



2023年第153期总351期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 政策法规

1. 佛罗里达立法禁止多国学生进入公立大学实验室工作

▶ 前沿资讯

1. 国际水稻研究所开发水稻快速育种新策略
2. 加州大学发现OsBBM1启动胚胎生长素生物合成基因表达

▶ 学术文献

1. 德国马普所揭示微生物群定殖植物共生机制
2. 爱荷华州立大学实现Crispr编辑野生玉米大刍草

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

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

2023年12月18日

政策法规

1. 佛罗里达立法禁止多国学生进入公立大学实验室工作

简介: 美东时间12月12日, Science新闻栏目 (Science News) 发布题为“New Florida law blocks Chinese students from academic labs”报道, 据报道, 美国佛罗里达州一项新的州法律正在阻碍该州 12 所公立大学和学院的教师聘请中国研究生和博士后到他们的实验室工作。该法律已于今年 5 月在佛罗里达州通过, 7月开始生效。该法律禁止佛罗里达州公立大学和学院接受中国以及其他六个“受关注国家”(俄罗斯、古巴、伊朗、朝鲜、叙利亚和委内瑞拉)的任何赠款, 或与这些国家签订协议。一些研究和学术合作协议、包括学者访问等合作也被禁止, 已于 12 月 1 日正式被禁止。据悉, 来自相关国家的学生仍可以进入研究生项目, 但无法获得有报酬的研究工作, 包括研究生助理或博士后研究职位。这项法律限制目前居住在相关国家的人, 拥有“外国研究人员”资格, 以及在美国境外接受过一年或以上的培训或就业(即使他们拥有美国公民身份)的人。据悉, 只有经过严格审查, 被该州高等教育理事会认定学术招聘“不会损害美国或其居民的安全或保障”时, 才允许例外。目前相关的公立大学和学院正在制定本校相关的实施该法律的规则, 该法律造成的不确定性已经冻结了原定于 12 月到 1 月向中国研究生发出的 2024 年秋季录取通知书。目前, 佛罗里达大学的 280 多名教职员工签署了一份请愿书, 敦促佛罗里达大学平息目前混乱的局面, 并支持开放的招聘政策。请愿书已于 12 月 6 日发送给佛罗里达大学校长 Ben Sasse 以及其他高级领导层, 声明表示迫切要求大学及时作出决定, 允许该校的教师以助教身份招募顶尖的国际研究生(很多都来自中国和伊朗), 无论其国籍如何。如果不迅速采取行动, 可能会导致优秀学生流失到其他大学, 而损害将是不可逆转的。

来源: Science

发布日期:2023-12-12

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/62/Csgk0WV622-AMXt7ALQY9NRyJLs841.pdf>

前沿资讯

1. 国际水稻研究所开发水稻快速育种新策略

简介: 近日, 来自国际水稻研究所Vikas Kumar Singh和Pallavi Sinha团队, 在《Plant Biotechnology Journal》杂志发表了题为“SpeedFlower: a comprehensive speed breeding protocol for indica and japonica rice”的文章。本文提出了一个优化的“加速开花”的快速育种方案, 可以在一年内种植4-5代籼稻或粳稻, 大约1.5年完成育种周期。作者通过提早开花, 增加水稻分蘖和缩短成熟时间来实现快速育种。光谱比率、光照强度, 光周期影响开花时间。与田间或日照光谱相比, 高红蓝光谱比和高光强度对减少早熟品种和部分晚熟品种平均开花时间有显著效果。大多数水稻在生长初期(12-15天)给予长日照能够诱导植物生长和提早开花。与已有最优光谱、强度、温度和湿度条件相结合, 作者发现早期长日照时间增加会有效增加水稻分蘖数。作者用激素处理提早收获的种子, 既保证了种子的发芽率, 又极大的缩短了种子成熟到萌发的时间。在对与早期开花和成熟持续时间相关的每个参数进行全面分析后, 制定了最终“加速开花”方案。此方案通

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

过提早收获种子来缩短营养期，缩短开花时间并加快成熟期，对所有测试的水稻地方品种、籼稻和粳稻都能够起到加速器世代发展的作用，每年推进4-5代。为了进一步说明此“加速开花”方案的普适性，作者在3000份水稻（3K RGP）材料中，根据分子多样性、不同的开花时间和地理位置选择出一组包括 198 个基因型的子集进行测试，发现快速育种使得这些水稻都在 58-71 天内成功内完成了一代，并可以继续相同的世代。本研究为不同水稻品种的快速育种提供了优化方案和优化方向。在“加速开花”的方案中，强调了光谱比率、光照强度和光周期对于快速育种的重要性。同时，适宜的温度和营养成分的供给也是必不可少。将快速育种与基因组选择整合到水稻育种过程中，极大缩短育种时间，为选育丰富的优良品种提供了支持。

来源：植物生物技术Pbj

发布日期：2023-12-14

全文链接：

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/35/Csgk0GV62quAY622AA7-4_hn2Sk246.pdf

2. 加州大学发现OsBBM1启动胚胎生长素生物合成基因表达

简介：近日，美国加州大学戴维斯分校植物科学系Venkatesan Sundaresan团队在New Phytologist上发表了一篇题为“Somatic embryo initiation by rice BABY BOOM1 involves activation of zygote-expressed auxin biosynthesis genes”的研究论文。该研究表明OsBBM-OsYUC调控模块在水稻体细胞胚和合子胚发育中发挥关键作用。合子胚发育涉及雌雄基因组的协同作用，父本OsBBM1通过这种协同作用激活母本OsYUC基因；在体胚发生过程中，外源生长素触发OsBBM1的表达，从而激活内源性生长素生物合成基因OsYUC。为了解BBM基因启动胚胎发生的基因调控网络，首先获得转基因Ubi::BBM-GR株系并用于后续实验。为控制诱导OsBBM1的表达，用地塞米松（DEX）或蛋白合成抑制剂环己酰亚胺（CHX）处理，该抑制剂会阻止初级靶标的蛋白质合成，避免次级靶标的激活。通过对DEX处理6小时的样品的RNA-seq分析，在过表达OsBBM1-GR幼苗中检测到298个差异表达（DE）基因，其中162个在OsBBM1诱导中上调，136个下调。并通过RT-qPCR证实了不同功能类别的基因的一些代表性成员在上调和下调基因中的表达。通过RT-qPCR验证了3个OsYUC基因OsYUC6、OsYUC7、OsYUC9和一个生长素响应因子的表达上调。在CHX存在的情况下，DEX处理对这4个基因表达的上调作用也得以维持，表明它们受OsBBM1的直接调控。ChIP-PCR实验分析表明，在OsYUC6的转录起始位点（TSS）上游约1.4kb的区域、OsYUC7的直接上游序列和OsYUC9的TSS上游约1.1kb的区域中鉴定到OsBBM1结合位点，ChIP-qPCR进一步证实了这些位点的显著富集。综上，OsBBM1直接调控OsYUC6、7和9生长素生物合成基因的表达。由于OsBBM1的诱导现象与2,4-D诱导种子的SE现象相似，因此探究外源生长素诱导的SE是否通过OsBBM1上调发挥作用。用2,4-D处理pOsBBM1-GFP种子诱导愈伤组织，OsBBM1在愈伤组织细胞和幼叶中高表达。因此，OsBBM1表达本身是响应生长素诱导的。接下来研究了外源施加生长素是否需要BBM基因来启动SE，研究发现bbm纯合突变种子均不能诱导出SE，因此，生长素介导的SE诱导需要具有功能BBM基因。

来源：林木科学评论

发布日期：2023-12-13

全文链接：

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/62/Csgk0WV62uiAPjv-ADTvfRgcu6Q876.pdf>

学术文献

1. 德国马普所揭示微生物群定殖植物共生机制

简介: 德国马克斯-普朗克 (Max Planck) 研究所的研究人员采用一种新颖的实验方法, 发现了共生细菌在植物宿主上定殖所需的一组核心基因。这些发现可能对了解细菌如何成功建立宿主-共生关系具有广泛意义。2023年12月13日, 研究成果以 ‘Genome-resolved metatranscriptomics reveals conserved root colonization determinants in a synthetic microbiota’ 为题发表在国际著名学术期刊Nature Communications上。德国马普植物育种所Stéphane Hacquard团队从无菌拟南芥开始, 探索了单个微生物在植物根部复杂群落中的建立。随后, 他们重新引入了一个确定的微生物群落, 代表了在野生植物根部观察到的多样性, 以研究这些微生物如何定殖其宿主。了解了这些细菌的身份并掌握了其遗传物质的参考序列后, 他们就能确定植物定殖过程中哪些微生物基因被激活或抑制。通过分析, 他们确定了许多在根部不同细菌中高表达的基因, 并筛选出可能参与宿主定殖的候选基因。其中一个基因调节细菌的毒力和应激反应; 另一个基因参与跨膜聚合物的运输, 还有一组基因共同作用于磷酸盐传感蛋白。在细菌中突变这三个基因中的任何一个, 都会阻碍它们在根部定殖的能力, 但不会影响它们在培养基中的生长。因此, 本研究通过这种方法确定了许多细菌在植物根部存活所需的一组核心基因。本研究采用的策略使他们得以了解定殖于植物根部的复杂微生物群落的结构和功能组织。鉴定出的基因可能被多种多样的细菌广泛利用, 以在其宿主上定殖和存活。此研究成果有可能为有益细菌的工程化铺平道路, 这些有益细菌可以有效地定殖于宿主并促进宿主健康。这不仅对可持续农业有影响, 对医学科学的进步也有影响。

来源: Nature Communications

发布日期:2023-12-13

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/62/Csgk0WV62naABz3PAD379_gD8V0868.pdf

2. 爱荷华州立大学实现Crispr编辑野生玉米大刍草

简介: 2023年12月12日, Plant Biotechnology Journal在线发表了爱荷华州立大学王侃团队的最新研究论文: ‘Application of CRISPR/Cas9 for targeted mutagenesis in teosinte *Zea mays* ssp. *parviglumis*’, 本研究首次在大刍草中成功应用了CRISPR/Cas9技术进行靶向基因编辑。研究人员分别利用一个sgRNA成功敲除了Glossy2(GI2)基因, 引起了显著的表型突变; 利用两个sgRNA在KRN2基因上精确删除了37个碱基, 成功敲除了该基因。实验结果表明, CRISPR/Cas9可以高效地在大刍草中进行靶向诱变和基因编辑。作者使用T-DNA双元载体pKL2393用于实验载体的构建, 靶点选在了基因的保守区域, 最终构建载体pKL2013 (GI2) 和pJZ113 (KRN2)。利用这两个载体, 作者在大刍草进行了相关研究。首先, 作者利用基因枪法对来自4个不同叶盘的大刍草愈伤组织进行了10次转化实验, 从Cas9阳性的两个不同叶轮组织系再生出89株T0植株, 通过对基因型分析, 其中37株植株呈现出双等位突变。双等位突变植株主要呈现两种类型的插入缺失(1bp插入缺失和1bp插入/2bp插入)。因此, 许多T0植株可能是克隆体。不过, 双等位突变T1植株展现出典型的GI2敲除表型, 这证实了 CRISPR/Cas9 介导的GI2高效定向诱变。另一个探

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

索是利用pJZ113载体对KRN2基因进行基因片段的精确删除，使用两条sgRNA设计靶向KRN2基因外显子，间隔37bp。对来自20个独立叶轮的大白菜愈伤组织进行转化，共获得18株T0植株，对15株T0进行分析，其中4株为野生型（27%），9株为双等位突变体（60%），2株为嵌合体（13%）。9株双等位突变体中，8株具有精确的37bp缺失，1株额外缺失了1bp；2株嵌合体中，一个等位缺失37bp，另一个等位具有额外突变。综上所述可以说明，37bp精确删除的总体效率较高，大多数植株获得了预期的编辑，证明了这种策略的可行性。

来源：Plant Biotechnology Journal

发布日期:2023-12-12

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/35/Csgk0GV62yeAM6rVABscyfmKV0Q771.pdf>