



2019年第29期总142期

# 农业生物技术专题

## 本期导读

### ▶ 前沿资讯

1. 克隆出水稻小穗发育新基因
2. 栾升团队发现植物免疫早期钙信号关键钙离子通道复合物及其活性调控机制
3. 植物线粒体DNA实现首次编辑
4. 植物如何维持光热响应平衡
5. 华南植物园发现水稻中过表达Os03L2和Os03L3全长和截断片段均可降低米粒中的镉积累
6. 中科院植物生理生态研究所基因中心韩斌研究组成功破解水稻杂种优势基因

### ▶ 学术文献

1. 研究揭示拟南芥年龄依赖型表皮毛发生的分子机制
2. 通过GradedPool-Seq绘图破解杂种优势基因可以改善水稻改良策略

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉侬；顾亮亮

联系电话：010-82109850

邮箱：[agri@ckcest.cn](mailto:agri@ckcest.cn)

2019年7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. 克隆出水稻小穗发育新基因

**简介:** 近日, 中国农业科学院作物科学研究所研究员、中国工程院院士万建民团队克隆了水稻小穗发育新基因OsPEX5, 并对其调控水稻小穗发育的分子机制进行了深入研究。相关研究成果在线发表在《新植物学家》上。小穗是禾本科植物花序的独特结构单位, 其是否正常发育决定了水稻的产量和品质。对水稻小穗发育分子调控机理的研究具有重要的理论价值和现实意义。该团队以水稻小穗发育畸形突变体为材料, 通过图位克隆方法鉴定了一个编码过氧化物酶体受体蛋白基因OsPEX5。OsPEX5蛋白可以与茉莉酸生物合成途径的12-氧-植物二烯酸还原酶发生互作, 并影响其过氧化物酶体定位, 造成突变体中茉莉酸含量下降, 且通过外源甲基茉莉酸处理部分恢复其小穗异常的表型。进一步研究发现, 水稻茉莉酸信号途径中的正向调控因子可以结合到花发育关键基因的启动子上并激活其表达, 这种激活作用会被茉莉酸信号途径中的负调控因子所拮抗。该研究完善了茉莉酸调节植物生殖发育的分子机制, 并为调控植物中茉莉酸的生物合成提供了重要的理论基础。

**来源:** 科学网

**发布日期:** 2019-07-18

**全文链接:**

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/7/428492.shtm>

### 2. 栾升团队发现植物免疫早期钙信号关键钙离子通道复合物及其活性调控机制

**简介:** 钙离子 ( $\text{Ca}^{2+}$ ) 信号是植物生长发育和环境响应的核心调控因子, 参与调控各种非生物胁迫、气孔开度、病原菌侵染等反应。钙离子如何特异性响应各种信号而引发下游偶联反应是细胞生物学中长期悬而未决的问题。植物通过细胞膜表面的模式识别受体 (pattern recognition receptors, PRRs) 感知病原菌的存在, 从而激活模式触发的免疫 (pattern-triggered immunity, PTI) 反应。在PTI免疫过程中, 病原相关分子模式 (pathogen associated molecular patterns, PAMPs) 诱发的早期钙信号起到至关重要的作用。在植物PTI免疫过程中, 宿主细胞通过PRRs感知PAMPs, 导致细胞内钙离子浓度的增加, 并导致激活基于钙离子信号的防御反应。钙离子是植物PTI免疫的重要信号, 但目前PAMP诱导钙离子信号的机制仍不清楚。栾升团队研究发现, 在培养基中外源钙离子浓度会影响PTI过程中钙离子依赖的免疫反应。通过EMS诱变筛选得到了两个PTI免疫钙信号减弱的拟南芥突变体afc1和afc2 (altered in flg22-induced  $[\text{Ca}^{2+}]_{\text{cyt}}$  response)。遗传表型分析发现, afc1和afc2突变体表型分别是由于环核苷酸门控通道蛋白家族 (cyclic nucleotide-gated channels, CNGCs) 的两个不同成员CNGC2和CNGC4的功能缺失突变造成的。在正常浓度的外源 $\text{Ca}^{2+}$ 环境中, PAMPs (flg22) 和H2O2诱发的早期钙信号在cngc2, cngc4单突变体和cngc2cngc4双突变体中均显著减小, 且减小程度一致(图1)。同时, 其它 $\text{Ca}^{2+}$ 依赖的PTI免疫反应在cngc2, cngc4单突变体和cngc2cngc4双突变体中均显著减弱。进一步研究发现, 在静息状态下, 钙调蛋白 (Calmodulin) 与CNGC2-CNGC4通道相结合, 作为门控分子使通道保持关闭状态; 当病菌侵染时, CNGC2-CNGC4-CaM复合物被PTI信号通路上游的类受体胞质激酶BIK1磷酸化而激活, 介导细胞外钙离子内流, 启动下游钙离子依赖的PTI免疫反应。因此, 该研究揭示了植物一

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

种新的钙信号编码的分子机制（图3），是植物PTI免疫反应分子机理的一个重要进展和突破。这一原创性的研究成果解决了植物病理信号反应研究领域长期以来一直期待解决的关键问题，为植物病理早期信号的感应提供了全新的作用范式。

来源： BioArt植物公众号

发布日期:2019-07-18

全文链接:

<https://mp.weixin.qq.com/s/CEeyNuWy604jApGWxLJRWA>

### 3. 植物线粒体DNA实现首次编辑

**简介:** 核DNA在20世纪70年代初首次编辑，叶绿体DNA于1988年首次编辑，动物线粒体DNA于2008年编辑。然而，植物线粒体DNA之前却没有被成功编辑过。直到近日，日本的研究人员首次成功编辑了植物线粒体DNA，这可能会带来更安全的食物供应。领导这项研究的东京大学分子植物遗传学家、助理教授Shin-ichi Arimura开玩笑地说：“当看到水稻植株‘更有礼貌’时，我们知道自己取得了成功。因为它深深地鞠了一躬，穗多的水稻才会出现这样的弯曲。”研究人员希望利用这项技术来解决目前作物中线粒体遗传多样性缺乏的问题，这是食物供应中潜在的破坏性弱点。他们还利用该技术创造了4个水稻新品种和3个油菜新品种。相关成果发表于《自然—通讯》。植物线粒体基因组意味着什么？1970年，一种真菌感染了美国得克萨斯州农场的玉米，之后又因玉米线粒体的一个基因而导致感染加剧。农场上所有玉米都有相同的基因，因此没有一个对这次感染有抵抗力。那一年，整个美国15%的玉米绝收。从那以后，美国再也没有种植具有该特定线粒体基因的玉米。“我们现在仍然面临很大的风险，因为世界上可利用的植物线粒体基因组太少了。我想通过我们的技术操纵植物线粒体DNA来增加作物的多样性。”Arimura表示。现在，大多数农民都不会从收获的作物中留种。农业公司供应的杂交作物是两个遗传上不同的亲本亚种的第一代后代，通常更强壮、更有生产力。其中一个父本不能制造花粉。研究人员将常见类型的植物雄性不育称为细胞质雄性不育（CMS）。CMS是一种罕见但天然存在的现象，主要由线粒体引起。甜菜、胡萝卜、玉米、黑麦、高粱等都可以利用CMS的亲本亚种进行商业化种植。植物通过叶绿体中的光合作用产生大部分能量。然而，根据Arimura的说法，“叶绿体的作用被高估了”。植物通过和动物细胞一样的“细胞发电站”获得能量，也就是线粒体。在他看来，“没有植物线粒体就没有生命”。“植物线粒体基因组比较大，结构复杂得多，基因有时是重复的，基因表达机制尚不清楚，有些线粒体完全没有基因组。在之前的研究中，我们观察到它们与其他线粒体融合以交换蛋白质产物，然后再次分离。”Arimura说。为了找到一种操纵复杂植物线粒体基因组的方法，Arimura和熟悉水稻、油菜CMS系统的科学家进行合作。之前的研究表明，在这两种植物中，造成CMS的原因是水稻和油菜中单一的、进化上不相关的线粒体基因。研究团队采用了一种称为mitoTALENs的技术，使用单一蛋白质定位线粒体基因组，将DNA切割成所需基因，并将其删除。Arimura表示，“虽然删除大多数基因会产生问题，但删除CMS基因会解决植物存在的问题。如果没有CMS基因，植物就会再次繁殖。”他们创造出了4个水稻新品种和3个油菜新品种，证明了mitoTALENs技术甚至可以成功操纵复杂的植物线粒体基因组。Arimura说：“这是植物线粒体研究重要的第一步。”研究人员将更详细地研究负责植物雄性不育的线粒体基因，并确定可能增加急需多样性的潜在突变。

来源：基因农业网

发布日期:2019-07-16

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



全文链接:

<http://www.agrogene.cn/info-5652.shtml>

#### 4. 植物如何维持光热响应平衡

**简介:** 高温、暴晒,让人受不了,其实植物也不喜欢。但是植物如何感受外界环境的变化?如何调节自身做出适应性改变,保护自己并维持正常生长?7月15日,《自然—通讯》在线发表了山东农业大学生命科学学院倪敏课题组的研究论文。他们发现,植物生物钟核心因子CCA1/LHY蛋白与SHB1蛋白相互作用,通过调控PIF4基因表达维持植物光响应的平衡状态。CCA1是植物生物钟核心振荡器中的关键因子,参与调控植物生长发育;SHB1参与调控植物光信号转导与种子胚乳的发育,并最终影响种子的大小;PIF4则是光信号转导过程中关键的负调控因子。之前的研究表明,正调控因子如光敏素接收到光信号之后,迅速通过泛素化途径降解PIF4蛋白,以达到促进植物光形态建成的目的。但此前尚不清楚这种降解机制是否存在一种反馈调节模式。倪敏团队以模式植物拟南芥为载体,从分子、生化以及遗传角度分析了SHB1-CCA1/LHY复合体在红光条件下调控PIF4基因表达的机制。结果发现,在早上,高水平表达的CCA1通过结合PIF4基因的启动子,将生物钟信号整合入PIF4介导的信号转导途径,进而招募SHB1至PIF4基因的启动子上,特异性地上调PIF4基因表达,维持PIF4基因的节律表达模式,并在一定程度上减弱植物的光响应,以维持植物光形态建成的平衡状态。此外,研究还发现,随着白天温度的升高,SHB1通过上调PIF4基因的表达,可以增强植物的热形态建成,有助于保障植物在强光、高温条件下正常生长发育。倪敏指出,该项研究揭示了一种维持植物光形态建成平衡的反馈调节模式,在作物生长发育过程中,有助于维持其适度的光、热响应。

**来源:** 科学网

**发布日期:** 2019-07-16

**全文链接:**

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/7/428411.shtml>

#### 5. 华南植物园发现水稻中过表达O<sub>s</sub>03L2和O<sub>s</sub>03L3全长和截断片段均可降低米粒中的镉积累

**简介:** 镉是一种高毒性重金属,它可积累于人体的多个器官(特别是肝和肾),即使是低剂量地长期摄入也会造成严重后果,例如使人患上癌症或其他疾病。水稻是全球半数人口的主要粮食,它同时也是人类镉摄入的主要来源。2013年的一篇新闻报道指出,在广东抽检的大米中,近半数的镉含量都超过国家标准。为解决水稻镉积累问题,中国科学院华南植物园转基因中心副研究员王昌虎等人在研究员区永祥的指导下开展相关科学研究。2016年,王昌虎等发现,在水稻中过表达OXS3(氧化胁迫3基因)的家族成员O<sub>s</sub>03L2和O<sub>s</sub>03L3的截短片段不但可以降低根和叶中的镉吸收,而且能显著降低种子中镉的积累(Wang C et al. 2016. Molecular Plant 9:301-304)。由于该发现在抗镉积累的水稻分子育种中具有显著的应用价值,相关的多肽和基因在2018年获得了中国发明专利的授权。鉴于获取组成型过表达O<sub>s</sub>03L2和O<sub>s</sub>03L3全长基因的植株非常困难,所以在以往的试验中并未涉及相关的功能研究,为了检验O<sub>s</sub>03L2和O<sub>s</sub>03L3截短序列的抗镉功能是来自该基因本身,还是源自人为截短基因,最近王昌虎等尝试用诱导性表达的方式对这两个基因的全长序列进行了功能研究。结果表明,跟截短序列一样,过表达O<sub>s</sub>03L2和O<sub>s</sub>03L3全长序列可以在不影响锰、铁、铜和锌等重要金属元素的含量下,明显降低米粒

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

中的镉含量(图1), 这便明确了水稻抗镉功能是来自于这两个基因的本身。同时也发现全长基因的表达转化率显著低于截短片段, 提示该基因过表达量过高可能致死转基因系。此外, Os03L2 和Os03L3 的细胞和组织学定位结果显示, 这两个蛋白是维管束细胞中与组蛋白H2A互作的一类核蛋白(图2), 由此推测, 它们很可能通过与H2A互作而改变染色质的结构, 进一步调控下游的基因表达, 从而减少水稻中的镉积累。相关研究成果已发表于欧洲生物技术联盟(the European Federation of Biotechnology (EFB))杂志 New Biotechnology (2019. 48: 29-34) 上。研究曾获得国家重点研发计划项目、中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、广东省科技计划项目和广东省应用型科技研发专项资金项目的资助。

来源: NK007-201900722005

发布日期:2019-07-15

全文链接:

[http://www.cas.cn/syky/201907/t20190712\\_4699530.shtml](http://www.cas.cn/syky/201907/t20190712_4699530.shtml)

## 6. 中科院植物生理生态研究所基因中心韩斌研究组成功破解水稻杂种优势基因

简介: 韩斌研究组以此为出发点, 开发了一套新的数量性状基因定位方法—GradedPool-Seq (GPS)。该方法基于F2样品材料混合池测序的策略, 直接从表型差异大的双亲F2后代中精确定位基因。该方法不仅提高了定位基因的分辨率, 而且大幅度降低了成本。通过该方法, 成功在多套杂交稻群体中定位到已知与未知的杂种优势相关基因, 并且在“广两优676”杂交稻F2群体中定位到与千粒重相关的杂种优势基因GW3p6。进一步图位克隆发现来自于雄性不育系(母本)中的GW3p6是OsMADS1的等位基因, 并且GW3p6剪切方式的改变造成粒重与产量的增加。通过构建近等基因系发现, GW3p6显著提高水稻产量、增加粒重和粒长, 但是不影响其他农艺性状。同时将GW3p6与另一个分蘖相关杂种优势基因PN3q23聚合, 进一步提高了水稻产量。这些结果证明在自交系中聚合优良的纯合型杂种优势基因, 可以不通过培育杂交稻的方式, 同样实现杂种优势类似的产量增加。另外GPS方法与该研究也为杂种优势育种以及品种改良提供了新的高效设计育种思路。

来源: 中科院植物生理生态研究所

发布日期:2019-07-10

全文链接:

[http://www.cas.cn/syky/201609/t20160908\\_4574146.shtml](http://www.cas.cn/syky/201609/t20160908_4574146.shtml)

## 学术文献

### 1. Age-dependent heteroblastic development of leaf hairs in *Arabidopsis* (研究揭示拟南芥年龄依赖型表皮毛发生的分子机制)

简介: Higher plants progress through a juvenile and an adult phase of development before they enter the reproductive phase. The transition from the juvenile to the adult phase is referred to as vegetative phase change, and this is signified by the production of trichomes on the abaxial side of leaf blades in *Arabidopsis*; however, the underlying molecular

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

mechanism of this process is still poorly understood. We identified a dominant mutation (gl1-D) in a forward genetic screen that accelerates abaxial trichome production during shoot development. This phenotype is the result of a G-to-A substitution in the 3' non-coding region in the GLABRA1 (GL1) gene. We show that TOE1, an AP2-like transcription factor that acts downstream of the miR156-SPL pathway, represses GL1 expression by directly binding to this site, and that gl1-D prevents TOE1 binding. Our work reveals a molecular link between vegetative phase change and abaxial trichome production in Arabidopsis, and answers a long-standing question of how the vegetative phase change pathway regulates vegetative traits. This article is protected by copyright. All rights reserved.

来源: New Phytologist 期刊

发布日期: 2019-07-11

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/89/Csgk0F0xhVmAIMXEAArWTh3gk1c168.pdf>

## 2. Dissecting a heterotic gene through GradedPool-Seq mapping informs a rice-improvement strategy (通过GradedPool-Seq绘图破解杂种优势基因可以改善水稻改良策略)

简介: Hybrid rice breeding for exploiting hybrid vigor, heterosis, has greatly increased grain yield. However, the heterosis-related genes associated with rice grain production remain largely unknown, partly because comprehensive mapping of heterosis-related traits is still labor-intensive and time-consuming. Here, we present a quantitative trait locus (QTL) mapping method, GradedPool-Seq, for rapidly mapping QTLs by whole-genome sequencing of graded-pool samples from F2 progeny via bulked-segregant analysis. We implement this method and map-based cloning to dissect the heterotic QTL GW3p6 from the female line. We then generate the near isogenic line NIL-FH676::GW3p6 by introgressing the GW3p6 allele from the female line Guangzhan63-4S into the male inbred line Fuhui676. The NIL-FH676::GW3p6 exhibits grain yield highly increased compared to Fuhui676. This study demonstrates that it may be possible to achieve a high level of grain production in inbred rice lines without the need to construct hybrids.

来源: Nature Communications 期刊

发布日期: 2019-07-05

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/89/Csgk0F0xhP6AccsPACbEu611DZM779.pdf>