



2024年第16期总368期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 学术文献

1. 安徽农业大学通过调控大豆miR396基因增加籽粒大小提高大豆产量
2. 四川大学基于多组织转录组研究紫锥菊中菊苣酸生物合成
3. 福建农林大学揭示番茄闭花授粉结构形成调控机制
4. 谢布鲁克大学综述了气候变化影响植物-病原体相互作用机制
5. 美国加州大学戴维斯分校发现抵御寄生植物的微生物

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

2024年4月15日

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. 安徽农业大学通过调控大豆miR396基因增加籽粒大小提高大豆产量

简介: 2024年4月10日, 安徽农业大学朱建华团队在JIPB发表了题为“Knockout of miR396 genes increases seed size and yield in soybean”的研究论文。大豆是当今世界上最主要的粮油作物之一, 如何在有限的耕地上提高大豆的产量是大豆育种的首要目标。长期以来, 提高产量一直是大豆育种的一项重要任务, 以满足对食品和动物饲料日益增长的需求。作物的籽粒大小和籽粒数量是影响产量的重要因素。miR396是植物中的一个相对保守的非编码内源性单链结构小RNA, 其对靶基因GRF的表达具有重要调控作用。miR396基因已被证明能够调控植物的分蘖、粒型和穗型等特征, 从而直接影响作物的产量。但miR396家族成员是否可能以类似的方式在大豆中发挥作用尚不清楚。该研究通过CRISPR/Cas对高产大豆品种“中黄302”(ZH302)的6个miR396基因进行编辑, 创制了8种类型的多基因突变体, 这些突变体具有不同的基因突变组合, 包括4个三重突变体(mir396aci、mir396acd、mir396adf和mir396cdf)、2个四重突变体(mir396abcd和mir396acfi)和2个五重突变体(mir396abcdf和mir396bcdfi)。研究发现, 与ZH302相比, 所有mir396突变体都产生了更大的种子。田间试验表明, mir396adf和mir396cdf植株在“中黄302”品种的适应生长区籽粒显著增大、果荚数显著增多、产量显著提高。

来源: JIPB

发布日期:2024-04-10

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYYidmAPffhAGljjPBLHLc321.pdf>

2. 四川大学基于多组织转录组研究紫锥菊中菊苣酸生物合成

简介: 2024年4月10日, 四川大学生命科学学院付饶/张阳团队在The Plant Journal在线发表了一篇题为EpMYB2 positively regulates chicoric acid biosynthesis by activating both primary and specialized metabolic genes in purple coneflower的研究论文, 在菊苣酸合成的转录调节机制研究中取得新进展。该研究首先基于多组织转录组, 通过共表达和系统发育分析, 发现EpMYB2是一种响应茉莉酸甲酯(MeJA)处理的典型R2R3型MYB转录因子(TF), 是菊苣酸生物合成的正调节因子。除了直接调节菊苣酸生物合成基因外, EpMYB2还正向调节上游莽草酸途径的基因。该研究还发现, EpMYC2可以通过结合其G-box位点来激活EpMYB2的表达, 并且EpMYC2-EpMYB2模块参与MeJA诱导的菊苣酸生物合成。综上, 该研究发现了一种MYB TF, EpMYB2, 其通过激活初级和次级代谢相关基因表达进而正向调节菊苣酸的生物合成, 并且EpMYC2-EpMYB2模块的鉴定连接JA信号通路和菊苣酸生物合成之间的桥梁。该研究结果为通过工程涉及具有更高要用品质的紫锥菊开辟了新的方向。

来源: The Plant Journal

发布日期:2024-04-10

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3F/Csgk0EHBHdWAaG8UADMs7iUN6mg453.pdf>

3. 福建农林大学揭示番茄闭花授粉结构形成调控机制

简介: 2024年4月4日, 福建农林大学吴双教授团队在Science期刊在线发表了题为“HD-Zip proteins modify floral structures for self-pollination in tomato (番茄通过调控HD-Zip蛋白的表达促进闭花授粉结构的形成)”的研究论文, 在番茄上首次解析植物通过形成特殊表皮毛, 改变花的结构, 进而改变授粉方式的分子机制。本研究首先发现现代栽培番茄的花药边缘形成了一类特殊的表皮毛结构, 通过相互铰链, 形成一个类似拉链的结构, 将相邻的花药紧紧锁住, 形成密闭的花药桶结构。通过遗传筛选, 研究人员发现, 当控制番茄表皮毛的关键调控因子发生负显性突变时, 番茄闭花授粉结构被破坏, 花药散开的现象。研究人员进一步鉴定到此负显性突变影响的多个关键基因。这些关键基因同属于一类可以激活下游基因表达的HD-Zip IV转录因子。它们不但在番茄花药锁扣表皮毛起始细胞中高表达, 并且通过蛋白浓度剂量效应调控锁扣表皮毛的起始和核内复制。有趣的是, 这些HD-Zip IV转录因子同时也在花柱的顶部区域高表达, 同样通过浓度剂量调控花柱细胞的核内复制, 进而促进花柱的极性伸长。在还未真正变成番茄的近缘茄科植物类番茄中, 花药边缘的锁扣表皮毛还未进化, 完全缺失。当进化到野生番茄(潘那利番茄)时, 其花药边缘开始形成早期的锁扣表皮毛, 但这类简单的早期锁扣表皮毛不足以促进花药闭合。通过驯化, 锁扣表皮毛在现代番茄中逐渐成熟和复杂化, 最终促进形成闭合的花药桶结构。而这一过程与HD-Zip IV转录因子的表达量紧密关联。在番茄花柱中, 研究人员发现HD-Zip IV转录因子调控花柱长度决定因子Style 2.1的空间表达。因此推测在番茄进化早期, HD-Zip IV转录因子时空表达的改变促进番茄花药形成闭合结构, 但同时也促进花柱伸长外露。在这个阶段, 由于野生番茄中的自交不亲和尚未解除, 自花授粉难以发生, 这样的花结构使得野生番茄仍然能够通过昆虫传粉完成受精和繁殖。当自交不亲和性状突变缺失后, 人为驯化倾向于筛选具有Style 2.1突变的后代, 形成花柱内缩, 以及花药桶紧闭的完全闭花授粉结构。该研究解析了植物通过调控表皮毛的发育改变花器官的结构, 这可为未来改造植物授粉方式, 增加结实率和提高植物的逆境适应力, 以及未来转基因作物的安全控制提供重要参考。

来源: Science

发布日期:2024-04-04

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3F/Csgk0EHB11qAf_vYALMhND_cavQ302.pdf

4. 谢布鲁克大学综述了气候变化影响植物-病原体相互作用机制

简介: 2024年4月4日, 谢布鲁克大学Peter Moffett团队于 Trends in Plant Science 上发表了题为The plant disease triangle facing climate change: a molecular perspective的综述论文。研究综述了气候变化如何影响植物-病原体相互作用, 重点关注调控植物免疫和微生物毒力策略的机制。研究强调了非生物和生物胁迫之间的复杂相互作用, 旨在识别作为遗传工程有希望的目标组分和/或途径, 以增强在动态变化的环境中的适应性。1960年, Russell B. Stevens提出了“植物病害三角模型”的概念, 该模型认为植物病害的发展需要三个条件: 易感宿主植物、有毒力的病原体和有利的环境条件。鉴于气候变化预测指出全球环境条件将在未来几十年经历重大变化, 包括极端天气事件的频率和严重程度增加。这些变化, 如温度升高、降水模式改变、大气CO₂含量和土壤盐分水平增加, 将对植物生长和生产力产生显著影响。研究已经证实非生物胁迫与植物对病原性感染易感性之间的相关性。综述探讨了在未来气候预计增加的非生物胁迫如何重塑对植物病害三角

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

模型概念的理解，特别强调它们对植物免疫系统和微生物毒力策略的影响。全面理解气候变化如何从机制上影响植物免疫、微生物致病性和环境之间的相互作用，可以帮助设计和实施急需的减轻和适应策略，以减少植物对气候变化的脆弱性。

来源: Trends in Plant Science

发布日期:2024-04-04

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/3F/Csgk0EHBHICASR2tABcTca7UIKU158.pdf>

5. 美国加州大学戴维斯分校发现抵御寄生植物的微生物

简介: 2024年3月26日，美国加州大学戴维斯分校的Siobhan Brady团队在Cell Reports上发表论文“The soil microbiome modulates the sorghum root metabolome and cellular traits with a concomitant reduction of Striga infection”。团队发现一种细菌可以帮助非洲一种主要作物抵御寄生植物，该研究可以提高高粱产量，而高粱是西非及东非国家的主要食物和饮料来源。当高粱植物发现自己处于低磷土壤中时，它们会从根部释放出化学物质，吸引真菌来帮助它们获取磷酸盐。对高粱来说，不幸的是，独脚金在进化过程中也对这种信号做出了反应。这种寄生植物劫持了信号传递，当种子从根部感知到同样的信号时就会发芽。发芽后，独脚金会对来自高粱的其他化学信号做出反应，这些信号会触发寄生植物长出被称为“吸器”的附属物，使其能够抓住并穿透高粱根部。一旦它与高粱的维管建立了这种联系，它就像一条通往寄生植物的营养超级高速公路。研究人员想知道土壤微生物能否阻断这种劫持。以前的研究表明，一种土壤真菌镰刀菌能抑制独脚金发芽，从而抑制对高粱的侵染，但对于土壤细菌或真菌是否能够通过改变高粱根部来抑制独脚金侵染，人们知之甚少。作为首次试验，研究人员比较了在“天然”土壤中发芽的高粱幼苗和在消毒土壤中生长的幼苗的易感性。他们发现，在天然土壤中生长的植株比在消毒土壤中生长的植株更少受到独脚金的侵染，这表明细菌在植株的抗侵染能力中发挥了重要作用。接下来，研究人员希望研究这种抗性背后的机制。他们综合利用遗传学、显微镜和体外实验，发现微生物会降解帮助独脚金附着在宿主身上的化学信号，并改变高粱根部的解剖结构，使独脚金更难附着。他们观察到，当高粱植株生长在充满微生物的天然土壤中时，细菌会诱导基因，使高粱根部形成一层更厚的“木栓质”，这是一种蜡质物质，可以起到阻挡独脚金的作用，而更多充满空气的间隙或“通气组织”也会阻碍独脚金附着在高粱上。通过基因测序，研究人员确定了100多个与独脚金抗性相关的细菌类群。当他们在体外测试其中八种细菌菌株的功能时，发现一株假单胞菌能降解土壤中的化学信号，一株节杆菌能提高高粱根部的栓质化。研究人员能够鉴定出单个微生物令人兴奋，因为土壤中通常有一整套微生物，它们有可能共同发挥作用。研究人员的最终目标是找出微生物解决方案，让农民可以用它们来处理土壤或种子，帮助预防独脚金侵染。这应该成为农民的一揽子综合解决方案的一部分--工具包中的另一种工具。现在，研究人员正在寻找赋予其他抗性特征的微生物。他们还在从埃塞俄比亚开始，对其他地区的土壤微生物进行特征鉴定，并调查这些相同的微生物是否能赋予同样受寄生植物影响的其他作物物种以独脚金抗性。研究人员需要确保他们使用的微生物来自将应用这些微生物的国家，这样才能保持生物多样性。研究人员还希望优先使用那些能够在其他作物品种（如水稻）中发挥良好作用的微生物。

来源: Cell Reports

发布日期:2024-03-26

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

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYXzxSAd7u0ABYvj9T4M4U492.pdf>