

大会报告论文摘要

Molecular Mechanisms of Autophagosome Biogenesis

Rongjia Zhou

Hubei Key Laboratory of Cell Homeostasis, College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan, China

Email address:

rjzhou@whu.edu.cn

Abstract

In the mammalian ovary, folliculogenesis begins from primordial germ cells, proceeds through the primary follicle stage to the mature follicle stage and finally produces functional oocytes. The molecular mechanisms of folliculogenesis are not completely understood yet. Identification of the key molecular events that control follicular development will help us to understand ovarian functions. In this study, we investigate autophagic roles in oogenesis. In an attempt to better understand the functions and molecular mechanisms of RAB37 in autophagy, we explore ATG proteins interacting with RAB37 and find that RAB37 as a key organizer of autophagosome formation promotes autophagy through the ATG5-ATG12-ATG16L1 complex. It binds directly with ATG5, and promotes autophagosome formation in a GTP-dependent manner. RAB37 mutation and knockdown can impair autophagy *in vivo*. We discuss autophagic roles in folliculogenesis. The study answers the key, basic, and long-standing question of autophagosome biogenesis, and proposes that RAB37 acts as a key organizer of autophagosomal membrane biogenesis. The molecular mechanism for autophagosome biogenesis has broad physiological and pathological implications for understanding the autophagy regulation during ovary development.

Keywords

Follicular Development, Autophagy, Ovary

中国芦笋产业的发展与芦笋基因组计划国际合作

陈光宇

蔬菜花卉研究所，江西省农业科学院，南昌，中国

邮箱

genebksh@hotmail.com

摘要

芦笋 (*Asparagus officinalis* L.) 为天门冬科天门冬属多年生宿根性草本植物，嫩茎质嫩味美，营养丰富，经济价值高，在国际上被誉为“蔬菜之王”。它雌雄异株，具有同型性染色体，是研究性别决定与分化的模式植物，具有很好的学术研究价值。芦笋发源于地中海，缺乏种质资源和自主知识产权的品种成为制约我国芦笋产业发展瓶颈，江西省农业科学院芦笋创新团队于20世纪90年代引进了第一批芦笋种质资源，建立了我国第一个芦笋种质资源圃，制定了第一批国家芦笋行业标准。先后培育出我国第一个芦笋无性系杂交F1代品种“井冈701”、第一个四倍体紫色水果芦笋“井冈红”和第一个通过分子育种选育的全雄品种“井冈111”，并育成了世界上第一个种间杂交品种井冈翠。在国家公益性行业专项的支持下，我国建成了世界上唯一的国家芦笋研发体系，对芦笋的药用价值进行了深入研究，开发出一系列深加工产品，经过二十多年的发展，产业规模已经达到世界第一。2013年世界芦笋大会首次在我国召开，有20多个国家和地区的近300多名代表参加了学术研讨和产业交流。我们发起并主持了芦笋基因组计划国际合作项目，联合美国、意大利、日本等7个国家多家单位，历时7年研究，完成了世界上首个芦笋全基因组序列图谱绘制，拉开了芦笋分子育种序幕，为培育具有高产、优质、抗病虫害、抗逆、全雄、全雌等优良性状的芦笋新品种开启新篇章。总之，通过20多年的努力，中国芦笋研发实现了从零开始到世界领先的全方位跨越。

关键词

芦笋，产业发展，基因组计划，国际合作，性别控制育种

芦笋基因组揭示Y染色体起源与演化机制

周劲松, 张岳平, 罗绍春, 尹玉玲, 汤泳萍, 谢启鑫, 陈光宇

蔬菜花卉研究所, 江西省农业科学院, 南昌, 中国

邮箱

genebksh@hotmail.com (陈光宇)

摘要

性别之谜是进化生物学中的问题之王。自上个世纪以来,人们发现许多雌雄异体的植物、动物和真菌都具有性染色体,但是关于性染色体起源以及它们是如何从常染色体演化而来的,仍然不清楚。在后生动物中,性别分化与性染色体伴生起源是很古老的。相比之下,植物进化出性别是很晚近的事件,雌雄异株植物在显花植物进化过程中经历了多次起源并独立演变,目前仅在极少数雌雄异株植物中发现了性染色体,但它们的组成结构与性别决定基因也不甚清楚。芦笋 (*Asparagus officinalis* L.) 为天门冬科天门属典型的雌雄异株植物,具有同态的雄性异配子型X和Y性染色体,且YY个体具有生活力,是研究植物性染色体起源演化与性别决定极好的遗传系统。为此,江西省农业科学院联合美国乔治亚大学植物生物学系、华大基因、中国科学院植物研究所、中国热带农业科学院生物技术研究所、云南农业大学等国际团队合作,历时7年研究,合作完成了世界上首个芦笋全基因组序列图谱绘制。国际合作团队采用二代测序(SBS)+三代测序(PacBio)+单分子光学图谱(BioNano)策略,对芦笋雄性双单倍体植株YY进行全基因组(1.3Gb/1C)从头测序、组装、拼接优化,获得1.205Gb大小的参考基因组,contig N50高达88.16Kb, scaffold N50 达到1.24Mb,将93.7%组装序列挂载到10条染色体上,结合从头、同源和转录组数据预测得到27,656个编码基因。在此基础上,对花药供体XY、雌性双单倍体XX、YY以及DH群体进行重测序,构建了拥有10条连锁群的基因组遗传图谱,根据XX与YY基因组比较分析、雌雄性别连锁分离模式以及性别决定基因定位结果,在132 Mb的Y染色体上鉴定出长约1Mb大部分呈现为半合子的非重组性别决定区域。随后,性别突变体重测序与目的基因靶向测序分析发现,删除Y染色体整个非重组区域结果导致性别表型由单雄性到雌性的转换,而雌性抑制基因缺失则导致性别表型由单雄性到雌雄同体的转换,从中鉴定出雌性抑制基因(*SOFF*)和雄性特异基因(*aspTDF1*),它们独立连锁决定着芦笋性别,发现经典遗传学中芦笋性别决定基因(*M*)其实是Y染色体上一个非重组的多基因座,深入揭示了芦笋性别决定的遗传基础,将有助于促进芦笋性别控制育种。分子系统进化进一步研究结果表明,天门冬属具有功能活性的Y染色体演化受基因复制和雌性抑制新功能化以及随后的非重组的性别决定区域的扩张所促成的,*SOFF*与*aspTDF1*基因功能从分子水平上直接证实了Westergaard和Charlesworth关于植物性染色体起源演化经典的“双基因”假说(Two-gene hypothesis)和“双基因座”模型(Two-locus model),雌雄异株植物性别决定和性染色体进化的分子机制取得了重大进展。研究结果发表在2017年11月份*Nature Communications*。

关键词

芦笋, 性染色体, 雌性抑制基因, 起源, 进化

The Ammonium Transport Gene Family in Maize (*Zea mays*): Genome-wide Identification and Gene Expression Analyses During Ammonium Deficient and Symbiosis Responses

Yunjian Xu, Fang Liu, Hao Dong, Qunxing Hu, Zhaolin Tu, Xiaoyu Li, Wei Wang^{*}, Beijiu Cheng^{*}

Key Laboratory of Crop Biology of Anhui Province, Anhui Agricultural University, Hefei, China

Email address:

Xuyunjian1992@163.com (Yunjian Xu)

^{*}Corresponding author

Abstract

Ammonium is the preferred nitrogen (N) source for many plant species growth and development. Our investigation of maize development under different ammonium environments showed high ammonium enhanced maize shoot elongation and biomass increase. In this process, ammonium transporters (AMTs) play crucial roles for ammonium uptake and translocation. Here, we described the characteristics of *AMT* genes in maize, including phylogeny, gene structures, gene locations, gene duplication events, conserved amino acid residues and expression patterns. *ZmAMT1;1b/ZmAMT1;3*, *ZmAMT1;3/ZmAMT1;1a* were produced from a recent duplication event in the maize evolution. Except of *ZmAMT3;1* and *ZmAMT4*, all the rest of *ZmAMT* genes were involved in duplication events with rice *AMT* genes. Expression patterns of maize AMTs in different tissues were analyzed for preliminary study of their physiological role. Quantitative real-time PCR (qPCR) results showed the expression levels of eight, four and three *ZmAMT* genes were obviously induced in maize root, stem and leaf respectively by ammonium deficiency conditions. Moreover, Arbuscular mycorrhiza (AM) fungi can improve plant N levels by inducing the expression of some ammonium transporters. Further study showed expression levels of *ZmAMT1;1a*, *ZmAMT1;1b*, *ZmAMT3;1* and *ZmAMT4* were increased post AM fungi inoculation, implying these four genes may participate in mediating ammonium uptake from soil and/or transport from mycorrhiza to maize. Eight *ZmAMT* genes were identified in maize and their evolutionary characteristics, proteins structure and expression patterns were examined in this study. The present study will provide a better understanding of the *ZmAMT* family evolution, characteristics and their response to low ammonium stress or AM fungi inoculation.

Keywords

Zea mays, Ammonium Transporter, Evolution, AM Fungi

High-Throughput Phenotyping Tools for Functional Genomics and Breeding Studies in Rice

Lizhong Xiong^{1, *}, Wanneng Yang¹, Zilong Guo¹, Hui Feng¹, Chenglong Huang¹, Lingfeng Duan¹, Guoxing Chen¹, Lingbo Liu², Qian Liu²

¹National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Huazhong Agricultural University, Wuhan, PR China

²Britton Chance Center for Biomedical Photonics, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, PR China

Email address:

lizhongx@mail.hzau.edu.cn (Lizhong Xiong)

*Corresponding author

Abstract

In the past decade, plant phenomics, a new research field integrating multiple disciplines, has developed very fast especially in the developed countries. The functional analysis of the rice genome has entered into a high-throughput stage, and a project named ‘RICE2020’ has been proposed to determine the function of every gene in the rice genome by the year 2020. To achieve this goal, multi-omics technologies are urgently needed, particularly in high-throughput phenotyping. We designed and set up a cost-effective and high-throughput rice phenotyping platform with the capacity of about 5000 pots. By exploring image-derived traits (i-traits), we found that the i-traits can be used to monitor not only morphological traits but also complex traits such as drought resistance. Combined with the i-traits and genome-wide association studies (GWAS), the complex drought resistance can be dissected into heritable and sample i-traits. In addition, a high-throughput field-plot phenotyping was developed combined with RGB, far-infrared, and hyperspectral imaging. And the maximum inspection speed can catch up to about 2 hours per 480 plots in field. A corresponding field-plot image analysis pipeline (Panicle-SEG) was developed with deep learning, and the preliminary results showed the robustness of panicle segmentation under different environments. In future, combined with multi-scale phenotyping tools and other -omics tools on large rice panels, the strategies for developing ‘Green Super Rice’ can be accelerated and promoted.

Keywords

Phenomics, Germplasm, Genomics, Imaging Technology, GWAS

鉴定斑马鱼心脏左右不对称信号的新成员

吴秀山

湖南师范大学心脏发育研究中心, 长沙, 中国

邮箱

xiushanwu2003@aliyun.com

摘要

人类左右不对称发育异常会导致内部器官左右定位的紊乱, 其心脏畸形往往是导致患者死亡的主要原因。Ocana等 (Nature, 2017) 利用斑马鱼模型研究左右不对称发育时发现, BMP在胚胎中线的右侧激活Prrx1a (EMT诱导基因) 的表达, 但抑制Pitx2的表达, 而Nodal在左侧抑制Prrx1a的表达, 但激活Pitx2的表达。Prrx1a表达异常使心脏不能环化而形成中位心。然而, Ocana等尚未发现Prrx1a是BMP和Nodal信号的直接靶基因。我们在研究斑马鱼心脏左右不对称时发现, *Had31*基因在胚胎发育到16体节期时, 其在右侧心脏原基的表达明显强于左侧的表达, 提示该基因与心脏的左右不对称发育有关。为了研究*Had31*基因的生物学功能, 我们建立了*Had31*敲除品系, 对其逃逸死亡的纯合子后代分析发现, 敲除*Had31*导致心脏环化异常, 进一步研究表明, *Had31*导致的心脏环化异常可能与早期心脏前体细胞的迁移有关。为了研究*Had31*调控心脏环化的分子机制, 我们利用酵母双杂交、CO-IP、亚细胞定位、胚胎原位杂交、报道基因分析、Western Blot、拯救实验等分析发现, *Had31*是调控斑马鱼左右不对称发育信号的一个新成员, 是左侧Nodal信号和右侧BMP4信号的直接靶基因, 位于Prrx1a和Pitx2的上游。本报告将讨论*Had31*基因在心脏左右不对称发育中的作用及其分子调控机制。

关键词

心脏, 左右不对称信号, 新成员

利用CRISPR/Cas9系统建立斑马鱼Titin-Cap基因敲除模型

李亚欢, 罗世峰, 鹿康慧, 李永青, 吴秀山, 王跃群*

湖南师范大学心脏发育研究中心, 长沙, 中国

邮箱

yuequnwang@yahoo.com (王跃群)

*通讯作者

摘要

Titin-Cap基因是本实验室已初步鉴定的斑马鱼心脏发育候选基因, 且国内外目前尚未构建斑马鱼Titin-Cap基因的敲除品系。为了研究Titin-Cap基因在心脏发育过程中的作用机制, 我们利用 CRISPR/Cas9基因打靶技术建立斑马鱼Titin-Cap基因的敲除品系。在斑马鱼Titin-Cap基因的一号外显子处选取打靶位点, 构建sgRNA表达载体。将体外转录的sgRNA和Cas9RNA混合物分别显微注射到斑马鱼单细胞受精卵胚胎以期实现对目的靶基因Titin-Cap的敲除。随后收集部分72h胚胎进行PCR检测和产物直接测序, 确定有无突变。测序结果显示, 注射了CRISPR/Cas9gRNA的胚胎在打靶位点附近出现后双峰, 说明在打靶位点附近出现了碱基缺失或插入, 证明我们设计的gRNA是有效的。于是2个月后将F0代成鱼进行剪尾筛选, 经PCR检测和产物测序后结果同样显示有阳性结果。这些结果说明用CRISPR/Cas9基因打靶技术成功敲除斑马鱼Titin-Cap基因, 并获得了Titin-Cap基因敲除的嵌合体斑马鱼。为进一步验证突变是否可稳定遗传, 选择具有碱基敲除缺失的亲代与野生型斑马鱼进行杂交, 对获得的F1进行逐一剪尾, 提取DNA进行PCR和测序分析。结果显示F1获得了不同程度的缺失突变。研究结果证明所设计的Titin-Cap基因CRISPR/Cas9敲除系统能在斑马鱼体内有效地形成基因缺失突变, 该突变能稳定地遗传到下一代个体, 这为进一步研究Titin-Cap基因在心脏发育中的具体调控机制打下了基础。

关键词

斑马鱼, CRISPR/Cas9, 基因敲除, Titin-Cap, 心脏发育

H1N1流感病毒与其调控蛋白的互作研究

王珩, 李芳, 史艳, 岳树盛, 莫小阳, 吴秀山, 王跃群*

湖南师范大学心脏发育研究中心, 长沙, 中国

邮箱

yuequnwang@yahoo.com (王跃群)

*通讯作者

摘要

先天性心脏病已成为人类死亡率最高的出生缺陷之一, 严重威胁人类身心健康。遗传和环境因素相互作用是先心病发生的重要原因, 其中环境因素主要包括宫内感染、药物、环境污染等。流感病毒作为宫内感染的重要因素之一, 近年来备受关注。流行病学研究报道流感病毒感染可显著增高心脏发育畸形发生的风险, 尽管近年来先天性心脏病的发病机制的研究取得了较大进展, 但国内外对流感病毒等环境因子是如何导致先天性心脏病发生的调控机制尚不明确。已有研究报道H1N1流感病毒编码的片段蛋白中HA、M1、M2、NS1、NP和PA等蛋白能与宿主多种功能蛋白产生生理上的相互作用, 进而影响宿主及病毒自身蛋白在转录、转录后加工及蛋白翻译水平上的表达。为研究H1N1流感病毒与心脏发育调控基因的相互作用关系, 本研究在课题组前期数字基因表达谱测序结果筛选及生物信息学分析基础上, 筛选出一些心脏发育调控基因与NS1蛋白相互作用的候选基因, 通过构建H1N1蛋白重组表达质粒, 研究了NS1蛋白与候选调控因子的蛋白相互作用, 结果显示NS1蛋白能直接结合到候选基因的启动子上。接着进一步检测了H1N1流感病毒不同片段蛋白与候选蛋白的结合情况。本研究结果对进一步深入研究H1N1流感病毒如何导致先天性心脏病的分子发生机制奠定了基础, 为研究先天性心脏病发生与其它环境因子之间关系提供了有益的借鉴。

关键词

H1N1流感病毒, 先天性心脏病, NS1蛋白, 相互作用

神经系统疾病的遗传学研究

袁超, 曾璐, 王星, 刘文强, 张大志, 张贤钦

生命科学与技术学院, 华中科技大学, 武汉, 中国

邮箱

xqzhang04@hust.edu.cn (张贤钦)

摘要

我们课题组对中国的一个颅内钙化家族进行遗传学研究, 发现了颅内钙化新的致病基因ISG15, 并对其致病的分子机制进行了研究和探索。随后与美、法等国专家合作解析了其致病的分子机制, 发现ISG15蛋白是IFN- α/β 干扰素信号通路的负调控因子, ISG15基因缺陷引起USP18的泛素化水平升高, 导致其在细胞内快速降解, 造成人体免疫细胞对IFN- α/β 刺激的增强与放大, 从而导致过度的自身炎症性并引发颅内钙化, 该研究作为颅内钙化和自身炎症疾病提供了新的机理解释, 并为这些疾病的治疗和药物的研发提供了新的靶标。研究工作发表在国际顶尖学术刊物Nature, 该论文入选科技部中信所评选的2015中国百篇最具影响国际学术论文, 同时入选ESI热点论文(Hot Paper)和高被引论文(Highly cited Paper), 国际著名刊物Nature review immunology《自然·免疫学综述》配发了评论文章, 以研究亮点(Research Highlights)报道了我们的研究工作。近期, 课题组在神经系统疾病致病基因研究方面取得了新的突破, 相关研究工作正在整理中。

关键词

颅内钙化, ISG15, 自身炎症疾病

