



2023年第148期总346期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 荷兰乌得勒支大学在植物根际细菌快速进化方面取得进展

▶ 学术文献

1. 华中农业大学在线虫多倍体基因组研究中取得进展
2. 中科院揭示NAC转录因子调控桃子成熟和风味的分子机制
3. 波茨坦大学发现DUF581-9负调控SnRK1激酶活性
4. 约克大学利用中子辐射诱变实现油菜籽油成分改良

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13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. 荷兰乌得勒支大学在植物根际细菌快速进化方面取得进展

简介: 虽然有益的植物-微生物相互作用在自然界中很常见，但细菌共生进化的直接证据很少。多细胞宿主与其相关微生物群之间的互利互动对双方的健康状况都很重要。然而，虽然在自然界中经常观察到互利作用，但在表型和基因型水平上证明互利作用进化的直接证据仍然有限。根瘤菌圈是植物与自由生活的微生物之间发生互作作用的热点区域。例如，植物可以优先与土壤中本地物种库中的互生微生物发生作用，并不成比例地增加它们在根瘤层中的相对丰度。虽然这种由植物介导的生态过滤能迅速改变根瘤菌圈中互生与拮抗物种的相对丰度，但植物是否能够通过提高新出现的互生基因型的适应性来推动物种内互生关系的进化，目前还不太清楚。例如，即使是最著名的植物互生微生物--固氮根瘤菌和供磷菌根--也可能对植物有害，这表明特定植物与微生物之间的相互作用会自然发生变化。因此，与植物相关的微生物有可能在植物的选择下沿着寄生-互生的连续统一体进化。在这里，我们使用实验进化来因果地表明，最初植物拮抗假单胞菌蛋白原细菌在六个植物生长周期（6个月）内在拟南芥根际进化为共生者。这种进化转变伴随着通过两种机制增加的互助适应性：(i) 提高根系分泌物的竞争力和(ii) 增强对植物分泌的抗菌东莨菪碱的耐受性，其生产受转录因子MYB72调节。至关重要，这些互惠互利的适应与降低的植物毒性、增强的根系中MYB72的转录以及对植物生长的积极影响相结合。在遗传学上，共生性与GacS/GacA双组分调节系统中的多种突变有关，该系统仅在植物存在的情况下才具有很高的适应性益处。总之，我们的研究表明，根际细菌可以在与农业相关的进化时间尺度上沿着寄生-共生连续体快速进化。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2023-11-09

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/33/Csgk0GVMtYSAKSAuAE_qJnOXy_w511.pdf

▶ 学术文献

1. 华中农业大学在线虫多倍体基因组研究中取得进展

简介: 线虫是动物界中最大的门之一，广泛分布于陆地海水、淡水等几乎所有生态系统中。已报道超过28000个种，其中超过一半是动物或者植物寄生线虫。植物寄生线虫已记载的种类超过4100种，给全球农业生产带来每年800-1570亿美元的经济损失，与地面昆虫造成的经济损失总额相当。根结线虫被认为是全世界危害程度第一的植物寄生线虫，宿主谱多达几千种，能侵染几乎所有的开花植物，由它带来的经济损失占植物寄生线虫造成的损失总合的50%左右。然而，由于根结线虫是孤雌生殖，异源多倍体、非整倍体、种内染色体数量不稳定，基因组复杂度高，研究难度大，导致其基础生物学研究长期较为滞后。孙明教授课题组常年致力于病虫害的微生物防控及新农药制剂开发，针对植物寄生线虫开展了系统性基础生物学研究。近日，农业微生物资源发掘与利用全国重点实验室、洪山实验室、生命科学技术学院、微生物农药国家工程研究中心微生物农药创新团队孙明教授课题组在Nature Communications期刊以研究长文的形式在线发表了题为“Unzipped chromosome-level genomes reveal allopolyploid nematode origin pattern”

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

as unreduced gamete hybridization” 的研究论文。该研究揭示了重大农业病害——孤雌生殖的异源多倍体根结线虫起源于动物中罕见的未减数配子和单倍体配子杂交的进化历史，并首次发现了根结线虫中的新型端粒元件，解析了异源多倍体根结线虫染色体广泛融合的重要机制，为植物寄生线虫病害的绿色防控提供了高质量的基因组资源和防控靶标。在本研究中，团队首先对全国各地采集的根结线虫进行了鉴定，发现除了绝大多数为南方根结线虫 (Mi) 外，也有少数花生根结线虫 (Ma) 及爪哇根结线虫 (Mj)。并在研究过程中意外发现国际上公认的四倍体花生根结线虫存在三倍体和四倍体两个群体，因此使用PacBio+Illumina+Hi-C的方式对两种三倍体根结线虫 (Mi与Ma 3n) 和两种四倍体根结线虫 (Mj与Ma) 进行了测序及基因组组装。为了对它们的亚基因组进行区分，团队对植物科学技术学院王高峰老师提供的二倍体根结线虫——水稻根结线虫 Mg进行了测序并将其基因组组装到telomere-to-telomere (T2T)水平。以该二倍体基因组作为祖先染色体，在国际上首次成功将多倍体线虫的基因组结构解析为AAB及AABB (图一)，并得到了国际同行广泛的高度评价。

来源: Nature Communications

发布日期:2023-11-07

全文链接:

<https://www.nature.com/articles/s41467-023-42700-w#Ack1>

2. 中科院揭示NAC转录因子调控桃子成熟和风味的分子机制

简介: 近日，中国科学院武汉植物园韩月彭研究员、廖燎副研究员、安徽农科院周晖副研究员等在New Phytologist在线发表了一篇题为Two adjacent NAC transcription factors regulate fruit maturity date and flavor in peach的研究论文，该研究揭示了两个相邻的 NAC 转录因子调控桃子果实成熟日期和风味的潜在分子机制。在该研究中，研究人员对两个 NAM-ATAF1/2-CUC2 (NAC) 转录因子，PpNAC1和PpNAC5，进行了功能性表征，发现二者都与桃子的成熟日期有关。此外，PpNAC1和PpNAC5被发现能够激活与细胞伸长、细胞壁降解和乙烯合成相关的基因的转录，这表明它们在水果的增大和成熟过程中发挥了调节作用。进一步研究表明，PpNAC1和PpNAC5对水果口感产生了多方面的影响，因为它们能够激活与糖类积累和有机酸降解相关的基因的转录，这暗示了它们在增加水果口感方面的作用。有趣的是，不仅PpNAC1和PpNAC5在桃子中有同源基因，在所有91个被测试的双子叶植物中都是毗邻排列的，但在无果实的裸子植物中却不存在，这表明它们在果实发育中扮演着重要的角色。综上所述，该研究揭示了NAC转录因子在调控水果成熟日期和口感方面的重要作用。研究成果为我们更深入理解水果成熟过程如何使水果变得更加美味提供了新见解。

来源: New Phytologist

发布日期:2023-11-07

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/33/Csgk0GVMtiOABGXyAHLzKII9ANw985.pdf>

3. 波茨坦大学发现DUF581-9负调控SnRK1激酶活性

简介: 在植物中，蔗糖非发酵1 (SNF1) 相关蛋白激酶1 (SnRK1) 是一种关键的能量传感器，它协调转录重编程，以在能量不足的情况下维持细胞稳态。SnRK1活性受到严格地负调控，尽管导致其激活的确切机制尚不清楚。2023年11月4日，来自波茨坦大学莱

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

布尼茨蔬菜和观赏作物研究所的Frederik B. Munkes及其团队在知名期刊Plant Physiology上发表了题为“DOMAIN OF UNKNOWN FUNCTION581-9 negatively regulates SnRK1 kinase activity”的研究型论文。我们发现，拟南芥 (Arabidopsis thaliana) 未知功能域 (DUF581) 蛋白DUF581-9/FCS样锌指 (FLZ) 3与催化性SnRK1.1 α 亚基 (KIN10) 结合，通过GRIK依赖性T环磷酸化抑制其激活。DUF581-9在拟南芥中的过表达抑制SnRK1信号传导并干扰对黑暗诱导的饥饿的适应。DUF581-9的存在显著降低了原生质体和体外的SnRK1活性。这伴随着T175 T环磷酸化的减少以及KIN10自身磷酸化的降低。此外，DUF581-9削弱了上游活化激酶GRIK2与KIN10的结合，解释了KIN10 T环磷酸化的降低。当拟南芥植物受到饥饿处理时，外源表达的DUF581-9蛋白被蛋白酶体迅速翻转，可能释放其对SnRK1复合物的抑制活性。总之，我们的结果支持了DUF581-9在能量充足的条件下负调节SnRK1活性的模型。蛋白质的周转提供了在能量不足的情况下快速激活SnRK1的方法，而不需要从头合成蛋白质。

来源: Plant Physiology

发布日期:2023-11-04

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0YmjiaSOABLH_ACvf7QSMbzM710.pdf

4. 约克大学利用中子辐射诱变实现油菜籽油成分改良

简介: 为了确保全球粮食安全，持续改良作物品种以提升其产量和抗逆能力至关重要。目前，CRISPR基因组编辑技术在商业应用方面存在诸多限制，这些限制是实现其在粮食安全方面的关键障碍。其中包括转化符合食品质量标准并适应不同农艺条件的作物品种的效率低下。运营自由存在不确定性，而在许多国家，对所得作物是否应被视为转基因 (GM) 生物仍存在争议。为确保粮食安全，我们需要结合现代基因组学方法，重新审视那些经得住考验的“传统”方法。近日，英国约克大学Lenka在Plant Biotechnology Journal上发表了一篇题为“Genomics of predictive radiation mutagenesis in oilseed rape: modifying seed oil composition”的研究论文。该研究将辐射诱变育种和基因组学相结合，以更有效地将新型遗传变异引入作物育种中，并为其他作物的预测性辐射诱变改良提供了范例。辐射诱变基因组重测序分析的主要目的是通过反向遗传学的方法，以改良油菜籽的性状。在改良过程中，作者选择了欧洲冬性油菜品种Maplus。该品种具有芥酸含量高的特点。‘M0’代种子接受了不同剂量的伽马辐射 (7502000 Gy) 或快中子 (FNT) 辐射 (40100 Gy) 处理，具体处理过程如下图所示。我们收集并单独储存了每个M1代植株所产生的种子。播种了M2代种子 (每个M1植株产生一个M2植株，另外从32个M1植株中培育出第二个M2植株)，并从植株中取样叶组织进行基因组重测序 (12倍覆盖度)，之后继续培育这些植株，装袋自交，收集M3代种子。我们存储了M2和M3代种子，M3代代表经过基因组重测序的植株的后代，而M2代则代表基因组重测序植株的同胞。总共建立了1133个M2系列的基因组重测序面板。综上所述，基因组重测序辐射诱变育种是一个强大的工具，可应用于以下两个方面：(a) 通过检测大规模基因组缺失和重复中目标基因的拷贝数变异，从而验证假设；(b) 利用小规模突变来预测和改善特征。这一创新利用了基因组学大幅加速了辐射诱变作物改良的传统方法。作者提出，基因组重测序辐射诱变可以通过诸如单倍体生产等手段“永久保存”作为共享资源。作者认为该方法适用于任何已有基因组序列的作物。

来源: Plant Biotechnology Journal

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:2023-11-03

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0YmjacqAMjdBACfFkHDXZhQ638.pdf>