



2024年第23期总375期

农业生物技术专题

本期导读

► 学术文献

1. 北京市生物结构前沿研究中心等揭示CRISPR—Cas9系统演化
2. 美国伊利诺伊大学开发选择性靶向革兰氏阴性菌的抗生素
3. 挪威生命科学大学提出利用细菌减少氧化亚氮排放方法
4. 云南师范大学祝光涛团队完成杂合二倍体马铃薯两套单倍型端粒到端粒 (T2T) 基因组的组装和注释
5. 德国汉诺威兽医大学病毒学研究所揭示猪低密度脂蛋白受体在经典猪瘟病毒感染中作用

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6月2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. 北京市生物结构前沿研究中心等揭示CRISPR-Cas9系统演化

简介: 2024年5月29日, 清华大学北京市生物结构前沿研究中心刘俊杰课题组与中科院大学白杨课题组合作在Nature发表题为“Pro-CRISPR PcrIIC1-associated Cas9 system for enhanced bacterial immunity”的研究论文。在这项研究中, 科学家们发现了一种新型的CRISPR-Cas9系统, 即Pro-CRISPR PcrIIC1相关联的Cas9系统, 它能显著增强细菌对噬菌体的免疫能力。通过对2,062个完整的Cas9位点的分析, 研究人员预测了它们的相关蛋白结构, 并揭示了II-C型Cas9的三种结构增长轨迹。研究发现, 较大的II-C Cas9s倾向于在其位点内存在新的相关基因 (NAGs)。特别地, Chryseobacterium物种中的CbCas9含有一个新颖的 β -REC2结构域, 并能与NAG编码的CRISPR-Cas系统促进蛋白PcrIIC1形成异源四聚体复合物。这种CbCas9-PcrIIC1复合物不仅显示出增强的DNA结合和切割活性, 还对原间隔序列邻近基序 (PAM) 具有更广泛的兼容性, 对错配的容忍度提高, 并且相比单独的CbCas9, 其抗噬菌体免疫能力也得到了提升。研究者们利用AlphaFold2预测了II-C Cas9s的结构, 并开发了一种结构增长轨迹 (SGT) 分析方法, 以评估Cas9s的结构差异和变化趋势。通过比较不同Cas9s的三维结构, 研究人员发现了多样化的结构细节, 并提出了Cas9s可能通过特定的热点区域插入新的结构元素来适应NAG编码蛋白的招募。此外, PcrIIC1作为一种NAG编码的非毒性核酸酶, 在CbCas9介导的DNA干扰中起到了积极作用, 增强了CbCas9的DNA结合亲和力, 放宽了对PAM的要求, 并促进了CbCas9对靶序列的入侵。这些发现不仅为理解CRISPR-Cas系统的多样性和进化提供了新的视角, 也为进一步开发和优化CRISPR-Cas9系统在基因编辑和治疗中的应用提供了潜在的新策略。

来源: Nature

发布日期:2024-05-29

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6E/Csgk0WZYjJaAH4oaBhMVSLLVkYY358.pdf>

2. 美国伊利诺伊大学开发选择性靶向革兰氏阴性菌的抗生素

简介: 2024年5月29日, 美国伊利诺伊大学厄巴纳-尚佩恩分校病理生物学系Gee W. Lau与Paul J. Hergenrother在Nature发表题为“A Gram-negative-selective antibiotic that spares the gut microbiome”的研究论文。在这篇文章中, 研究人员设计并发现了一种名为lolamycin的新型抗生素, 它专门针对革兰氏阴性细菌, 同时对肠道微生物群的影响较小。这种抗生素通过靶向细菌的脂蛋白转运系统来发挥作用, 这一系统在革兰氏阴性细菌中是特有的, 而在革兰氏阳性细菌和人类共生细菌中则不存在。Lolamycin在实验室和动物模型中显示出对多种耐药的革兰氏阴性临床分离株具有活性, 并且在小鼠模型中能有效治疗肺炎和败血症。特别值得注意的是, lolamycin在选择性杀死致病性革兰氏阴性细菌的同时, 能够保留肠道中的共生细菌, 这有助于预防由艰难梭菌 (*Clostridioides difficile*) 引起的二次感染。这一特性对于当前抗生素治疗中常见的肠道微生物群失衡问题具有重要意义。此外, 研究人员还通过分子建模技术研究了lolamycin的结合位点, 并发现其与已知的脂蛋白底物的结合位点重叠, 这进一步证实了其靶向脂蛋白转运系统。Lolamycin的开发为未来微生物群落非干扰性抗生素的设计提供了蓝图, 这种双重选择性策略可能成为开发其他针对特定病原体的窄谱抗生素的模式。研究人员提出, 通过进一步的化学

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

合成和优化，可以提高lolamycin的抗性频率，并可能将其与其他抗生素联合使用，以增强其治疗效果。

来源: Nature

发布日期:2024-05-29

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/41/Csgk0EIB2hKAZGM3AOpDWYicVXE253.pdf>

3. 挪威生命科学大学提出利用细菌减少氧化亚氮排放方法

简介: 2024年5月29日，挪威生命科学大学Wilfried Winiwarter与Lars R. Bakken团队在Nature发表题为“Unlocking bacterial potential to reduce farmland N₂O emissions”的研究论文，研究提出了一种创新技术，通过利用有机废物作为基质和载体，筛选出能在土壤中生长的N₂O呼吸细菌Cloacibacterium sp. CB-01，以减少农田土壤中N₂O（一种温室气体）的排放。研究发现，使用CB-01处理的生物气体消化废渣作为肥料，可以显著降低N₂O排放量，减少幅度达到50-95%，具体取决于土壤类型。CB-01的持久性和土壤中的稳定性是其减少N₂O排放的关键因素，而非其生物动力学参数。通过在欧洲范围内推广这项技术，预计可以减少5-20%的人造N₂O排放，如果考虑其他有机废物，减排量可能更大。研究还回顾了氮肥对农业生产的历史性贡献，并指出过量使用氮肥导致的氮气损失对环境造成了负面影响，包括温室气体N₂O的排放。为了减少这些排放，研究提出了改善农业生态系统氮利用效率的方法，并通过政策工具和新兴技术来实现。此外，通过增强土壤微生物群落中N₂O还原酶NosZ的活性，可以进一步降低N₂O排放。CB-01作为一种非反硝化N₂O呼吸细菌（NNRB），在缺氧条件下能有效减少N₂O。实验室和田间实验表明，CB-01在土壤中的生存能力和对N₂O排放的减少效果具有持久性。通过量化PCR技术监测CB-01在土壤中的丰度，发现其数量在土壤中能够持续较长时间，尽管随时间逐渐下降。最后，研究探讨了在不同土壤和环境条件下CB-01对N₂O排放的影响，发现即使在pH值较低的酸性土壤中，CB-01也能显著减少N₂O排放，这归因于消化废渣提高了土壤pH值。这些发现为农业土壤中N₂O排放的生物工程提供了新的视角，并为未来减少全球N₂O排放提供了潜在的解决方案。

来源: Nature

发布日期:2024-05-29

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6E/Csgk0WZYiNGACV21AcO3-ZXcvyA583.pdf>

4. 云南师范大学祝光涛团队完成杂合二倍体马铃薯两套单倍型端粒到端粒（T2T）基因组的组装和注释

简介: 2024年5月27日，由云南师范大学祝光涛团队联合云南大学彭城团队在Plant Communications在线发表题为“The haplotype-resolved T2T genome assembly of the wild potato species Solanum commersonii provides molecular insights into its freezing tolerance”的研究论文。该论文完成对杂合二倍体马铃薯两套单倍型端粒到端粒（T2T）基因组的组装和注释，并揭示了此马铃薯耐冻性的分子机制。研究团队利用单分子测序技术HiFi（~30x）和ONT（~41x）结合Hi-C（~70x）技术，成功组装了高质量的S. commersonii基因组。该基因组的两个单倍型（Hap1和Hap2）的总长度分别为707.40 Mb和712.10 Mb，contig N50分别为 48.90 Mb和55.24 Mb。随后鉴定出47个端粒，通过ChIP-seq定位到24

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

个着丝粒区域，长度在0.81 Mb - 5.47 Mb之间。该基因组包含67.27%的重复序列。在两个单倍型中，分别注释到了38,805和38,237个蛋白编码基因，功能基因注释率高达92.85%和93.00%（图1 A）。通过对茄属19个物种的单拷贝基因构建的系统发育树，发现S. commersonii于327万年前与其他物种分化，并发生了大量基因家族扩张和收缩事件。另外，通过转录组分析发现此材料在冷冻胁迫处理中显著上调的基因富集在已知的冷响应途径中，如MAPK信号通路、谷胱甘肽代谢途径和细胞色素P450途径等。特别是，MAPK激酶和细胞色素P450在温度感知和信号传导中起关键作用。此外还发现在植物耐冻中具有关键作用的C-repeat Binding Factor (CBF) 转录因子也显著上调。该发现进一步解释了S. commersonii的耐冻机制。后期通过对野生种的遗传解析和种质创新，将有望大幅度提升栽培马铃薯的耐冻性。

来源: Plant Communications

发布日期:2024-05-27

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/41/Csgk0EIB3xOAAQ88iAFo63kuu4gM707.pdf>

5. 德国汉诺威兽医大学病毒学研究所揭示猪低密度脂蛋白受体在经典猪瘟病毒感染中的作用

简介: 2024年5月21日，德国汉诺威兽医大学病毒学研究所Alexander Postel课题组在Emerging Microbes & Infections发表题为“Porcine low-density lipoprotein receptor plays an important role in classical swine fever virus infection”研究论文。本研究深入探讨了猪低密度脂蛋白受体 (LDLR) 在经典猪瘟病毒 (CSFV) 感染中的作用。CSFV是黄病毒科瘟病毒属的重要猪病原体，其复制周期中的许多步骤尚未完全理解。LDLR是一种细胞表面受体，参与多种病毒的细胞进入和后期过程，包括黄病毒科的其他成员。研究通过使用抗体介导的LDLR阻断和基因工程改造的猪细胞系来改变LDLR的表达水平，调查了LDLR在CSFV以及另一种猪瘟病毒Bungowannah瘟病毒 (BuPV) 复制中的重要性。实验结果表明，LDLR特异性抗体显著阻断了CSFV的感染，但对BuPV的影响较小。基因修饰细胞的感染实验证实了CSFV对LDLR依赖性的复制。与野生型细胞相比，LDLR表达较低或较高的细胞在感染后20小时的病毒滴度分别下降或增加了3.5倍。在感染后72小时，LDLR过表达的细胞与LDLR表达降低的细胞相比，病毒滴度增加了25倍。然而，LDLR表达水平的不同并未对BuPV的感染性产生明显影响。此外，使用重组可溶性LDLR的诱饵受体实验没有证据表明LDLR可以作为CSFV或BuPV的受体。研究揭示了CSFV与其他依赖LDLR的黄病毒科成员在复制周期中的相似性，并指出CSFV和BuPV可能使用不同的机制与宿主细胞相互作用。这些发现不仅增进了对CSFV感染机制的理解，还可能为开发针对LDLR依赖性病毒的新策略提供重要信息。

来源: Emerging Microbes & Infections

发布日期:2024-05-21

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/6E/Csgk0WZYkTSAJ856AEMT2nD3Ysk451.pdf>