


农业资源研究中心 科研 岗位应聘申请表

姓名	王婧	性别	女	党派	中国共产党	
出生日期	1986.10.06	参加工作时间				
毕业院校	中国科学院大学	毕业时间		2017年7月		
		出站时间		年 月		
学历	研究生	学位	博士在读	所学专业	细胞生物学	
现工作/博士后单位		中国科学院遗传与发育生物学研究所				
现职务/职称				任职时间		
外语语种和水平		英语六级		与本所有无亲属关系		无
配偶情况	姓名	程杨		工作地点	河北省石家庄市	
	工作性质	行政事业		户口所在地	石家庄市裕华区	
E-mail	Jingwang_1986@genetics.ac.cn			联系电话	17736903270	
户口所在地	正式户口所在地			石家庄市长安区青园街150号		
	非正式户口所在地（学生或博士后）			北京市海淀区中关村南一条3号		
应聘岗位	小麦遗传改良与种质创新研究组—助理研究员					

一、学习进修经历（大学填起，研究生阶段注明指导教师）

2005年9月——2009年6月 河北科技师范学院生物技术专业，获理学学士学位。

2009年9月——2012年6月 北京师范大学生化与分子生物学专业，获硕士学位，导师王喜萍教授。

2012年9月——至今 中国科学院遗传与发育生物学研究所，攻读博士学位，导师韩方普研究员。

二、工作经历（含工作时间、单位名称及任职情况等）

无。

三、代表性研究工作或学位论文工作介绍（含参加/承担项目、研究基础、取得成果等）

博士期间参与国家高技术研究发展计划(863)(2011AA100101): 外源基因组区段/基因高效转移与检测及遗传效应分析。基金委重点项目: 植物着丝粒的表观遗传学研究。中国科学院战略性先导科技专项(XDA08010204): 小麦抗病的分子模块解析。

1. 小麦-黑麦易位系着丝粒结构功能分析及新易位系创制

小麦-黑麦 1BL/1RS 易位系是由着丝粒错分裂-融合形成的整臂易位系。1BL/1RS 易位系是外缘染色体应用于小麦育种最成功的例子，在世界小麦生产中发挥了重要作用。但生产上应用的不同来源的 1BL/1RS 易位系易位染色体的着丝粒结构和功能还不清楚。本研究收集了国内外 136 份不同来源的 1BL/1RS 易位系材料，通过荧光原位杂交 (Fluorescence *in situ* hybridization, FISH) 技术，使用两个着丝粒重复序列 6C6 和 pAWRC.1 作为探针研究着丝粒的结构。我们发现生产上应用的 1BL/1RS 易位系均含有融合着丝粒，即着丝粒约一半来自于小麦，一半来自于黑麦。我们同源克隆了黑麦 *CENH3* 基因，发现其在黑麦中有两个拷贝，通过在黑麦 *CENH3* 基因与小麦 *CENH3* 基因不保守序列设计引物特异扩增黑麦 *CENH3* 基因，发现在 1BL/1RS 易位系中，只含有来自小麦的 *CENH3* 基因。通过免疫荧光原位杂交 (Immuno-FISH) 技术，证明小麦 *CENH3* 蛋白既能与融合着丝粒中的小麦着丝粒部分结合，又能与融合着丝粒中的黑麦着丝粒部分结合。其他着丝粒功能标记 ph-H3-Thr3、ph-H2A-Thr133、ph-H3-Ser10 具有相似的结合情况。ChIP (Chromatin immunoprecipitation) - qPCR 的结果进一步证实了 *CENH3* 与 pAWRC.1 的结合。另外，在 1BL/1RS 易位系中，黑麦特异着丝粒反转座子序列能够进行活跃转录。我们通过着丝粒错分裂的方法，创制了 100 份新 1R 易位系。这些新 1R 易位系分别具有融合着丝粒、黑麦着丝粒和小麦着丝粒等不同的着丝粒结构，其中融合着丝粒易位系的比例高于其它着丝粒结构的易位系，这能够部分解释生产上应用的 1BL/1RS 易位系具有融合着丝粒结构。同时，1R 染色体与小麦第一至第七同源群染色体之间发生了整臂易位，其中 1R 染色体与小麦第一同源群染色体之间发生易位的比例高于 1R 染色体与小麦其它同源群染色体发生易位的比例，说明小麦-黑麦染色体的错分裂-融合不是随机的过程，可能发生了同源序列的重组。这些材料将成为研究生产上应用的融合着丝粒的重要材料，并为小麦育种提供新的资源。详见论文 1。

2. 一套抗 Ug99 小麦-黑麦附加系材料的创制及染色体变异分析

小麦秆锈病 Ug99 及其衍生种克服了大多数广泛应用的抗性基因，对世界小麦生产造成了严重威胁。为了发现新的抗病资源，我们收集了 200 份美国国家种质资源库的黑麦材料，对其苗期对 Ug99 小种 PTKST 的感染类型 (infection types, ITs) 进行了检测。结果表明，其中四份黑麦材料高抗 Ug99。我们将这四份黑麦材料与普通小麦 843 进行了杂交，将杂交 F₁ 代利用秋水仙素处理使染色体数目加倍，获得了其中两份黑麦材料 PI428373 和 PI613196 的双二倍体。目前，已经获得小麦-黑麦 PI613196 的一整套二体附加系材料，全部 14 种端体附加系材料，以及小麦-黑麦易位系材料。在小麦-黑麦附加系后代中，出现了一些染色体及着丝粒变异，包括环染色体、小染色体、双着丝粒染色体、多着丝粒染色体、无着丝粒染色体和新着丝粒染色体。通过 Immuno-FISH 检测了这些变异材料的着丝粒功能。以上结果说明，小麦-黑麦附加系可能含有新的抗 Ug99 基因，可以应用于小麦抗病育种；小麦-黑麦杂交使得基因组不稳定，产生了复杂的染色体及着丝粒变异，从而进一步增加了小麦-黑麦杂交后代的遗传多样性。

结果准备发表中。

3. 抗赤霉病硬粒小麦-长穗偃麦草附加系的创制与分析

硬粒小麦 (*Triticum durum* Desf., $2n=28$, AABB) 是仅次于普通小麦的世界第二大麦类作物, 其产量受到赤霉病、秆锈病、黑斑病等病害的严重影响。四倍体长穗偃麦草 (*Thinopyrum elongatum*, $2n=4x=28$) 是普通小麦近缘的多年生植物, 是小麦抗病育种的重要抗源植物之一。硬粒小麦和长穗偃麦草杂交获得的六倍体小偃麦 8802 对赤霉病具有很强的抗性。通过染色体工程方法, 将硬粒小麦与六倍体小偃麦 8802 杂交 F_1 代自交或与硬粒小麦回交, 获得一整套硬粒小麦附加系材料。运用多色荧光原位杂交技术, 以 pAs1 和 pSc119.2 重复序列作为探针对附加的外源染色体进行识别, 并筛选得到 1E~7E 染色体特异的分子标记。同时, 通过接种赤霉病, 发现 1E 和 3E 附加系材料高抗赤霉病。这些附加系材料将为小麦抗赤霉病育种提供重要的资源。在杂交后代中着丝粒区域发生了广泛的变异, 包括着丝粒序列的扩增、丢失、减弱和双着丝粒的产生等, 这些变异材料将为研究着丝粒的功能以及杂交基因组之间的相互作用提供一定的依据。结果准备发表中。

此外, 我还参与完成了对 1B1R 易位系进行转育, 选育高产新品种, 以及长穗偃麦草抗赤霉病易位系的创制和中间偃麦草抗条锈病易位系的创制等工作。

四、获得的科技/荣誉奖励及研究成果情况 (代表性研究论文、专利、获奖等, 标注排名)

1. **Jing Wang**, Yalin Liu, Handong Su, XianruiGuo, and Fangpu Han (2017) Centromere structure and function analysis in the wheat-rye translocation lines. **Plant J.** DOI: 10.1111/tpj.13554. (第一作者, 影响因子: 5.468)
2. Xiang Guo, Handong Su, Qinghua Shi, Shulan Fu, **Jing Wang**, Xiangqi Zhang, Zanmin Hu, and Fangpu Han (2016) *De novo* centromere formation and centromeric sequence expansion in wheat and its wide hybrids. **PLoS Genet.** 12(4): e1005997. (第五作者, 影响因子: 6.661)
3. XiangGuo, Qinghua Shi, **JingWang**, YanlinHou, Yuhai Wang, and Fangpu Han (2015) Characterization and genome changes of new amphiploids from wheat wide hybridization. **J. Genet. Genomics** 42(8): 459–461. (第三作者, 影响因子: 3.981)

五、提供两或三位同行具有高级职称推荐人的联系方式 (姓名、职务、电话和邮箱地址)

韩方普研究员, 联系电话: 86-10-64807926, E-mail: fphan@genetics.ac.cn

陈化榜研究员, 联系电话: 86-10-64803887, E-mail: hbchen@genetics.ac.cn

六、应聘岗位陈述 (对岗位的认识、研究兴趣、应聘理由及优势、工作设想和其它说明):

1. 对岗位的认识

首先，应围绕课题组主要研究方向，能独立完成课题组长交给的科研任务或承担相关课题。同时，为课题组长分担各项任务，如协助课题组长或独立申请研究课题，协助指导研究生工作及管理实验室等。

2. 研究兴趣

本人热爱生命科学研究，尤其对染色体生物学、表观遗传学和小麦远缘杂交有着浓厚的兴趣。希望将理论研究成果应用到小麦育种中。利用本人细胞生物学、分子生物学和小麦远缘杂交相关科研工作经验，从染色体和分子生物学角度研究小麦遗传学相关问题。

2. 应聘理由及优势

本人具有较丰富的细胞遗传学及小麦远缘杂交育种的研究经验，个人情况符合职位要求。首先，博士期间建立了新的小麦-黑麦易位系，对全世界几百份推广的 1B/1R 易位系品种的着丝粒结构和功能进行研究，部分结果发表在 Plant Journal 上，另外参与实验室的着丝粒形成与多倍体形成课题，作为 co-author 在 PLOS Genetics 上发表论文，这些研究经历对于小麦染色体工程材料的创制，抗病、重要农艺性状基因/QTL 的发掘、精细定位与克隆及分子设计育种等研究将有极大的帮助；第二，博士期间在中国科学院遗传与发育生物学研究所系统、严谨的科研训练，使本人在细胞生物学和分子生物学领域积累了丰富的经验，提升了本人对于课题的设计、执行、总结分析等方面的能力，可以独立、快速的开展工作；第三，积极协助实验室公共事务，关心集体，具有很强的团队合作意识及良好的沟通能力。

3. 工作设想

第一，通过远缘杂交和染色体工程的方法，将小麦近缘种属的染色体区段及优异基因导入普通小麦，结合分子标记技术和常规育种，创制高产、多抗、资源高效型的种质资源和新品种；第二，学习前沿理论知识和实验技术，协助实验室分子细胞遗传学工作站与基础平台的建设与高效运转；第四，服从课题组长的安排，分担实验室常规事务管理，协助指导和管理研究生工作；第五，积极参与基金申请工作，协助课题组长或独立申请课题。

七、附件：证明能力的：论文、证书影印件、其它材料等（PDF）

本人承诺以上情况真实无误，如有虚假，本人愿意承担一切后果。

申请人签名：

于婧

填表日期：2017年4月20日

Article type : Original Article

Centromere structure and function analysis in the wheat-rye translocation lines

Jing Wang^{1,2}, Yalin Liu^{1,2}, Handong Su^{1,2}, Xianrui Guo^{1,2}, and Fangpu Han^{1,*}

¹State Key Laboratory of Plant Cell and Chromosome Engineering, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

²University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

*Correspondence author: Fangpu Han

Institute of Genetics and Developmental Biology

Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100101, China.

Email: fphan@genetics.ac.cn

Phone: +86-10-64807926

Fax: +86-10-74854467

This article has been accepted for publication and undergone full peer review but has not been through the copyediting, typesetting, pagination and proofreading process, which may lead to differences between this version and the Version of Record. Please cite this article as doi: 10.1111/tbj.13554


This article is protected by copyright. All rights reserved.

RESEARCH ARTICLE

De Novo Centromere Formation and Centromeric Sequence Expansion in Wheat and its Wide Hybrids

Xiang Guo^{1,2}, Handong Su^{1,2}, Qinghua Shi^{1,2}, Shulan Fu³, Jing Wang^{1,2}, Xiangqi Zhang¹, Zanmin Hu¹, Fangpu Han^{1*}

1 State Key Laboratory of Plant Cell and Chromosome Engineering, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China, **2** University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, China, **3** State Key Laboratory of Plant Breeding and Genetics, Sichuan Agricultural University, Wenjiang, Chengdu, Sichuan, China

 These authors contributed equally to this work.

* fphan@genetics.ac.cn



CrossMark
click for updates

 OPEN ACCESS

Citation: Guo X, Su H, Shi Q, Fu S, Wang J, Zhang X, et al. (2016) *De Novo Centromere Formation and Centromeric Sequence Expansion in Wheat and its Wide Hybrids*. PLoS Genet 12(4): e1005997. doi:10.1371/journal.pgen.1005997

Editor: Gregory P. Copenhaver, The University of North Carolina at Chapel Hill, UNITED STATES

Received: February 2, 2016

Accepted: March 28, 2016

Published: April 25, 2016

Copyright: © 2016 Guo et al. This is an open access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Data Availability Statement: All relevant data are within the paper and its Supporting Information files except for the anti-CENH3 ChIP-seq data, which were deposited in the Gene Expression Omnibus (GEO) database under number GSE63752.

Funding: This work was supported by NSFC (31130033 and 31320103912) and the 863 program (2011AA100101). The funders had no role in study design, data collection and analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

Competing Interests: The authors declare that no competing interests exist.

Abstract

Centromeres typically contain tandem repeat sequences, but centromere function does not necessarily depend on these sequences. We identified functional centromeres with significant quantitative changes in the centromeric retrotransposons of wheat (CRW) contents in wheat aneuploids (*Triticum aestivum*) and the offspring of wheat wide hybrids. The CRW signals were strongly reduced or essentially lost in some wheat ditelosomic lines and in the addition lines from the wide hybrids. The total loss of the CRW sequences but the presence of CENH3 in these lines suggests that the centromeres were formed *de novo*. In wheat and its wide hybrids, which carry large complex genomes or no sequenced genome, we performed CENH3-ChIP-dot-blot methods alone or in combination with CENH3-ChIP-seq and identified the ectopic genomic sequences present at the new centromeres. In addition, the transcription of the identified DNA sequences was remarkably increased at the new centromere, suggesting that the transcription of the corresponding sequences may be associated with *de novo* centromere formation. Stable alien chromosomes with two and three regions containing CRW sequences induced by centromere breakage were observed in the wheat-*Th. elongatum* hybrid derivatives, but only one was a functional centromere. In wheat-rye (*Secale cereale*) hybrids, the rye centromere-specific sequences spread along the chromosome arms and may have caused centromere expansion. Frequent and significant quantitative alterations in the centromere sequence via chromosomal rearrangement have been systematically described in wheat wide hybridizations, which may affect the retention or loss of the alien chromosomes in the hybrids. Thus, the centromere behavior in wide crosses likely has an important impact on the generation of biodiversity, which ultimately has implications for speciation.

Characterization and Genome Changes of New Amphiploids from Wheat Wide Hybridization

The introduction of alien genes or chromosome fragments from wild related species into wheat (*Triticum* spp.) has been considered valuable for wheat breeding (Valkoun, 2001). Several relatives, such as *Secale cereale* (Gupta and Shepherd, 1993; Ma et al., 2000), *Thinopyrum elongatum* (Liu et al., 2008), *Th. intermedium* (Cao et al., 2014) and *Th. ponticum* (Li et al., 2008) showed distinct applications of introgression of interesting genes or traits into wheat. However, there are still some challenges in using these genetic resources. The introgressed alien fragments often bring genes with potentially negative impacts on the traits. In this letter, we mainly focus on multi-strategies for synthesis of polyploids between wheat and rye, *Th. elongatum*, *Th. intermedium* and *Th. ponticum*. We have successfully selected different novel ploidy triticales and tritritigia lines which carried excellent disease-resistance genes and could provide essential genetic resources for wheat breeding.

The hexaploid and octoploid triticales were produced by hybridization between tetraploid or hexaploid wheat and *S. cereale*. Recently, we found that four accessions of *S. cereale* had excellent resistance to wheat stem rust Ug99 (Table S1). In order to introduce these useful sources to wheat, different F₁ hybrids were formed that carried half number of chromosomes from the bi-parents respectively (Fig. 1A and C). They showed highly sterile and regained fertility by genome doubling and unreduced gametes (Fig. 1B and D) (Xu and Joppa, 2000).

Previous studies reported that *Th. elongatum* ($2n = 28$) may be an autotetraploid at first and subsequently experienced genome differentiation and evolution (Charpentier and Feldman, 1988; Li et al., 2005). We observed that three pairs of 45S rDNA loci on the chromosomes, indicating that *Th. elongatum* Ae41 ($E_1E_1E_2E_2 = 28$) contained two distant and homoeologous genomes (Fig. 1E). In F₁ hybrids of *T. durum* Renmin (AABB, $2n = 28$) and Ae41, fourteen alien chromosomes inherited from Ae41 partially paired in metaphase I during meiosis (Figs. 1F and S1B). However, the hybrids were still highly sterile because there were plenty of univalent generated from the A and B genomes in F₁ hybrids (Fig. S1A). After backcrossing with *T. durum*, BC₁ plants had 42

chromosomes, most of which could paired very well (Fig. 1G). Interestingly, the selfed progenies of BC₁ plants had variable numbers of *Th. elongatum*-derived chromosomes (Fig. 1H and I). One pair of chromosomes with the same 45S rDNA loci was always observed in two selfed progenies (Figs. 1H and I, S1B), indicating partial homoeologous chromosomes between E₁ and E₂ genome preferred pairing to segregating when pivotal chromosomes from *T. durum* were integrated. After successive backcrossing of BC₁ plants, new hexaploid tritritigias 8801, 8802 and 8803 ($2n = 42$) were formed and exhibited excellent resistance to fusarium head blight (FHB) (Figs. 1J and S2). Furthermore, 8802 and 8803 also showed high resistance to Ug99 (Table S1).

With FISH detection of 45 rDNA loci, several unpaired chromosomes were retained in *Th. intermedium* ($2n = 42$) (Fig. S3A). However, similar to Ae41, homoeologous chromosome pairing also occurred among the three different genomes in *Th. intermedium*. New hexaploid tritritigia 363-1-21 ($2n = 42$) gradually formed by several times of backcrossing of F₁ hybrids ($n = 35$) and also showed high resistance to FHB (Figs. S2, S3B and S4).

High molecular weight (HMW) glutenin subunits showed great changes in five hexaploid tritritigias derived from *Th. elongatum* (8801, 8802 and 8803) and *Th. intermedium* (363-1-21 and 8704) comparing to their parent lines (Fig. S5). In 8802, a novel band (n) appeared which was found in neither *T. durum* nor *Th. elongatum* (Fig. S5A). Interestingly, HMW glutenin subunits d and g existed in Renmin and Italy363, but disappeared in 8801, 8802 and 8803 (Fig. S5A). With the analysis of gliadin, we found 8801 and 8803 contained six new gliadin bands (α , 1; β , 1; γ , 2; ω , 2), and 8802 contained four new gliadin bands (α , 1; γ , 2; ω , 1) (Fig. S5D). In addition, 8704 contained two new gliadin bands in β zone and 363-1-21 contained two new gliadin bands in α zone (Fig. S5E).

Chromosomes derived from different genomes in *Th. ponticum* ($2n = 70$) still presented partial homology in pairing. Fifty-six chromosomes were found in all the F₁ hybrids of hexaploid wheat and *Th. ponticum* (Fig. 1K). Interestingly, partial F₁ hybrids kept high fertility by successive selfing. Six

北京师范大学

硕士研究生毕业证书



研究生 王婧 ， 性别 女 ， 一九八六年 十月 六 日
生， 于 二〇〇九年 九 月至 二〇一二年 七 月 在
本校 生命科学学院 生物化学与分子生物学 专业

学习， 学制 三年， 修完硕士研究生培养计划规定的全部课程， 成绩合格，
毕业论文答辩通过， 准予毕业。

校长 钟秉球

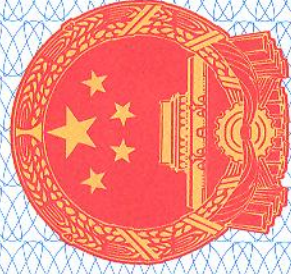


二〇一二年七月一日



证书编号： 100271201202001310

查询网址：<http://www.bnsi.com.cn>



硕士学位证书

王婧，女，1986年10月06日生。在北京师范大学
生物化学与分子生物学学科（专业）已通过硕士学位的课程
考试和论文答辩，成绩合格。根据《中华人民共和国学位条例》的规
定，授予理学硕士学位。

北京师范大学

校长

学位评定委员会主席



证书编号: 1002732012001310

二〇一二年六月二十日



2017-4-20

推荐信

招聘委员会：

您好！我非常高兴推荐我的学生王婧参加贵单位的面试。她是一位非常优秀的学生。

在遗传所博士生入学考试时，成绩突出，笔试成绩第一。来到我们实验室开始小麦遗传学研究，平时非常刻苦努力。很快掌握实验室染色体研究的新技术。她的主要工作是新的小麦-黑麦易位系建立。对全世界几百份推广的小麦品种（含有 1B/1R 易位系）进行着丝粒结构与功能研究，发现全部是融合着丝粒并且第一次发现黑麦的着丝粒反转座子是活跃转录的，部分结果发表在 *Plant Journal* 上。另外参与实验室的着丝粒形成与多倍体形成课题，作为 co-author 分别在 *PLOS Genetics* 和 *JGG* 上发表论文各一篇。

从第二年开始，利用美国引进的几百份黑麦，重新合成双二倍体，并建立新的全套附加系及易位系。结果正在准备投稿。另外，独立完成并建立硬粒小麦-附加 E 组的附加系两套，结果完成并写作投稿。

王婧同学 5 年博士训练，具备独立工作能力。另外非常可贵的是，平常非常关心集体，每年的田间工作非常辛苦，没有任何怨言。踏踏实实做好每一天的工作。

这几年的观察，她为人非常好，尊敬师长，孝敬父母和长辈。平时和大家和睦相处。

我相信她会很快适应并独立开展课题组长交办的任务。有任何问题我都愿意帮助或回答。

谢谢你们考虑她的申请。

韩方普

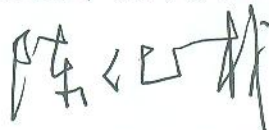
中国科学院遗传与发育生物学研究所

尊敬的领导：

很高兴向贵单位推荐优秀博士王婧同学。

王婧同学是我同事韩方普研究员的博士研究生，我认识和了解王婧是在和韩老师的日常交流以及与她本人的接触中获得的。王婧同学对生物科学有非常浓厚的兴趣，勤奋好学，成绩优异，善于思考，有较强的独立思考能力，扎实的基础知识储备和对学科前沿的把握。该生通过研究生阶段的学习，具备了良好的科研能力，掌握了细胞生物学和分子生物学实验技能，工作出色，能够独立分析和解决科研工作中遇到的问题。博士期间参与了国家高技术研究发展计划 (863) (2011AA100101)：外源基因组高效转移与检测及遗传效应分析；及中国科学院战略性先导科技专项 (XDA08010204)：小麦抗病的分子模块解析，其部分研究成果发表在 Plant Journal、PLOS Genetics 等植物领域的著名期刊上。曾在中科院遗传与发育生物学研究所分子农业生物学研究中心夏季青年学术论坛上作学术报告，参加国际动植物基因组学大会和世界玉米遗传学大会等国际国内学术会议并做海报交流。该生英语基础较好，通过了英语六级考试和口语考试，能够运用英文进行交流和阅读，并能独立撰写英文文献。值得一提的是，王婧同学口碑好，团队意识强。

我坚信，王婧同学一定会踏实工作、积极进取，成为贵单位的中坚力量，为贵单位做出自己应有的贡献！



陈化榜，Ph.D. 研究员

中国科学院遗传与发育生物学研究所

电话：010 64803887

邮箱：hbchen@genetics.ac.cn

年 月 日