



2024年第17期总369期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 学术文献

1. 日本创建新的基因组数据库揭示了日本人的血统来源线索
2. 2. 美国纽约洛克菲勒大学通过环境DNA文库发现新抗噬菌体防御系统
3. 华盛顿大学发现链霉菌抗菌蛋白复合物新机制
4. 华中农业大学油菜遗传育种团队揭示油菜类胡萝卜素和ABA合成调控新机制
5. 西南大学开发CRISPR-Cas单一转录单元代理报告系统

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22日

学术文献

1. 日本创建新的基因组数据库揭示了日本人的血统来源线索

简介: 2024年4月17日, 日本理研综合医学科学中心, 理化研究所Xiaoxi Liu研究团队在 Science Advances 发表一篇名为“Decoding triancestral origins, archaic introgression, and natural selection in the Japanese population by whole-genome sequencing”的研究论文, 研究团队对3000多名日本人进行全基因组测序 (WGS) 后所获得的新发现表明, 现代日本人的祖先大多起源于三个群体。这项新的分析还对日本人基因组中的功能丧失性基因变异进行了表征, 描述了可追溯到尼安德特人和丹尼索瓦人的远古DNA片段中的疾病相关性变异。大规模的全基因组测序研究主要集中在欧洲人群; 亚洲人的全基因组数据则存在空白, 因此人们实际上缺乏对亚洲人的血统起源和基因性疾病易感性的了解。Xiaoxi Liu 研究团队如今报告了“日本人全基因组/外显子组测序数据库大全” (JEWEL), 这是根据日本生物样本集 (BBJ) 数据库创建的一个研究资源。他们对采自日本7个地理区域 (北部、东北部、东部、中部、西部、南部和冲绳) 的3256人的样本进行了测序, 并对其进行了群体基因学分析。他们发现, 现代日本人很可能来自新石器时代的绳文狩猎-采集者, 还有一个祖先群体被认为是中国的汉族, 而第三个祖先群体则与东北亚的某个未经确认的群体有关联。这种“三方起源”的模型挑战了现有的假设, 即现代日本人群仅来自两个源头: 先是绳文人, 后为弥生人。该研究小组还发现了日本人群中某些特定基因的新型功能丧失性变异。他们接着对44个古老的基因片段进行了表征, 它们中的2个来自丹尼索瓦人, 42个来自尼安德特人。这2个丹尼索瓦人的基因片段与人的身高和II型糖尿病对应。有几个尼安德特人的基因片段与重型COVID-19、冠状动脉病、类风湿性关节炎、前列腺癌及其他疾病有关。该研究凸显了全基因组测序在个性化医疗和其他临床情况中的潜在应用, 强调了将全基因组测序扩展到不同人群以解码遗传特征并以人群特异性方式更好地了解人类历史的重要性。

来源: Science Advances

发布日期:2024-04-17

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYiGL6AEJCyAB6_vmu6618681.pdf

2. 美国纽约洛克菲勒大学通过环境DNA文库发现新抗噬菌体防御系统

简介: 2024年4月17日, 美国纽约洛克菲勒大学细菌学实验室Luciano A Marraffini团队在 Nature 发表题为DNA glycosylases provide antiviral defence in prokaryotes的研究论文。细菌已经进化出多种防御系统来对抗噬菌体的捕食。尽管可以通过生物信息学工具识别抗噬菌体免疫基因, 但新系统的发现受限于现有的原核生物序列数据。为了克服这一限制, 研究者们使用了一种土壤元基因组DNA库, 通过感染大肠杆菌来筛选携带保护性基因的克隆, 并鉴定了一种DNA糖基化酶Brig1, 能够从T4噬菌体基因组中切除 α -葡萄糖基化的羟甲基胞嘧啶 (α -glucosyl-hmC) 核苷酸, 产生无碱基位点, 从而抑制病毒复制。在多个噬菌体防御位点中发现了提供对T-even噬菌体免疫的Brig1同源物, 这些位点分布在不同细菌分支中。本研究突出了筛选未测序DNA的好处, 并揭示了原核生物DNA糖基化酶在细菌与噬菌体军备竞赛中的重要作用。通过一系列的实验, 包括噬菌体吸附试验、定量PCR分析、下一代测序等, 研究者们证明了Brig1能够抑制T4噬菌体的DNA

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

复制，并且这种抑制作用是特异性的。Brig1通过识别并切除病毒DNA中的 α -glucosyl-hmC核苷酸来提供防御，这一过程可能通过阻碍噬菌体转录和/或复制，或导致DNA链断裂和DNA-蛋白质交联来实现。研究者们还发现了Brig1的多个同源物，并发现它们也提供对T4和T6噬菌体的免疫。Brig1及其同源物的发现为理解细菌如何通过DNA糖基化酶来防御噬菌体提供了新的视角，并可能对开发新的抗噬菌体策略具有重要意义。总之这篇文章提供了对原核生物中抗病毒防御机制的深入理解，并展示了通过筛选环境DNA来发现新的抗噬菌体防御系统的有效方法。

来源: Nature

发布日期:2024-04-17

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/40/Csgk0EHLZf-ASOyzAMLN_-o6oSw522.pdf

3. 华盛顿大学发现链霉菌抗菌蛋白复合物新机制

简介: 2024年4月17日，华盛顿大学David Veessler和Joseph D Mougous团队在Nature发表题为“*Streptomyces umbrella* toxin particles block hyphal growth of competing species”的研究论文。研究发现除了小分子抗生素，链霉菌还能产生和分泌含有大的、多态毒素蛋白的抗菌蛋白复合物。这些复合物通过冷冻电镜结构分析显示，它们具有一个延伸的柄和一个环状的冠，由毒素重复序列构成，因此被命名为“umbrella particles”（伞状粒子）。链霉菌属色链霉菌编码三种伞状粒子，每种都具有不同的毒素和凝集素组成。这些粒子的结构通过AlphaFold预测和冷冻电镜分析得到解析。研究发现，含有这些毒素的上清液能够特异性地强效抑制筛选出的链霉菌物种的生长。对其中一个目标物种——灰色链霉菌（*Streptomyces griseus*），抑制作用依赖于单个毒素，并且表现为营养菌丝生长的快速停止。这些数据表明，链霉菌伞状粒子在相关物种的营养菌丝之间介导竞争，这与在生殖生长开始时产生的、作用广泛的小分子抗生素的功能不同。序列分析表明，伞状粒子的这种作用可能不仅限于链霉菌，因为在放线菌门的近1000个物种中都发现了伞状基因座。文章中使用了多种实验技术，包括AlphaFold结构预测、免疫共沉淀-质谱分析（IP-MS）、冷冻电镜（cryo-EM）和生物信息学分析。这项研究发现链霉菌产生的抗菌蛋白复合物能够选择性地抑制相关物种的菌丝生长，这一功能与其所知的小分子抗生素有所不同。这对于开发新型抗菌剂，解决耐药性问题具有重要意义。

来源: Nature

发布日期:2024-04-17

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYiFz-AGd3zAMWBmiE49ss870.pdf>

4. 华中农业大学油菜遗传育种团队揭示油菜类胡萝卜素和ABA合成调控新机制

简介: 2024年4月15日，华中农业大学油菜遗传育种团队在Plant Physiology发表了题为“*BnaABF3* and *BnaMYB44* regulate the transcription of zeaxanthin epoxidase genes in carotenoid and abscisic acid biosynthesis”的研究论文。该研究解析了甘蓝型油菜类胡萝卜素和脱落酸（ABA）生物合成关键基因BnaZEPs的复杂调控机制。类胡萝卜素是重要的天然色素，不仅可以赋予植物多个器官丰富的颜色，还在植物光合作用、光保护、抗氧化和ABA等激素合成中占有重要地位。因此，类胡萝卜素的生物合成与调控一直是

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

植物科学领域的研究热点之一。目前，类胡萝卜素生物合成路径已经得到充分阐释，大量结构基因被发现并进行了功能验证，但类胡萝卜素调控路径的研究还十分有限，只有少数转录因子的调控功能被证实。课题组前期在甘蓝型油菜中图位克隆了花瓣中的类胡萝卜素合成关键基因BnaA09.ZEP和BnaC09.ZEP (The Plant Journal, 104:932-949)，这两个同源拷贝同时突变导致甘蓝型油菜黄花转变成橙花。后续研究发现，BnaZEPs共有四个同源拷贝，除了在花瓣中优势表达的BnaA09.ZEP和BnaC09.ZEP，还有两个在叶片中优势表达的BnaA07.ZEP和BnaC07.ZEP，说明BnaZEPs存在器官特异的功能分化。为验证该设想，课题组通过敲除实验证实了BnaA09.ZEP和BnaC09.ZEP主要参与花中类胡萝卜素合成，影响甘蓝型油菜的花色，而BnaA07.ZEP和BnaC07.ZEP主要参与叶片中类胡萝卜素和ABA的合成，影响甘蓝型油菜的耐旱性。虽然它们在不同组织中发挥功能，但也存在部分功能冗余。随后，启动子互换的遗传转化实验证明，启动子序列差异是导致BnaZEPs功能分化的决定因素。为发掘BnaZEPs上游调控因子，课题组利用酵母单杂、EMSA和Dual-LUC等技术，结合转基因和RNA-seq技术，筛选并证实了ABA响应因子BnaABF3s以及R2R3 MYB转录因子BnaMYB44s对BnaZEPs的差异调控：BnaABF3s可以直接激活BnaZEPs的四个同源拷贝的表达，在干旱胁迫下促进ABA的合成，从而提高油菜的耐旱性；而BnaMYB44s不靶向BnaA07.ZEP和BnaC07.ZEP，它特异抑制花瓣中BnaA09.ZEP和BnaC09.ZEP的转录，影响甘蓝型油菜花瓣中类胡萝卜素的组分变化，并抑制苯丙烷和类黄酮的生物合成。基于上述结果，本研究提出了一个甘蓝型油菜BnaZEPs的工作模型(图1)。四个BnaZEPs具有相似的蛋白功能，在不同的组织中催化玉米黄质向紫黄质的转化。BnaA09.ZEP和BnaC09.ZEP在花器官中行使功能，影响植株的花色，BnaA07.ZEP和BnaC07.ZEP主要在叶片中表达，影响植株的耐旱性。在花瓣和叶片中，有相同和不同的转录因子参与BnaZEPs的调控：其中BnaABF3s同时靶向所有拷贝，它不仅是ABA信号转导路径的重要转录因子，也是类胡萝卜素合成路径的重要调控因子，反馈调节ABA响应基因BnaZEPs的表达；BnaMYB44s特异抑制BnaA09.ZEP和BnaC09.ZEP的表达。另外，它们的同源蛋白如BnaABF1、BnaMYB73和BnaMYB77可能也参与对BnaZEPs的差异调控。该研究结果为甘蓝型油菜多拷贝基因的功能分化提供了明确的证据，并有助于我们进一步揭示类胡萝卜素和ABA合成路径复杂的调控网络。

来源: Cell Reports

发布日期:2024-04-15

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYiGlaADfwTAB2ODDGqAZw760.pdf>

5. 西南大学开发CRISPR-Cas单一转录单元代理报告系统

简介: 2024年4月13日, 西南大学生命科学学院张勇教授团队联合西南大学园艺园林学院宋洪元教授团队、马里兰大学Yiping Qi教授在Plant Communications上发表了题为Boosting genome editing in plants with single transcript unit surrogate reporter systems的研究论文。该研究工作基于前期构建的单一转录单元CRISPR-Cas (STU-CRISPR) 基因组编辑系统(Tang et al., 2016; Tang et al., 2019), 构建了基于代理报告系统的STU-SR植物基因组编辑系统, 实现了对Cas9敲除编辑、C to T及A to G碱基编辑事件的高效富集, 有效拓展了植物基因组编辑工具箱, 为精准植物遗传改良提供了强有力的技术支持。研究者们在STU-CRISPR系统基础上, 结合包含内源基因编辑位点的筛选标记报告基因, 构建了STU-SR-SSA系统。通过使用相同的sgRNA同时针对报告基因和内源基因进行编辑, 建

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

立了报告基因编辑与目标基因编辑的直接联系。当报告基因被sgRNA切割后,可通过SSA被修复为有功能的筛选标记基因,从而筛选得到的抗性植株中发生编辑的概率大幅提升。水稻中的实验结果显示,STU-SR-SSA系统在测试的内源基因位点上均达到了100%的编辑效率,与传统系统相比,编辑效率显著提升。此外,双等位基因编辑效率也得到了提高,OsPDS-sgRNA02和OsDEP1-sgRNA01两个位点的双等位编辑效率均达到100%。为实现碱基编辑事件的有效富集,研究者构建了STU-SR-BE系统。通过去除标记基因起始密码子并添加内源基因位点序列得到报告基因,报告基因被C to T或A to G编辑后形成新的起始密码子,恢复标记基因的正常功能。水稻中的结果表明:与传统CRISPR-Cas9系统相比,STU-SR-BE系统在多个内源基因位点上显著提高了编辑效率,与SpRY结合有效拓展了STU-SR-BE系统的应用范围。最后,研究者选取双子叶植物甘蓝来测试STU-SR系统的适用性。实验结果表明,与传统的CRISPR-Cas9系统相比,STU-SR-SSA系统在所有测试的内源基因位点上都实现了更高的编辑效率,BoPDS-sgRNA01位点的编辑效率从0%提高到了35%,BoPDS-sgRNA02位点的编辑效率从5%提高到了16.7%,BoBIK-sgRNA01位点的编辑效率显著提高了48.4%。这表明STU-SR系统能够有效地富集基因编辑事件,并在不同植物物种中具有广泛的应用潜力。

来源: Plant Communications

发布日期:2024-04-13

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/40/Csgk0EHLZ9CAet7WAKWUuuk3ZJA734.pdf>