

· 导 读 ·

本期导读内容主要包括前沿技术方法、基因家族成员鉴定与分析、病原菌致病机理以及重要性状基因克隆和功能鉴定等方面。

徐兆师 《生物工程学报》编委

(中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

前沿技术方法

空间转录组(spatial transcriptomics, ST)测序技术利用成像、生物标记、测序及生物信息学等工具在获得不同类型细胞基因表达信息的同时,保留基因表达的空间位置信息,是研究植物细胞异质性和互作的有力工具。目前,ST技术已经在植物细胞生长、分化和抗逆应激等方面得到应用。本期学报中,张成等^[1]综述了ST的最新进展,重点介绍了该技术在植物领域中的科学发现,提出ST技术未来在植物研究中的方向以及结合其他组学技术的优势,以期为ST技术应用于更多植物物种提供参考。

CRISPR/Cas9 基因编辑系统是一项通用的基因修饰技术,是植物、动物以及微生物的功能基因和遗传育种研究的重要技术。在本期学报中,李荣平等^[2]介绍了该技术在食用真菌的基因研究和遗传育种中的应用现状,同时总结了该技术在食用菌中应用所面临的主要问题及其优化策略,并结合个人研究背景展望了其未来在食用菌研究中的应用价值,为后续相关研发工作提供了理论基础。

半纤维素作为植物细胞壁的主要成分,结构复杂,其主链和侧链的合成修饰需要多种酶的参与,同时半纤维素作为中介介质与纤维素、木质素等紧密交联,形成顽固的抗降解屏障,导致木质纤维素难以被高效地利用。通过精准遗传改良植物细胞壁结构与特性,可以在保证植物正常生长发育的前提下,大幅提高木质纤维素降解效率。在本期学报中,管伦等^[3]针对如何提高植物细胞壁的降解效率,系统总结了半纤维素的遗传修饰与细胞壁降解效率的关系,可为植物细胞壁的遗传改良提供参考。

基因家族成员鉴定与分析

热激蛋白(heat shock protein, HSP)是一类能对高温或其他胁迫作出应答反应并有效提高生物体对恶劣环境适应能力的分子伴侣蛋白。HSP70 蛋白作为热激蛋白(heat shock protein, HSP)家族重要成员之一,在植物的生长发育、逆境胁迫等过程中发挥着重要作用。在本期学报中,凡超等^[4]在荔枝全基因组范围内鉴定HSP70 基因家族,并且探究该家族成员在荔枝不同组织中的表达差异和对低温、高温、干旱

及盐胁迫的响应,以期初步解析 LcHSP70 家族在组织发育及逆境胁迫响应中的功能。该研究结果为进一步探究荔枝 HSP70 基因家族的功能奠定了基础。

细胞分裂素响应因子(cytokinin response factors, CRFs)作为植物特有的转录因子,在生长发育调控、激素信号通路以及胁迫应答过程中发挥着重要作用。CRF 属于 APETALA2/乙烯响应因子(APETALA2/ethylene response factors, AP2/ERF)转录因子超家族的亚组成员,主要参与 CRF 蛋白之间以及 CRF 与磷酸转运蛋白之间的相互作用,进而调节植物的 CK 信号传导通路。本期学报中,宋永森等^[5]对 9 个 CRF 基因家族成员进行了鉴定及表达分析。本研究为 CRF 家族基因在水稻生长发育过程中的功能研究提供了参考。

高粱蚜(*Melanaphis sacchari*)和丝黑穗病菌(*Sporisorium reilianum*)侵染高粱,导致其生长发育受阻、产量和品质下降。MYC 转录因子可调节茉莉酸的合成,诱导相关抗性基因表达,参与调控植物抗逆,MYC 基因对研究高粱生长发育的调控机理和选育抗逆、高产和优质高粱品种均有重要意义。本期学报中,柴文婷等^[6]对高粱 MYC 家族成员进行了鉴定,研究高粱发育过程及病虫发生下的 MYC 基因表达模式变化与自然等位 DNA 变异,鉴定到 SbMYCs 关键的单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)或插入缺失标记(insertion-deletion, INDEL)变异。该研究从高粱基因组鉴定到 28 个 MYC 基因,其表达存在时空差异,为高粱性状形成的分子机制奠定了基础。

应激活化蛋白激酶(stress-activated protein kinase, SAPK)在脱落酸(abscisic acid, ABA)信号通路中起核心作用。本期学报中,姚馨怡等^[7]对铁皮石斛 SAPK 基因家族成员进行了鉴定及表达分析。该研究为铁皮石斛 DoSAPK 家族基因及其功能的深入研究提供了参考。

磷脂酶 A2 (phospholipase A2, PLA2)广泛分布于动物、植物和微生物,参与许多生理活动。PLA2 与类风湿关节炎、心血管和神经系统疾病以及肿瘤等有关,具有重要的医学研究价值。在本期学报中,熊江涛等^[8]在家蚕基因组中鉴定到 4 个 PLA2 基因,并对其中的 *BmsPLA2-4* 基因进行了体外表达、蛋白纯化和表达谱分析。该研究为后续深入研究提供了实验依据和启示,但相关作用机理需要进一步探究。

病原菌致病机理

水稻白叶枯病是由革兰氏阴性菌黄单胞杆菌致病变种(*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*)引起的,对水稻产量和品质都会造成极大影响,它一般可使水稻减产 10%–30%,更严重的情况下会造成 50%以上的损失。因此对水稻白叶枯病的研究对保障粮食安全有着重要的作用。本期学报中,刘玉婷等^[9]以国外引进粳稻品种 Maybelle 与地方籼稻品种白叶秋为亲本构建而成的加倍单倍体(doubled haploid, DH)群体为材料,调查了 4 个白叶枯病致病小种的致病性;发现各小种的致病性在 DH 群体间呈现连续分布,并伴有一定的超亲变异;各个致病小种的致病性具有一定的相关性,相关系数处在 0.3 与 0.6 之间。该研究对拓宽我国白叶枯病抗性的基

因资源具有重要的意义。

由 $G\alpha$ 、 $G\beta$ 和 $G\gamma$ 三个亚基组成的异源三聚体 GTP 结合蛋白(简称 G 蛋白)在真核生物的信号转导中起着重要作用。本期学报中, 吴楠等^[10]研究发现沉默大豆 *GmAGBI* 同源基因影响大豆的正常生长发育并降低大豆抗病性; 酵母双杂交实验证明大豆中的 *GmAGBI* 可能与 *GmAGGI* 存在互作关系。该研究有助于解析 *GmAGBI* 基因在大豆抗病性中的作用机制, 为抗病分子育种奠定了基础。

自噬是真核生物中特有的分解代谢与营养循环途径。在植物中, 自噬在植物的营养循环、生长发育、衰老、细胞死亡、生物胁迫与非生物胁迫反应中均起着重要作用。本期学报中, Hashimi 等^[11]利用大豆豆荚斑驳病毒(bean pod mottle virus, BPMV)介导的基因沉默技术, 对大豆自噬相关基因 5 (autophagy-related gene 5, ATG5) 同源基因进行沉默, 发现沉默大豆 *GmATG5* 加速了叶片衰老并增强了大豆抗病性。

黄素单氧化酶(flavin-containing monooxygenase, FMO)是 CSOs 生物合成途径中的关键酶, 具有硫氧化功能。S-烷基(烯)半胱氨酸亚砜[S-alk(en)yl-L-cysteine sulfoxides, CSOs]是一类由半胱氨酸衍生而来的植物次生代谢产物, CSOs 被蒜氨酸酶降解后的产物具有抗菌、抗癌、消炎和抑制心脑血管疾病等功能, 还被证实参与植物抗病防御反应。本期学报中, 吴文卉等^[12]对 *AcFMO* 基因的表达和功能进行分析, 进而了解其对 CSOs 生物合成及其转化为各种含硫化合物的分子调控, 从而为洋葱中 CSOs 的发生、生物合成及其转化为多种含硫化合物

的化学转化研究提供参考。

重要性状基因克隆和功能鉴定

WRKY 转录因子家族普遍存在于高等植物中, WRKY71 是 WRKY 家族中的一个重要成员, 参与调控许多生长发育进程, 包括生物/非生物胁迫响应、开花调控等。本期学报中, 邓琴霖等^[13]研究不同 *BjuWRKY71* 基因的生物学功能及精细的分子机制, 有助于更好地理解进化选择模式和解析芥菜的开花调控网络, 该研究为芥菜 *BjuWRKY71* 开花调控的分子机制及其耐抽薹开花新种质创制等奠定了基础。

线粒体作为细胞中的能量工厂, 参与碳水化合物和氨基酸的氧化代谢, 并通过三羧酸循环和氧化磷酸化过程释放能量, 对植物生长发育和成熟衰老过程十分重要。在本期学报中, 汤慧等^[14]通过农杆菌介导的遗传转化技术, 获得具有线粒体定位功能的绿色荧光蛋白(mitochondria-green fluorescent protein, Mt-GFP)的转基因番茄, 旨在实现番茄线粒体形态特征和动态变化的可视化, 以便于研究番茄线粒体功能。该研究未来可将本材料与其他基因编辑番茄杂交, 有助于探究不同基因在番茄线粒体中的具体功能, 可为细胞器发育与番茄果实成熟和品质之间的分子调控网络提供新的理论依据和基因资源。

还原性维生素 C (reducing vitamin C, ASA) 在植物抗氧化作用、光合作用、生长发育和代谢过程中发挥重要作用。磷酸甘露糖变位酶(mannose mutase phosphate, PMM)是很多物种 ASA 的生物合成过程中一个关键酶, 催化 6-P-甘

露糖向 1-P-甘露糖的转化。在本期学报中,林顺钰等^[15]研究发现 AhPMM 基因既可提高花生维生素 C 含量,又可增加转基因花生种子和植株的耐盐性。该研究可为花生耐盐分子育种提供基因源。

短葶山麦冬是来源于百合科的一种单子叶植物,作为药用植物,其药用部位主要为块根,其主要药效成分为麦冬皂苷,属于甾体皂苷类化合物,现代药理研究表明,其具有抗炎、抗肿瘤和降血糖等作用。本期学报中,陈莹等^[16]通过高通量测序技术对短葶山麦冬转录组进行测序,并利用生物信息学的工具与方法从分子水平对短葶山麦冬的甾体皂苷生物合成途径及其转录调控机制进行解析。该研究进一步阐释调控短葶山麦冬甾体皂苷积累的分子机制,为调控短葶山麦冬甾体皂苷的积累提供了思路,也为今后短葶山麦冬的甾体皂苷类化合物深入研究奠定了基础。

锰作为植物生长所必需的微量元素之一,在植物的光合作用、生长、发育和酶促活化等方面发挥重要作用。锰主要参与光合作用中电子传递系统的氧化还原和光系统 II 中水的光解过程、ATP 合成、脂肪酸和蛋白质代谢过程。锰过量则抑制植物生长发育,造成锰毒害。本期学报中,杨丽等^[17]研究植物在锰胁迫和恢复期的各种生理生化活动规律,初步筛选了植物在锰胁迫及恢复过程中,与苯丙烷类代谢途径、ABC 转运蛋白和甘油磷脂代谢途径相关的差异基因,该研究结果为深入研究植物响应锰胁迫的分子机理奠定基础,也为耐锰作物的培育提供理论参考。

种质资源是研究物种起源、进化、培育新品种的重要物质基础。在本期学报中,韩嘉琪等^[18]利用简单重复序列(simple sequence repeats, SSR)分子标记技术,对 62 份百合种质资源进行遗传背景分析。该研究百合种质资源的精准鉴定和育种利用提供了一定的理论依据和基因资源。

REFERENCES

- [1] 张成,周承哲,田采云,郭玉琼. 空间转录组学技术及其在植物研究中的应用[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 971-987.
ZHANG C, ZHOU CZ, TIAN CY, GUO YQ. Spatial transcriptomics techniques and its applications in plant research[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 971-987 (in Chinese).
- [2] 李荣平,李荣春. CRISPR/Cas9 基因编辑技术在食用菌中的应用现状[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 988-1001.
LI RP, LI RC. Application of CRISPR/Cas9 gene editing technology in edible fungi: a review[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 988-1001 (in Chinese).
- [3] 管伦,王艳婷,刘晓峰,彭良才,杨巧梅. 植物半纤维素合成修饰与细胞壁遗传改良[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1002-1016.
GUAN L, WANG YT, LIU XF, PENG LC, YANG QM. Hemicellulose modification and cell wall genetic improvement in plants[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1002-1016 (in Chinese).
- [4] 凡超,杨杰,陈蓉,刘伟,向旭. 荔枝 HSP70 家族鉴定及其响应非生物胁迫的表达分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1102-1119.
FAN C, YANG J, CHEN R, LIU W, XIANG X. Identification and expression analysis of the HSP70 gene family under abiotic stresses in *Litchi chinensis*[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1102-1119 (in Chinese).
- [5] 宋永森,于洋,谭楚禾,孟琪,勾宇睿,段香波. 水稻 CRF 基因家族的鉴定与表达模式分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1157-1169.

- SONG YS, YU Y, TAN CH, MENG Q, GOU YR, DUAN XB. Identification and expression profile analysis of rice *CRF* gene family[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1157-1169 (in Chinese).
- [6] 柴文婷, 杨博慧, 赵珊珊, 郭志强, 朱立勋, 范佳利, 杨伟, 赵威军, 郝艳平, 吕晋慧, 孙文献, 张春来. 高粱 *MYC* 基因家族序列、表达模式及自然等位变异分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1170-1194.
- CHAI WT, YANG BH, ZHAO SS, GUO ZQ, ZHU LX, FAN JL, YANG W, ZHAO WJ, HAO YP, LV JH, SUN WX, ZHANG CL. Characterization of sequences, expression profiling, and natural allelic variation analysis of the *MYC* gene family in sorghum (*Sorghum bicolor*)[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1170-1194 (in Chinese).
- [7] 姚馨怡, 赵佳莹, 胡素影, 李娴, 庞群群, 俞振明. 铁皮石斛 *SAPK* 基因家族鉴定及表达模式分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1195-1210.
- YAO XY, ZHAO JY, HU SY, LI X, PANG QQ, YU ZM. Identification and expression profiling of *SAPK* gene family members in *Dendrobium officinale*[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1195-1210 (in Chinese).
- [8] 熊江涛, 张振茹, 王隔敏, 高波, 陈萍. 家蚕分泌型磷脂酶 A2 基因的鉴定和表达模式分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1225-1236.
- XIONG JT, ZHANG ZR, WANG GM, GAO B, CHEN P. Identification and expression pattern analysis of a secretory phospholipase A2 gene in *Bombyx mori*[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1225-1236 (in Chinese).
- [9] 刘玉婷, 袁筱萍, 杨惠敏, 黄佳慧, 朱哲楠, 卢钿钿, 沈思怡, 杨窑龙, 饶玉春. 水稻白叶枯病抗性遗传解析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1040-1049.
- LIU YT, YUAN XP, YANG HM, HUANG JH, ZHU ZN, LU DD, SHEN SY, YANG YL, RAO YC. Genetic dissection of rice resistance to bacterial blight[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1040-1049 (in Chinese).
- [10] 吴楠, 兰胡娇, 黄敏君, 王文絮, 刘建中. 大豆 *AGBI* 同源基因在防御反应中起正向调控作用[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1050-1064.
- WU N, LAN HJ, HUANG MJ, WANG WX, LIU JZ. *GmAGBI* plays a positive regulatory role in soybean defense responses[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1050-1064 (in Chinese).
- [11] Said M. Hashimi, 黄敏君, 陈宇, 刘建中. 沉默大豆 *GmATG5* 加速叶片衰老并增强大豆抗病性[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1065-1075.
- HASHIMI SM, HUANG MJ, CHEN Y, LIU JZ. Silencing *GmATG5* genes accelerated senescence and enhanced disease resistance in soybean[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1065-1075 (in Chinese).
- [12] 吴文卉, 徐洋, 张雅迪, 于郑娇, 庞雨濛, 秦蕾, 王勇. 洋葱 *AcFMO* 克隆及其在蒜氨酸生物合成过程中的功能分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1076-1088.
- WU WH, XU Y, ZHANG YD, YU ZJ, PANG YM, QIN L, WANG Y. Cloning and functional analysis of *AcFMO* from onion during alliin biosynthesis[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1076-1088 (in Chinese).
- [13] 邓琴霖, 王远达, 冯俊杰, 魏大勇, 王志敏, 汤青林. 芥菜 *BjuWRKY71-1* 通过调节 *SOCI* 的表达促进开花[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1017-1028.
- DENG QL, WANG YD, FENG JJ, WEI DY, WANG ZM, TANG QL. *Brassica juncea* *BjuWRKY71-1* accelerates flowering by regulating the expression of *SOCI*[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1017-1028 (in Chinese).
- [14] 汤慧, 路瑶, 李金焱, 成柯, 朱鸿亮. 基于绿色荧光蛋白培育线粒体形态可视的番茄[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1029-1039.
- TANG H, LU Y, LI JY, CHENG K, ZHU HL. Visualization of mitochondrial dynamics in tomato based on green fluorescent protein[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1029-1039 (in Chinese).
- [15] 林顺钰, 张恒, 马涛, 于凯悦, 王亚, 赵春梅, 朱虹, 王晶珊, 乔利仙, 隋炯明. 花生维生素 C 合成相关基因 *AhPMM* 及其抗逆作用的验证[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1089-1101.
- LIN SY, ZHANG H, MA T, YU KY, WANG Y, ZHAO

- CM, ZHU H, WANG JS, QIAO LX, SUI JM. Verification of the peanut vitamin C synthesis-related gene *AhPMM* and its role in stress resistance[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1089-1101 (in Chinese).
- [16] 陈莹, 仇明月, 胡若群, 曹佳玉, 梁婉凤, 闫淑君. 基于转录组测序与生物信息学综合分析短莖山麦冬中调控甾体皂苷积累的分子机制[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1120-1137.
- CHEN Y, QIU MY, HU RQ, CAO JY, LIANG WF, YAN SJ. Uncovering the molecular mechanisms behind steroidal saponin accumulation in *Liriope muscari* (Decne.) Bailly through transcriptome sequencing and bioinformatics analysis[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1120-1137 (in Chinese).
- [17] 杨丽, 彭佳师, 唐婷. 转录组分析拟南芥对锰胁迫及恢复过程中的分子响应[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1138-1156.
- YANG L, PENG JS, TANG T. Transcriptional analysis of the molecular response of *Arabidopsis* to manganese stress and recovery[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1138-1156 (in Chinese).
- [18] 韩嘉琪, 王海平, 宋江萍, 贾会霞, 张晓辉, 李森, 徐楚, 李芝洁, 阳文龙. 基于SSR标记的百合资源遗传背景分析[J]. 生物工程学报, 2024, 40(4): 1211-1224.
- HAN JQ, WANG HP, SONG JP, JIA HX, ZHANG XH, LI S, XU C, LI ZJ, YANG WL. Genetic background of lily germplasm resources based on SSR markers[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2024, 40(4): 1211-1224 (in Chinese).

(本文责编 郝丽芳)