



2024年第9期总361期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 康奈尔大学揭示植物-真菌共生过程中脂质供应的动态控制

▶ 学术文献

1. 海南大学提出代谢修饰组学策略用于研究植物次生代谢物代谢多样性

2. 安徽农业大学发布内含子低温诱导型增强子调控马铃薯低温糖化进展

3. 山东大学揭示生长素促进侧根发生的新机制

4. 斯坦福大学揭示烟草细胞中重构紫杉醇生物合成早期途径

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

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

邮箱: agri@ckcest.cn

2024年2月26日

▶ 前沿资讯

1. 康奈尔大学揭示植物-真菌共生过程中脂质供应的动态控制

简介: 近日, 美国康奈尔大学博伊斯-汤普森研究所 (BTI) Maria J. Harrison团队发表在国际顶级学术期刊 Science 上的题为 Receptor-associated kinases control the lipid provisioning program in plant-fungal symbiosis 的最新研究深入探讨了植物与丛枝菌根 (AM) 真菌之间的共生关系, 揭示了一些关键的见解, 加深了我们对植物与AM真菌之间相互作用的理解, 并可能推动可持续农业的发展。AM真菌生活在植物根细胞内, 与其植物宿主形成一种独特的联合关系。这种关系不仅仅是简单的共存, 它涉及复杂而关键的养分交换, 这种交换对真菌的生存至关重要, 对植物也非常有益。研究人员发现了两种蛋白质 CKL1 和 CKL2 的作用, 它们只在含有 AM 真菌的根细胞中活跃。这两种蛋白质属于一个更大的蛋白质家族, 被称为 CKLs, 它们在植物体内的功能尚未完全清楚。与CKL家族最近缘的是被称为CDK的蛋白质, 它们控制植物细胞周期, 位于细胞核中。令人惊讶的是, CKL1 和 CKL2 蛋白的作用与 CDK 不同: 它们不控制细胞周期。它们被拴在根细胞的膜上, 包括包围真菌的膜。研究人员发现, 这些 CKL 蛋白对真菌在植物根部的生存至关重要。它们在控制脂质 (脂肪) 从植物流向真菌的过程中发挥着关键作用, 而这一过程对真菌的营养至关重要。如果没有这些蛋白质, 管理这种脂质转移的关键基因就无法激活, 真菌就会陷入饥饿。研究还发现了涉及几种受体激酶蛋白的复杂的相互作用网络。其中一种激酶因其允许AM真菌穿透根外层的作用而闻名。研究人员发现, 同样的激酶在根的更深处发挥了新的作用, 它与 CKL 蛋白结成伙伴, 有可能启动脂质流向真菌。令人惊讶的是, 虽然 CKL 蛋白对控制脂质流动至关重要, 但它们并不管理整个共生脂质途径。相反, 它们控制着负责这条途径起点和终点的基因。同时, 在这一途径中间起作用的一个关键蛋白 RAM2 是由另一个调节因子 RAM1 激活的。要实现全面的脂质生产, CKL 和 RAM1 途径都必须处于活跃状态。脂质对植物来说成本很高, 因此双重调控机制可以确保脂质供应得到严格控制, 这或许是防止真菌病原体利用植物的一种保障。在农业方面, 利用这种自然共生关系可以使作物更有效地吸收养分, 更能抵御环境胁迫。这项研究不仅加深了我们对植物-AM 真菌共生背后的分子动力学的理解, 而且还凸显了维系地球生命的错综复杂、往往不为人知的联系。它提醒我们大自然中令人难以置信的复杂性和相互依存性, 其中很多就隐藏在我们的脚下。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2024-02-18

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3D/Csgk0EGAdaiAPWPFAAvVIp4V4IY821.pdf>

▶ 学术文献

1. 海南大学提出代谢修饰组学策略用于研究植物次生代谢物代谢多样性

简介: 2024年2月20日, 海南大学王守创教授团队在JIPB上发表了题为“A widely targeted metabolite modification strategy for modified metabolites identification in tomato”的研究论文, 在本研究中, 整合三重四极杆线性离子阱质谱和高分辨质谱的高灵敏、高通量和

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

高分辨等优点，开发了广泛靶向代谢修饰组学方法 (WTMM)，用于检测和发现植物中各种潜在的修饰代谢物，大大提高了修饰代谢产物的检测灵敏度和鉴定效率。本研究利用番茄作为研究对象进行了代谢修饰组学研究，获取了34000多个具有MS2信息的代谢信号。进一步利用高分辨率质谱数据，并且整合现有代谢数据库和代谢注释软件进行代谢信号的注释，建立了一个涵盖125种修饰类型和2118种代谢物的番茄WTMM数据库。随后，对WTMM方法进一步评估，发现其灵敏度、重复性以及共线性皆具有很好的效果，可以用于植物样品中修饰代谢物的大规模分析。利用WTMM策略鉴定响应番茄青枯病的代谢物，鉴定了251种叶片中的差异代谢产物，其中150种为修饰代谢产物；131种根系中的差异代谢物，其中74种为修饰代谢物。总体而言，WTMM策略能够对植物代谢修饰物进行大规模检测和定量分析，该方法可以为植物代谢物种类和结构多样性的研究提供技术支持；同时整合基因组、转录组和变异组，为解析植物代谢多样性与环境适应性的协同调控机制提供了新的研究思路。

来源: JIPB

发布日期:2024-02-20

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6A/Csgk0WXXKYeAQVTZABuVaO9hXSo045.pdf>

2. 安徽农业大学发布内含子低温诱导型增强子调控马铃薯低温糖化进展

简介: 2024年2月20日，安徽农业大学园艺学院朱晓彪教授团队在国际顶尖植物学期刊《The Plant Cell》在线发表题为“Molecular dissection of an intronic enhancer governing cold-induced expression of the vacuolar invertase gene in potato”的研究论文。该研究揭开了马铃薯液泡转化酶基因VInv受低温诱导高度上调表达未解之谜，为研究植物逆境应答相关基因的调控和适应提供了一个很好的模型系统。课题组从先前构建的马铃薯全基因组超敏感位点DHS (DNase I hypersensitive sites) 图谱 (Zeng et al., Genome Biol, 2019) 中检测到一个位于VInv基因第二个大内含子、长度为475 bp的DHS位点，推测该DHS位点可作为增强子调控VInv基因的表达。将二倍体马铃薯RH中VInv基因的第二个大内含子构建到增强子检测系统中进行验证，结果发现其在低温块茎中具有增强子的功能。为了快速挖掘其中的增强子，通过拟南芥异位功能分析，发现RH中VInv基因的第二个大内含子的增强子功能信号主要集中在拟南芥的地上茎和叶柄，接着对整个内含子进行截短剖析，发现其中一个200 bp的核心DNA片段所具有的增强子功能信号与整个内含子非常接近，其低温诱导型增强子的功能在CIS敏感型马铃薯Katahdin (四倍体) 块茎中得到进一步验证。由于增强子对基因的表达调控不受方向、时空和距离的限制，有时增强子能跨染色体行使调控功能，那么该低温诱导型增强子VInvIn2En是否对液泡转化酶基因自身起调控作用呢？为了揭开这个谜底，我们进一步利用两套CRISPR/Cas9介导的多位点基因组编辑系统分别在二倍体和四倍体马铃薯中创造VInvIn2En缺失系。与野生型对照相比，VInvIn2En缺失系低温块茎中VInv基因的表达量均显著下降，且油炸薯片颜色也明显变浅。这一结果有力地证实了该增强子VInvIn2En对液泡转化酶基因自身起调控作用。进化分析表明，VInvIn2En增强子序列在近缘茄属物种（包括番茄和其它非块茎类物种）中高度保守，推测其在块茎类茄属物种中面对冷胁迫进化出新的功能角色。对VInvIn2En增强子进行DNA基序分析和酵母试验，结果表明该增强子与转录因子StNF-YC1和StNF-YC9均存在互作，为后续研究VInvIn2En增强子是如何与相关转录因子

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

共同行使调控功能奠定基础。

来源: The Plant Cell

发布日期:2024-02-20

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6A/Csgk0WXXKHWA5k1AE_UcDhRHtY531.pdf

3. 山东大学揭示生长素促进侧根发生的新机制

简介: 2024年2月15日, 山东大学丁兆军团队在The Plant Cell发表了题为“MAC3A and MAC3B mediate degradation of the transcription factor ERF13 and thus promote lateral root emergence”的研究论文, 先前阐明了MPK14激酶在生长素诱导侧根发生中的关键角色 (Mol Plant, 2021): MPK14通过磷酸化降解ERF13 (侧根发育关键抑制子), 从而促进侧根发生, 但磷酸化“先行信号”如何驱动ERF13降解依然未知。此次该团队成功解决了这个问题, 揭示了生长素通过同步激活MPK14激酶和MAC3A/3B泛素连接酶协同清除ERF13, 从而驱动侧根发生的分子机制。为了揭示ERF13响应生长素的降解机制, 作者从鉴定ERF13的互作蛋白入手 (IP-MS), 成功鉴定到和其互作的E3泛素连接酶MAC3A/3B。结合组织表达模式分析, 证实MAC3A/3B在侧根发育的八个时期均有表达, 暗示其可能参与侧根的发生。进一步的侧根表型分析证明了MAC3A/3B在侧根发生中发挥重要作用。结合重力处理 (侧根发育同步化处理, 便于精确分析侧根各个发育时期的表型), 明确mac3a mac3b双突变体侧根减少的表型, 主要来自于侧根原基 (LRP) 发育到第四时期后出现的发育停滞 (无法突破内皮层)。这与报道过的ERF13主要抑制LRP四五时期转变的功能完美对应, 暗示MAC3A/3B可能会在促进侧根发生的过程中, 泛素化降解ERF13。进一步分析发现MAC3A/3B虽然可以泛素化ERF13, 但需要满足一定的前提条件: 即MPK14介导生长素信号对ERF13的磷酸化修饰。大量生化证据证实MPK14对ERF13的磷酸化修饰是增强ERF13招募MAC3A/3B并导致自身降解的关键信号。此外, 生长素不仅可以促进MAC3A/3B转录, 还能显著增强MAC3A/3B的蛋白稳定性, 从而协同促进了MAC3A/3B在侧根原基处的蛋白积累, 最终导致ERF13快速清除和侧根的发生。

来源: The Plant Cell

发布日期:2024-02-15

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3D/Csgk0EGAdtiANMCwAEpoZT_X97Q064.pdf

4. 斯坦福大学揭示烟草细胞中重构紫杉醇生物合成早期途径

简介: 2024年2月15日, 斯坦福大学的Elizabeth Sattely团队在用植物工程解决人类健康问题有了新的发现, 在国际知名期刊Nature Communications上发表了一篇名为“Reconstitution of early paclitaxel biosynthetic network”的研究论文, 该研究确定了T5 α H催化的4个氧化紫杉烯产物的结构, 它们的结构表明T5 α H进一步氧化紫杉烯-5 α -醇 (2) 和OCT (3) 等初级产物。他们还证明过表达的T5 α H可以直接氧化紫杉烯-5 α -醇。因此, 作者认为T5 α H的过度表达是其催化混杂的原因之一。通过调节本氏烟中T5 α H的表达水平, 能够增加氧化后的紫杉二烯中紫杉二烯-5 α -醇的比例, 减少混杂副产物的形成。利用这个优化的系统, 作者重建了一个早期紫杉醇生物合成网络, 其中包含6种特征化的红豆杉酶, 而获得这些早期的紫杉醇生物合成中间体将有助于将来发现缺失的生物合成酶。在紫杉醇的生物合成途径中, 紫杉烯合成酶(TS)将

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

香叶基香叶基焦磷酸酯(GGPP)转化为紫杉烯 (1) , 紫杉烯5 α -羟化酶(T5 α H, 蓝色圆圈)可将其氧化为紫杉烯 -5 α -醇。紫杉烯 -5 α -醇通常被认为是紫杉醇生物合成的前体, 将紫杉烯 -5 α -醇氧化为紫杉醇的酶有许多种, 目前12种已知, 5种未知。将T5 α H基因在烟草中异源表达, 质谱结果结果显示: T5 α H蛋白催化产生了多种催化产物, T5 α H对异源表达的催化混杂性一直是紫杉醇生物合成途径重建的瓶颈, 因为它降低了向紫杉醇 -5 α -醇的代谢通量, 并且多种氧化产物可能使产物解卷积复杂化。给表达T5 α H的本氏烟草叶片涂抹化合物2, 观察到2至9的化合物产物的量发生了变化。质谱结果显示: 化合物9是二氧化物产物, 在超表达T5 α H的本氏烟草系统中是积累的次要产物。过度氧化产物的形成不仅使产物2得率减少, 而且使途径重建复杂化: 当下一个生物合成基因 TAT 与本生烟草中的 TS 和 T5 α H 共表达时, 我们观察到两个新的峰10和11和两个消失的产物 2和9, 表明 TAT 能够接受2和9作为底物。作者认为: 过度氧化是由于在烟草中高水平的 T5 α H导致氧化循环解偶联和蛋白质错误折叠所引起的活性缺失。鉴于这些结果, 作者认为降低 T5 α H 的蛋白水平可能可以减轻过度氧化, 使产物向化合物2积累, 从而提高紫杉醇前体的量。为了降低 T5 α H 蛋白水平, 作者用了两种较弱的组成型启动子-泛素 -10 (UBQ10) 和诺帕林合酶 (NOS) 启动子来驱动T5 α H在烟草中的超表达, 分别得到35S 启动子表达水平的75%和63%。调节 T5 α H 转录水平减轻过度氧化, 在 UBQ10或 NOS 启动子下 T5 α H 的表达大大抑制了过度氧化的紫杉二烯的形成, 在NOS系统中化合物2的得率最高。紫杉二烯在所有三种表达系统中都被耗尽, 表明 T5 α H 的较低表达并不影响它对1的利用。通过将总离子色谱(TIC)上每个氧化产物的峰面积积分并除以总积分面积, 作者计算了每个产物的百分比作为产物分布的近似值, UBQ10启动子和 NOS 启动子分别使多功能化产物的比例从68%降至37%和25%。虽然较弱的启动子降低了多功能化产物的丰度, 但四种主要单氧化紫杉二烯 (2/3/4/5) 之间的比例基本保持不变。

来源: Nature Communications

发布日期:2024-02-15

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6A/Csgk0WXXJymADUwXABUMGctNsV4241.pdf>