



2023年第146期总344期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 图宾根大学利用病原菌蛋白创制抗青枯病植物材料
2. 哈佛大学开发三代HiFi宏基因组组装软件
3. 塞恩斯伯里实验室揭示大麦免疫受体赋予对稻瘟病菌抗性

#### ▶ 学术文献

1. 伯尔尼大学揭示玉米根部微生物组取决于抗菌耐受性
2. 英属哥伦比亚大学揭示AIPP3-PHD2-CPL2复合体调控NHP的合成

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](mailto:agri@ckcest.cn)

2023年10月29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. 图宾根大学利用病原菌蛋白创制抗青枯病植物材料

**简介:** 近日, Thomas Lahaye研究组联合湖南中烟/北京生命科技研究院、湖南大学在植物学知名学术期刊Plant Biotechnology Journal在线发表了题为An ancient cis-element targeted by Ralstonia solanacearum TALE-like effectors facilitates the development of a promoter trap that could confer broad-spectrum wilt resistance的研究论文。该论文证明了来自青枯菌不同演化型的Brg11同源基因 (RipTALs) 能保守地靶向植物的ADC基因, 并巧妙地将截短的SIADC1启动子用于驱动抗病基因Bs4C的表达, 创制了不影响植物生长、但能显著提高青枯病抗性的植物材料。该研究首先克隆了青枯菌不同演化型中的RipTAL基因, 并利用GUS报告系统和qRT-PCR, 证明了来自演化型I、III和IV-1的RipTALs能保守地激活ADC启动子及植物中ADC基因的转录表达, 进一步的研究发现RipTALs能诱导具有更短5' UTR的ADC新转录本, 从而逃避翻译调控, 引起腐胺的大量积累, 最后, 本研究巧妙地利用截短的SIADC1启动子, 用于驱动Bs4C抗病基因的表达, 并以烟草作为模式植物, 创制了SIADC1:Bs4C转基因植物, 该转基因植物以RipTAL依赖的方式调控抗病基因Bs4C的表达, 即在没有青枯菌侵染的情况下, Bs4C基因不表达, 不影响植物的生长发育, 而当青枯菌侵染时, 青枯菌中的RipTAL基因会分泌到植物细胞内, 特异性地激活Bs4C基因的表达, 从而介导对青枯病的抗性。综上, 该研究中建立的以病原菌效应蛋白依赖的方式来调控植物抗病基因的表达, 将为植物的抗病育种提供新的策略, 以兼顾植物生长和免疫的平衡。

**来源:** 植物生物技术Pbj

**发布日期:**2023-10-26

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/60/Csgk0YmQ3buANlw5AA2IyccYyNU413.pdf>

### 2. 哈佛大学开发三代HiFi宏基因组组装软件

**简介:** 宏基因组样本的从头组装是研究微生物群落的常用方法。当前针对短读长或错误率高的长读长开发的宏基因组组装软件尚未对组装准确的长读长序列进行优化。因此, 我们开发了hifiasm-meta, 一种利用近期出现的高精度的宏基因组数据进行宏基因组组装的软件。通过使用七个经验数据集进行评估, hifiasm-meta在每个数据集重建了数十到数百个完整的闭环细菌基因组, 始终优于其他宏基因组组装软件。短读长宏基因组组装通常能产生长度为数十千碱基 (kbp) 的重叠群, 约为细菌基因组大小的1%。截至2019年9月, 经过多年的宏基因组测序, 只有62个完整的细菌基因组从宏基因组样本中组装而成。尽管当前可以使用分箱算法将短的重叠群聚类到宏基因组组装基因组 (MAG) 中, 但是分箱会产生较高的错误率, 导致下游分析复杂化或错误。短读长MAG的局限性, 激发了metaFlye的开发, 唯一已发表的专门用于长读长宏基因组组装的软件。metaFlye是基于Flye开发的, 其适用于错误率约10%的嘈杂长读长数据组装, 不适用于PacBio产生的高准确度数据组装, 并且对于单物种HiFi组装来说是次优的。为了充分利用长而精确的HiFi读长的全部优势, 我们开发了hifiasm-meta, 将作者早期开发的hifiasm应用到宏基因组样本组装中。与单个物种的组装相比, 宏基因组组装带来了几个独特的挑战, 例如PacBio HiFi数据中读长长度差异较大, 以及某些单倍型的高倍性与低覆盖率相结合。作者在hifiasm-meta中做了几个重大改变来应对这些挑战。首先, hifiasm-meta

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

具有读长选择步骤，可以减少高丰度菌株的覆盖率，而不会丢失低丰度菌株的数据。其次，在组装图的构建过程中，hifiasm-meta试图保护低覆盖率基因组中的序列，这些序列可能被视为嵌合序列并被原始hifiasm丢弃。第三，hifiasm-meta只有在推断出与读长完全重叠的其他序列来自同一单倍型时，才会丢弃包含的序列，这减少了由内含序列而引起的重叠群断点。第四，在初始图构建之后，hifiasm-meta使用测序深度信息来修剪unitigs，假设来自同一菌株的unitigs往往具有相似的覆盖率。它还尝试连接来自不同单倍型的单元，以修补剩余的组装间隙。这些策略使hifiasm-meta在进行高精度宏基因组组装时更加健全。作者首先评估了hifiasm-meta (r58-31876a0)，metaFlye (v.2.9) 和 HiCanu (v.2.2) 在两个人工合成菌群，ATCC和zymo (表 1)，上的组装性能。ATCC由20个不同的物种组成，其中15个丰度较高，为0.18-18%，5个为稀有物种，丰度为0.02%。hifiasm-meta能够重建13个丰度较高的物种，并且每个物种都能被组装为一个完整的闭环重叠群，可与metaFlye和HiCanu相媲美。三种组装工具都将丰度为18%的牙龈卟啉单胞菌组装成两个重叠群，没有组装工具能够完全重建五个低丰度的物种。作者手动检查了这些低丰度物种的序列对齐文件，发现它们的组装间隙都是由于测序深度不足造成的，目前无法用现有的数据完全组装这些物种。zymo数据集包含17个不同种属的21个菌株，其中包括5个大肠杆菌，每个大肠杆菌的丰度约为8%。该数据集的挑战在于多个近缘物种大肠杆菌的同步出现。hifiasm-meta将菌株B3008组装成一个完整的闭环重叠群，菌株B766组装成两个重叠群，其余为碎片重叠群；HiCanu将B3008和B0组装成完整的闭环重叠群；metaFlye未能将五个菌株组装为闭环重叠群。hifiasm-meta将丰度为0.04%的硫代甲烷短杆菌组装为了更连续的重叠群。总体来说，三种组装软件在两个模拟菌群数据集上都具有相似的准确性。

**来源:** 宏基因组

**发布日期:**2023-10-26

**全文链接:**

[http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/32/Csgk0GU6KX2APyKPACJ\\_EiNiFlc194.pdf](http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/32/Csgk0GU6KX2APyKPACJ_EiNiFlc194.pdf)

### 3. 塞恩斯伯里实验室揭示大麦免疫受体赋予对稻瘟病菌抗性

**简介:** 植物核苷酸结合富含亮氨酸重复免疫受体 (NLRs) 直接或间接识别病原体分泌的效应蛋白，以启动植物防御。单一NLR识别多种病原体是罕见的，通常通过监测宿主蛋白的变化来实现；很少有特征性的NLR被证明能识别多种效应蛋白。大麦NLR基因Mla经历了功能多样化，由不同Mla等位基因编码的蛋白识别大麦白粉病的宿主适应分离株。2023年10月11日，权威期刊The Plant Cell 在线发表了英国塞恩斯伯里实验室Matthew Moscou团队的研究成果，题为Barley MLA3 recognizes the host-specificity effector Pw12 from Magnaporthe oryzae的研究论文。在这里，科研人员研究了Mla3如何以剂量依赖的方式赋予对稻瘟病菌的抗性。使用正向遗传筛选，科研人员发现来自稻瘟病菌的效应蛋白对Pw12致病，这是一种防止稻瘟病菌感染弯叶画眉草的宿主范围决定因素。因此，Mla3逐渐进化出从不同病原体中识别效应蛋白的能力。大多数NLR以病原体物种或分离株特异性的方式赋予抗性。Mla等位基因已经通过等位基因的功能差异很好地研究了分离株对Bgh的特异性抗性。然而，尽管对多种病原体的抗性已经被定位到大麦单倍型的Mla基因座，但由于跨基因座的抑制重组的局限性以及不能用当前的基因组工具组装该区域，许多潜在的致病基因尚未被鉴定。Mla的同源基因，普通小麦中的Sr33和黑麦中的Sr50，赋予了对茎锈病病原体的抗病性。Mla、Sr33和Sr50强调了直系同源基因进化出新的和不同的病原体特异性的潜力，扩大了对子囊菌和担子菌病原体多样性的Mla基因家

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

族的识别范围。相比之下，Mla8显示出对Bgh和锈菌都具有抗性。科研人员证实了大麦NLR MLA3识别来自稻瘟病菌的效应蛋白Pwl2，并表明这种单一NLR能够识别两种分类上不同的病原体。MLA3特异性识别宿主特异性决定簇Pwl2，这种效应蛋白的缺失使得稻瘟病菌成功感染，并且MLA3和Pwl2在本氏烟草中的短暂共表达触发了强烈的超敏反应。因此，Mla3进化出从Bgh识别宿主适应的效应蛋白的能力，并从稻瘟病菌收敛识别重要的宿主决定效应蛋白，进一步扩展了Mla基因座的多病原体识别。最近，发现稻瘟病菌小麦致病型的出现是由于PWT3和PWT4编码的特异性效应蛋白的连续丢失。相应的小麦R基因Rwt3和Rwt4负责感染期间稻瘟病菌的不亲和性，它们的分离促进了稻瘟病菌逐步适应成为小麦的病原体。对PWL致病性多基因家族的成员Pwl1、PWL2、PWL3和PWL4有助于稻瘟病菌致病型的宿主特化。首先在水稻分离株中鉴定的PWL2防止了对弯叶画眉草的感染，因此调节了宿主特异性。Pwl2效应蛋白中的小氨基酸变化可以导致毒力产生，然而Pwl2在不同地理位置的群体中表现出低遗传变异，并且大多数对水稻致病的分离株含有Pwl2。水稻中PWL2抗性基因的缺乏将促进PWL2在水稻感染谱系中的广泛流行。到目前为止，在画眉草中识别PWL2的抗性基因还没有被鉴定，并且在该草种中识别的潜在机制仍然未知。画眉草中缺乏明确的Mla直向同源基因和MLA3对Pwl2的特异性识别，以及Pwl2识别的保守特异性强烈表明画眉草中MLA3和未知抗性基因趋同进化为Pwl2识别。在这里，科研人员表明，在本氏烟草中，Pwl2识别是在与MLA3特异性相关时触发的。这种相互作用足够强和稳定，可以在免疫共沉淀试验中检测到，这在其他MLA-AVRa对应中没有显示出来。尽管不同的MLA等位基因直接识别Bgh AVRa效应蛋白，但这些蛋白质-蛋白质相互作用可能是短暂的，因此无法通过蛋白质pull-down实验检测到。然而，在本氏烟草异源系统中，MLA3和Pwl2之间的相互作用是清晰和强有力的。考虑到支持不同MLA等位基因直接识别Bgh AVRa效应蛋白的证据，MLA的进化轨迹，以及本氏烟草和大麦之间的系统发育距离，MLA3直接识别Pwl2仍然是最简约的识别模型。序列相似的Mla等位基因如何识别来自不同病原体物种的结构不同的效应蛋白的问题仍然存在。文献报道的NLRs识别多种病原的案例并不多见，迄今为止研究的所有实例都涉及在作为守卫者或诱饵的共享宿主靶标上或在NLRs的集成结构域上感知保守的效应子活性。TIR-NLR ROQ1分别直接识别来自丁香假单胞菌(*P. syringae*)、黄单胞菌(*Xanthomonas* spp.)和青枯菌(*Ralstonia* spp.)的效应蛋白HopQ1、XopQ和RipB。但是这三个效应子都是同源的，并且可能具有几乎相同的结构。Pwl2和AVRa3可能属于具有不同结构折叠的效应子家族，表明MLA3进化为直接识别两个结构不同的效应子。一旦确定Pwl2和AVRa3的结构和结合界面将为阐明识别的分子机制提供第一步。尽管AVRa3和Pwl2具有不同的整体结构，但由于共享的结构特征而被MLA3直接识别。这可能代表了在分类不同的物种中保守的病原体效应蛋白的结构特征，并可能指导效应蛋白发现和NLR工程走向扩大识别和抗性。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2023-10-25

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/32/Csgk0GU6KfGAbDg4ABHTuwLMpa1505.pdf>

## 学术文献

### 1. 伯尔尼大学揭示玉米根部微生物组取决于抗菌耐受性

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



**简介:** 包括细菌、真菌、卵菌和原生动物在内的多种微生物群落定殖于植物根部。这些微生物作为微生物群落共同发挥作用, 可为宿主带来多种益处。它们可以通过产生植物激素改善植物生长, 提高植物对养分的吸收, 保护植物免受病原体侵害。根部微生物组主要从土壤中招募, 因此其组成与周围土壤微生物组相似。植物通过根系形态特征、免疫反应和分泌多种根系分泌物进一步塑造根系微生物组的组成。通过根系分泌, 植物向周围土壤释放多达 25% 的同化碳, 从而吸引和滋养土壤微生物。根系分泌物含有糖、氨基酸或有机酸, 但重要的是还含有植物特有的代谢物。植物特异代谢物控制着植物与环境的相互作用。在众多功能中, 它们被证明能塑造根系和根际微生物组。值得注意的是, 微生物组的结构不仅由植物决定, 也由微生物产生的特异外代谢物决定。有关植物代谢物的研究通常会比较野生型植物根系或根际的微生物组组成与某种特异代谢物产生缺陷的生物合成突变体的微生物组组成。研究表明, 硫代葡糖苷、植物抗毒素、三萜类和香豆素构成了模式植物拟南芥根部微生物组的结构。高粱 (*Sorghum bicolor*) 渗出的高粱素、大麦 (*Hordeum vulgare*) 产生的大麦碱, 以及玉米 (*Zea mays*) 释放的苯并恶唑啉酮 (BXs)、二萜类化合物、植保素和黄酮类化合物都能构建各自宿主的根部微生物群落。虽然植物特异代谢物对根部微生物组的形成具有推动作用, 但解释群落结构的基本机制在很大程度上仍不为人所知。2023年10月25日, 国际权威学术期刊PNAS发表了瑞士伯尔尼大学/巴塞尔大学Klaus Schlaeppli团队的最新相关研究成果, 题为 *Bacterial tolerance to host-exuded specialized metabolites structures the maize root microbiome* 的研究论文。科研人员建立了一个具有代表性的玉米根部细菌集合, 并测试了它们对 BXs 的耐受性, BXs 是玉米植物根分泌物中最主要的特化生物活性代谢物。体外实验表明, BXs 以菌株和化合物依赖的方式抑制细菌生长。对这些选择性抗菌化合物的耐受性取决于细菌的细胞壁结构。此外, 科研人员还发现, 与非宿主拟南芥细菌相比, 从玉米中分离出来的本地根部细菌对 BXs 的耐受性更好。这一发现表明根部细菌适应了宿主植物的特异代谢物。细菌对 6-甲氧基-2-苯唑啉酮 (MBOA) 的耐受性与这些细菌在分泌 BX 的玉米根上的丰度有显著的相关性, 而 MBOA 是玉米根际中最丰富、选择性最强的抗菌代谢物。因此, 菌株对 BXs 的耐受性在很大程度上解释了玉米根部细菌的丰度模式。丰富的细菌一般都能耐受 MBOA, 而低丰度的根部微生物组成员则对这种化合物敏感。科研人员的研究结果表明, 对植物特异代谢物的耐受性是决定根部定殖的一个重要能力因素。科研人员认为, 细菌对根源抗菌化合物的耐受性是决定宿主特异性微生物群落结构的基本机制。

**来源:** PNAS

**发布日期:**2023-10-25

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/60/Csgk0YmQ3qeAKP-LABCs2tOQ8qk651.pdf>

## 2. 英属哥伦比亚大学揭示AIPP3-PHD2-CPL2复合体调控NHP的合成

**简介:** 植物的生长需要抵御病原菌威胁, 为此, 植物进化出复杂的免疫系统。病原入侵所激活的局部防御反应可以将信号在植物体内传递并诱导系统获得性免疫 (SAR) (Ryals et al., 1996)。NHP是SAR中的重要信号分子, FMO1则是NHP的关键合成酶(Chen et al., 2018; Hartmann et al., 2018)。病原的入侵会显著诱导FMO1的表达水平与NHP的合成, 而在没有病原威胁下植物FMO1的表达与NHP含量都极低, 揭示了FMO1的表达受到严格的调控(Sun et al., 2020)。但是, FMO1基因表达的负调控机制尚未得到充分研究。JIP近

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

日在线发表了英属哥伦比亚大学张跃林课题组与合作者共同完成的题为“Epigenetic regulation of N-hydroxypipicolinic acid biosynthesis by the AIPP3-PHD2-CPL2 complex” 的研究论文 (<https://doi.org/10.1111/&zwj;jipb.13577>)。该研究通过正向遗传筛选在 pFMO1::LUC背景下寻找FMO1表达量升高的拟南芥突变体，并鉴定到三个基因参与负调控FMO1的表达。两个FMO1持续表达突变体 (cef) 和一个FMO1诱导表达突变体 (ief) 被分别鉴定在AIPP3, CPL2和PHD2基因中发生无义突变。这三个基因编码的蛋白能形成复合体识别组蛋白H3K27me3修饰并抑制转录(Zhang et al., 2020; Qian et al., 2021), 以此来抑制植物体内FMO1的表达和NHP的水平。张跃林课题组发现在aipp3和cpl2突变体中, 升高的FMO1表达量与对病原菌H.a. Noco2和P.s.t.DC3000的抗性增强和免疫相关激素例如水杨酸 (SA) 和NHP水平的增加相关。并且, AIPP3能够靶向FMO1和SARD1基因, SARD1基因表达在aipp3和cpl2突变体中也有所升高。在phd2突变体中, FMO1表达量在nlp20诱导下有显著升高, 对病原微生物的抗性也有所增强。AIPP3-PHD2-CPL2复合体的鉴定展示了H3K27me3的转录抑制参与负调控NHP, 揭示了表观遗传调控在植物免疫中的重要作用。

**来源:** Journal of Integrative Plant Biology

**发布日期:**2023-10-22

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/32/Csgk0GU6Ku2AUOKuAAqW4uR4sIM894.pdf>