



2024年第19期总371期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 学术文献

1. 南京师范大学构建合成菌群在控制果实病害
2. 西北农林科技大学利用信息学手段揭示土地转为农业导致土壤微生物同质化
3. 美国普渡大学等揭示了大豆lncRNA起源及一因多效新机制
4. 华中农大等单位联合发布首个芥菜多组学数据库
5. 英国皇家植物园利用植物基因组绘制了开花植物之间的进化关系图

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](mailto:agri@ckcest.cn)

2024年5月6日

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

## 学术文献

### 1. 南京师范大学构建合成菌群在控制果实病害

**简介:** 2024年5月1日, 国际权威学术期刊The ISME Journal发表了南京师范大学生命科学学院微生物病原与生态省高校重点实验室张伟/戴传超团队的最新相关研究成果, 题为Depletion of protective microbiota promotes the incidence of fruit disease的研究论文。该研究通过使用细菌16S rRNA、真菌ITS扩增子测序, 以及微生物分离、鉴定等手段, 发现连作和轮作花生(地上开花、地下结果)的根和果实(荚果)招募不同类型的细菌和真菌类群, 且连作花生荚果病害发生归因于荚果际芽孢杆菌的丢失和曲霉的富集。据此, 从健康荚果际土壤中分离得到芽孢杆菌, 并将可培养丰度较高的3株芽孢杆菌(蜡样芽孢杆菌GE1、解淀粉芽孢杆菌GE2和高地芽孢杆菌GE3)构建合成菌群(SynComs)。比较转录组、微生物组和植物激素信号通路分析揭示合成菌群比单一菌株更加有效地抑制曲霉生长和降低荚果病害发生, 且作用机制包括抑制真菌细胞分裂、抑制曲霉毒素合成以及激活茉莉酸信号通路。总之, 本研究揭示了植物器官对于周围微生物群落的过滤作用, 以及关键菌群的丢失会引起果实病害的发生。该研究也强调了合成菌群在控制果实病害方面的潜力。

**来源:** The ISME Journal

**发布日期:**2024-05-01

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WY0qvOAO70vACuq9NkV12o077.pdf>

### 2. 西北农林科技大学利用信息学手段揭示土地转为农业导致土壤微生物同质化

**简介:** 2024年4月29日, 西北农林科技大学生命科学学院韦革宏教授、焦硕教授团队在Nature Communications 期刊上发表了题为“Land conversion to agriculture induces taxonomic homogenization of soil microbial communities globally (土地转为农业导致全球土壤微生物群落的分类同质化)”的研究成果。农业导致了当地物种多样性的下降以及地上和地下生物的同质化。在这里, 我们使用1185个土壤样本进行了一项大陆调查, 并将自然生态系统(森林、草原和湿地)的微生物群落与改造后的农业用地进行了比较。我们将我们的大陆调查结果与全球对覆盖六大洲2400多个样本的现有测序数据进行荟萃分析。我们的综合结果表明, 土地向农业用地的转换导致土壤细菌的分类和功能同质化, 主要是由农田中分类群地理范围的增加驱动的。我们发现, 由于土地转换, 20%的门型减少, 23%的门型增加, 农田富含Chloroflexi、Gemmatimonadota、Planctomycetota、Mycococcota和Latescibacterota。尽管自然生态系统和农田的功能组成没有显著差异, 但农田中参与固氮、磷矿化和运输的功能基因却在枯竭。我们的研究结果为土地利用变化对土壤微生物分类和功能多样性的影响提供了全球视角。

**来源:** Nature Communications

**发布日期:**2024-04-29

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/40/Csgk0EHd-dmAfGu7AWIB1jnRMNs002.pdf>

### 3. 美国普渡大学等揭示了大豆lncRNA起源及一因多效新机制

**简介:** 2024年4月29日, 美国普渡大学马渐新课题组与中国科学院东北地理与农业生态研究所冯献忠课题组, 中国农业大学王伟东课题组, 美国伊利诺伊大学厄巴纳-香槟分校Randall Nelson课题组及美国加州大学戴维斯分校Blake Meyers课题组合在Nature Genetics上发表了题为Long noncoding RNAs underlie multiple domestication traits and leafhopper resistance in soybean的研究论文, 揭示了大豆lncRNA起源及一因多效新机制。该研究为植物驯化过程中被选择的突变类型提供了全新的范例, 并揭示了长链非编码RNA形成和作用的新机制。该研究精细定位并克隆了大豆12号染色体上的一个数量性状位点热点(qDRT12.3), 该位点控制野生大豆驯化过程中表皮毛形态、株高、叶片大小、生长习性和对叶蝉抗性等多个性状。该研究发现, 在大约2000万年前, 地球上某棵古老豆科植物的一个MYB基因的第三个外显子上, 偶然地发生了一个倒位复制(IR)突变, 并因其可能引起的有利性状而被自然选择固定下来。经过漫长的物种分化, 该IR在大豆中不但完整地保留下来, 还经历了一次串联复制和基因组复制变为四份, 其中两个拷贝能够通过IR形成的双链结构产生众多的小RNA, 将与它们同家族的正常MYB基因一起沉默, 可谓“一人犯错, 株连九族”。随后的进化过程中, 在某些野生大豆中含有该IR的两个基因又可能因为调控区域表观修饰的改变而自身沉默, 被抑制的同源基因也得到“无罪释放”, 从而产生了有利于人类选择的多个形状(表皮毛, 株高, 叶面积, 抗虫性等), 进而在大豆驯化过程中被我们的祖先所青睐, 最终形成了我们今天的大豆。

**来源:** Nature Genetics

**发布日期:**2024-04-29

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/40/Csgk0EHd9ZeATV6wAFw5YTCW-3c498.pdf>

### 4. 华中农大等单位联合发布首个芥菜多组学数据库

**简介:** 2024年4月25日, 华中农业大学信息学院、华中农业大学园艺林学学院、湖南农业大学以及湖南省农科院作物研究所等多单位在Plant Communications 发表论文BjuIR: a multi-omics database with various tools for accelerating functional genomics research in Brassica juncea。该研究通过搜集和整合芥菜基因组、转录组、变异组、表型组和代谢组等5个组学的数据库, 构建了首个芥菜多组学数据库BjuIR, 为芥菜功能基因组学研究和遗传育种提供了宝贵的数据资源和分析平台。该研究搜集并整合了40个芥菜及其近缘物种的基因组、1,614个芥菜样本的重测序数据及从中鉴定到的8,869,856个SNPs/InDels、941个芥菜组织样本的转录组数据、16种表型、412个代谢物以及1,841篇芥菜研究领域的文献, 用户可通过访问BjuIR的“Genomics”、“Population”、“Variations”、“Transcriptomics”、“Phenomics”、“Metabolomics”、“Multi-omics”和“Literature”等八个模块查询、获取和分析上述数据。如“Genomics”模块提供了基因组共线性和基因注释的查询; “Population”模块提供了详细的芥菜种质信息以及选择信号分析; “Variations”模块提供了变异注释信息的查询, 以及“变异-表型”/“变异-基因表达”的关联分析; “Transcriptomics”模块功能包括群体及不同组织的基因表达谱、eFP可视化、共表达网络和差异表达分析等; “Multi-omics”模块通过全基因组关联分析、表达数量性状位点定位、孟德尔随机化和共定位分析等方法, 对多组学数据进行了整合分析, 提供快速查询“变异-基因表达-表型”之间的关联, 进行快速高效的候选基因挖掘。为方便用户进行个性化的功能基因组学分析, BjuIR整合了15个生物信息在线分

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

析工具，包括GO/KEGG富集分析、种质遗传相似性评估、连锁不平衡分析、BLAST、引物设计、sgRNA设计等。最后，研究者以芥菜种子维生素E含量为例，通过使用BjuIR鉴定到与维生素E含量相关的新的候选基因和变异，为提高芥菜种子维生素E含量提供了有价值的参考，同时也展示了BjuIR在高效挖掘新候选基因和变异方面的潜力。BjuIR是首个芥菜多组学数据库，它整合并系统分析了目前最为全面的芥菜多组学数据，为用户提供了丰富且友好的数据检索、挖掘和获取功能，显著地提高了芥菜功能基因组研究和候选基因挖掘的效率和便捷性，并助力芥菜遗传育种改良。

来源: Plant Communications

发布日期:2024-04-25

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/40/Csgk0EHd-HuABoJkAKvrlYqjrmY584.pdf>

## 5. 英国皇家植物园利用植物基因组绘制了开花植物之间的进化关系图

**简介:** 2024年4月24日，英国皇家植物园的Alexandre R Zuntini等在Nature发表题为Phylogenomics and the rise of the angiosperms的研究论文，论文利用植物基因组绘制出了开花植物之间的进化关系图。从开花植物入手，研究团队设计了分子探针来寻找在所有被子植物的细胞核中都能找到的353个特定基因（angiosperm 353 gene set）。本研究基于被子植物353基因集构建的被子植物生命之树与APG IV系统比较到目前为止，研究人员已经对9506种开花植物的基因进行了测序，主要使用了来自世界各地收集到的标本材料和公共数据库资源。这几乎涵盖了所有已知的被子植物科，以及13400个记录属中的8000个。在分析中所选取的一些标本有着200多年的历史，包括一种叫做Arenaria globiflora的石竹科无心菜属植物，还有许多已灭绝的物种，比如瓜达卢佩岛橄榄(Hesperelaea palmeri)。通过比较每种开花植物基因序列的相似性，研究人员能够确定它们在生命树上的位置。自1.4亿年前兴起后，被子植物就迅速繁盛起来，超过了无花的裸子植物，成为世界上最主要的植物类群。在过去的几个世纪里，化石记录中突然爆发的有花植物的多样性一直困扰着科学家们，查尔斯·达尔文(Charles Darwin)称其为“令人憎恶的谜团”。现在，生命之树证实了今天仍然存在的约80%的主要有花植物谱系是被子植物多样性早期繁荣的一部分。贝克说：“我们不能说我们已经解决了这个‘可恶的谜团’，但我们至少可以说这样的谜团确实存在。”生命之树还揭示了大约4000万年前发生的另一次多样性激增，这可能是由当时全球气温下降引发的。生命之树还可以帮助寻找具有新药药性的植物。它还可以帮助科学家识别新物种，并评估哪些物种可能最容易受到气候变化的影响。

来源: Nature

发布日期:2024-04-24

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WY0qXqAbLRBAC1sKlhr04Y490.pdf>