



2024年第2期总354期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 根特大学揭示调控侧根发育的生长素信号进化保守性
2. 马里兰大学研究团队发现SARS C端残疾影响蛋白的运输
3. 名古屋大学揭示感染病毒脱落持续时间反映了SARS-CoV-2感染后S-IgA抗体反应潜伏期

#### ▶ 学术文献

1. 哈佛大学鉴定针对脂质转运的有效肽类抗生素抑制机制
2. 格罗宁根大学揭示人基因与肠道微生物结构变异之间关联

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1月8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. 根特大学揭示调控侧根发育的生长素信号进化保守性

**简介:** 近日, 比利时根特大学Danny Geelen教授团队在New Phytologist上发表了题为“Chemical induction of hypocotyl rooting reveals extensive conservation of auxin signalling controlling lateral and adventitious root formation”的研究论文。该研究通过对HYSPARIN (Hypocotyl Specific Adventitious Root Inducer) 诱导的不定根形成进行分子和遗传分析, 揭示了调控侧根和不定根发育的生长素信号网络的进化保守性。在前期实验基础上, 鉴定出87种小分子是根中柱鞘细胞分裂的激活剂, 进一步测试其在去黄化苗中诱导ARs的能力。所有诱导不定根 (AR)、不定根原基 (ARP)、侧根 (LR)和侧根原基 (LRP) 水平高于对照的化合物都被保留下来, 并通过分级聚类进行分析。根据诱导ARP+LRP (I)、AR (II)、AR+LR (III) 和LR+LRP (IV) 形成的优先活性对化合物进行分组, 其中三个小分子 (C77、C76和C54/HYS) 分组可以特异性诱导AR。在不同浓度下对三种化合物活性进行验证, 三种分子的AR诱导表型在1  $\mu$  M时达到饱和, 而C76和C77在50  $\mu$  M时表现出超剂量抑制生根, 化合物HYS在各浓度下都强烈诱导AR的产生并抑制LR的形成。化合物C76和C77处理的幼苗主根非常短, 叶片发育严重受损, HYS对主根长度和叶片发育的影响要温和得多。因此, HYS是一种独特的化合物, 特异性激活下胚轴中AR的形成, 将其重命名为下胚轴特异性不定根诱导剂 (HYSPARIN), 该小分子特异性地诱导拟南芥下胚轴的不定根发育。通过多时间点的转录组分析以及突变体的表型分析, 揭示了TIR1/AFB-Aux/IAA-ARF生长素核内信号通路在不定根发育中的调控作用。还鉴定了SAUR19、OFP4和AGC2激酶作为不定根形成的调控因子。本研究为研究者更深入地理解植物根系的进化机制提供了新的见解。

**来源:** 林木科学评论

**发布日期:**2024-01-03

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWXT3yAQucgAEZxdBQeFBA250.pdf>

### 2. 马里兰大学研究团队发现SARS C端残疾影响蛋白的运输

**简介:** 近日, 来自美国马里兰大学医学院生物化学与分子生物学系的S. Saif Hasan团队在Nature Communications杂志上发表题为“A single C-terminal residue controls SARS-CoV-2 spike traffic and incorporation into VLPs”的研究性论文。该研究探索了SARS-CoV-2病毒的刺突蛋白 (spike) 的运输和纳入病毒样颗粒 (VLPs) 的机制。研究发现, SARS-CoV-2刺突蛋白的C端一个氨基酸残基可以控制其在细胞内的运输和纳入VLPs的过程。通过一系列实验和分析, 揭示了氨基酸残基对刺突蛋白的稳定性、细胞膜定位和与细胞内膜蛋白的相互作用等方面起到关键作用。这项研究对于理解SARS-CoV-2病毒的感染机制和开发相关疫苗和药物具有重要意义。为了确定SARS-CoV-2 S尾部的残基是否受到选择压力, 分析了超过1100万条SARS-CoV-2 S全长序列, 预测与外被体 (coatomer) 表面有大量接触的残基(Lys1269, His1271和Thr1273) 表现出最小的突变率(分别为0.0020%, 0.0015%和0.0004%)。构建了带有突变位点的客户化S蛋白 (clientized S protein), 发现C端 (双碱性基序下游) 对S蛋白运输至关重要。客户化S蛋白提高与coatomer的结合以及在早期分泌室的定位, 但是降低了S与新组装的VLPs的结合, 并破坏了VLPs定向的膜融合。该研究使用结构-功能分析来确定

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

SARS-CoV-2刺突蛋白的非酸性C末端残基的分子功能，提示这种缺乏模仿coatomer相互作用的残基的重要性。同时揭示了SARS-CoV-2刺突蛋白与COPI相互作用的原子基础，以及S蛋白运输和子代病毒组装的基本细节。对于理解SARS-CoV-2病毒的感染机制以及开发相关疫苗和药物提供理论基础。

来源：病毒学界

发布日期:2023-12-31

全文链接:

[http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWXV\\_aAL\\_D1AFKmWiCIEB0906.pdf](http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWXV_aAL_D1AFKmWiCIEB0906.pdf)

### 3. 名古屋大学揭示感染病毒脱落持续时间反映了SARS-CoV-2感染后S-IgA抗体反应潜伏期

**简介:** 近日名古屋大学科学研究生院Shingo Iwami 和日本国立传染病研究所Tadaki Suzuki共同通讯在PNAS上发表题为“*Infectious virus shedding duration reflects secretory IgA antibody response latency after SARS-CoV-2 infection*”的研究性论文，该研究在纵向收集的Omicron感染个体的鼻咽样本中测量了病毒RNA载量、病毒滴度和粘膜抗体水平，包括IgG、IgA和S-IgA水平，生成上呼吸道病毒RNA脱落的高分辨率轨迹，以检查病毒RNA脱落动力学、传染性病毒脱落持续时间和粘膜抗体反应之间的关系。提出了一种评估与传染性病毒脱落持续时间相关的粘膜抗体反应的方法，并确定了对控制传染性病毒脱落贡献最大的粘膜抗体。有助于开发一种粘膜免疫靶向疫苗，这将是预防人与人之间的传播和控制未来呼吸道病毒大流行的关键。由于SARS-CoV-2感染呼吸道上皮细胞，并通过呼吸道飞沫和气溶胶传播，推测在呼吸道黏膜中分布的分泌性IgA抗体(S-IgA)在预防SARS-CoV-2感染中起着关键作用。S-IgA由粘膜组织固有层的浆细胞产生，与粘膜上皮细胞基底外侧表达的poly-Ig受体(pIgR)结合，并被运输到粘膜表面。在粘膜表面，pIgR的细胞外部分被切割并作为分泌成分(SC)融入到IgA结构中，称为S-IgA。S-IgA是多价的，与IgG不同，S-IgA以二聚体、三聚体、和四聚体形式存在。这些多聚体S-IgAs表现出更高的一致性和对呼吸道病毒抗原的趋向性，有助于产生更高和更广泛的中和活性。此外，S-IgA不仅通过在呼吸道病毒穿过粘膜屏障前消除呼吸道病毒而提供即时免疫，而且预计还能降低被感染者释放的病毒的传染性。有报道称，此外，鼻粘膜中针对SARS-CoV-2原始株Spike的IgA水平高的个体对Omicron突破性感染的风险降低，提示鼻粘膜IgA对SARS-CoV-2变异株具有高度的交叉保护作用。该研究发现，新冠病毒感染后，S-IgA抗体的反应延迟与传染性病毒排出的持续时间相关。研究发现，感染Omicron变异株的个体，如果S-IgA反应延迟较短，则病毒排出持续时间较短，峰值病毒载量较低，与接种疫苗的情况无关。这表明，在病毒暴露之前在黏膜上分泌的S-IgA有助于预防感染，即使S-IgA的数量不足以防止感染，感染后迅速诱导足够数量的S-IgA以抑制后代病毒的传染性也可能对减少感染者的再感染风险很重要。此外，研究还发现，感染者的S-IgA反应延迟最短的人具有先前的感染史，突出了通过自然感染获得的黏膜途径的抗原刺激对感染后迅速诱导S-IgA反应的重要性。这些研究结果对于开发能够预防再感染的疫苗非常重要，呼吸道黏膜疫苗可能能够解决这些问题。

来源：病毒学界

发布日期:2023-12-31

全文链接:

[http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/63/Csgk0WXXVyaAI2YiAE\\_R3KYvjW0670.pdf](http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/63/Csgk0WXXVyaAI2YiAE_R3KYvjW0670.pdf)

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. 哈佛大学鉴定针对脂质转运的有效肽类抗生素抑制机制

**简介:** 2024年1月3日哈佛大学生物化学与分子生物学实验室Andrew C. Kruse与Daniel Kahne团队于Nature 发表题为A new antibiotic traps lipopolysaccharide in its intermembrane transporter研究论文。由于革兰氏阴性菌非常难以杀死，因为它们的细胞质膜被外膜包围，这阻止了大多数抗生素的进入。不可穿透的性质是由于在其外膜中存在一种大的被称为脂多糖 (LPS) 的两亲性糖脂。外膜的组装需要脂多糖的运输：通过一种从细胞质膜延伸到细胞表面的蛋白质桥。而维持外膜的完整性对细菌细胞的活力至关重要，其破坏会增加其对其他抗生素的敏感性。因此，一直在寻找针对形成跨膜转运体的7种脂多糖转运蛋白 (Lpt) 的抑制剂。发现了一种针对不动杆菌中LPS运输机的新抗生素。实验使用结构、生化和遗传学方法，发现这些抗生素捕获了脂多糖转运体的底物结合构象，从而阻遏了这一反应。抑制剂通过识别由Lpt转运体及其LPS底物组成的复合结合位点来实现这一目标。此外，研究发现了一种不寻常的脂质转运抑制机制，揭示了Lpt转运体的药物构象，并为将这类抗生素扩展到其他革兰氏阴性病原体提供了基础。

**来源:** Nature

**发布日期:**2024-01-03

**全文链接:**

<https://www.nature.com/articles/s41586-023-06799-7>

### 2. 格罗宁根大学揭示人基因与肠道微生物结构变异之间关联

**简介:** 2024年1月2日，格罗宁根大学遗传学系Jingyuan Fu团队在Nature上发表了题为Host genetic regulation of human gut microbial structural variation的研究论文。研究表明，人类基因组和细菌宏基因组之间的遗传关联可以为相互作用的宿主-微生物组关系提供功能见解，虽然宿主遗传对肠道微生物多样性和特化类群丰度的影响已经确定，但对宿主遗传如何调控肠道微生物的遗传多样性知之甚少。在这里，我们对四个来自荷兰的组别的9015个个体进行了人类遗传变异和肠道微生物结构变异之间的关联的荟萃分析。Faecalibacterium prausnitzii 在分泌GalNac A型寡抗原的人群中，利用n-乙酰半乳糖胺 (GalNac) 基因的结构片段表达率较高，这是一个由人类ABO和FUT2基因型共同决定的特征，在坦桑尼亚的一个基因型中可以找到验证。体外实验表明，GalNac可以作为携带GalNac代谢途径的普氏镰刀菌菌株的唯一碳水化合物来源。进一步在生物信息学以及体外研究中表明其他abo相关物种也可以利用GalNac，特别是气孢菌。GalNac利用基因也与宿主的心脏代谢健康相关，特别是在有粘膜a抗原的个体中。研究通过使用SGV-Finder生成配置文件，将测序映射到参考基因组，进行初步对比，将微生物基因组分组对样本进行覆盖识别，只有具有足够宏基因组测序覆盖率的肠道微生物物种才进行SV鉴定，实验总计在108种肠道微生物中检测到14196个sv包括10265个dsv，3931个vvv，每个物种3-379个svv。通过统计学方法结合宿主遗传规律，评估选择肠道微生物的svv确定程度，计算显著遗传力。接下来将svv与人SNP联系起来，进行数据分析，得到关联性。同时实验研究了GalNac通路以及细菌将GalNac作为碳源的利用途径分析。研究表明，整个人类基因组和细菌宏基因组存在关联，可以证明宿主与微生物群的相互

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

关系。

来源: Nature

发布日期:2024-01-03

全文链接:

[http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWXSUqAI2\\_\\_ACoIqTRxOb8209.pdf](http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/36/Csgk0GWXSUqAI2__ACoIqTRxOb8209.pdf)