



2024年第15期总367期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 苏黎世联邦理工学院开发新方法评估微生物组动态

▶ 学术文献

1. 西湖大学/浙江大学合作在水稻耐盐碱胁迫研究领域取得突破进展
2. 广东省农科院蔬菜所利用转录组等信息学方法分析冬瓜籽型
3. 宾夕法尼亚大学和利兹大学发现了一种在DNA复制过程中调节蛋白质稳定性的蛋白复合物
4. 美国圣路易斯华盛顿大学等解析衣藻纤毛丝结构并分析分子机制

中国农业科学院农业信息研究所
联系人：周诚昊；顾亮亮

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

联系电话： 010—82109850

邮箱： agri@ckcest.cn

2024年4月8日

▶ 前沿资讯

1. 苏黎世联邦理工学院开发新方法评估微生物组动态

简介: 近日, 瑞士苏黎世联邦理工学院微生物研究所 Vorholt 实验室 (近两年在Science等顶刊发表一系列论文) 苏黎世联邦理工学院Julia Vorholt院士团队在叶际微生物组领域取得重大进展)、Hardt 实验室和 Sunagawa 实验室联合开发了一种新型基因组条形码系统: WISH-tags。成果发表在Nature Microbiology, 论文题为“Assessing microbiome population dynamics using wild-type isogenic standardized hybrid (WISH)-tags”。微生物经常组合成结构化的微生物组, 在植物和动物宿主中发挥关键作用。然而, 观察到的微生物组组成可能会掩盖多种多样的潜在种群动态, 这就需要在菌株内水平上进行解析。在最近这项关于 NCCR 微生物组的合作研究中, 来自 Vorholt、Hardt 和 Sunagawa 实验室的研究人员开发了一种新型基因组条形码系统, 称为野生型同源标准化杂交 (WISH) 标签。这些标签可以利用 qPCR 或下一代测序技术对微生物种群进行量化和追踪。研究人员将 WISH 标签引入了小鼠和植物微生物群中的模式和非模式细菌。他们以两种细菌菌株为重点, 研究了小鼠肠道和拟南芥叶际中菌株内部的优先效应。奇怪的是, 两种宿主的结果却不同。在肠道中, 晚到的菌株无法建立新的种群, 而在叶际中, 即使已有种群存在, 晚到的菌株仍能茁壮成长。研究人员通过他们的概念验证应用表明, WISH-tags 是一种宝贵的资源, 可用于破译微生物组在不同生物系统中组装的种群动态。了解这些动态有助于设计更稳定的合成微生物群, 从而减少疾病, 提高一系列宿主物种的适应性。

来源: Ad植物微生物

发布日期:2024-04-01

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYSqEWAL0j_ABUE7Ix0KeM318.pdf

▶ 学术文献

1. 西湖大学/浙江大学合作在水稻耐盐碱胁迫研究领域取得突破进展

简介: 2024年4月3日, 西湖大学申怀宗课题组与浙江大学杨帆课题组的合作在Nature Plants在线发表了题为Structural insights into ion selectivity and transport mechanisms of *Oryza sativa* HKT2;1 and HKT2;2/1 transporters的研究论文, 揭示了水稻中阳离子通道HKT2;1和HKT2;2/1的离子选择和转运机理, 为开发新的耐盐碱作物品种和增加作物产量提供了重要见解。植物高亲和性钾离子转运蛋白 (high-affinity K⁺ transporter, HKTs) 在维持植物Na⁺和K⁺离子平衡方面发挥着关键作用, 进而可以影响植物在K⁺缺乏条件下的生长发育, 并在植物响应盐碱胁迫中发挥重要功能。该研究报道了水稻HKT2;1和HKT2;2/1的冷冻电镜结构, 其整体分辨率分别为2.5 Å和2.3 Å。植物中HKT依据离子选择性的不同可以分为Class I和Class II两种亚家族, 其中绝大多数Class I亚家族HKT只能通透Na⁺离子, 而Class II亚家族HKT则可以同时通透Na⁺和K⁺离子。HKT2;1和HKT2;2/1分别具有典型的Class I和Class II亚家族离子选择筛序列。通过比较HKT2;1和HKT2;2/1的选择性滤器精细结构, 该研究揭示了氨基酸Ser88/Gly88和Val243/Gly243在两种亚家族HKT通道实现各自特异的Na⁺和K⁺离子选择性中的关键作用。该发现得到

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

了电生理、酵母功能互补和分子动力学模拟等实验结果的验证。该研究还揭示了HKT蛋白的离子通透孔道中一个由进化上高度保守氨基酸所形成的狭窄区域,并推测该狭窄区域可能参与到通道的开闭过程中。连接HKT蛋白的第II和第III重复单元的连接肽在结构中呈现出指向通道狭窄区域的稳定结构,暗示其有可能参与到通道的门控调节过程。电生理和酵母功能互补实验同样证实了这些结构特征的功能重要性。综上所述,该项工作通过解析水稻HKT2;1和HKT2;2/1离子通道的高分辨率冷冻电镜结构,揭示了HKT两类亚家族对于Na⁺和K⁺离子表现出不同选择性的结构基础,对可能参与HKT通道开闭的关键序列进行了结构分析和实验验证,为开发新的耐盐碱作物品种和增加作物产量提供了重要见解。

来源: Nature Plants

发布日期:2024-04-03

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYSqYOAMrthAMfytIOzGw0524.pdf>

2. 广东省农科院蔬菜所利用转录组等信息学方法分析冬瓜籽型

简介: 2024年4月1日,广东省农业科学院蔬菜研究所冬瓜研究团队组在Scientia Horticulturae发表题为Time-course transcriptome analysis of the two types of seeds provides insights into seed shape differentiation in wax gourd的研究论文。冬瓜种子有双边籽和单边籽两种类型。在种子发育过程中,双边籽的种皮表面有棱的形成,而单边籽的种皮表面没有变化。本研究对B214(双边籽品种)和B227(单边籽品种)4个发育阶段的种子进行了转录组测序,每个阶段3个生物学重复。根据聚类分析的结果,每个阶段选择两个相邻的重复进行后续分析。PCA分析表明,16个样本聚类成8组。Pearson相关分析显示,相邻样本之间的相关性最高。由于B214和B227的种子发育模式不一致,所以根据种子大小和发育状态,选择了3个合适的比较组(B214-5d vs B227-10d、B214-10d vs B227-15d和B214-15d vs B227-20d)进行分析。在3个比较组中,鉴定了特异表达的差异基因,并鉴定了每个比较组的上调差异基因和下调差异基因。差异基因的GO富集分析表明,在B214-5d vs B227-10d中,差异基因主要富集在细胞外围和质膜;在B214-10d vs B227-15d中,与催化活性和细胞外围相关的差异基因最为活跃;在B214-15d vs B227-20d中,差异基因主要富集在单生物相关过程和催化活性。差异基因的KEGG通路分析显示,植物激素信号转导和MAPK信号通路是B214-5d vs B227-10d中最富集的通路,并且该组中与次生代谢物生物合成相关的差异基因最多;在B214-10d vs B227-15d中,最富集的途径是 α -亚麻酸代谢和酪氨酸代谢,该组中的大部分差异基因也与次生代谢物生物合成相关;在B214-15d vs B227-20d中,差异基因主要富集在次生代谢物生物合成和代谢过程。本研究发现,在B214和B227种子中,与次生代谢物生物合成相关的基因是最多或最富集的差异基因。因此,推测与细胞壁组成或细胞结构相关的次生代谢物可能对种子棱的形成和最终种子形状有影响。随后,通过热图和qRT-PCR分析了这些与次生代谢物生物合成相关的差异基因的表达模式。值得注意的是,编码木质素生物合成关键酶的基因Bhi03G001226(PAL)、Bhi04G000496(HCT)和Bhi09G000440(HCT)在B214种子中的表达量显著高于B227。此外,两个HCT基因的表达水平随着种子的发育而上升。木质素是构成植物次生细胞壁的重要次生代谢物,而种皮的形成伴随着次生细胞壁的合成,这表明木质素可能在细胞壁组成和细胞结构中起着重要的作用,从而影响了冬瓜种子发育过程中棱的形成。种皮是由珠被细胞发育而来,转录因子在这个过程

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

中发挥着关键作用。通过热图和qRT-PCR分析了冬瓜中这些同源物在不同发育阶段种子中的表达模式（图5）。结果表明，大多数基因在B214和B227种子中表现出相似的表达模式。Bhi12G000276 (BEL1)、Bhi04G000544 (YAB4/INO)、Bhi08G001097 (KAN1)、Bhi05G000297 (KAN2) 和Bhi03G000276 (ARF3/ETT) 在种子中高表达。然而，KAN家族的其他成员以及HD-ZIP III家族成员 (PHB、PHV、CNA和REV) 在四个发育阶段种子中的表达量较低。上述结果表明，种皮发育相关转录因子在两种类型的冬瓜种子中都有表达，但它们是否参与调控冬瓜的种子形状分化还需要进一步研究。本研究对双边籽品种B214和单边籽品种B227的种子进行了时序转录组测序。通过比较转录组分析，挖掘了两种类型种子在不同发育阶段的转录组差异。结果表明，次生代谢物生物合成相关基因在B214和B227种子的各发育阶段均有差异表达，并且木质素生物合成相关基因在B214种子发育后期具有较高的表达。在种子发育早期，与细胞外围、质膜、植物激素信号转导和MAPK信号通路相关的基因在B214和B227之间差异表达。在种子发育后期，与催化活性、生物合成和代谢过程相关的基因在B214和B227之间差异表达。综上，本研究系统分析了双边籽和单边籽之间的转录组差异，并为深入解析冬瓜籽型分化的调控网络奠定了基础。

来源: Scientia Horticulturae

发布日期:2024-04-01

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3F/Csgk0EG79tyAdtYvAC9gIjc90jg202.pdf>

3. 宾夕法尼亚大学和利兹大学发现了一种在DNA复制过程中调节蛋白质稳定性的蛋白复合物

简介: 2024年3月29日，宾夕法尼亚大学佩雷尔曼医学院和利兹大学的Roger Greenberg等人在Cell上发表题为“The SPATA5-SPATA5L1 ATPase complex directs replisome proteostasis to ensure genome integrity”的研究论文。团队在细胞中发现了一种在DNA复制过程中调节蛋白质稳定性的蛋白复合物。推进了对DNA复制的理解，有助于解释一系列令人费解的遗传疾病，并可能为未来神经和发育障碍治疗的发展提供信息。通讯作者Roger Greenberg博士说：“我们已经发现了细胞中一个关键的DNA复制质量控制机制，我们体内每天都有数万亿个细胞分裂，这需要精确地复制我们的基因组。我们的工作描述了一种在DNA复制过程中调节蛋白质稳定性的新机制。我们现在对这个复杂的生物过程中的重要一步有了更多的了解。”先前的研究已发现，一些蛋白质通过诱导DNA链上的DNA复制成分的分解和再循环来阻止一条DNA链上的复制。在这项研究中，研究人员使用低温电子显微镜、基于CRISPR的突变分析和其他先进技术，获得以下几个新发现：1.SPATA5-SPATA5L1 与C1orf109-CINP异二聚体伴侣与结合，形成异六聚物复合物(55LCC)；2.55LCC与染色质相关，并表现出DNA刺激的ATP酶活性；3.55LCC缺失会导致蛋白质毒性、复制应激和基因组不稳定；4.55LCC响应复制叉的损伤，处理复制复合物底物。具体来说，就是作者综合结构生物学方法证明，异二聚体伴侣C1orf109-CINP与 SPATA5-SPATA5L1相互作用形成复合物55LCC，在圆柱形ATP酶马达上方形成漏斗状结构，表现出复制叉DNA刺激的ATP酶活性提供动力，这个蛋白复合物能够响应复制叉的损伤，与DNA复制复合物相互作用，似乎可以展开紧密折叠的复制复合物，使其被蛋白质剪切酶切碎并清除。55LCC显示的ATP酶活性能够被复制叉DNA特异性增强，并与半胱氨酸蛋白酶依赖的复制体底物裂解偶联，以响应复制叉损伤。缺乏55LCC复合物

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

会引起泛素非依赖性的蛋白质毒性、复制应激和严重的染色体不稳定,复制可能会受阻,受影响的细胞会停止分裂。研究人员推测,55LCC可能不仅参与调控与细胞分裂相关的DNA复制过程,对于复制叉进展和基因组稳定至关重要,还参与调控DNA损伤性病变阻断复制的过程。55LCC也可能与蛋白质循环有关——蛋白质循环是另一个对细胞健康至关重要的过程。众所周知,组成55LCC相关的遗传突变与包括听力丧失、认知和运动障碍以及癫痫在内的儿童综合症有关。科学家在他们的实验中表明,这些致病突变倾向于降低55LCC的结构稳定性或影响其与其他蛋白质的相互作用,这可能为相关人类神经发育障碍的致病变异提供了理论依据。Roger Greenberg说:“这项工作有望标志着对这些严重神经发育综合症的深入了解的开始。最终,这一发现的影响可能会更广泛。它可能会导致减轻与55LCC功能障碍相关的临床问题,包括癫痫、听力损失、智力迟钝和骨髓功能不全。”他的团队正在继续研究55LCC是如何工作和被调节的,包括了解告诉55LCC变得活跃并开始展开DNA复制复合体的精确信号。

来源: Cell

发布日期:2024-03-29

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYSpxmARB35ANxe8Fyht94826.pdf>

4. 美国圣路易斯华盛顿大学等解析衣藻纤毛丝结构并分析分子机制

简介: 2024年3月28日,美国圣路易斯华盛顿大学张锐团队和哈佛医学院Alan Brown团队在Cell杂志发表了题为“Mastigoneme structure reveals insights into the O-linked glycosylation code of native hydroxyproline-rich helices”研究论文。研究人员用单颗粒冷冻电镜技术解析了衣藻纤毛丝(mastigoneme)的结构,并在其轴心发现了一个新的蛋白。结构显示纤毛丝的两个组分蛋白都有一段富含poly(hydroxyproline)的区域,此区域包裹了一层“糖衣”。高分辨电镜结构可以鉴定糖衣的组分和与蛋白的连接方式。另外,结构还阐明了纤毛丝和底部PKD通道耦连的分子机制。衣藻的纤毛丝底部的PKD channel是由MST3和PKD2以1:3的比例组成的(MST3就是衣藻里的那个大家一直寻找的PKD1)。进一步的结构分析和alphafold预测显示MST3的PKD-like domain需要和另一个刚刚发现的SIP蛋白组装才能成为PKD channel的一个完整的subunit,并且和PKD2的折叠方式高度相似。为了验证结构模型,团队对衣藻的mst1,sip,pkd2和mst3突变体做了定量质谱,结果显示了这些蛋白之间的确存在相互依存关系。在负染电镜下,各种突变体的纤毛上都缺失纤毛丝,也符合预测。此外上述突变体游动速度比较野生型衣藻均有所下降(~15%)。虽然目前衣藻的纤毛丝生物功能还不是很清楚,但是它的摆动产生的mechanical信号有可能通过MST3蛋白传到纤毛丝的基部从而控制PKD channel的开关。这个mechanosensing的机制可能也适用于高等动物的PKD channel。这个例子说明结构生物学可以作为工具发现新蛋白和新机理,然后指导下游的遗传和细胞实验。生物学研究不一定都要假说驱动,也可以通过观察和学习。

来源: Cell

发布日期:2024-03-28

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3F/Csgk0EG79ZaAVJ1FAL1ZJhHpetE693.pdf>

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