



2023年第154期总352期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 蒙库特国王科技大学利用自动化图像处理技术进行植物表型分析
2. 普林斯顿大学在光合作用基因的鉴定和表征方面取得突破
3. 斯坦福大学发现ABA和CO₂触发特异性染色质重塑响应胁迫
4. 麦吉尔大学揭示植物表皮细胞机械结构的生物学功能

▶ 学术文献

1. 瓦赫宁根大学发现RAF样蛋白介导一种生长素反应

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25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. 蒙库特国王科技大学利用自动化图像处理技术进行植物表型分析

简介: 智慧农业利用人工智能 (AI) 来改进植物育种和生产, 然而这需要大量的数据进行处理, 因为表型数据可以让我们表达植物的一些基本特征或对环境条件以及对疾病的响应。植物为适应环境而做出的一系列反应是植物发育中非常重要的信息, 收集数据进行分析对未来的育种发展或提高农业生产力至关重要。但目前表型数据仍然很少, 可能是因为收集数据的工具稀缺且难以获取。此外, 用于收集表型数据的工具也很昂贵。因此, 与图像处理系统结合开发的商用设备至关重要。本文设计了一款便宜且易于操作的树莓派系统, 用于测量植物叶面积, 并收集植株冠幅和归一化差值植被指数 (NDVI), 通过实验收集表型数据并评估植物的健康状况, 本研究使用了简单易懂的OpenCV函数进行测量, 使表型测数据更加易于获得。通过采用测试的标准样本, 测量植物或叶面积的图像处理系统能够利用现有设备测量, 并且误差值在可接受范围内。采用树莓派系统和封闭式外壳作为捕获数据的相机, 这个便捷便宜且易于编程的表型检测器可进行基本的图像处理函数。但从实验中发现, 如果植物不是绿色或透明, 可能无法捕捉到绿色范围, 导致处理结果错误。为了提高处理颜色的准确性并更准确地测量植物的面积, 将来可以考虑使用机器学习技术, 但NDVI指数测量部分还是准确的。实验可测量易感植物和健康植物差异, 通过调整图像的颜色分析植物的颜色。这些技术可以扩展到智能农场, 使用便宜且易于操作的设备监测植株的生长发育提高植物的生产力。

来源: 植物表型资讯

发布日期:2023-12-21

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/62/Csgk0WWEC5aAcybrAFjBfN577SM632.pdf>

2. 普林斯顿大学在光合作用基因的鉴定和表征方面取得突破

简介: 在光合作用的真核生物中, 叶绿体类囊体膜上的一系列蛋白质复合物构成了光合作用装置, 它们能够利用光能产生NADPH、ATP以及其他细胞能量物质。这些NADPH和ATP进一步驱动许多生物途径, 特别是通过卡尔文-本森-巴沙姆代谢循环将CO₂转化为糖的代谢途径。光合复合物的组装和活性调节需要通过细胞核来进行控制, 涉及到细胞核和叶绿体编码的数百个基因。在植物和绿藻中, 这种协调通常包括不同的调节机制。其中包括核编码蛋白质对叶绿体表达基因的转录后调控, 叶绿体表达亚基的转录调控, 以及蛋白酶介导的未组装亚基的降解。尽管对光合作用及其调控已经进行了70年的研究, 但系统发生学研究显示仍有数百个参与光合作用的基因有待鉴定和表征。实际上, 关于GreenCut2基因约有一半的基因功能尚未被了解。2023年12月7日, 来自美国普林斯顿大学分子生物系的Martin C. Jonikas团队在Cell期刊发表题为Systematic identification and characterization of genes in the regulation and biogenesis of photosynthetic machinery的文章。研究人员以模式真核藻类莱茵衣藻作为研究对象, 利用高通量遗传学的方法鉴定了与光合作用相关的70个基因, 并通过研究基因缺失突变株对这些基因的功能进行了表征。结果发现, 至少有7种蛋白质在光合作用的生物合成和调控中起着重要作用。这项研究为我们更加系统地理解光合作用提供了基础。莱茵衣藻是一种模式真核藻类, 具有高通量和生理优势, 有利于鉴定和表征光合作用的必需基因。在过去的十年中, 通过对莱茵衣藻突变体库进行筛选, 已经发现了数百个与光合作用相关的候选基因, 但其中有

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

很多是假阳性。该领域目前的挑战是鉴定真正与光合作用相关的候选基因，并确定已验证的光合作用基因的功能。综上所述，该研究使用遗传筛选方法鉴定了70个以前未知的基因，这些基因在模式藻类莱茵衣藻的光合作用中起关键作用。研究人员通过突变体蛋白质组学分析将这些基因归类到不同的生物途径，揭示了与光合作用生物合成和调控有关的因子，包括主要调控因子PMR1，它通过核编码因子调控叶绿体基因。这项研究为我们认识光合作用调控机制打开了新的大门。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2023-12-21

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/62/Csgk0WWECSiAS11KAEyD6NAavko679.pdf>

3. 斯坦福大学发现ABA和CO₂触发特异性染色质重塑响应胁迫

简介: 染色质结构重塑后允许转录因子结合靶DNA被认为是基因调控的关键步骤，受环境刺激和植物激素信号调控。ABA作为一种主要的植物应激激素，在受非生物胁迫的细胞和组织中积累，触发了拟南芥基因组中数千个基因的差异表达，然而，目前还不清楚ABA是否重塑了染色质结构，以及ABA调节的转录因子在染色质背景下可能如何发挥作用。近日，来自斯坦福大学的Julian I. Schroeder团队在PNAS发表研究成果“Distinct guard cell-specific remodeling of chromatin accessibility during abscisic acid and CO₂-dependent stomatal regulation”，该研究从拟南芥植株中分离出保卫细胞细胞核，发现ABA在保卫细胞、根和叶肉细胞中触发广泛和动态的染色质重塑，具有明确的细胞类型特异性模式。同时证明ABA和CO₂诱导了不同的染色质重塑程序，启动了基因组的非生物抗性。为了测量染色质结构的变化，作者将荧光激活核分选(FANS)与利用转座酶研究染色质可进入性的测序技术(ATAC-seq)相结合，用ABA处理整个幼苗，并在4小时后绘制染色质可及性图谱。差异分析显示，数百个区域在ABA的作用下显著增加或减少染色质可及性。为了捕捉ABA诱导的染色质重塑的动力学，作者重点研究了能够迅速从周围环境中吸收ABA的根，发现ABA触发的根中染色质可及性随时间发生变化，同时ABA调节的可及染色质区域(ACRs)往往比静态区域距离转录起始位点(TSS)(>1kb)更远。此外，ABF/AREB转录因子识别的基序在ABA诱导的ACRs中高度富含。由于ABA能诱导幼苗及根全基因组快速重塑染色质，作者决定研究ABA对成熟保卫细胞染色质的影响。首先开发了一种荧光激活细胞分选(FACS)的策略纯化保卫细胞核，并使用GFP标记细胞核，获得了清晰分离的GFP阳性群体。为了测定保卫细胞染色质结构，使用该方法分离的细胞核用于生成ATAC-seq文库。为了评估富含保卫细胞的染色质可及性与基因表达之间的关系，作者对整个叶片和富含保卫细胞的样本进行了RNA-seq。结果表明，保卫细胞中具有多染色质可及性的区域与邻近下游基因的转录水平升高相关。对保卫细胞富含的ACRs进行转录因子结合基序分析，得到的新基序与已知气孔谱系转录调控因子识别的基序高度相似。总之，作者开发了一种方案来分离保卫细胞核的纯群体，使其能够找到在成熟保卫细胞中活跃的顺式调控区域。

来源: 植物生物技术Pbj

发布日期:2023-12-21

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/35/Csgk0GWECPGAA2QCAEqSui7-4gg090.pdf>

4. 麦吉尔大学揭示植物表皮细胞机械结构的生物学功能

简介: 细胞几何结构是几何学在分子生物学中的一种体现方式, 如DNA双螺旋模型、手性结构等。从几何生物学的角度, 我们可以发现一些生命过程中的客观规律, 掌握规律来解决问题。复旦大学陈力课题组通过对细菌变形的研究发现, 细胞形变是基因组重构的先决条件。美国著名华裔病理学家M.D.Anderson癌症研究中心刘劲松教授提出肿瘤发生二元论, 其中癌变多倍体大细胞 (PGCC) 的形变理论也为肿瘤的诊治提供了新方向。植物生长需要器官和功能组织的形态发生。叶片和花瓣的表皮细胞呈现出几何形状, 组合形成复杂的图案, 这种复杂的表皮模式会对植物本身有什么作用呢? 麦吉尔大学麦克唐纳校区植物科学系教授Anja Geitmann团队在nature communications上发表“Cell geometry regulates tissue fracture”采用多学科方法, 将微观和宏观断裂实验与计算断裂力学相结合, 证明了波浪状表皮细胞可以增强植物的保护层; 并发现了一种可调的机械结构, 可以从微观角度来保护植物免受表皮细胞裂缝的损害。叶片是维管植物的主要光合器官, 其特有的扁平形状可以最大限度地捕获光并优化气体交换。然而, 这种光合器官形状优化是伴随着逆境胁迫(如草食、病原体、冰雹、沙尘暴和大风)损害的代价。这些机械损伤如磨蚀、刺穿或切割作用会在叶片表面产生孔洞, 这些孔洞很容易形成裂纹。在表皮完整的情况下, 它赋予植物叶片弹性和疏水表面, 其唯一的开口是可控制的阀门——气孔。而叶片表面的机械损伤会使病原体可以随时进入内部组织, 使光合作用的叶肉处于不受控制的脱水状态。即使是对表面的微小损害也会对植物的健康和生存构成高风险。研究人员认为是在微观层面上, 表皮结构对叶子的表面韧性至关重要, 可以保护它免受物理损伤的潜在致命后果。研究人员猜测在叶片表皮上的细胞形状增强了组织对微裂缝扩展的抵抗力, 这种细胞形状会减轻植物表面生长微裂缝的风险, 可能会缩短其重要器官的寿命。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2023-12-21

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/62/Csgk0WWEClAbS79AFvDY1Q6a8Q305.pdf>

学术文献

1. 瓦赫宁根大学发现RAF样蛋白介导一种生长素反应

简介: 植物信号分子生长素是植物许多生长和发育过程的关键。主要的天然生长素是吲哚-3-乙酸 (IAA), 陆地植物可以合成一种化学简单的色氨酸衍生物, 但在原核和真核物种中都广泛存在。它作为一种信号分子, 在纳摩尔到微摩尔浓度下发挥作用, 在植物中它的生物活性影响极其深远。生长素可以引发广泛的生理、细胞和分子变化, 这些变化可能是植物生长发育长期影响的基础。尽管最初在开花植物中发现了生长素, 但据报道, IAA的出现以及对该分子的生理和发育反应远远超出了这一组。所有研究的陆地植物和一系列藻类, 都表现出对外源生长素的反应, 这表明对生长素的反应能力有着非常深刻的起源。细胞对生长素的反应有两种——快和慢。快速反应包括膜极化、细胞质流动、钙和质子通量、和运输的变化。慢速反应包括细胞生长、分裂和分化。蛋白质磷酸化是一种广泛的酶促修饰预先存在的蛋白质的结构和功能的机制, 从而消除了从头合成蛋白质的需要。鉴于磷酸化仅依赖于蛋白激酶的(变构)激活, 该反应本质上是快速的。基于磷酸化的信号传导的几个众所周知的例子存在于生命王国中。其中一些特别快

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

速, 胰岛素和表皮生长因子 (EGF) 配体在几秒钟内通过受体激酶触发初始磷酸化变化, 随后用额外的蛋白激酶进行中继和扩增步骤。基于磷酸化的信号传导也在植物中广泛存在, 并在发育和免疫中介导对肽配体的反应, 以及对油菜素甾体的反应。最近, 我们发现在拟南芥根中, IAA可以在2分钟内触发许多蛋白质的磷酸化变化, 这开启了一种可能性, 即基于磷酸化的机制是生长素快速反应的基础。这种磷酸化反应需要AUX结合蛋白1 (ABP1) 和跨膜激酶1 (TMK1) 蛋白, 其中至少ABP1在陆地植物和藻类中是保守的。在这里, 我们展示了这种反应发生在5种陆地植物和藻类物种上, 并集中在一组核心的共同靶点上。我们在同一物种中发现了对生长素的保守快速生理反应, 并确定RAF样蛋白激酶是生长素触发的跨物种磷酸化的中心介质。遗传分析将这种激酶与生长素触发的蛋白质磷酸化和快速细胞反应联系起来, 从而确定了绿色植物谱系中生长素快速反应的古老机制。

来源: Cell

发布日期:2023-12-20

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/35/Csgk0GWECv-AB_N7ALGVEZUe1nY185.pdf