



2023年第149期总347期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 浙江工业大学建立抗生素耐药基因风险评估新框架
2. 德克萨斯理工大学发现硝酸盐缺乏时根系变化必须转录因子
3. 南京农业大学找到水稻特殊基因，成就香糯好饭
4. 萨斯喀彻温大学解析营养抗旱作物根系基础结构

▶ 学术文献

1. 华中农业大学揭示硝酸盐缓解铵毒的生物学机制

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11月20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. 浙江工业大学建立抗生素耐药基因风险评估新框架

简介: 近日, 浙江工业大学的钱海丰教授课题组联合浙江省微生物技术与生物信息研究重点实验室、浙江天科高新技术发展有限公司王庭璋研究员团队于 Nature Communications 发表了题为 “Assessment of global health risk of antibiotic resistance genes” 的文章。抗生素耐药性正日益威胁着全球人类健康和疾病的临床治疗。如果不积极应对, 到2050年全球每年死于抗生素耐药性感染的将有1000万人, 超过癌症死亡率。抗生素耐药基因 (antibiotic resistance genes, ARGs) 在过去的十年中已经在自然、工程和临床等多个环境中被广泛检测到。人类活动, 尤其是抗生素的临床使用, 被广泛认为是ARGs传播的主要驱动因素。然而, ARGs并不完全是抗生素时代的产物, 科学家在3万年前的永久冻土和古人类的粪便中均检测到其存在。某些ARGs具有一系列特殊的环境功能, 比如从磷酸盐中释放磷。这一现象暗示着, 不同ARGs所表现出的人类健康风险截然不同, 在评估过程中应该分门别类、“区别对待”。但是, 目前环境耐药风险研究都聚集在单一的丰度检测上, 如何全面完善地从多角度评估ARGs的健康风险对遏制耐药细菌的进化至关重要。该文章提出了全面完善的环境耐药风险评估新框架。作者分析了土壤、水体、城市建筑以及人体等多个生境中耐药基因的丰度及相关宿主菌株, 并综合人类可接触性、移动性、致病性和临床有效性全面定量每个ARG的人类健康风险。研究表明, 23.78%的ARGs具有健康风险, 能够干扰临床治疗。结合机器学习, 研究团队首次成功绘制了全球海洋中抗生素耐药风险形势, 预测准确率超过75%。

来源: iMeta

发布日期:2023-11-15

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0YmsmieAAIfgAFEGgi6FPfE154.pdf>

2. 德克萨斯理工大学发现硝酸盐缺乏时根系变化必须转录因子

简介: 美国德克萨斯理工大学2023年在PNAS杂志上发表了题为 “The transcription factors, STOP1 and TCP20, are required for root system architecture alterations in response to nitrate deficiency” 的研究论文。该研究发现在硝酸盐缺乏情况下, 转录因子STOP1和TCP20调节NRT1.1的表达。将在含有5 mM KNO₃的1/2MS培养基上生长7天的拟南芥幼苗转移到对照培养基 (5 mM KNO₃) 或不含NO₃⁻的培养基 (0 mM KNO₃) 上再生长 3、5 和 7 d。在不含NO₃⁻的培养基上生长的野生型Col-0 (WT)幼苗的LR密度和长度受到显著抑制, 但stop1 EMS突变体和STOP1-KO突变体 (STOP1 中有 T-DNA 插入) 的抑制作用均明显减弱。stop1突变体 (STOP1p::STOP1/stop1) 中STOP1的互补恢复了LR生长的强烈抑制作用, 表明STOP1在NO₃⁻缺乏条件下 LR生长抑制中起着重要作用。接下来研究了STOP1是否影响其他硝酸盐转运体基因的表达, 发现除了NRT2.2外, NRT1.7和NRT2.5的转录在stop1突变体中被诱导了1.5倍以上, 而NRT1.1、NRT1.4和NRT1.5的表达与WT相比被抑制了不到0.67倍 (WT 的表达至少比stop1高1.5倍)。在这三个基因中, NRT1.1是低NO₃⁻条件下抑制LR生长的一个关键因素, 并被列入STOP1主要靶基因列表, 表明STOP1直接调控NO₃⁻缺乏条件下NRT1.1的表达。研究人员对stop1突变体中基因表达受到抑制的潜在STOP1一级靶基因 (图2A Venn图中的71个基因) 进行了基因共表达网络分析。该网络包括STOP1的几个已知主要靶基因 (如 ALMT1、GDH1/2和CIPK23), 且

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

NRT1.1与STOP1的已知靶基因属于同一组基因。除了 NRT1.1，硝酸还原酶基因NIA1也在同一个网络中，并且NIA1的表达在stop1突变体中受到抑制。前期发现，在硝酸盐充足的条件下，NRT1.1、NIA1、NIA2和NIR等多个硝酸盐响应基因受转录因子NLP6和NLP7的控制。该研究确定STOP1参与了NO₃-缺乏条件下NRT1.1和NIA1的表达，但没有参与NIA2和NIR的表达。

来源：林木科学评论

发布日期:2023-11-15

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0YmsmdKAMZNoAEgHqzcHCEc136.pdf>

3. 南京农业大学找到水稻特殊基因，成就香糯好饭

简介：徐国华团队利用分子生物学技术，分析水稻在扬花期时，在施加不同量的氮肥条件下，稻谷的花发育器官中基因的变化，结果发现了氮素依赖型水稻抽穗因子Nhd1。

“我们发现，Nhd1能调控水稻抽穗和扬花的时间、水稻产量、氮素利用效率以及稻米口味。”徐国华说。如何利用Nhd1，在不影响水稻高产和氮肥利用效率的情况下，让水稻的口感、品质更好呢？“在此次研究中，我们利用Nhd1自身的基因片段，创制了其内源表达丰度得到大幅提高的水稻遗传材料。”徐国华介绍，团队在研究中发现，在不同施氮水平下，与受体亲本品种相比，Nhd1表达丰度高的水稻，稻米的淀粉颗粒排列更松散，稻米中直链淀粉的含量、糊化温度和蛋白质含量也显著降低，稻米的胶稠度增加，蒸煮后更软糯，从而提升了稻米的蒸煮食味品质。同时，Nhd1表达丰度的提高，不会改变水稻的产量、氮素利用效率和生育期。此外，团队在稻米品质已经相对较高的江苏省主栽品种中也发现，Nhd1表达丰度较高的品种，稻米的蒸煮食味品质也较优良。这说明通过增强水稻内源性Nhd1的丰度，能够在保证高产的同时，有效提高稻米的食味品质。徐国华表示，这意味着在不增加氮肥投入，不影响水稻生育期、产量的前提下，该研究为提高稻米品质的分子改良提供了新思路 and 基因资源。徐国华认为，今后，育种专家在水稻优质食味品种选育时，可以考虑将Nhd1的表达丰度和对氮肥响应的程度，作为高产优质性状的重要筛选标准。同时也可以考虑利用其作为分子标记，定向培育蒸煮食味品质优良的高产稻米品种。

来源：科技日报

发布日期:2023-11-14

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/33/Csgk0GVV5giAQiDkAAhPDP6374A503.pdf>

4. 萨斯喀彻温大学解析营养抗旱作物根系基础结构

简介：近年来，全球气候变化和干旱胁迫进一步加剧，作物的生长和产量都受到了极大影响，实现粮食的可持续发展对全球农业构成了挑战。近年来，根系作为植物与土壤密切接触的器官而广受关注，其与作物的产量、品质和抗逆性密切相关。其中，根系构型（RSA）即植物根系的空间分布，在必需养分（氮、磷、钾）和水的高效吸收过程中起重要作用。根系与土壤密切接触，最先感知和响应土壤水分含量，进一步引发根系形态变化。根系构型是根系形态特征的重要体现之一，它可以根据土壤含水量和养分的变化而发生变化，从而更好地获取水分和养分。因此探究RSA在作物高产、遗传改良等方面的应用，对实现农业的可持续发展具有重要意义。近日，加拿大萨斯喀彻温大学Leon

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

Kochian 教授在 aBIOTECH 发表了题为 “Constitutive basis of root system architecture: uncovering a promising trait for breeding nutrient- and drought-resilient crops” 的研究论文。作物生长所需的养分与水分在土壤中分布不均一。因此，在培育磷高效品种时，需要同时考虑获取氮和钾等可移动养分，如选育根系更均匀分布在表层和深层土壤剖面的“倒三角形” RSA，高效吸收表层土壤养分磷的同时，兼顾高效吸收更深层土壤中的氮，钾和水等养分资源。因此，为探索 RSA 与作物产量之间的关系，作者选用美国和巴西地区的代表性高粱品种：磷高效品种 (SC103) 和磷低效品种 (BTx635)，对其 RSA 进行了深入的研究，并进一步明确其根系分布模式，均表现为倒三角形的 RSA。进一步，分别在营养充足和营养缺乏条件下对 SC103 和 BTx635 进行水培和土培培养，并采用 2D 根系成像技术对其根体系结构进行测量。结果表明，高粱 SC103 在充足和缺磷条件下均表现出更发达的根系统。作者根据高粱主胚根的长度，将根系统分为均等的三个区域。在顶部区域，无论是否缺磷，SC103 都展现出更长的总根长；在低磷胁迫下，SC103 和 BTx635 在顶部区域总根长均显著增加；缺磷条件下，SC103 和 BTx635 的根系在三个不同区域分布的百分比相似。作者通过开展 RSA 对缺氮和干旱胁迫的响应试验，发现低氮和干旱胁迫均会抑制两个高粱品种的根和地上部生长，但与 BTx635 比较，SC103 仍然表现出更强的生长能力。

来源：植物生物学

发布日期:2023-11-14

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/33/Csgk0GVV5ZiAQwiwAIN7jZCtPZM144.pdf>

学术文献

1. 华中农业大学揭示硝酸盐缓解铵毒的生物学机制

简介: 在自然和农业条件下，铵是植物首选的氮源，但过量可能对植物有害，称为铵毒。硝态氮长期以来一直被认为可以降低铵毒。甘蓝型油菜是一种对高铵敏感的重要油料作物。然而，人们对甘蓝型油菜中硝态氮缓解铵毒的机制知之甚少。2023年11月13日，The Plant Journal 在线发表了题为 “Nitrate alleviates ammonium toxicity in Brassica napus by coordinating rhizosphere and cell pH and ammonium assimilation” 的研究论文。该研究揭示了硝态氮通过协调根际和细胞 pH 和铵同化作用减轻甘蓝型油菜铵毒的生物学机制。氮是植物生长发育必需的大量营养元素。一般而言，硝态氮和铵是农业中用于维持作物生长发育的两种主要无机氮源，它们在天然和农业土壤中的浓度通常比其他氮源高得多。铵被植物根系吸收后可直接同化成氨基酸被植物利用，而硝态氮则需先还原成铵，然后再进行同化利用。因此，与硝态氮相比，植物对铵态氮的利用过程更加节能。因此，铵态氮被认为是许多作物的首选氮源，特别是那些生长在缺氧或酸性土壤中的作物。然而，当铵态氮作为唯一氮源的时候，高浓度的铵态氮往往会抑制作物的生长，这种现象被称为铵毒。研究表明，硝态氮可以缓解植物铵毒。油菜是我国重要的油料作物。前期研究发现，与铵态氮相比，甘蓝型油菜更偏好硝态氮，且不同氮效率品种对铵硝氮源的响应存在显著的基因型差异 (Li et al. Plant Physiology and Biochemistry, 2021, 166: 348360)。同时，铵态氮作为唯一氮源会显著抑制油菜的生长。在高铵处理下，油菜叶片中碳氮代谢失衡，光合电子传递链受损，活性氧过度积累 (Li et al. Environmental and Experimental Botany, 2021, 189: 104550)。研究发现，硝态氮可以缓解油菜铵毒。为进一步解析其机

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

制，该研究联合转录组、代谢组和生理分析，发现硝态氮可以通过平衡根际和细胞内pH并加速甘蓝型油菜的铵同化来减轻铵的毒性。在高铵环境下，硝态氮通过增强AMT和NRT转运蛋白的表达来增加铵硝的吸收，且通过促进硝态氮外排转运蛋白SLAH3和质子泵编码基因的表达来增强硝态氮和质子从细胞质到质外体的外排。此外，硝态氮增加了细胞质、液泡和根际的pH，并下调了酸胁迫诱导基因的表达。在高铵条件下，硝态氮提高了油菜根系中谷氨酰胺合成酶（GS）的活性，促进了铵向氨基酸的同化，从而减少了铵在油菜中的积累和向地上部的迁移。研究发现，根系中GS的活性高度依赖于环境pH。此外，硝态氮可能在三羧酸循环中诱导参与氨基酸生物合成和苹果酸代谢的代谢产物，并抑制苯丙烷代谢以减轻铵的毒性。综上，该研究表明，硝态氮通过有效的铵、硝和质子的跨膜循环平衡根际和细胞内pH，加速铵同化，并上调苹果酸代谢，以减轻油菜铵毒。

来源：The Plant Journal

发布日期:2023-11-13

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/33/Csgk0GVV5myATShRADu_ub9DZDg721.pdf