



2024年第4期总356期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 学术文献

1. 中国农大等揭示MYB基因在部分调控中的功能分化
2. 赵春江院士/杨万能总结植物分析技术方面的关键突破
3. 生物所揭示植物器官大小表观遗传调控新机制
4. 浙江大学研究团队揭示肽类激素PSK信号新机制
5. 连佳长课题组：抗心律失常生物碱ajmaline的从头生物合成

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：周诚昊；顾亮亮

联系电话：010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2024年1月2日

学术文献

1. 中国农大等揭示MYB基因在部分调控中的功能分化

简介: 2024年1月17日, 中国农业大学孙连军教授与佛罗里达大学Meixia Zhao等在Plant Physiology在线发表了一篇题为Tandemly duplicated MYB genes are functionally diverged in the regulation of anthocyanin biosynthesis in soybean的研究论文, 揭示了串联重复的MYB基因在大豆花青素生物合成调控中的功能分化。该研究发现, 在大豆基因组中, 四个MYB基因(GmMYBA5、GmMYBA2、GmMYBA1和Glyma.09g235000)由串联复制在Phaseoleae谱系中特异性产生, 相比于菜豆, 它们在大豆中表现出更强的纯化选择。通过对这四个MYB基因的表达、转录活性、诱导代谢物和进化历史的研究, 我们发现Glyma.09g235000是一个伪基因, 而其余三个MYB基因在不同大豆组织中表现出强烈的转录激活活性, 促进花青素的生物合成。进一步研究发现, GmMYBA5、GmMYBA2和GmMYBA1通过上调花青素通路相关基因的表达诱导花青素积累, 其中GmMYBA5的基因诱导能力相对较低。代谢组学分析进一步证实, 与GmMYBA2和GmMYBA1相比, GmMYBA5在烟草和大豆根部中诱导了不同的花青素积累, 暗示它们在基因复制后导致不同代谢产物积累的功能差异。综上所述, 该研究为MYB基因簇在串联复制后的功能分歧提供了证据, 为深入理解大豆基因演化提供了新的视角。该研究为豆科植物遗传改良和农业生产提供了重要的科学依据。

来源: Plant Physiology

发布日期:2024-01-17

全文链接:

<https://academic.oup.com/plphys/advance-article/doi/10.1093/plphys/kiae019/7571222>

2. 赵春江院士/杨万能总结植物分析技术方面的关键突破

简介: 2024年1月13日, 北京市农林科学院信息技术研究中心赵春江院士团队联合华中农业大学杨万能教授团队在Plant Biotechnology Journal在线发表题为“Plant microphenotype: from innovative imaging to computational analysis”的综述文章。该文章首次详细阐述了植物微观表型的概念和内涵, 并系统总结了显微表型获取、解析及其在植物基础研究和育种中的应用等方面的研究进展, 为微观表型技术在植物功能基因组学、结构-功能的仿真计算及表型精准鉴定等方面的应用提供了创新性视角和思路。该文章系统总结了过去二十年来植物微观表型数据采集和智能分析技术方面的关键突破, 阐述了微观表型在植物碳-水循环生物物理和生化过程中的应用。基于对现有技术和方法的分析, 我们将植物微观表型技术的发展分为三个发展阶段: 微观表型 1.0、2.0 和 3.0 时代。微观表型 1.0 主要依赖于传统的组织学切片和光学显微镜, 这两种方法受限于破坏性取样且效率低。相比之下, 新型无损成像模式和半自动/自动化计算分析的出现使微观表型 2.0 取得了重大进展。这些创新为阐明以前难以解决的微观表型解析、分子调控机制和宏观特征之间的关系提供了巨大的潜力。微观表型技术尤其在构建基因-表型-环境 ($G \times E \times M$) 相互作用的定量解析模型方面发挥了重要作用, 并通过综合微观表型的多变量决定因素提升植物结构-功能模型的预测精度。随着显微成像技术的快速发展和人工智能技术的深度融合, 以微观时空表型组学为主要特征的微观表型3.0阶段即将到来。文章最后展望了植物微观表型技术未来的发展趋势和需要应对的挑战, 并提出需要从显微图像智能解析、多模态成像采集、时序4D表型、结构功能建模分析、

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

显微性状遗传效应解析和数据标准化、再利用和共享机制方面加强研究。

来源: Plant Biotechnology Journal

发布日期:2024-01-13

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/64/Csgk0WWp26mAchWNABmQrGbUCE0733.pdf>

3. 生物所揭示植物器官大小表观遗传调控新机制

简介: 2024年1月12日, 中国农业科学院生物技术研究所与作物科学研究所Plant Communications在线发表了题为“The *trxG* protein ULT1 regulates Arabidopsis organ size by interacting with TCP14/15 to antagonize the LIM-peptidase DA1 for H3K4 trimethylation on target genes”的研究论文。研究人员发现trithorax Group (*trxG*) 蛋白ULT1可以与泛素依赖的肽酶DA1互作竞争性的结合转录因子TCP14/TCP15, 介导靶基因上H3K4的三甲基化(H3K4me3)进而调控拟南芥种子和器官大小。研究人员通过筛选拟南芥转录因子文库, 鉴定到和ULT1互作的转录因子TCP14/TCP15。进一步研究表明ULT1与TCP14/15通过影响细胞的核内复制共同调控细胞和器官大小。RNA-seq分析表明ULT1和TCP14/TCP15可以共同正调控细胞周期和细胞大小相关基因的表达。ChIP-seq分析表明ULT1可以被TCP14/15招募到核内复制和细胞大小相关的靶基因RBR1和SCC3上介导H3K4me3标记, 从而激活靶基因的表达。Y2H、LCI、Y3H、pull down和Co-IP实验表明ULT1与泛素化受体DA1竞争性结合TCP14/15, 并共同影响TCP14/15的蛋白水平, DA1降解而ULT1保护TCP14/15, 通过ULT1-TCP14/15模块共同调控细胞的核内复制和器官大小。该研究揭示了表观遗传分子模块ULT/DA1-TCP14/TCP15-H3K4me3调控植物器官大小的新机制, 为深入探索作物种子大小的分子调控机理和遗传网络提供了新视角。

来源: Plant Communications

发布日期:2024-01-12

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWp3G2AHIUYAvOVnwJtEww898.pdf>

4. 浙江大学研究团队揭示肽类激素PSK信号新机制

简介: 2024年1月12日, 浙江大学农业与生物技术学院师恺教授课题组在知名期刊Plant Physiology 发表了题为“Phytosulfokine promotes fruit ripening and quality via phosphorylation of transcription factor DREB2F in tomato”的研究论文, 揭示了PSK-PSKR1信号途径通过影响转录因子DREB2F的磷酸化修饰水平在调控番茄果实成熟和品质形成中发挥了重要作用。该研究中, 课题组发现外源施用PSK促进番茄果实成熟和类胡萝卜素合成, 而*pskr1*突变体果实成熟延迟, 类胡萝卜素含量下降。转录组分析结果显示, 在*pskr1*突变体果实中, 与果实成熟和品质形成相关的基因表达量下降, 并且转录因子参与PSKR1介导的果实成熟调控过程。进一步利用酵母文库筛选PSKR1互作蛋白, 发现转录因子DREB2F与PSKR1互作。沉默DREB2F延迟果实成熟, 且PSK对果实成熟的促进效果在DREB2F沉默果实中受到抑制。此外, 质谱分析鉴定DREB2F蛋白的Tyr-30位点是PSKR1的磷酸化靶标位点。PSK促进PSKR1对DREB2F蛋白Tyr-30的磷酸化修饰, 而该位点的磷酸化修饰能够提高与果实成熟相关的DREB2F潜在靶标基因的转录水平, 并促进果实成熟和品质形成。综上, 该研究首次揭示了肽类激素PSK在调控番茄果实成熟和品质形成中的重要功能, 阐明了PSK通过促进PSKR1对转录因子DREB2F的磷酸化修饰诱

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

导果实成熟和品质形成的分子机制。该研究拓宽了我们对PSK信号通路的认知，为基于PSK多肽调控果实成熟和品质形成的绿色产品和技术研发应用提供了理论依据。

来源: Plant Physiology

发布日期:2024-01-12

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWpZPyAPcSOAIIn50eXHWoQ017.pdf>

5. 连佳长课题组: 抗心律失常生物碱ajmaline的从头生物合成

简介: 2024年1月11日, 来自加拿大纽布伦斯威克大学 (University of New Brunswick) 的曲洋 (Yang Qu) 课题组与浙江大学连佳长 (Jiazhang Lian) 课题组共同在Nature Communications发表了一篇研究论文: “De novo biosynthesis of antiarrhythmic alkaloid ajmaline”, 博士生郭峻 (Jun Guo) 和高笛 (Di Gao) 为这篇文章的共同第一作者。抗心律失常药物ajmaline是从印度草药Rauvolfia serpentina 中分离出来的一种单萜吲哚生物碱 (MIA)。近几十年来, 对ajmaline和另一种著名的MIA化疗药物长春碱 (vinblastine) 的生物合成研究在植物特化代谢和工程领域取得了关键进展。虽然长春碱的生物合成已几乎被阐明, 但对ajmaline生物合成的理解仍然不完整, 主要是缺乏两种关键酶。在这项研究中, 作者成功地发现并表征了这两个缺失的还原酶, 并且鉴定了两个新的与ajmaline生物合成相关的酯酶。作者发现, ajmaline的生物合成首先进行vomilenine 1, 2(R)-双键还原, 然后是19, 20(S)-双键还原。这一过程由两个以前未报道的负责中间体去乙酰化的根部表达酯酶进一步调节。这项研究鉴定和表征了四种酶(VR, DHVR, AAE1和AAE2), 其生化特性和根特异性表达使得植物合成ajmaline, 完成了长达数十年的ajmaline生物合成途径解析。基于这些发现, 作者首次在酿酒酵母中实现了ajmaline的异源从头生物合成, 并有望利用合成生物学方法进行大规模生产。

来源: Nature Communication

发布日期:2024-01-11

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWpziqAUq5-AB6xmGixGiw542.pdf>