

云南省自然科学奖推荐项目公示材料

一、项目基本情况

项目名称：蓖麻胚乳油脂积累的生理与分子基础研究

完成单位：中国科学院昆明植物研究所、中科院西双版纳热带植物园

主要完成人员：刘爱忠（中国科学院昆明植物研究所）、徐伟（中国科学院昆明植物研究所）、张洋（中科院西双版纳热带植物园）、邱丽俊（中科院西双版纳热带植物园）、靳正伟（中科院西双版纳热带植物园）

推荐单位：中国科学院昆明分院

二、项目简介

本项目属于农林基础领域。

长期以来植物种子油脂在胚乳中积累的生理和分子基础知之甚少，深入解析植物胚乳中油脂生物合成的生理和分子机理及其内在的遗传规律对胚乳型油料种子(特别是新型木本油料资源)的发掘与利用、良种筛选和遗传改良具有重要的指导性意义。研究团队依托国家自然科学基金、科技支撑计划、云南省应用基础研究重点项目等，经过 10 多年的努力，在深入解析了蓖麻胚乳中油脂积累的生理和分子机理方面获得了一些原创性研究成果：主要表现在：

1、广泛收集了蓖麻世界不同地理种源300多份，结合不同种质的遗传变异和脂类基因的表达分化和种子含油量的关联分析，发现了多个EST-SSR和SNP高效的分子标记和种子含油量紧密关联，并鉴别了多个AP2、bZIP、GRAS、Dof基因位点的变异对脂类基因转录表达的直接影响，阐明了这些含有EST-SSR和SNP位点变异的调控因子对种子含油量影响的内在原因。这些发现对蓖麻高含油量种质筛选和旨在提高种子高含油量的遗传改良提供了直接的指导依据。研究成果在已经被BMC plant Biology、BMC genomics、Scientific Reports等国际著名SCI期刊他引197次。

2、首次阐明了高光照影响蓖麻胚乳型种子油脂积累的生理和分子机理。虽然蓖麻是典型的非绿色异养型种子，但我们发现了蓖麻种皮在光照条件下能够进行光合作用，种皮光合作用在胚乳型种子里释放O₂促进了种子内呼吸过程中的碳循环，激活的油脂积累过程中的苹果酸循环途径，增加了脂肪酸合成底物丙酮酸的供给，从而促进了脂肪酸的合成，首次阐明了强光照射下光能透过果皮、引起种皮光合作用、通过胚乳细胞内呼吸、增加脂肪酸合成，实现增加蓖麻胚乳油脂生物合成的生理和分子机制；结合种子离体培养和不同氮源/碳源供给实验，发现

特异性氮源促进油脂生物合成酶的合成，从而促进油脂的合成，为蓖麻种子含油量关键功能基因鉴别提供了重要的途径。这些研究对理解胚乳型非绿色种子在成熟过程中增强高光照射以提高种子产量、定向施肥促进种子含油量等的栽培管理实践具有重要的指导意义。研究成果已经被Frontiers in Plant Science和Functional Plant Biology等国际著名期刊他引5次。

3、首次揭示了蓖麻胚乳基因印迹与油脂积累的内在联系，崭新地鉴别了蓖麻种子 184 个母源印迹基因和 8 个父源印迹基因，并首次发现了印迹基因的表达在胚乳发育过程中呈动态印迹模式，且大部分印迹基因功能上参与了胚乳发育和储藏油脂累积过程；特别是通过单双子叶物种印迹基因保守性分析发现植物印迹基因在不同物种之间的印迹保守性非常低、具有物种特异性，而且阐明了这种基因印迹的物种特异性与物种转座子多样性有关；结合蓖麻胚乳的低甲基化和甲基化酶（MET1、CMT3 和 DRM2）在胚和胚乳的表达分化，发现了 DME 糖基化酶在双子叶植物中的独立演化规律，首次揭示了蓖麻种子基因组中 CHH 甲基化的主导地位以及他们在维护胚和胚乳基因组甲基化稳定中的作用，而且阐明了 CHH 甲基化的发生与 24-siRNAs 介导的 RdDM 途径以及 DRM3 甲基化转移酶的表达激活有关。这些研究不仅揭示了双子叶胚乳型种子 DNA 甲基化分布的新模式，而且对理解双子叶植物种子胚和胚乳基因组 DNA 甲基化形成的分子遗传机制提供了全新的认识。研究成果已经被 The Plant Cell、eLIFE、Genome Research、Genes & development、Plant Physiology、The Plant Journal、Current Opinion in Plant Biology 等国际顶级期刊他引 44 次。

这些研究成果不仅在生产应用上对蓖麻的良种选育、遗传改良、栽培管理及相关胚乳型油料种子资源发掘与利用具有直接的指导意义，而且在理论上对理解植物胚乳油脂积累的表观遗传调控发生的规律提供了全新的认识。提交的8篇代表性论文反映了以上三个方面的原创性研究成果。提交的8篇代表性论文SCI影响因子累积37.937，在SCI期刊他引197次。相关研究成果共产生SCI研究论文18篇（影响因子累积56.653）和国内核心期刊1篇，其它研究论文1篇。自发表以来相关研究成果在国际著名期刊他引246次，反应了这些研究在国内外具有广泛的影响。

三、候选人对项目的贡献

姓名：刘爱忠，中国科学院昆明植物研究所

排名第一

对本项目技术创造性贡献：为完成蓖麻种子含油量高效分子标记的鉴别与应用、高光照射影响蓖麻胚乳型种子油脂累积及蓖麻胚乳基因印迹与油脂积累的调控机理等研究成果具有原创性设计和创新点有指导性贡献。作为8篇代表性论文的通

讯作者，对项目设计到成果整理均有实质性贡献。

姓名：徐伟，中国科学院昆明植物研究所

排名第二

作为主要参与人完成了蓖麻胚乳基因印迹与油脂积累的调控机理研究，发现了蓖麻印迹基因、DNA 甲基化等对蓖麻种子油脂积累调控的新机制，参与 AP2 等基因对油脂基因表达调控的分析。作为 5 篇代表性论文的第一作者，对项目的执行和成果总结具有实质性贡献。

姓名：张洋，中国科学院西双版纳热带植物园

排名第三

作为主要参与人完成了高光照影响蓖麻胚乳型种子油脂积累的生理和分子机理研究，发现了蓖麻种子油脂积累过程中种子、果皮光合作用和碳传递及油脂积累底物供给的新途径。作为 1 篇代表性论文的第一作者，对项目的执行具有实质性贡献。

姓名：邱丽俊，中国科学院西双版纳热带植物园

排名第四

主要参与人完成了蓖麻种子含油量高效分子标记的鉴别与应用研究，发展了高效的分子标记并应用于蓖麻种子不同含油量形成的遗传解析，发现了种子含油量与遗传分化的内在原因。作为 1 篇代表性论文的第一作者，对项目的执行具有实质性贡献。

姓名：靳正伟，中国科学院西双版纳热带植物园

排名第五

作为主要参与人完成了蓖麻种子发育过程中 bZIP 和 Dof 基因对油脂基因表达调控的机理研究，发现了 bZIP 和 Dof 基因在油脂快速积累过程中的特异性表达及其参与油脂积累的调控机理。作为 1 篇代表性论文的第一作者，对项目的执行具有实质性贡献。

四、代表性论文专著

- [1] Wei Xu, Tianquan Yang, Xue Dong, Dezhu Li and **Aizhong Liu*** 2016. Genomic DNA methylation analyses reveal the distinct profiles in castor bean seeds with persistent endosperms. *Plant physiology* 171(2): 1242-1258. (TF= 6.456, 他引 8 次)
- [2] Wei Xu, Mengyuan Dai, Fei Li, **Aizhong Liu*** 2014. Genomic imprinting, methylation and parent-of-origin effects in reciprocal hybrid endosperm of castor bean. *Nucleic Acids Research*. 42 (11): 6987-6998. (TF= 9.112:, 他引 27 次)

- [3] Yang Zhang, Sujatha Mulpuri, **Aizhong Liu***. 2016. High light exposure on seed coat increases lipid accumulation in seeds of castor bean (*Ricinus communis* L.), a nongreen oilseed crop. *Photosynthesis research*. 128,125-140. (TF= 3.864, 他引 3 次)
- [4] Lijun Qiu, Chun Yang, Bo Tan, Junbo Yang, **Aizhong Liu***. 2010. Exploiting EST databases for the development and characterization of EST-SSR markers in castor (*Ricinus communis* L.). *BMC Plant Biology* 10: 278. (TF= 4.075, 他引 74 次)
- [5] Wei Xu, Fei Li, Lizhen Ling, **Aizhong Liu***. 2013. Genome-wide survey and expression profiles of the AP2/ERF family in castor bean (*Ricinus communis* L.). *BMC genomics*. 14:785. (TF= 4.397, 他引 26 次)
- [6] Zhengwei Jin, Wei Xu and **Aizhong Liu***. 2014. Genomic surveys and expression analysis of bZIP gene family in castor bean (*Ricinus communis* L.). *Planta*. 239(2):299-312. (TF= 3.263, 他引 35 次)
- [7] Wei Xu, Qinghua Cui, Fei Li, **Aizhong Liu***. 2013. Transcriptome-wide identification and characterization of MicroRNAs from castor bean (*Ricinus communis* L.). *PLoS ONE*, 8 (7): e69995. (TF= 3.534, 他引 17 次)
- [8] Wei Xu, Zexi Chen, Naeem Ahmed, Bing Han, Qinghua Cui*, and **Aizhong Liu***. 2016. Genome-Wide Identification, Evolutionary Analysis, and Stress Responses of the GRAS Gene Family in Castor Beans. *International Journal of Molecular Sciences*. 17(7): 1004. (TF= 3.226, 他引 7 次)