



2024年第7期总359期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 西北工业大学揭示植物激素脱落酸和赤霉素相互拮抗调控种子萌发的新机制
2. 瑞士等研究解释了叶片气体交换中叶片光合作用与气孔导度解偶联的现象

#### ▶ 学术文献

1. 中国科学技术大学揭示人胆红素转运蛋白ABCC2转运调控机制
2. 深圳大学胡章立揭示温度驱动基因的表达调控新机制
3. 中国科学院系统鉴定了小麦穗发育的转录调控因子

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

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

邮箱: [agri@ckcest.cn](mailto:agri@ckcest.cn)

2024年2月12日

## ▶ 前沿资讯

### 1. 西北工业大学揭示植物激素脱落酸和赤霉素相互拮抗调控种子萌发的新机制

**简介:** 近日, 西北工业大学生态环境学院舒凯课题组在New Phytologist杂志在线发表了题为The ABI4-RGL2 module serves as a double agent to mediate the antagonistic crosstalk between ABA and GA signals的研究论文, 揭示了植物激素ABA与GA通过DELLA-ABI4-ABI5的模块精细调控种子的萌发。舒凯课题组长期致力于ABA信号通路中的关键正调控因子ABI4的功能解析。ABI4属于AP2/ERF家族成员, ABI4在调控种子初级休眠、幼苗主根伸长、植物开花、激素信号转导以及植物响应逆境等过程中发挥重要作用。拟南芥的DELLA蛋白是GA信号抑制因子, 包含5个成员——RGA、GAI、RGL1、RGL2和RGL3, 其中RGL2是植物种子萌发过程起主效作用的DELLA蛋白。该研究从拟南芥ga1不能萌发的强烈表型出发, 探究ABA与GA精细调控种子萌发的分子机制。GA1是催化GA生物合成途径的第一步, GA1的缺失能够导致植物种子缺乏GA而不能萌发。研究人员发现, ABI3、ABI4、ABI5、RGL2的缺失能够挽救ga1突变体不能萌发的表型。进一步的互作实验发现, RGL2能够与ABI4特异性互作。ABI4和RGL2能够在蛋白水平上稳定彼此, 这个过程会受到ABA的促进以及GA的抑制。此外, ABI4-RGL2转录复合物通过促进其下游靶基因ABI5和RGL2的表达抑制种子萌发, ABI4-RGL2转录复合物的转录活性受到ABA的促进以及GA的抑制。这些结果表明, ABI4-RGL2-ABI5模块通过在ABA和GA信号通路中不同的作用介导ABA/GA拮抗, 精细调控ABA/GA信号影响种子适时萌发。

**来源:** PlantReports

**发布日期:**2024-02-07

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3C/Csgk0EFuNiiAR6AzACiqfklgmpc195.pdf>

### 2. 瑞士等研究解释了叶片气体交换中叶片光合作用与气孔导度解偶联的现象

**简介:** 近日, New Phytologist杂志在线发表了来自瑞士联邦森林、雪地和景观研究所(WSL)等单位题为"Uncoupling of stomatal conductance and photosynthesis at high temperatures: mechanistic insights from online stable isotope techniques"的研究文章, 该研究利用新型高分辨率气体交换和同位素测量方法, 解释了最近观察到的叶片气体交换中叶片光合作用与气孔导度解偶联的现象。他们的研究表明, 解偶联发生在持续低水气压状态的光合作用最适温度之上。光合作用在最适温度以上的下降不需要减少二氧化碳的供应, 也不是由叶肉膜传导性降低引起的。这项研究有助于更好地理解热胁迫下叶片气体交换行为的生理机制。自然界中温度和蒸气压力差的强烈变化限制了我们在温度对叶片气体交换直接影响的研究。二氧化碳和水蒸气中的稳定同位素为我们提供了叶片气体交换过程中生理和生化过程的机理认识。该研究在5-40℃的叶温范围内对四种常见欧洲树种进行了叶片气体交换和在线同位素鉴别的综合测量, 同时在没有土壤水分限制的情况下保持恒定的叶片-空气蒸气压力差(0.8 kPa)。在可控环境下, 当温度超过光合作用的最适温度(30℃)时, 所有受测物种的气孔导度(g<sub>s</sub>)和净光合作用速率

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

(An) 都会解偶联, 即  $g_s$  增加, An 减少。在解偶联过程中, 不同物种的叶肉传导率 (细胞壁、质膜和叶绿体膜传导率) 持续显著下降; 然而, 这种下降并没有导致叶绿体表面和基质中的二氧化碳浓度降低。作者对二氧化碳扩散限制导致高温下光合作用下降的传统认识提出了质疑。他们认为, 气孔和叶肉膜可以战略性地促进蒸腾降温和二氧化碳供应, 尽管降低了水分利用效率, 但是减轻了高温对叶片光合作用的压力。

来源: iPlants

发布日期:2024-02-03

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6A/Csgk0WXE5q2AQ7CnADWJNz1fdo4299.pdf>

## 学术文献

### 1. 中国科学技术大学揭示人胆红素转运蛋白ABCC2转运调控机制

**简介:** 2024年2月5日, 中国科学技术大学陈宇星、周丛照及侯文韬共同通讯在Nature Communications 发表题为“Transport mechanism of human bilirubin transporter ABCC2 tuned by the inter-module regulatory domain”的研究论文, 本研究使用冷冻电子显微镜确定载体蛋白形式、底物结合和ATP/ADP结合形式的ABCC2的结构, 表现出一个完整的转运蛋白, 展示了一个完整的转运体和一个调节(R)域插入两个半模块之间。结合底物刺激的ATP酶和转运活性测定, 结构分析可以得出不同构象的R结构域ABCC2的转运循环。在静止状态下, 与易位腔结合的R结构域起到亲和过滤器的作用, 允许高亲和力的底物优先转运。底物结合后, R结构域从腔中排出, 并在ATP水解后停靠在跨膜结构域的外侧。该研究发现提供了由R结构域精细调节的ABC转运蛋白转运机制的结构见解。

来源: Nature Communications

发布日期:2024-02-05

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3C/Csgk0EFuNUSAfIUoACpB3Q5XIeE013.pdf>

### 2. 深圳大学胡章立揭示温度驱动基因的表达调控新机制

**简介:** 2024年2月3日, 深圳大学胡章立教授在Trends in Plant Science发表了题为“Chloroplast gene control: unlocking RNA thermometer mechanisms in photosynthetic systems”的Spotlight文章, 重点介绍了叶绿体基因控制的RNA调控机制, 可以在莱茵衣藻的叶绿体基因中实现温度驱动的可诱导表达调控, 为植物和藻类系统中的生物技术应用提供可能性。温度驱动基因调控是指基因表达受温度变化影响的调节机制。在温度驱动基因调控中, 通常涉及复杂的调控网络, 包括一系列的调控元件和蛋白质, 这些元件可以在不同温度下激活或抑制特定基因的表达。与其他调控机制不同, 温度驱动基因调控通常是独立于其他信号分子或调控蛋白的, 而是通过细胞内部的温度变化来直接影响基因的表达水平。叶绿体RNA温度计是一种能够在叶绿体基因组中调控基因表达的机制, 通过在温度变化时改变RNA的次级结构来调节蛋白质合成。这种机制在绿藻中首次被发现, 但其原理和功能可能适用于其他植物和藻类。由于叶绿体在不同物种中具有一定程度的保守性, 因此叶绿体RNA温度计可能成为一种通用工具, 用于温度驱动基因调控。在低温下, mRNA的5'非翻译区域(UTR)中的核糖体结合位点采用了一种

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

独特的结构，阻碍了核糖体的结合,抑制的蛋白质表达。在高温下，mRNA重新折叠以增强翻译起始位点的结合效率，促进核糖体的结合和蛋白质合成。叶绿体RNA温度计的发现展示了光合生物体中演化出的复杂和动态的调控机制。这一发现有潜力开辟新的研究方向，深入探讨温度驱动基因调控的机制。其潜在跨物种适用性表明它可能成为温度驱动基因控制的通用工具。

来源: Trends in Plant Science

发布日期:2024-02-03

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6A/Csgk0WXE5-WALKkGAATIkQgXxUI762.pdf>

### 3. 中国科学院系统鉴定了小麦穗发育的转录调控因子

**简介:** 2024年2月2日，Molecular Plant 在线发表了中国科学院遗传与发育生物学研究所肖军课题组题为“Systemic identification of wheat spike development regulators by integrated multiomics, transcriptional network, GWAS and genetic analyses”的研究成果。该研究通过结合多维组学、群体遗传学和基因功能解析等多种研究手段，提出了一种系统高效鉴定关键调控因子的策略。肖军课题组通过8个穗发育关键时期的转录组、染色质可及性和多种组蛋白修饰测序，绘制了小麦穗发育过程的动态转录和表观修饰图谱，搭建了小麦穗发育过程的转录调控网络（TRN）。多组学数据联合分析发现，染色质可及性、H3K27me3修饰和转录因子的调控等协调推动了小麦穗的开花转变过程，生殖生长阶段的核心TRN可能驱动了分生组织细胞身份转变和穗型建成。TRN鉴定了一个TaSPL15-TaAGLG1-TaFUL2调控模块，并通过之间实验验证了其层级调控关系。结合多维组学数据与群体遗传学，鉴定到227个潜在的穗发育调控因子，其中42个基因在小麦或水稻中已证明参与穗发育过程。通过突变体库对61个新基因进行通量表型鉴定，发现较高比例的基因突变导致开花时间或穗型的改变。对一个新基因TaMYB30-A1进行功能研究和机制解析，发现启动子区域的自然变异影响了WFZP对其的转录抑制。TaMYB30-A1优异单倍型具有较高的表达量，增加穗长、可育小穗数和穗粒数，在小麦驯化和育种过程中受到选择，可能在中国小麦品种改良过程中发挥了重要作用。为促进小麦穗发育研究和分子设计育种，肖军课题组与成都天成未来公司合作搭建了小麦穗发育多组学数据库（WSMOD）（<http://39.98.48.156:8800/#/>），为研究人员提供包括基因信息查询、共表达分析、TRN预测、表观图谱绘制及突变体库检索等模块在内的“一站式”服务。该研究通过转录组、表观组和群体遗传学等多维数据联合分析，揭示了基因转录与表观调控共同驱动小麦穗发育过程的动态变化规律，搭建了小麦穗发育特异的转录调控网络，提出了一种系统、高效、准确鉴定关键调控因子的策略，并以新因子TaMYB30-A1为例展示了小麦穗特异TRN对于基因功能解析和小麦育种实际应用的价值。

来源: Molecular Plant

发布日期:2024-02-02

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3C/Csgk0EFuM-iAUbcmAgEsNKHZJOG360.pdf>