



2023年第151期总349期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 伯克利大学揭示传播方式决定叶际微生物组的宿主特异性
2. 马普所揭示紫杉醇生物合成最小基因集
3. 塞恩斯伯里实验室揭示植物细胞对病原体的反应各不相同
4. 首尔大学发现热胁迫触发自噬调控细胞扩张新机制

▶ 学术文献

1. 肯尼亚国际热带农业研究所删除ENODL提高香蕉枯萎病抗性

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12月4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. 伯克利大学揭示传播方式决定叶际微生物组的宿主特异性

简介: 微生物扩散到叶际的主要来源是附近的植被，并且周围植被的物种特性、大小和环境背景已被证明会影响微生物组的组装。在低多样性植物群落中，相关植物之间的传播比不相关植物之间的传播更有可能，并且这种一致的植物驱动的选择压力（称为生态/植物过滤效应）可以促进微生物组的宿主专一性。相比之下，不同植物物种之间的频繁传播（这可能是多样性较高的植物群落中的常态）可能会破坏微生物组的专一性，而是选择能够通过多组宿主过滤效应持续存在的类群，从而推动微生物组的普遍性。更好地理解特化或遍化产生的方式可以为可持续农业、保护和微生物组工程的新战略提供信息。这种传播差异的长期后果也可以揭示在进化过程中形成或维持共生关系的机制。近日，美国伯克利大学团队研究了植物宿主同种传播与异种传播对叶际微生物群落的影响，研究成果以‘Conspecific versus heterospecific transmission shapes host specialization of the phyllosphere microbiome’ 为题在线发表在国际著名学术期刊Cell Host & Microbe上。在病害生态学中，已知病原体在同种宿主与异种宿主之间的传播会影响病原菌的特化和毒力，但我们还不知道微生物组水平是否会产生类似的影响。本研究通过实验将叶片相关微生物组在同种或异种植物宿主间传递来验证这一观点。虽然同种传递会产生持续的宿主过滤效应和更多的微生物组内部网络连接，但异种传递会导致较弱的宿主过滤效应和更高水平的相互连接。与同种系相比，异种系移植到新植物上时，异种品系因宿主物种而产生的差异小于同种品系，这表明微生物组向普遍性转变。最后，来自番茄的同源品系在番茄宿主上与在豆类或辣椒上传递的品系相比表现出竞争优势，这表明微生物组水平的宿主专一性。总之，本研究发现传播方式和以前的宿主历史决定了微生物组的多样性，重复的同种传播推动了微生物组的专一性，而重复的异种传播则促进了微生物组的普遍性。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2023-11-30

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0WVohaiABVXWAEumYe98LYk955.pdf>

2. 马普所揭示紫杉醇生物合成最小基因集

简介: 近日，Molecular Plant在线发表了德国马普分子植物生理所、保加利亚植物系统生物学与生物技术中心Alisdair R. Fernie和Youjun Zhang团队及其合作者题为“Synthetic biology identifies the minimal gene set required for Paclitaxel biosynthesis in a plant chassis”的研究论文。该研究成功鉴定了合成紫杉醇关键中间体浆果赤霉素 III的四个新基因及紫杉醇最后步骤中的PCL，并在本氏烟草中重建了浆果赤霉素 III 和紫杉醇的异源合成；揭示了紫杉醇生物合成的最小基因集。二萜类紫杉醇 (paclitaxel) 是一种化疗药物，被广泛用作多种实体癌的一线治疗药物；但天然来源的紫杉醇的供应非常有限。同时，由于紫杉醇生物合成的几个特定代谢步骤中涉及的基因仍不清楚，设计完整的紫杉醇生物合成途径，仍困难重重。紫杉二烯是一种C20 萜类化合物，其生物合成是紫杉醇生产中的第一个关键步骤。紫杉二烯可在质体中由紫杉二烯合酶 (TXS)，使用香叶基香叶基焦磷酸 (GGPP) 作为底物来生成。然后，紫杉二烯可能被转运到内质网 (ER)，并被那里的至少19种酶进行修饰；包括C1、C2、C5、

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

C7、C9、C10 和 C13 位点的羟基化，以及C9 位点的进一步氧化。经过进一步修饰（包括乙酰化和氧杂环丁烷环的形成）后，得到最终修饰的中间体浆果赤霉素 III(baccatin III)。尽管负责其中 12 个步骤的酶已被识别并得到充分的表征，但仍有至少6个反应缺乏分子证据。通过检索分析多个已发布的转录组数据，并结合细胞生物学、代谢组学和途径重建，该研究成功鉴定了紫杉醇所需的四个新基因；包括C4 β -C20 环氧化酶、紫杉烷 1 β -羟化酶（T1 β OH）、紫杉烷 9 α -羟化酶（T9 α OH）和紫杉烷 9 α -双加氧酶，从而确定了当前紫杉醇生物合成途径中的缺失步骤。通过本氏烟草中的异源表达，研究人员进一步证实了这些缺失酶的活性；并显示，这四个基因是烟草中异源生成关键中间体浆果赤霉素 III的最小基因集。值得注意的是，新的 C4 β -C20 环氧化酶可以克服紫杉醇代谢工程的第一个瓶颈。最后，该研究鉴定了紫杉醇生物合成最后步骤所需的酶类，并发现红豆杉（Taxus）中的 β -苯丙氨酸-CoA 连接酶（PCL）TAAE；其中，TAAE16 的过表达可在烟草中将浆果赤霉素 III 转化为紫杉醇，从而建立了异源合成紫杉醇的最小途径。

来源：Ad植物微生物

发布日期：2023-11-30

全文链接：

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/34/Csgk0GVof8qAUYK0AEDSIR5doEk213.pdf>

3. 塞恩斯伯里实验室揭示植物细胞对病原体的反应各不相同

简介：近日，国际权威学术期刊Cell Host & Microbe发表了英国塞恩斯伯里实验室马文勃团队的最新相关研究成果，题为Cell-type-specific responses to fungal infection in plants revealed by single-cell transcriptomics的研究论文。病原体侵染是一个动态过程。在这篇文章中，科研人员利用单细胞转录组学研究植物反应的异质性。通过生成拟南芥叶片图谱，其中包含 95,040 个细胞，在真菌病原体 Colletotrichum higginsianum 的感染过程中，科研人员揭示了细胞类型特异性基因表达，特别是维管束细胞中细胞内免疫受体的富集。轨迹推断确定了与入侵真菌有不同相互作用的细胞。这项分析揭示了赤霉素信号转导的转录重编程，特别是发生在保卫细胞中，这与依赖于与真菌直接接触的气孔关闭是一致的。此外，科研人员还研究了真菌感染部位细胞中参与硫代葡萄糖苷生物合成基因的转录可塑性，强调了表皮表达的MYB122 对抗病性的贡献。这项工作强调了植物对真菌病原体的空间动态、细胞类型特异性反应，为深入研究植物与病原体的相互作用提供了宝贵的资源。植物已经发展出一套复杂的免疫系统，而且在大多数情况下非常强大。细胞表面定位的类受体激酶（RLKs）或类受体蛋白（RLPs）可识别细胞外的非自身分子特征，它们的激活会引发下游分子事件，包括活性氧（ROS）迸发、Ca²⁺ 流入、丝裂原活化蛋白激酶（MAPK）激活和转录重编程。另一类免疫受体是细胞内含核苷酸结合域的富亮氨酸重复受体（NLRs），它能检测病原体释放到植物细胞内的细胞质效应蛋白，并激活效应蛋白触发免疫（ETI）。拟南芥中的 NLR 可根据其独特的 N 端结构域进一步分为：卷曲螺旋-NLR（CC-NLR 或 CNL）；To11/白细胞介素-1 受体/抗性蛋白-NLR（TIR-NLR 或 TNL）；以及包含 CCR 结构域的 RPW8 样辅助 NLR（RNL）。在病原体动态感染过程中，RLKs/RLPs 和 NLRs 在不同类型细胞中的表达和功能如何变化，目前尚未探究。

来源：Ad植物微生物

发布日期：2023-11-28

全文链接：

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

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/34/Csgk0GVogISAQ-KDAFEW1VZAsfo664.pdf>

4. 首尔大学发现热胁迫触发自噬调控细胞扩张新机制

简介: 近日, 韩国首尔大学Pil Joon Seo课题组在Plant Communications发表了题为“Heat-induced leaf epidermal cell damage triggers autophagy-mediated mesophyll cell expansion in Arabidopsis”的研究论文。该研究发现热胁迫触发自噬调控植物叶肉细胞扩张的新机制。该研究首先将拟南芥幼苗暴露在40℃的严重热冲击下70分钟, 然后在正常生长条件下恢复7天。结果显示, 大约50%的受热胁迫的幼苗在叶表面形成了透明的细胞块。经过仔细观察发现, 该细胞块由一个单个的杆状细胞组成, 类似于挪威云杉胚胎悬浮细胞, 其表面积约为5,000 μm²。进一步观察发现, 细胞扩展主要发生在受热损伤表皮下的叶肉细胞中。研究人员利用流式细胞仪和拟南芥突变体测试细胞扩展是否与核内复制、细胞分裂素或生长素有关, 发现这些因素都不影响细胞扩张的发生, 表明热诱导的细胞扩展是由一种新的机制介导。之前有研究报道胚胎悬索细胞的扩展与程序性细胞死亡(PCD)相关。该研究利用细胞活力检测、转录组分析和透射电镜观察等方法, 证实了这些膨胀细胞已经死亡, 并且表现出氧化应激、免疫应答和自噬等与PCD相关的信号。研究进一步发现细胞自噬相关基因在高温胁迫下显著上调, 且自噬突变体不能产生叶肉细胞扩展的现象, 说明自噬在高温诱导的细胞膨胀中起到了重要的作用。虽然细胞自噬如何导致细胞扩展还不清楚, 研究人员推测自噬加速了细胞质物质向液泡的转运, 从而导致叶肉细胞扩展。进一步实验发现, ERF115响应热胁迫诱导, 但PAT1不响应; erf115 pat1-2双突变体细胞自噬减弱, 且热诱导的叶肉细胞扩展受到抑制; ChIP-qPCR分析发现ERF115能够直接调控自噬基因ATG1b和ATG2的表达。此外, 研究还发现, ERF115过表达植株叶肉细胞扩展并没有增多, 表明ERF115对细胞扩展是必要的而非充分的。总之, 该研究发现高温胁迫会导致表皮细胞死亡, 从而激活邻近的叶肉细胞中的ERF115基因, 该基因能够直接调控自噬基因ATG1b和ATG2的表达, 进而促进自噬活性和叶肉细胞扩展。该研究结果为热胁迫诱导细胞扩展提供新的见解, 至于细胞自噬如何介导叶肉细胞扩展还有待进一步研究。

来源: MPlant植物科学

发布日期:2023-11-24

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/61/Csgk0WVohdmA11L4AAxj4fPwCeI802.pdf>

► 学术文献

1. 肯尼亚国际热带农业研究所删除ENODL提高香蕉枯萎病抗性

简介: 2023年11月28日, Plant Biotechnology Journal (IF:13.8)在线发表了肯尼亚国际热带农业研究所Leena Tripathi团队的最新研究进展: “Targeted knockout of early nodulin-like 3 (MusaENODL3) gene in banana reveals its function in resistance to Xanthomonas wilt disease”。在该研究中, 作者利用CRISPR/Cas9技术删除了香蕉细菌性枯萎病相关基因MusaENODL3的关键片段, 使香蕉对枯萎病病原菌产生了明显抗性, 这为ENODL基因直接参与植物抗性提供了证据, 并为该家族基因的功能研究奠定基础。为香蕉抗病性机制研究和抗病品种育种提供了新的视角和目标基因。首先, 作者通过构建香蕉MusaENODL3与拟南芥、稻谷、苜蓿、小果野芭蕉和野芭蕉中的根

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

瘤素相关蛋白的系统发育树，分析了MusaENODL3在蛋白家族中的进化关系。结果显示，MusaENODL3与上述物种的部分同源基因聚在同一类群，表明其属于非豆科植物的根瘤素相关蛋白基因家族。接着，作者检测了MusaENODL3在BXW抗性野生种‘Musa balbisiana’和 BXW易感栽培种‘Gonja Manjaya’中的相对表达水平。结果表明，在感染初期，MusaENODL3在抗性品种中显著下调表达，而在易感品种中表达显著上，这表明了MusaENODL3在植物-病原体互作中存在一定的功能。于是，作者设计了靶向MusaENODL3基因的双sgRNA，构建CRISPR/Cas9表达载体，利用农杆菌介导的方式，将CRISPR/Cas9表达质粒转化到香蕉“Gonja Manjaya”的组织，并再生获得42个转基因株。作者通过PCR与凝胶电泳的方式，在5个转基因株中检测到明显的DNA条带上移，这表明双sgRNA成功切除中间部分序列，实现了基因敲除。作者对这些PCR筛选出的转基因株进行测序分析，结果发现，所有转基因株检测到不同类型的突变，包括缺失、插入、替换，证实了CRISPR/Cas9导向的基因编辑。

来源： Plant Biotechnology Journal

发布日期：2023-11-28

全文链接：

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/34/Csgk0GVof5aAYbTwALgmFAHfLQU434.pdf>