合作在植物学领域权威期刊Plant Physiology在线发表了题为“m6A mRNA modification promotes chilling tolerance and modulates gene translation efficiency in Arabidopsis”的研究论文，揭示mRNA m6A修饰可调控低温下基因的翻译效率，并且是植物生长发育不可或缺的组分。N6-甲基腺嘌呤（N6-methyladenosine, m6A）是高等生物mRNA中含量最丰富的甲基化修饰，影响mRNA诸多代谢过程如mRNA稳定性、可变剪切、翻译效率、PolyA位点选择及核-质转运等，可在转录和翻译水平调节基因表达。低温胁迫是限制植物生长的主要环境因子之一，但对m6A修饰如何响应低温信号的分子机制知之甚少。该研究发现敲低m6A甲基转移酶复合体成员MTA和FIP37的表达严重影响拟南芥在低温下的生长，且低温会导致mRNA的m6A修饰整体水平降低（尤其是3' UTR区）说明mRNA m6A修饰参与响应低温信号且是拟南芥低温生长不可或缺的组分。进一步研究发现缺少m6A修饰仅改变一小部分基因对低温的转录响应，但却导致约1/3的基因翻译效率发生异常。另

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

外，该研究通过关联分析发现冷响应基因DGAT1 (Diacylglycerol Acyltransferase 1) 在AmiR-mta突变体中的m6A修饰水平和蛋白翻译效率降低，但其转录表达水平没有发生显著变化。缺失DGAT1不影响拟南芥在常温下的生长，但会导致其耐冷性降低。综上所述，该研究揭示了m6A修饰在拟南芥冷响应过程中参与翻译效率调控的重要作用，拓宽了我们对植物耐冷性分子机制的认识。南京农业大学青年教师王帅和博士生王海彦、许志晖为论文共同第一作者，南京农业大学吴玉峰教授和康奈尔大学Jian Hua教授为共同通讯作者。课题组研究生姜莎莎、石雨成、谢海蓉也参与了相关工作。该研究得到了国家自然科学基金、江苏省自然科学基金、中央高校基本科研业务费、作物遗传与种质创新利用全国重点实验室创新项目和江苏省现代作物生产协同创新中心的资助。论文链接

<https://academic.oup.com/plphys/advancearticle/doi/10.1093/plphys/kiad112/7050033?searchresult=1>

来源：南京农业大学农学院

发布日期:2023-02-27

全文链接:

<http://news.njau.edu.cn/2023/0227/c18a122436/page.htm>

3. 农学院张文利课题组发表关于植物中基于低样品量/单细胞的染色质状态鉴定技术综述

简介：近日，南京农业大学农学院张文利课题组受邀在Trends in Plant Science上发表了题为“Low-input single-cell based chromatin profiling in plants”的综述文章。该综述总结了低样品量/单细胞水平下鉴定全基因组染色质修饰的方法，并比较了基于ChIP-seq 以及CUT&RUN/Tag鉴定方法在哺乳类动物和植物的应用进展及生物学意义；概括了这些方法在植物中的应用优势；展望了该领域未来研究所面临的挑战，为后续相关研究提供了新的策略和启发。该方法在植物中的应用，可以使更全面、系统地了解那些数量有限且具有特殊生物学功能细胞中的染色质调控，如减数分裂细胞的发育过程、顶端分生组织细胞的起始和分化等。南京农业大学博士生张艾岑为本文第一作者，硕士生彭宇渤、吴靖参与了本相工作，张文利教授为通讯作者。本项目得到了国家自然科学基金项目(32070561和U20A2030)、国家重点研发计划项目(2020YFE0202900)、中央高校基本科研业务费专项资金(KYZZ2022003)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/c18a122397/page.htm>

学术文献

1. Development of glucoraphanin-rich broccoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) by CRISPR/Cas9-mediated DNA-free Bo1MYB28 editing (CRISPR/Cas9介导的无DNA Bo1MYB28编辑开发富含萝卜苷的花椰菜 (*Brassica oleracea* var. *italica*)) ?

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

)

简介: Broccoli, a Brassica crop, is an important vegetative crop because of its nutritional components and beneficial phytochemicals. Glucoraphanin (GR), a major glucosinolate (GSL) in broccoli, is converted by hydrolyzation of the endogenous enzyme, myrosinase, into sulforaphane (SR), which protects the body against a variety of chronic diseases. Despite their economic importance, biotechnological approaches for increasing GR content in Brassica species are still limited. The main objective of this study was to develop a GR-rich broccoli cultivar using the CRISPR/Cas9-mediated DNA-free genome-editing technique. It is considered that MYB28 is one of the key genes involved in the accumulation of GSL levels in broccoli. Furthermore, with increased GSL levels by introgression of MYB28 from wild species, *B. villosa* showed a 9 bp deletion in exon 3, leading to one amino acid substitution and the deletion of three amino acids. Therefore, we considered the 9 bp deletion to be the most significant change in GR-rich broccoli and conducted Cas9 protein and single-guide RNA transfection into broccoli protoplasts for editing the flanking sequence of the 9 bp deleted MYB28 gene. Finally, increased GR content was observed in broccoli regenerated from protoplasts with specifically edited MYB28.

来源: Plant biotechnology reports

发布日期: 2022-11-10

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/27/Csgk0GQG-02ALI4kAB_COP6ziWQ235.pdf

2. Is partial desynapsis in cauliflower (*Brassica oleracea* L. var. botrytis) pollen mother cells linked to aneuploidy in the crop? (花椰菜 (*Brassica oleracea* L. var. botrytis) 花粉母细胞的部分去突触与作物的非整倍体有关吗?)

简介: Trisomic cauliflower plants (*Brassica oleracea* L. var. botrytis) display abnormal curd phenotypes that seriously decrease commercial value of the crop. Despite extensive breeding efforts, selection of genotypes producing euploid gametes remains unsuccessful due to unknown genetic and environmental factors. To reveal an eventual role of an-euploid gametes, we analyzed chromosome pairing, chiasma formation and chromosome segregation in pollen mother cells of selected cauliflower genotypes. To this end we compared three genotypes exhibiting Low with < 5%, Moderate with 5-10% and High with > 10% aberrant offspring, respectively. Although chromosome pairing at pachytene was regular, cells at diakinesis and metaphase I showed variable numbers of univalents, suggesting partial desynapsis. Cells at anaphase I-telophase II exhibit various degrees of unbalanced chromosome numbers, that may explain the aneuploid offspring. Immunofluorescence probed with an MLH1 antibody demonstrated fluorescent foci in all genotypes, but their lower numbers do not correspond to the number of putative chiasmata. Interchromosomal connections between chromosomes and bivalents are common at diakinesis and metaphase I, and they contain centromeric and 45S rDNA tandem repeats, but such chromatin connections seem not to affect proper disjoin of the half bivalents at anaphase I. Moreover, male meiosis in the Arabidopsis APETALA1/CAULIFLOWER double mutant with the typical cauliflower

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

phenotype does show interchromosomal connections, but there are no indications for partial desynapsis. The causality of the curd development on the desynapsis in cauliflower is still a matter of debate.

来源: Euphytica

发布日期: 2022-04-19

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/55/Csgk0Yhdr-mAcf42ABKik5dzfuo650.pdf>

➤ 相关专利

1. 远缘杂交技术创制番茄新种质的方法及其在番茄改良中应用

简介: 本发明公开了一种远缘杂交技术创制番茄新种质的方法及其在番茄改良中应用; 本发明用番茄野生种, 通过远缘杂交技术创制番茄新种质; 用遗传学、分子生物学、植物生理生化和数学方法对远缘杂交番茄不同世代或遗传背景(双亲和杂交后代)表型特征、进化、遗传力和遗传倾向进行分析和评估。同时, 结合番茄中富含的一种重要功能组分胡萝卜素, 通过分析所述功能组分合成及代谢途径关键基因表达, 解析远缘杂交事件对所述功能组分生物合成调控分子机制。同时, 创制了对环境逆境胁迫的应答不敏感的远缘杂交番茄新种质。本发明提供了一种创制番茄新种质及科学评估新方法, 将为番茄遗传改良和新品种培育提供重要种质资源和理论基础。

来源: 佰腾网

发布日期: 2021-09-24

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/55/Csgk0YhdsZKANj-7ACVGoZJIUmw199.PDF>

2. 水稻基因OsHsp40及其在制备具有非生物胁迫抗性转基因植物中的用途

简介: 本发明属于基因工程技术领域, 具体涉及一种来源于水稻植物的基因及其在提高植物非生物胁迫抗性的应用。本发明公开了一种用于制备具有非生物胁迫抗性转基因植物的水稻基因OsHsp40, 其核酸序列如SEQ ID NO. 1所示, 并进一步公开将含有该编码核酸的多核苷酸的分离的DNA分子连接至植物中组成启动子, 其编码氨基酸序列如SEQ ID NO. 2所示, 以及该水稻基因OsHsp40在制备具有非生物胁迫抗性转基因植物中的用途。本发明OsHsp40基因在植物抗高温和抗旱方面具有明显的作用, 因此可将本发明所述基因与植物中过表达启动子结合后导入合适的表达载体并转化植物宿主, 提高植物抗非生物逆境的能力。

来源: 佰腾网

发布日期: 2021-01-22

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/27/Csgk0GQG_MyAWEMJABcd0eHZV1U363.PDF