



2023年第144期总342期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 德国马普所揭示内质网调节根际微生物群落聚集机制
2. 布鲁克海文国家实验室解析木质素甲基转移酶对水稻的影响
3. 中科院在大豆着丝粒研究中取得进展
4. 奥地利科学院揭示拟南芥TE沉默相关表达变异

▶ 学术文献

1. 东京农业大学发现SPR11调节植物生殖隔离机制

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：李龙鑫;顾亮亮

联系电话：010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2023年10月15日

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

▶ 前沿资讯

1. 德国马普所揭示内质网调节根际微生物群落聚集机制

简介: 近日, New phytologist杂志在线发表德国马普所Ryohei Thomas Nakano团队题为“ER body-resident myrosinases and tryptophan specialized metabolism modulate root microbiota assembly”的研究论文。植物根际是指植物的根表以及受根系直接影响的土壤区域,它是植物根系对土壤产生直接、强烈影响的区域,与土壤本身的物理、化学和生物性质有所不同。这个区域中存在大量与植物相互作用的微生物,被称为根际微生物。这些微生物在植物的生长和发育以及植物病虫害的生物防治等方面扮演着非常重要的角色。内质网体(Endoplasmic reticulum bodies)是内质网衍生的结构,含有大量PYK10黑芥子酶,该酶可以水解色氨酸(Trp)衍生的吲哚硫代葡萄糖苷(Indole glucosinolates, IGs)。IGs是一类在植物中广泛存在的次生代谢产物,通过植物根系释放到土壤中。目前的研究表明,IGs分解产生的异硫氰酸盐具有抗菌活性,可以抑制土壤中的病原微生物生长,从而减少植物的病害发生率。特定的IGs可以选择性地促进或抑制某些微生物的生长,从而影响土壤微生物群落的组成和功能。此外,IGs还参与调控植物的养分吸收、生长发育以及抵御逆境等等。考虑吲哚硫代葡萄糖苷在根-土壤相互作用中发挥重要作用,但是根中的内质网体对于根-土壤界面与土壤微生物互作的影响尚不明确。他们的研究表明内质网对调节根际微生物群很重要,部分是通过调控色氨酸衍生的相关代谢物分泌到根际。首先,研究者使用内质网体突变体(nai1)、内质网体内黑芥子酶突变体(pyk10bglu21)、吲哚硫代葡萄糖苷生物合成突变体(myb34/51/122)和色氨酸特异代谢(cyp79b2b3)突变体,分析它们在自然土壤中的根际微生物群落,评估外源收集的根分泌物对土壤或合成微生物群落的影响,并在单关联设置中测试它们对真菌内生菌的反应。结果表明,突变体在根际和内层的细菌和真菌群落均有不同。用突变体的根分泌物处理的自然土壤和细菌合成群落表现出与野生型分泌物处理的不同微生物特征。并且大多数内生菌严重抑制cyp79b2b3的生长,部分抑制pyk10bglu21的生长。该项研究结果表明,根内质网体及其包含的黑芥子酶调节根分泌代谢,从而影响根与微生物群的相互作用。这一研究对寻求管理健康土壤的新解决方案具有重要意义。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2023-10-12

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/31/Csgk0GUnvDeAXSWbABQxYFNdBXg484.pdf>

2. 布鲁克海文国家实验室解析木质素甲基转移酶对水稻的影响

简介: 美国布鲁克海文国家实验室刘长军团队此前通过蛋白质工程创制了一组新型木质素单体4-O-甲基转移酶(MOMTs)。近日,他们评估了其中的两种酶,MOMT4和MOMT9,对水稻木质纤维素特性的作用,深入研究了它们对水稻木质素的合成以及对生长发育的影响,并探讨了其潜在应用价值。该研究为草本类木质纤维素品质的分子改良提供了基因储备和材料基础。相关研究成果在线发表在植物学知名期刊Plant Biotechnology Journal上。禾本科植物如水稻的木质纤维素同双子叶植物相比具有更为复杂的成分和结构。其木质素中除含有传统木质素单体外,还存在酰基化修饰的木质素单体和类黄酮类物质。另外,这类木质纤维素还含有与细胞壁交联的羟基肉桂酯,特别是阿魏酸酯。这些酚类化合物可交联细胞壁半纤维素中的阿拉伯木聚糖链,或阿

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

拉伯木聚糖链和木质素多聚体，从而增加细胞壁结构的稳定性。但这些独特的分子结构也增加了通过基因工程优化草本类木质纤维素的难度，进而限制了纤维素生物质材料在工农业生产中的有效利用。因此开发新型的针对禾本科植物木质纤维素品质改良的分子工具，对于高效利用农作物秸秆有重要的意义。刘长军团队此前通过蛋白质工程创制了一组能修饰木质素单体的甲基转移酶即MOMTs，其能有效并特异催化木质素单体苯环对位羟基的甲基化修饰，从而调控木质素多聚体的合成。本研究中，团队对MOMT4和MOMT9的体外酶活性进行了更为细致的分析，进一步证实了MOMTs对木质素单体苯环对位羟基的特异修饰，以及这两类酶对木质素单体修饰的偏好行性，即MOMT4对松柏醇和芥子醇单体有较强的活性，而MOMT9则对松柏醇单体有明显的偏好，同时对阿魏酸也有较强的催化活性。有意思的是，MOMTs除作用于木质素单体外对一系列其它酚类物质如类黄酮类物质也显示出一定的非特异活性。这些特性使得MOMTs的表达可广泛影响水稻中酚类物质的合成代谢。

来源：植物生物技术Pbj

发布日期:2023-10-11

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/5F/Csgk0Y1-cHuAQdfIABN7jGYQZ-k518.pdf>

3. 中科院在大豆着丝粒研究中取得进展

简介: 着丝粒是真核生物染色体的重要结构。着丝粒功能异常往往导致细胞分裂过程中染色体不分离，从而导致植物生长发育受阻。着丝粒的显著特征之一是其核小体含有H3组蛋白变体CENH3。近年来，通过编辑CENH3，在拟南芥、玉米、小麦上均获得了单倍体诱导系，说明着丝粒研究在植物育种中的潜力和重要性。着丝粒同时也是人工合成染色体的必需原料。因此，着丝粒结构和功能的解析不仅是染色体生物学领域亟待攻克的基础科学问题，也是未来合成生物学的必经之路。着丝粒序列组成、结构及进化研究是揭示上述着丝粒功能之谜的关键。然而，由于着丝粒存在高度的重复序列，给其精确组装和功能解析带来了极大挑战。近年来，借助长读长测序技术及先进算法，人们揭示了人类着丝粒“分层扩张”和拟南芥着丝粒“均质化/多样化”的进化模型。然而这些研究仅局限在单一个体，在群体水平上着丝粒进化轨迹尚不清楚。近期课题组和中国科学院遗传与发育生物学研究所田志喜研究组合作，在前期大豆泛基因组基础上 (Liu et al, 2021, Cell)，对包括3个野生种、9个农家种和15个栽培种在内的27个大豆种质进行着丝粒序列、结构及位置分析。本研究制备了可以识别大豆着丝粒特异组蛋白CENH3的抗体，通过染色质免疫共沉淀并结合二代测序的方法 (ChIP-seq)，确定大豆着丝粒的位置和大小。同时通过生物信息学分析结合荧光原位杂交技术(FISH)，鉴定了大豆着丝粒区特异重复序列。建立在之前对大豆中三个着丝粒卫星的发现基础上，研究团队发现了另外两个与1号染色体特异性关联的着丝粒卫星序列。这些新的卫星重复序列揭示了1号染色体着丝粒结构在不同材料中的显著重排，从而影响到CENH3的定位。

来源：植物生物技术Pbj

发布日期:2023-10-10

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/31/Csgk0GUnvWKAeN09AAz4W-aF4f1401.pdf>

4. 奥地利科学院揭示拟南芥TE沉默相关表达变异

简介: 2023年9月, 维也纳生物中心奥地利科学院的Magnus Nordborg团队在The Plant Cell上发表了题为“Population-level annotation of lncRNAs in Arabidopsis reveals extensive expression variation associated with transposable element-like silencing”的研究论文。研究人员以拟南芥为模型, 旨在阐明lncRNAs在植物中的转录情况, 并对其自然变异进行研究。在植物基因组中, 只有小部分序列可以编码蛋白质。其中, 不编码蛋白质的RNA被称为长链非编码RNAs (Long non-coding RNAs, lncRNAs), 但由于注释不足尚未得到充分的研究。而在研究较多的哺乳动物中, lncRNAs位点几乎与蛋白质编码基因一样普遍, 其表达在同一物种的个体之间存在高度变异。在本研究中, 研究人员使用499份材料和数个不同发育阶段的转录组数据, 建立了一个群体水平的lncRNAs注释, 揭示了数千个以前未注释的lncRNA位点。分析表明, lncRNA的转录在基因组中普遍存在, 但大多数都被沉默, 且其表达在自然品系中常发生变异。频繁的变异在基因间lncRNAs (lincRNAs) 中尤其常见, 50%的lincRNA位点中存在的TEs都与沉默和变异增加有关。研究人员在拟南芥中所创建的lncRNA注释进一步加深了对植物lncRNAs的理解, 为后续研究植物基因组转录和沉默等问题奠定基础。研究人员为了解拟南芥中lncRNA的转录情况, 使用新测的和公开的RNA-seq数据进行分析, 这些数据包含499份拟南芥的5个不同组织及发育阶段(幼苗、9叶莲座期、14叶莲座期、花和花粉)。将所有样本的RNA-seq数据比对到TAIR10基因组, 分别组装每个品系和组织的转录组, 然后使用一系列的合并和过滤步骤生成一个累积注释, 并在此基础上分类。总共鉴定出23,676个PC (protein-coding) 和11,295个lncRNA位点, 后者占转录组注释的29%; 还检测和注释到许多TE基因和TE片段。接着, 根据lncRNAs在基因组上的位置对其进行了分类: 最大的一类为反义 (antisense, AS) lncRNAs (8195, 72%), 在互补方向上与注释的PC基因有重叠; 第二大类为长基因间ncRNAs (lincRNAs), 共有2246个位点 (20%), 在图1E中举例进行展示; 第三大类由与TE基因有重叠的反义lncRNAs (AS-to-TE lncRNAs) 组成, 共有630个 (6%)。在此过程中发现了许多之前未曾注释到的lncRNA位点, 研究人员推测, 其主要原因是之前的研究只使用了参考基因组Col-0, 而本研究中的注释基于数百份材料。由于lncRNAs的表达在不同个体间变异很大, 因此单一品系的数据得到的注释只能代表特定品系的表达情况。为了验证推测, 研究人员从1001基因组项目中下载统一的莲座RNA-seq数据集, 并多次运行前面分析使用的注释pipeline, 结果表明, 在将分析的样本数量从10个增加到460个的过程中, 注释的lncRNA位点数量增加了2.5倍, 最后趋于稳定。

来源: 林木科学评论

发布日期:2023-10-10

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/5F/Csgk0Y1-cSOAK3RYACUG8gZm_P4055.pdf

学术文献

1. 东京农业大学发现SPRI1调节植物生殖隔离机制

简介: 东京大学农业与生命科学研究生院Seiji Takayama团队在国际著名期刊Nature Plants发表了题为“SHI family transcription factors regulate an interspecific barrier”的研究性文章。该研究发现的SPRI2/SRS7可能有助于通过细胞壁修饰基因和SPRI1的转录

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

调控建立种间生殖障碍的生成。在以前的研究中，研究人员发现控制拟南芥种间不亲和性的pistil-side因子的种内遗传变异。本次研究发现一些品系的雌蕊对*Capsella rubella*的花粉粒表现出不亲和性。因此，研究人员在一个全基因组关联分析中使用了281个拟南芥，找到负责这种表型变异的候选基因座，命名为STIGMATIC PRIVACY 2(SPRI2)。并利用微阵列数据集和公共转录组数据库进一步缩小了到一个定位基因SHI转录因子，并命名为SPRI2/SRS7基因，进化分析表明SPRI2/SRS7基因(AT1G19790)和SPRI2-like/SRS5(AT1G75520)基因类似。更进一步，利用基因编辑技术获得相关基因的突变体发现双敲除突变体在其拒绝来自*C. rubella*和*Malcolmia littorea*的花粉的能力方面受到严重影响。从这个结果，研究者认为这两个物种将利用SPRI2/SRS7的功能产生类似的机制(图一)。研究人员还测试了SHI家族其他七个成员的作用，但是与Col-0野生型相比，它们的敲除突变体都没有显示改变的种间不相容性表型。这些结果表明，SHI家族的SPRI2/SRS7-SPRI2-like/SRS5亚基成员在种间不亲和性功能中发挥了作用，这些因子调节了种间花粉排斥的强度。为了了解SPRI2/SRS7对种间花粉排斥的转录调控机制，我们对来自SPRI2/SRS7(突变体称为spri2-1和spri2-2)和SPRI2-like/SRS5(突变体称为spri2-like-1和spri2-like-2)的单个和双敲除突变体的柱头组织进行了RNA-seq分析。我们发现596个基因在spri2, spri2-like双突变体中显示出显著改变的表达水平。在双突变体中下调的297个基因中，基因本体(GO)分析显示属于细胞壁组织或生物发生(GO: 0071554)和木聚糖代谢(GO: 0045491)。这意味着SPRI2/SRS7和SPRI2样/SRS5优先上调植物细胞壁修饰基因的表达。

来源: Nature Plants

发布日期:2023-10-05

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/31/Csgk0GUnvMSASb3VAHPu8ELIWv4267.pdf>