



2024年第18期总370期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 学术文献

1. 浙江省农科院等揭示了豇豆驯化与改良的基因组选择印迹
2. 康奈尔大学基于代谢组学体外筛选能快速代谢氨基酸的肠道微生物
3. 美国哈佛医学院揭示棕色脂肪中支链氨基酸作为氮供体调节健康机制
4. 安徽农业大学发表借AlphaFold开发的新型核酸酶Cas-SF01应用新进展
5. 北京林业大学三维重建技术和多组学手段揭示银杏胚胎发育

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)

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

2024年4月29日

## 学术文献

### 1. 浙江省农科院等揭示了豇豆驯化与改良的基因组选择印迹

**简介:** 2024年4月22日, 浙江省农业科学院李国景团队与浙江大学张明方团队合作在国际遗传学顶级期刊Nature Genetics发表了“Differential selection of yield and quality traits has shaped genomic signatures of cowpea domestication and improvement” 的研究论文, 揭示了豇豆驯化与改良的基因组选择印迹, 阐明了豇豆产量和品质协同提升的遗传机制, 为粮用豇豆和菜用豇豆的双向改良提供了基因组工具, 研究成果有望为缓解地球人口持续增加导致非洲等发展中国家食物安全问题和改善人类膳食营养结构提供基因组育种新策略。研究团队首先组装了粮用豇豆和菜用豇豆高质量基因组, 基于比较基因组研究发现了亚种间大量的基因组结构变异, 鉴定出主要与细胞生长和分化过程中胞膜重建有关的糖鞘脂通路上的特异扩张基因, 可能与菜用豇豆的超长豆荚生长发育有关; 揭示了粮用豇豆特异扩张的基因主要富集在与粮用豇豆碳水化合物积累、抗病抗逆性相关的能量生产与转运通路上。该研究通过对从全世界收集到的344份核心种质进行重测序, 揭示了豇豆亚种之间基因组水平上的遗传进化关系, 发现了豇豆种质可以清晰地区分为粮用豇豆、菜用豇豆地方品种和菜用豇豆育成品种三个亚群, 并结合GWAS和选择性清除分析挖掘到与驯化和改良相关的基因组印迹信号和重要基因 / 遗传位点, 构建了从粮用豇豆-菜用豇豆地方品种-菜用豇豆育成品种的驯化与改良过程中涉及耐旱、抗病和产量相关性状的基因组变异图谱。研究进一步发现豆荚落粒性、嫩荚和籽粒总淀粉含量、单荚籽粒数、嫩荚可溶性糖含量、荚长等产量和品质相关性状在豇豆驯化与改良进程中受到强烈的人工选择。从粮用豇豆到菜用豇豆, 荚长、单荚籽粒数和嫩荚可溶性糖、籽粒淀粉与籽粒粗蛋白含量受到持续的正向选择, 而落粒性、千粒重、籽粒可溶性糖含量及一些抗病抗逆位点逐步丢失; 粮用豇豆的驯化与改良主要涉及籽粒大小和籽粒品质性状, 而菜用豇豆的驯化与改良主要集中在荚长和嫩荚品质性状。研究结果表明, 通过在菜用豇豆上聚合荚长、单荚粒数、嫩荚可溶性糖等位点的有利等位变异, 同时从粮用豇豆中引入一些抗病、抗逆相关的有利等位变异, 可以实现菜用豇豆产量、品质、抗逆(病)性状的协同提升; 同样在粮用豇豆上, 通过聚合千粒重、籽粒可溶性糖含量、籽粒淀粉含量等位点的有利等位变异, 同时从菜用豇豆中引入荚长、单荚粒数、耐裂荚性等有利等位变异, 改良非洲粮用豇豆的生产性能。该研究全面解析了豇豆驯化与改良中重要性状相关的基因组选择特征, 为豇豆品质、产量、抗逆(病)性状的协同改良提供了基因组育种路线图。

**来源:** Nature Genetics

**发布日期:**2024-04-22

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYq9qmAM-B1AIJvGoKrjLI307.pdf>

### 2. 康奈尔大学基于代谢组学体外筛选能快速代谢氨基酸的肠道微生物

**简介:** 2024年4月22日, 来自美国康奈尔大学威尔康奈尔医学院 (Weill Cornell Medicine, Cornell University) 的郭春君研究组在Cell Host & Microbe上在线发表题为Microbiota metabolism of intestinal amino acids impacts host nutrient homeostasis and physiology的研究论文。在这篇论文中, 作者基于代谢组学体外筛选, 系统地鉴定了一系列能够快速代谢

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

氨基酸的肠道菌，并在此基础上通过细菌遗传操作，验证了多个负责代谢氨基酸代谢的酶和基因，最后利用无菌小鼠模型，在单菌和基因层面，证明了肠道微生物的氨基酸代谢对宿主氨基酸水平和血糖耐受的影响。作者首先基于104株肠道微生物开发了一套基于代谢组学的高通量体外活体细菌筛选方法，来鉴定可以在体外条件下快速代谢氨基酸的肠道菌。基于该方法，作者发现不同菌在代谢氨基酸的能力上存在广泛差异。大部分 *Bacteroides* 属的细菌能快速代谢天门冬氨酸 (Asp)，天门冬酰胺 (Asn)，谷氨酸 (Glu)，谷氨酰胺 (Gln) 四种氨基酸。然而，*Clostridium* 属的菌在代谢氨基酸的能力上并无统一规律，其中，少部分细菌比如 *C. sporogenes* ATCC15579 和 *C. senegalense* DSM25507 可以快速代谢多种氨基酸。此外，一部分肠道细菌对多种氨基酸并无明显的代谢能力。随后，作者基于体外筛选的结果，挑选了三株能够快速代谢氨基酸的菌（包括 *B. ovatus* ATCC 8483，*C. sporogenes* ATCC15579 和 *C. senegalense* DSM25507）分别定植无菌小鼠，从而研究单菌层面细菌的氨基酸代谢对宿主氨基酸稳态的影响。作者发现，单株菌的定植就能够显著降低宿主肠道和循环系统里的对应氨基酸水平，并且这些受到影响的氨基酸和体外氨基酸代谢筛选实验结果一致，体现了体外氨基酸代谢实验可以在一定程度上预测细菌在体内对宿主氨基酸水平的影响。接下来，为了从基因层面探究细菌氨基酸代谢对宿主的影响，作者基于几种能够快速代谢氨基酸的细菌（*B. ovatus* ATCC 8483，*B. hydrogenotrophica* DSM10507，*C. sporogenes* ATCC15579 和 *C. senegalense* DSM25507）预测了潜在的代谢通路和代谢候选基因，并用不同的细菌遗传操作方法（包括 CRISPR-cas9，同源重组，Group II intron）对这些候选基因进行了基因敲除，最后在35个突变株中鉴定出14个对不同氨基酸代谢起到关键作用的基因（酶）。作者进一步在突变敲除株中回补这些基因，来证明这些基因对于代谢氨基酸的必要性。此外，作者通过在380个肠道微生物基因组中BLAST揭示了这些代谢氨基酸的功能基因在人类肠道微生物组中广泛存在。随后，作者通过在无菌小鼠中定植野生型细菌和特定氨基酸代谢缺陷的突变株，研究是否可以在单基因层面调控细菌的氨基酸代谢来影响宿主的氨基酸水平。作者发现，该实验中所测试的突变株（精氨酸 (Arg)，Asn，亮氨酸/异亮氨酸 (Leu/Ile)，Glu，组氨酸 (His)，脯氨酸 (Pro)，色氨酸 (Trp) 代谢缺陷) 定植小鼠相对于野生菌定植小鼠，都在粪便中有更高的氨基酸水平。其中，Asn, Leu/Ile, His, Pro 代谢对应的突变株，血液中的氨基酸水平也显著更高。另外，作者还研究了肠道菌的氨基酸代谢对宿主糖耐受的影响，发现 Leu/Ile 和 Trp 代谢缺陷突变株的定植，相对于野生型细菌，在葡萄糖糖耐受上表型出显著的差异，并揭示了血清素 (Serotonin) 在其中扮演的重要作用。综上所述，作者基于代谢组学，细菌基因编辑，无菌小鼠模型，生物信息学等手段方法系统地在菌株层面和基因层面研究了肠道微生物对氨基酸的代谢，并揭示了细菌层面的氨基酸代谢对宿主氨基酸水平和葡萄糖耐受的重要作用。在前人研究的基础上，该工作进一步展示了肠道微生物像肝脏一样的代谢功能为将来进一步研究肠道微生物氨基酸代谢对宿主的影响提供了丰富的资源，也为开发疾病肠道标志物，设计工程菌治疗相关疾病奠定了基础。

来源: Cell Host & Microbe

发布日期:2024-04-22

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6D/Csgk0WYq9dSAbqQzAEgzFARZ7f0533.pdf>

### 3. 美国哈佛医学院揭示棕色脂肪中支链氨基酸作为氮供体调节健康

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

## 机制

**简介:** 2024年4月22日, 美国哈佛医学院贝斯以色列女执事医疗中心 (BIDMC) 的Kajimura课题组在《Cell》期刊上发表题为BCAA-nitrogen flux in brown fat controls metabolic health independent of thermogenesis的关于棕色脂肪 (BAT) 中线粒体支链氨基酸 (BCAA) 代谢的研究论文。研究团队构建了一个棕色脂肪特异性线粒体BCAA通道蛋白敲除的小鼠模型, 发现在这些小鼠中, BCAA的线粒体分解代谢受损, 导致全身胰岛素抵抗, 但能量消耗和体重并未受到影响。研究利用液相色谱-质谱 (LC-MS) 技术和稳定同位素标记的代谢流分析, 揭示了BCAA在棕色脂肪中作为氮供体而非TCA循环燃料的生理机制。研究发现, BCAA衍生的氮用于合成谷氨酸、丙氨酸及其下游产物, 包括N-乙酰基-谷氨酸、N-乙酰基-天冬氨酸和谷胱甘肽。而BCAA的碳流则以BCKA和3-羟基异丁酸 (3-HIB) 的形式从棕色脂肪细胞中释放。研究还发现, MBC (SLC25A44) 是线粒体膜上BCAA的重要运输蛋白, MBC敲除导致BCAA衍生的代谢物分泌量显著降低。此外, 谷氨酸载体 (GC1) 与MBC邻近/互作, 可能通过转运来自BCAA转氨作用的线粒体谷氨酸来支持线粒体BCAA分解代谢。研究人员构建了MBC全身敲低的小鼠模型, 发现BCAA的清除受损, 血液中BCAA水平增加, 同时血糖显著升高, 表现出葡萄糖和胰岛素不耐受。BAT特异性MBC敲除小鼠模型也表现出胰岛素耐受性受损。这些结果表明, BCAA氮流代谢受损减弱了胰岛素耐受性, 而不影响全身能量消耗和体重。进一步的研究表明, BAT中的BCAA分解代谢对肝功能有影响, BCAA分解代谢受损导致肝脏胰岛素抵抗而不影响能量消耗。血清代谢组学分析发现, 模型小鼠血液循环中的谷氨酸、天冬氨酸、谷胱甘肽和谷胱甘肽二硫化物显著降低, 这些代谢物都是BCAA氮衍生代谢物。补充谷胱甘肽可以恢复模型小鼠的胰岛素耐受性, 表明BAT中BCAA分解受损及BCAA衍生代谢物合成的减少导致肝脏氧化应激升高并减少胰岛素信号传导。最后, 研究还探讨了肥胖和温度对BAT中BCAA衍生代谢物合成的影响。高脂喂养的肥胖小鼠模型中, BAT中涉及BCAA分解代谢的通路显著降低。冷刺激条件下, BAT及血液循环中的BCAA衍生代谢物显著增加。成年人BAT的冷激活与循环中谷胱甘肽水平相关。这项研究提供了棕色脂肪代谢益处的新机制, 即BAT中的BCAA分解代谢通过产生BCAA衍生的含氮代谢物来调节全身氧化还原平衡和葡萄糖稳态, 而不依赖于能耗和体重的变化。研究还展示了基于质谱的同位素标记代谢流分析技术在解决复杂代谢生物学问题中的重要作用。

**来源:** Cell

**发布日期:**2024-04-22

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/40/Csgk0EHUQ2-AF0G-AE-ryOI7Q6I228.pdf>

## 4. 安徽农业大学发表借Alphafold开发的新型核酸酶Cas-SF01应用新进展

**简介:** 2024年4月21日, 安徽农业大学生命科学学院朱建华教授、牛庆丰教授及南方科技大学朱健康院士团队合作在Plant Biotechnology Journal发表题为: ‘Engineering soybean with high levels of herbicide resistance with a Cas12-SF01-based cytosine base editor’ 研究论文, 研究前期通过使用AI预测Cas12i3与核酸互作位点, 并通过Cas核酸识别区域候选点突进行组合获得了高编辑活性的优化版本Cas-SF01, 此次研究使用了基于Cas12-SF01的胞嘧啶碱基编辑器 (BE4max-dCas12-SF01), 针对大豆基因组ALS基

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

因家族中的GmALS1和GmALS3进行了编辑，成功引入了点突变。通过将GmALS1基因的P178以及GmALS3基因的P172中的胞嘧啶 (C) 转变为胸腺嘧啶 (T)，生成了ALS1 P178S和ALS3 P172S突变体，这些突变体表现出对除草剂的高度耐受性。该研究为非转基因方式提高作物对除草剂的耐受性提供了一种有效的策略。在这项研究中，通过应用基于Cas12-SF01的胞嘧啶碱基编辑器 (BE4max-dCas12-SF01) 进行基因编辑，研究团队使用了9216个大豆外植体进行农杆菌介导的转化，从中获得了416个独立的T0代转化植株。在这些转化植株中，共有9株显示出了在目标基因位点的基因编辑事件。这9株编辑植株中，4株出现在GmALS1位点 (als1)，3株出现在GmALS3位点 (als3)，2株同时在GmALS1和GmALS3位点都有编辑 (als1/als3)，编辑效率为2.16%。虽然2.16%的编辑效率可能看起来不高，但对于植物基因编辑而言，这仍然是一个实际和有价值的结果，特别是当目标是复杂的农业性状时。此外，即使是低频率的成功编辑事件，也可能足以筛选出具有所需性状的稳定突变体，从而进行进一步的育种和研究。与野生型大豆相比，含有这些突变的大豆植株在温室和田间条件下对除草剂的耐受性显著提高，并且在处理除草剂后没有表现出任何生长抑制的迹象。研究还证实了这些突变体在农田中的应用潜力，显示出与未处理的野生型植物相比，没有产量损失。本研究成功建立了一个BE4max编辑器系统，有效地在大豆中引入了C到T的转换，并生成了als1/als3突变体，该突变体对高达420 mg/L的氟唑磺隆除草剂显示出耐受性，证明了该策略在实际应用中培育耐除草剂大豆的有效性。

来源: Plant Biotechnology Journal

发布日期:2024-04-21

全文链接:

<https://doi.org/10.1111/pbi.14356>

## 5. 北京林业大学三维重建技术和多组学手段揭示银杏胚胎发育

简介: 2024年4月17日，北京林业大学生物科学与技术学院林金星和张曦团队与扬州大学园艺园林学院王莉团队合作在Plant Physiology上在线发表了题为3D reconstruction and multi-omics analysis reveal a unique pattern of embryogenesis in Ginkgo biloba的研究论文。该研究突破了传统技术的局限，采用先进的三维重建技术和多组学分析手段，首次全面揭示了银杏胚胎发育的精细结构和形态发生的动态变化。这一创新的研究方法不仅为银杏胚胎发育的深入研究提供了全新的视角，也为种子植物胚胎发育的进化生物学研究提供了新的科学证据。该研究运用微型计算机断层扫描 (micro-Computed Tomography) 成像技术，结合改进的染色方法，获取了银杏胚胎发育三个阶段的2200余张虚拟切片，对银杏胚胎发育过程的完整结构进行大尺度原位三维重构。采用Imaris软件，构建了银杏胚胎发育过程中内部高分辨的茎尖分生组织 (shoot apical meristem, SAM)、维管系统和分泌腔等三维结构。通过3D时空模式分析发现，与其他裸子植物不同，成熟银杏胚胎中存在高度分化叶原基的茎尖分生组织，表明银杏在其生命周期的早期阶段就具有了一定的复杂性，能够在种子萌发前形成基本的茎和叶结构，这可能与银杏对环境的适应性相关。此外，银杏胚的维管系统发育呈现出独特性，位于下胚轴和子叶中的管胞分布形成了两个独立的维管系统，这与被子植物中维管系统起源于合子的模式截然不同。独立的维管系统可能为银杏胚胎在营养物质和水分运输上提供了优势，有助于其在逆境条件下的生存和萌发。分泌腔是植物体内的一种特殊结构，它们在植物的代谢过程中起到关键作用。银杏几乎所有的器官都有分泌腔的分布，是其独特生理特性的重要组成部分。

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

本研究通过三维空间重建技术对银杏胚胎发育过程中分泌腔结构的动态变化进行分析，并根据分泌腔的精细形态特征将其分为三类，观察发现随着种胚中子叶的发育，分泌腔数量和体积显著增加。多组学分析进一步鉴定了参与分泌腔形成的重要基因，如GbWRKY1、GbbHLH12a和GbJAZ4等。尤其重要的是，研究发现成熟胚胎已经开始合成并积累黄酮类化合物等次生代谢物，这表明银杏能够通过合成大量次生代谢物来抵御逆境胁迫，确保种子即便在恶劣环境中也具备萌发和生长的能力。三维空间重建技术与多组学分析的结合，不仅为揭示银杏胚胎发育阶段的结构变化和分子机制研究开辟了新的途径，也为植物胚胎发育和进化研究奠定了基础。

**来源:** Plant Physiology

**发布日期:**2024-04-17

**全文链接:**

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/40/Csgk0EHURE-AIDD5A0sfrx7HkHQ245.pdf>