



2019年第15期总128期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 西北农林科技大学在小麦耐热分子机制研究方面取得进展
2. 研究揭示植物“春化记忆”重置的分子路径
3. 袁隆平：第三代杂交稻将成为杂交水稻育种发展方向
4. 周口师院：从水稻中克隆出提高水稻抗旱抗盐能力的基因

▶ 学术文献

1. RRM转录因子与NLR相互作用并调节水稻的广谱抗稻瘟病
2. 玉米VKS1调节早期胚乳发育过程中的有丝分裂和细胞分裂
3. CsFUL1的功能等位基因通过抑制黄瓜中的CsSUP和生长素转运来调节果实长度

▶ 相关专利

1. 使用针对鞘翅目有害生物的CYT1A突变体的方

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉依

联系电话：010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2019年4月22日

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

▶ 前沿资讯

1. 西北农林科技大学在小麦耐热分子机制研究方面取得进展

简介: 近日, Plant Journal在线发表了以西北农林科技大学为第一署名单位、农学院小麦非生物胁迫机理研究团队和生命科学学院生物信息学研究团队合作的研究论文“Hybrid sequencing reveals insight into heat sensing and signaling of bread wheat”。在小麦耐热分子机制研究方面取得进展随着全球变暖加剧, 高温已成为制约小麦生产的主要逆境因子之一。前期研究表明, 小麦灌浆籽粒在高温胁迫下的适应性响应有助于维持灌浆速率的稳定 (Journal of Experimental Botany, 2018, PMID:30476278), 但是, 小麦是如何感受和传递高温信号, 并最终启动高温胁迫适应性响应的, 尚不明确。该研究充分利用三代测序和二代测序的技术优势, 对连续时间点高温胁迫下, 小麦旗叶和灌浆籽粒的时空转录组数据进行了系统研究。结果表明, 小麦对高温胁迫的响应速度远高于其它非生物胁迫, 并第一次鉴定到了热激转录因子(高温信号传递通路中的末端转录因子)的上游信号。另外, 小麦不同组织器官、不同亚基因组和不同调控方式之间, 在高温胁迫响应过程中存在明显差异。针对小麦基因组的多倍体特性以及三代测序数据高错误率的问题, 该研究开发的二代和三代转录组测序数据整合分析的生物信息学流程, 为小麦等多倍体物种的大规模转录组学数据分析提供了新技术和新思路。

来源: 植物科学最前沿公众号

发布日期: 2019-04-22

全文链接:

<https://mp.weixin.qq.com/s/s7kcE0bbm6xQmfEmrn8GqQ>

2. 研究揭示植物“春化记忆”重置的分子路径

简介: 4月8日, 中国科学院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所上海植物逆境生物学研究中心何跃辉研究组和杜嘉木(现南方科技大学生物系教授)研究组合作在Nature Plants 发表题为Embryonic resetting of the parental vernalized state by two B3 domain transcription factors in Arabidopsis 的研究长文 (article), 报道了植物特有B3转录因子LEC2及FUS3在胚胎发育早期重置(擦除)“春化记忆”的分子机制。一些越冬植物必须经历一段时间的持续低温(寒冬)才能在春季时开花, 这种现象即为春化作用。春化作用受表观遗传调控, 在模式植物拟南芥中, 长期低温通过染色质修饰(组蛋白H3 第27位赖氨酸三甲基化, H3K27me3) 关闭抑制开花的关键基因FLC。何跃辉研究组2016年12月在Nature Genetics 报道了拟南芥营养生长期(幼苗), B3蛋白VAL1和VAL2识别FLC位点的顺式“冷记忆”元件(cis-regulatory cold memory element, CME), 并招募H3K27三甲基转移酶复合体PRC2, 介导了长期低温对FLC的沉默; 气温回升后(春季回暖), VAL蛋白依然结合FLC, 其沉默状态被维持(即“春化记忆”), 当日照逐渐变长, 植物就能开花结实。春化作用诱导的FLC沉默在当代是稳定的, 但下一代需要重新激活FLC表达, 以保证每一代都要经历寒冬而被春化, 从而防止植物在过冬前或过冬时开花。2017年11月何跃辉研究组发表在Nature 的研究成果表明“春化记忆”重置发生在胚胎发育早期, 种子特异的“先驱”(pioneer) 转录因子LEC1在受精后启动了这一重置过程, 以重新激活FLC表达。这项研究发现随着LEC1结合FLC基因的启动子区域, 胚胎B3转录因子LEC2和FUS3识别FLC位点的“冷记忆”顺式元件CME, 并与

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

抑制FLC表达的B3蛋白VAL1和VAL2竞争，将其从FLC位点剔除；LEC1、LEC2和FUS3协同作用，形成胚胎“春化记忆”重置路径。蛋白-DNA复合物晶体结构显示LEC2、FUS3及VAL1的B3结构域以相同的方式识别CME。此外，LEC2和FUS3招募H3K36三甲基化酶EFS等激活FLC表达的染色质修饰因子，在胚胎发育早期将FLC染色质的沉默状态（携带H3K27me3标记）重置为激活状态（携带H3K36me3等标记），从而消除亲本的“春化记忆”，在子代激活FLC表达。在种子发芽出苗后，种子特异的LEC1、LEC2和FUS3不再表达或表达被抑制，而VAL1和VAL2在幼苗期仍正常表达；当低温来临时，VAL1和VAL2又能结合FLC位点的“冷记忆”元件，再次关闭FLC表达。这项研究显示越冬植物利用B3结构域蛋白的一个亚家族，在胚胎-植物-胚胎生长发育循环过程中，开启-关闭-再次开启开花调控基因的表达，使植物的生长发育与季节性温度变化同步，揭示了植物适应从冬到春、春又到冬的季节循环，而适时开花的分子与表观遗传机理。该项研究由何跃辉研究组与杜嘉木研究组合作完成，得到国家重点研发计划、国家自然科学基金委和中科院相关经费的资助；陶增、胡泓淼和罗晓为该论文的共同第一作者，杜嘉木和何跃辉为该论文的通讯作者。

来源：中国科学院

发布日期：2019-04-16

全文链接：

http://www.cas.cn/syky/201904/t20190411_4688566.shtml

3. 袁隆平：第三代杂交稻将成为杂交水稻育种发展方向

简介：中国工程院院士袁隆平表示，第三代杂交水稻育种技术兼具配组自由度高和育性稳定的优点，将成为我国杂交水稻育种技术的发展方向。在此间召开的第三届中国（三亚）国际水稻论坛上，袁隆平指出，第一代中国杂交水稻是以细胞质雄性不育系为遗传工具的三系法杂交稻，目前推广面积约1亿亩，但选育到优良组合的难度较大。第二代则是以光温敏核不育系为遗传工具的两系法杂交稻，育性受气温高低决定，若遇异常天气易出现制种和繁殖失败。“第三代杂交水稻是今后发展的方向。”他说，第三代杂交水稻是以遗传工程不育系为遗传工具的两系法杂交稻，克服了三系杂交稻配组难度大和两系杂交稻育性不稳定的弱点，双季晚稻亩产超1000公斤，是今后的发展方向。此外，第四代C4型杂交稻具有光合效率高的优势，预计2022年C4型水稻样株可基本研究成功。第五代一系法杂交水稻，即通过无融合生殖固定杂种一代的杂种优势，最新进展是通过基因编辑技术在杂交稻中引入无融合生殖特性。预计第五代杂交水稻将在2050年左右研制成功。

来源：科学网

发布日期：2019-04-12

全文链接：

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/4/425149.shtml>

4. 周口师院：从水稻中克隆出提高水稻抗旱抗盐能力的基因

简介：近日，周口师范学院唐跃辉博士带领该校的河南省作物分子育种与生物反应器重点实验室植物逆境研究课题组，从水稻中克隆获得了响应干旱和盐胁迫的基因，该基因能够提高水稻抗旱抗盐的能力。该研究成果在线发表于国际知名期刊《植物科学前沿》。据悉，中国占到全球盐渍化总面积的1/10，且呈现上升的趋势。近年来，不合理的耕作

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

及工业加重了土壤次生盐渍化，成为限制植物栽培的重要因素之一。因此，研究植物的干旱和盐胁迫调控机制，选育抗盐和抗干旱植物，有利于农业的生产、增产，有助于干旱和盐碱地的治理、改良。水稻是我国主要粮食作物之一，与其他农作物相比，更容易遭受干旱和盐胁迫的危害。所以，进行干旱和盐胁迫响应水稻基因挖掘并进行其分子机理研究尤为必要，且亟需进行。同时，干旱和盐胁迫非生物胁迫严重影响植物的生长、发育和作物的产量，为此，植物演化出错综复杂的调控网络，通过转录因子直接抑制或者激活下游基因的表达，实现植物抵抗非生物胁迫抗性。MYB蛋白是植物最重要的转录因子之一，但是水稻MYB家族响应干旱和盐胁迫的基因仍然罕见报道。唐跃辉课题组从水稻中克隆获得了一个MYB家族基因，命名为OsMYB6，拟南芥原生质体瞬时表达结果表明该基因编码蛋白定位于细胞核中。实时荧光定量PCR结果分析表明：OsMYB6主要在水稻叶片中表达并受干旱和盐胁迫诱导。过表达OsMYB6的水稻植株表现出更强的抗旱抗盐的表型。此外，非生物胁迫相关基因在过表达OsMYB6的水稻植物中表达量显著性增加。这些结果表明OsMYB6不影响水稻生长发育，但是参与水稻对于干旱和盐胁迫的代谢调控。该研究结果为植物耐逆分子模块设计育种提供了理论依据，同时为植物遗传改良提供了新的基因资源。

来源：科学网

发布日期:2019-04-10

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/4/424982.shtm>

学术文献

1 . Article RRM Transcription Factors Interact with NLRs and Regulate Broad-Spectrum Blast Resistance in Rice (RRM转录因子与NLR相互作用并调节水稻的广谱抗稻瘟病)

简介：Nucleotide-binding site leucine-rich repeat (NLR) receptors perceive pathogen effectors and trigger plant immunity. However, the mechanisms underlying NLR-triggered defense responses remain obscure. The recently discovered Pigm locus in rice encodes a cluster of NLRs, including PigmR, which confers broad-spectrum resistance to blast fungus. Here, we identify PIBP1 (PigmR-INTERACTING and BLAST RESISTANCE PROTEIN 1), an RRM (RNA-recognition motif) protein that specifically interacts with PigmR and other similar NLRs to trigger blast resistance. PigmR-promoted nuclear accumulation of PIBP1 ensures full blast resistance. We find that PIBP1 and a homolog, Os06 g02240, bind DNA and function as unconventional transcription factors at the promoters of the defense genes OsWAK14 and OsPAL1, activating their expression. Knockout of PIBP1 and Os06 g02240 greatly attenuated blast resistance. Collectively, our study discovers previously unappreciated RRM transcription factors that directly interact with NLRs to activate plant defense, establishing a direct link between transcriptional activation of immune responses with NLR-mediated pathogen perception.

来源：Molecular Cell期刊

发布日期:2109-04-08

全文链接:

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

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/6A/Csgk0Fy1xU-AIM7hAFfiGo2fej4505.pdf>

2 . Maize VKS1 Regulates Mitosis and Cytokinesis during Early Endosperm Development (玉米VKS1调节早期胚乳发育过程中的有丝分裂和细胞分裂)

简介: Cell number is a critical factor that determines kernel size in maize (*Zea mays*). Rapid mitotic divisions in early endosperm development produce most of the cells that make up the starchy endosperm; however, the mechanisms underlying early endosperm development remain largely unknown. We isolated a maize mutant that shows a varied-kernel-size phenotype (*vks1*). *Vks1* encodes ZmKIN11, which belongs to the kinesin-14 subfamily and is predominantly expressed in early endosperm development. VKS1 dynamically localizes to the nucleus and microtubules and plays key roles in the migration of free nuclei in the coenocyte as well as in mitosis and cytokinesis in early mitotic divisions. Absence of VKS1 has relatively minor effects on plants but causes deformities in spindle assembly, sister chromatid separation and phragmoplast formation in early endosperm development, thereby resulting in reduced cell proliferation. Severities of aberrant mitosis and cytokinesis within individual *vks1* endosperms differ, thereby resulting in varied kernel sizes. Our discovery highlights VKS1 as a central regulator of mitosis in early maize endosperm development and provides a potential approach for future yield improvement.

来源: Plant期刊

发布日期:2019-04-04

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/6A/Csgk0Fy2k7aAC3b8AJWgvLN-DNE542.pdf>

3 A functional allele of CsFUL1 regulates fruit length through inhibiting CsSUP and auxin transport in cucumber (CsFUL1的功能等位基因通过抑制黄瓜中的CsSUP和生长素转运来调节果实长度)

简介: Fruit length is a prominent agricultural trait during cucumber domestication and diversifying selection; however, the regulatory mechanisms of fruit elongation remain elusive. We found two alleles of the FRUITFULL-like MADS-box gene *CsFUL1* with 3393C-A SNP variation among 150 cucumber lines, in which *CsFUL1A* was specifically enriched in the long-fruited East Asian type cucumbers (China and Japan), whereas the *CsFUL1C* allele was randomly distributed in natural cucumber populations including wild and semi-wild cucumbers. *CsFUL1A* knockdown led to further fruit elongation in cucumber, whereas elevated expression of *CsFUL1A* resulted in significantly shorter fruits. No effect on fruit elongation was detected upon modulation of *CsFUL1C* expression, suggesting that *CsFUL1A* is a gain-of-function allele in long-fruited cucumber that acts as a repressor during diversifying selection of East Asian cucumbers. Furthermore, *CsFUL1A* binds to the CARG box in the promoter region of the SUPERMAN (*CsSUP*) gene to repress its expression in regulating cell division and expansion. Additionally, *CsFUL1A* inhibits the expression of auxin

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

transporters PIN-FORMED 1 and 7, resulting in decreases in auxin accumulation in fruits. Together, our work provides an agriculturally important allele with practical application for manipulation of fruit length via modulating CsFUL1A expression levels in cucumber breeding.

来源: Plant期刊

发布日期:2019-03-29

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/6A/Csgk0Fy1yTCAAEfLADLRz8XaVto245.pdf>

➤ 相关专利

1. 使用针对鞘翅目有害生物的CYT1A突变体的方法

简介: 本公开提供了苏云金芽孢杆菌多肽的核酸和变体, 该多肽针对包括鳞翅目和双翅目的昆虫有害生物具有杀有害生物活性。具体实施例提供了编码Cyt1A变体多肽的分离的核酸, 包含实施例的核酸的杀有害生物组合物、DNA构建体、以及经转化的微生物和植物。这些组合物可应用于控制有害生物特别是植物有害生物的方法中。

来源: 国家知识产权局

发布日期:2019-01-04

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/6A/Csgk0Fy1zK-AEtgmAF3Ey_cTzCc285.pdf