



2023年第150期总348期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 丹麦技术大学发现链霉菌通过次生代谢物质缓解胁迫
2. 华盛顿大学揭示古老植物与固氮细菌共生避免灭绝

#### ▶ 学术文献

1. 汉诺威大学发现TALE驱动脱氨酶实现单碱基替换
2. 内布拉斯加大学发现对miRNA有重要作用的剪接因子
3. 内布拉斯加大学敲除 $\alpha$ -zein基因产生优质玉米蛋白

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11月27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. 丹麦技术大学发现链霉菌通过次生代谢物质缓解胁迫

**简介:** 土壤微生物群可以赋予植物适应性优势，并提高作物对干旱和其他非生物胁迫的抵抗力。然而，几乎没有证据表明微生物性状与植物非生物胁迫耐受性相关的机制。近日，Technical University of Denmark的Ling Ding等在Nature Communications在线发表了一篇题为Streptomyces alleviate abiotic stress in plant by producing pteridic acids的研究论文，该研究揭示了链霉菌调控植物抵抗非生物胁迫的潜在机制。在该研究中，研究人员发现链霉菌通过产生聚酮类化合物蝶啶酸H (1) 及其异构体F (2) 有效缓解干旱和盐度胁迫，这两种物质在浓度为 1.3nM 时均能促进拟南芥在非生物胁迫下的根系生长。转录组学分析显示，蝶啶酸处理后拟南芥幼苗中光合作用和非生物胁迫响应基因的表达增加。研究人员进一步在体内证实了蝶啶酸和抗菌星孢菌素生产的双功能生物合成基因簇。该研究认为它主要通过垂直传播传播，并且在地理上分布在各种环境中。综上，该研究是细菌代谢物介导的植物响应环境胁迫改变的有用例证，研究成果揭示了理解植物与链霉菌相互作用的新视角，并为在农业中利用有益的链霉菌及其次生代谢物来减轻气候变化的有害影响提供了一种有前途的方法。

**来源:** 植物代谢研究

**发布日期:**2023-11-26

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0WVvKFKyAFWj3ABbfXWwMzQ248.pdf>

### 2. 华盛顿大学揭示古老植物与固氮细菌共生避免灭绝

**简介:** 2023年11月16日，Nature Ecology & Evolution发表了美国华盛顿大学、NASA空间生物学研究所、加州理工学院的Michael Kipp（即将入职杜克大学担任Assistant Professor）领衔完成的论文“Nitrogen isotopes reveal independent origins of N<sub>2</sub>-fixing symbiosis in extant cycad lineages”。这是一篇酝酿了近10年的新论文，通过用氮同位素追踪的方法检测现存的以及已灭绝的苏铁化石样本的方法，讲述了一群古老的苏铁植物的固氮、以及它们如何在许多同类植物灭绝的情况下生存到今天，提出一部分苏铁与固氮细菌形成固氮共生体从而避免了灭绝。苏铁起源于大约 3 亿年前，在恐龙繁盛的中生代时期数量非常丰富。这个时代甚至被称为“苏铁时代”。在恐龙栖息地的重建图中，类似棕榈的植物通常是苏铁科植物（在那时棕榈还没有出现！）。从中生代到今天，大多数古老的苏铁谱系的植物都灭绝了。这被视为系统发育树中现存物种最近起源之前的长分支。幸存的苏铁有时被称为“活化石”，因为它们在过去生态系统的遗迹。作者开发了一个新方法，用于重新审视苏铁的进化，重点关注到一个独特的特征：所有活着的苏铁的根部（珊瑚根）都有共生的固氮细菌（蓝细菌），使它们能够生活在营养贫乏的土壤中。因此，可以通过其独特的氮同位素指纹（ $\delta^{15}N$ ）来追踪植物中的氮固定。几年前，作者发表了一项关于现代苏铁植物中 N 同位素的研究。在所有环境中，苏铁叶子的氮同位素比率与大气成分相匹配，与共生细菌对大气氮的供应一致。作者然后开发了一种分析植物叶子化石中氮同位素比率的方法。作者与古植物学家和博物馆馆长合作，分析了来自12个化石单元的 178 个化石标本，年龄从约 250 到约 2000 万年。

**来源:** Ad植物微生物

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

发布日期:2023-11-24

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0WVkf0eAXJnwAG7ctNSi6-E865.pdf>

## 学术文献

### 1. 汉诺威大学发现TALE驱动脱氨酶实现单碱基替换

**简介:** 2023年11月24日, Plant Biotechnology Journal在线发表了汉诺威大学(德国) Jens Boch、Dingbo Zhang团队的研究成果: ‘Development of TALE-adenine base editors in plants’, 研究人员在烟草和水稻中测试了一系列具有不同脱氨酶融合结构的TALE-ABEs。结果表明, 双链DNA特异性胞嘧啶脱氨酶DddA能增强单链DNA特异性脱氨酶(TadA8e或APOBEC3A)在双链DNA上的活性。在GUS报告系统中分析了A-T到G-C的编辑效率, 结果表明在水稻原生质体中对基因组区域进行了精确的腺嘌呤编辑, 而且产物纯度很高。此外, 还利用TALE-ABEs成功地再生了叶绿体基因组中A-T到G-C突变的水稻植株。TALE-ABEs通过编辑核或细胞器基因组, 为作物改良和基因治疗提供了新的选择。在烟草建立GUS报告系统, 测试不同TALE-ABEs的编辑活性。构建了靶向位点含有终止密码子(TAA)的失活GUS报告基因GUS\*424。设计TALE-ABE系统进行A-T到G-C的替换编辑, 将终止密码子(TAA)改变成编码谷氨酰胺的密码子(CAA), 从而恢复GUS基因的活性。将TALE-ABE系统通过农杆菌同时转入烟草叶片, 表达TALE-ABE和GUS\*424报告基因。如果成功发生了A-T到G-C的替换编辑, GUS基因活性会恢复, 可以通过GUS酶活性分析或X-Gluc染色检测。分别测试不同的单个TALE-ABE (sTABE) 和成对TALE-ABE (pTABE) 构建形式, 以评估不同设计下的编辑效率。

**来源:** Plant Biotechnology Journal

发布日期:2023-11-24

全文链接:

[http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/34/Csgk0GVkd7SABSF0ACSI\\_iQrjDI806.pdf](http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/34/Csgk0GVkd7SABSF0ACSI_iQrjDI806.pdf)

### 2. 内布拉斯加大学发现对miRNA有重要作用的剪接因子

**简介:** 2023年11月22日, 来自内布拉斯加大学林肯分校的Bin Yu在Nucleic Acids Research杂志发表了题为JANUS, a spliceosome-associated protein, promotes miRNA biogenesis in Arabidopsis 的研究论文。文章发现了一个保守剪接因子JANUS, 文章对该因子在miRNA生物发生中的新作用进行了分析。小RNA (miRNA) 是基因表达的重要调节因子。它们的水平是通过调节微加工复合体 (microprocessor complex, MC) 的活性来精确控制的。本研究报道了酵母和人类中保守的U2 snRNP组装因子的同源蛋白, JANUS, 它是miRNA积累所必需的。JANUS与MC成分Dicer-like 1 (DCL1) 和SERRATE (SE) 结合, 并直接结合pri-miRNA的茎环。在亚等位基因的janus突变体中, DCL1的活性、MC的数量以及初级miRNA转录物 (pri-miRNA) 与MC的相互作用降低。这些数据表明, JANUS通过与MC和/或pri-miRNA的相互作用来促进MC的组装和活性。此外, JANUS调节一些pri-miRNA的转录, 因为它与pri-miRNAs的启动子结合, 并促进Pol II在其启动子处的占据。此外, 在janus中检测到全局剪接缺陷。总之, 本研究揭示了一种保守剪接因子在miRNA生物发生中的新作用。

**来源:** Nucleic Acids Research

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

发布日期:2023-11-22

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/34/Csgk0GVkD36APnpFABnzArMFsnQ707.pdf>

### 3. 内布拉斯加大学敲除 $\alpha$ -zein基因产生优质玉米蛋白

**简介:** 2023年11月21日, Hurst等人在国际著名期刊Plant Biotechnology Journal发表了题为“Editing the 19kDa alpha-zein gene family generates nonopaque2-based quality protein maize”的研究论文。该研究使用CRISPR/cas9对 $\alpha$ -玉米蛋白基因家族的19kDa亚类进行编辑, 创制了非转基因、不基于Opaque2转录因子的优质蛋白玉米品系。该研究利用基因编辑技术CRISPR/Cas9特异性靶向19kDa的 $\alpha$ -玉米蛋白基因家族。通过仅靶向19kDa亚类, 希望实现蛋白质组的再平衡, 同时对蛋白体造成最小的结构降解。他们设计了6个gRNA, 靶向 z1A (Chr04)和z1B (Chr07)亚家族中的21个基因拷贝。编辑后的等位基因通过PCR筛选, 最终获得无转基因品系。他们将初级转化体与含有27kDa的 $\gamma$ -玉米蛋白(含O2修饰位点)重复的玉米系杂交, 解释了胚乳质地的潜在损失。该研究显示, 编辑部分19kDa玉米蛋白(但不是全部)可使赖氨酸含量增加30%, 硬质胚乳也增强。而完全敲除19kDa导致赖氨酸几乎没有增加, 作者将其解释为22kDa的 $\alpha$ -玉米蛋白的明显再平衡, 即: 在没有O2突变和 $\alpha$ -玉米蛋白完全敲除的情况下能够发生蛋白质组再平衡。基因编辑株系的赖氨酸含量比野生型增加了30%, 虽然不像QPM那样增加55%的赖氨酸, 但与QPM相比, 基因编辑系对其他氨基酸水平的影响很小。此外, 包含部分减少的19kDa的编辑系显示出具有完全19kDa敲除的种子结构的优势。这些结果证明了单独编辑19kDa的 $\alpha$ -玉米蛋白家族可以在保留硬质胚乳和功能性O2转录因子的同时增强赖氨酸的概念。这里采用的编辑策略是一种概念证明, 它可以在保留硬质胚乳的同时, 将优质杂交玉米转化为优质蛋白玉米。田间试验可以测试这些品系在产量和抗病性等指标上是否优于含O2的QPM。此外, 该研究产生的分离体对进一步研究玉米蛋白体形成、胚乳发育和蛋白质组再平衡具有价值。

**来源:** Plant Biotechnology Journal

**发布日期:**2023-11-21

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0WVkfYiALZoIAExhaH6W794723.pdf>