

植物生物学简报



中科院上海生命科学图书馆学科服务组
中国植物生理与植物分子生物学学会秘书处
上海市植物生理与植物分子生物学学会秘书处

目录

政策规划.....	1
英国发布植物生物安全战略 (2023 - 2028)	1
英国环境、食品和农村事务部 (Defra) 发布植物健康研究开发计划	2
项目资助.....	3
国家自然科学基金委员会发布“植物细胞极性生长的可塑性与动态调控”重大项目指南.....	3
科研进展.....	5
Nature: 全球木材采伐的碳成本.....	5
Science: 成年热带树木物种间普遍的空间排斥	6
Nature Plants: 益生微生物群调控植物免疫的重要作用.....	7
Nature Communications: 大数据技术 QTG-miner 解析玉米雄穗分枝数遗传	8
Nature Communications: 植物在质外体识别敌我囊泡的作用机制	9
Molecular Plant: 长链非编码 RNA DANA2 调控植物干旱应答的分子机制	10
Molecular Plant: 株型驯化关键基因 PROG1 调控水稻株型和穗型的分子机理	11
Molecular Plant: 豆科植物共生固氮碳源供给机制.....	12
PNAS: 植物病原真菌致病过程中的时空 RNA 调控机制.....	13
Nature Microbiology: 水稻细胞中稻瘟病菌非常规效应蛋白分泌的机制.....	14
会议动态.....	15
中国植物学会智能植物工厂分会成立大会暨第一届全国智能植物工厂学术研讨会将在福建厦门举办.....	15
植物肽和受体会议 (PPRM2023) 将在法国里昂举办.....	15
第六届国际水稻大会 (IRC6) 将在菲律宾马尼拉举办.....	16
第 16 届国际水生植物研讨会将在比利时举办	16
第 28 届亚太杂草科学学会会议 (APWSS 2023) 将在泰国举办	17

政策规划

英国发布植物生物安全战略（2023 - 2028）

2023年1月9日，英国发布了植物生物安全战略（2023 - 2028）。该战略把英国定位为植物生物安全的全球领导者，提出了英国未来五年在植物健康领域的战略愿景和具体目标，阐述了建立新的生物安全制度和生物安全植物供应链的愿景，并致力于确保粮食安全和减轻全球气候变化影响。该战略范围仅限于植物（含树木）和植物产品（如蔬菜、水果等）的生物安全。

该战略的新愿景是：通过政府、行业和公众的强大伙伴关系保护英国的植物，减少和管理植物害虫和病原体带来的风险，并促进贸易安全。在此基础上，制定了4大战略目标：

1、建立世界级的生物安全制度。调整和加强应对措施，预防和管理对英国植物健康构成威胁的害虫和病原体的引入及传播。未来5年，将通过4个重点领域建立世界一流的生物安全制度：加强风险和水平扫描（horizon scanning）；加强监管制度；做好病虫害疫情准备和开展国际合作。

2、重视并构建健康植物社会。提高对健康植物和树木重要性的认识，鼓励履行社会责任。未来5年，将通过4个重点领域建立一个重视植物的社会：提高公众认识并鼓励行为改变；教育；培训和公民科学项目。

3、建立生物安全植物供应链。加强政府和行业合作，支持生物安全植物供应链。未来5年，将通过3个重点领域支持生物安全供应链：情报和监控；确保供应链和国内生产。

4、加强技术能力建设。提高植物健康能力，充分利用现有和创新的科学技术，以应对不断变化的威胁，确保为未来做好准备。未来5年，政府将继续与研究人員、从业人員和决策者合作，资助研究和其他学术活动，维持核心能力，加强协作创新，不断提高技术能力。

信息来源：

<https://www.gov.uk/government/publications/plant-biosecurity-strategy-for-great-britain-2023-to-2028/plant-biosecurity-strategy-for-great-britain-2023-to-2028>



英国环境、食品和农村事务部（Defra）发布植物健康研究开发计划

2023年5月18日，英国环境、食品和农村事务部（Defra）发布植物健康研究开发计划，计划规定了Defra的植物健康研究和开发需求，并概述了在未来5年（从2023年到2028年）实现这些需求的方法。它是与利益相关者（包括植物健康研究和开发的用户和提供者）一起开发的，以提供路线图，与他人沟通和分享我们未来的优先事项。

该计划确定并旨在实现4个植物健康研发战略目标。这些战略目标旨在：

- 增强对植物健康问题和解决方案的理解和知识
- 提供证据，以制定基于风险的政策方法，并使交付合作伙伴和从业人员能够做出强有力的决策并采取行动
- 开发和部署创新和新技术，以支持植物健康政策目标
- 提供世界一流的植物健康研究能力

计划将植物健康研发需求分为6个研究主题。每个主题都分为重点领域，并附有指示性研究问题，以帮助描述当前的优先事项：

- 主题1：风险评估和水平扫描
- 主题2：检查、诊断和监督
- 主题3：病虫害管理
- 主题4：复原力和适应
- 主题5：植物健康相关行为
- 主题6：评价

最后，该计划概述了通过以下方式实现战略目标的预期方法：

- 协同工作
- 共同设计、知识转移和交流
- 促进创新
- 支持研究技能基础设施

信息来源：

<https://www.gov.uk/government/publications/plant-health-research-and-development-plan-2023-to-2028/plant-health-research-and-development-plan>



项目资助

国家自然科学基金委员会发布“植物细胞极性生长的可塑性与动态调控”重大项目指南

2023年7月25日，国家自然科学基金委员会发布了“十四五”第三批9个科学部75个重大项目指南，其中生命科学部共发布9个重大项目指南，拟资助6个重大项目。项目申请的直接费用预算不得超过1500万元/项。生命科学部“植物细胞极性生长的可塑性与动态调控”重大项目指南内容如下：

固着生长的植物不能自由移动，在长期演化过程中形成了独特的发育可塑性以适应随时变化的生长环境。当植物感知到发育信号和外界环境信号时，细胞会迅速建立极性并进行极性生长，形成具有特定形态和功能的细胞，进而推动组织器官形态建成、植株整体发育以及对生长环境的适应性。基于此，植物细胞极性生长的可塑性在决定农作物产量、品质、育性以及抗逆性等重要农艺性状中起着举足轻重的作用。因此，以植物细胞极性生长作为性状塑造的基石和推动力，开展细胞与性状塑形研究，对于支撑农作物性状的精准设计定制具有重要意义。

在植物细胞极性生长过程中，细胞骨架动态、细胞器和囊泡定向运输、液泡膨压、细胞膜信号感知和传导、细胞壁动态等在时空和功能上相互关联，形成一个四维调控网络。全面解析这一调控网络的建立、维持以及信号整合机制，将有助于揭示植物极性生长可塑性与动态调控的细胞学基础，为实现植物细胞形态的可控式分子设计和作物性状理性设计提供关键操作元件和技术路线。

一、科学目标

通过团队联合攻关，运用多学科交叉的研究手段，在细胞和亚细胞水平揭示植物细胞极性建立、维持和生长这一基本科学问题的分子机制，在植物细胞极性生长的可塑性与动态调控机制研究方面取得突破，并通过定向优化设计植物细胞极性生长对农作物育性、生理稳健性与环境适应性等重要农艺性状进行遗传改良，从而为农业生产中的重大需求问题提供理论及技术支撑。

二、研究内容

- (一) 植物细胞极性生长可塑性的亚细胞结构基础。
- (二) 极性生长的驱动力及与细胞骨架行为的耦联机制。
- (三) 细胞骨架—膜系统—细胞壁连续体的网络建立与信号整合。
- (四) 植物细胞形态结构控制的新策略及性状设计。

三、申请要求

(一) 围绕核心科学问题，项目按上述研究内容分别设置4个课题，综合运用多学科研究方法和模式系统，紧密围绕“植物细胞极性生长的可塑性与动态调

控”这一主题，开展深入、系统研究，课题间要有紧密和有机联系，研究内容互补，充分体现合作与材料、数据和方法的共享。

（二）申请书的附注说明选择“植物细胞极性生长的可塑性与动态调控”，申请代码 1 选择 C02 的下属申请代码。

（三）咨询电话：010-62329135。

信息来源：<https://www.nsf.gov.cn/publish/portal0/tab434/info89913.htm>



科研进展

Nature：全球木材采伐的碳成本

在进入农业社会之后，木材采伐是人类活动中减少植被和土壤中碳储量最多的活动。尽管砍伐的木材以不同的步骤向大气中释放碳，但生长中的树木吸收碳的事实导致了对木材使用的不同碳核算方法，对碳成本的估计大相径庭。许多方法给人的印象是，木材采伐产生的温室气体排放量低、为零甚至为负，因为它们以不同的方式，用广阔森林地区生长产生的碳固存来抵消新采伐带来的碳损失。将这种固存归因于新的收成是不合适的，因为无论新的收成如何，这种其他森林生长都会发生，通常是由于农业废弃、从以前的收成中恢复和气候变化本身造成的。尽管如此，一些论文统计了每年的总排放量，这对新采伐的森林再生和接近未采伐森林碳储量的能力没有任何价值。2023年7月31日，Nature发表了题为“The carbon costs of global wood harvests”的论文，作者展示了一个新模型的结果，该模型使用时间折扣来估计不同情景下全球木材收获的当前和未来碳成本。

信息来源：<https://www.nature.com/articles/s41586-023-06187-1>



推荐评论：

木材中所储存的碳在不同的过程逐步释放到大气中，但生长中的树木固定碳的差异导致了人们在核算木材的碳排放时使用不同的核算方法，最终造成木材采伐的碳成本估值差异很大。该文研究结果表明，由于全球对木材的需求不断上升，木材采伐产生的碳排放量将会增加，预计从2010到2050年增加幅度将达到54%。2010—2050年全球木材采伐每年将向大气中排放35—42亿吨的温室气体，接近于由于农业扩张引起的土地使用变化的年度排放量。研究人员还呼吁，全球应该关注通过降低木材采伐产生的碳成本来解决气候变化问题。

Science: 成年热带树木物种间普遍的空间排斥

热带森林拥有异常丰富的树种。为了使物种共存，性能必须随着同种个体密度的增加而下降。尽管在森林中存在这种同种负密度依赖性（CNDD）的证据，但它应该产生的种内空间排斥很少在成年物种中得到证明。2023年8月3日，Science发表了题为“Pervasive within-species spatial repulsion among adult tropical trees”论文，在这项研究中发现，与随机出生、死亡和有限扩散的零模型相比，数十种热带森林树种的成年树木表现出强烈的空间排斥力，有些甚至达到了约100米的惊人距离。使用模拟表明，只有当CNDD显著超过异性负密度依赖性（共存所需的更强条件）时，才会发生这种强烈的排斥，而小规模CNDD确实会产生大规模的排斥。这些结果表明，物种之间存在显著的生态位差异，这可能会稳定物种多样性。

信息来源: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.adg7021>



推荐评论:

热带森林具有地球上最丰富的植物多样性，关于热带森林植物多样性的维持机制尚不清楚，群落中物种如何共存是群落生态学研究的重要问题之一。同种负密度依赖（CNDD）可能是影响植物物种共存的最重要的地方尺度机制。该文结果表明当CNDD远远超过异种负密度依赖性，就会发生强烈的空间排斥。因此，物种间显著的生境差异有助于保持物种多样性的稳定。

Nature Plants: 益生微生物群调控植物免疫的重要作用

2023年8月17日, Nature Plants 在线发表了美国杜克大学何胜洋团队及其合作者题为“A critical role of a eubiotic microbiota in gating proper immunocompetence in Arabidopsis”的研究论文。该研究利用基于泥炭的益生植物生长系统,发现无菌植物缺乏年龄依赖性免疫力和正常的 PTI 响应,但叶合成微生物群可基本恢复这些缺陷;同时,失调微生物群会过度刺激免疫基因的表达;揭示了益生微生物群在调控植物正常免疫能力的重要作用。该研究发现由 52 成员组成的失调叶微生物群会过度刺激免疫相关基因的表达,包括 FRK1、PR1 和 CYP71A12 等。同时,转录组分析表明,774 中的 609 个上调的基因显示与生物应激和免疫相关。

该研究利用前期建立的基于泥炭的益生植物生长系统,发现植物预先存在的内源微生物群对植物的正常免疫反应发挥着重要作用:无菌植物表现出年龄依赖性免疫力和 PTI 多个方面的缺陷,而失调微生物群则会过度刺激免疫基因的表达。这些结果为益生微生物群在调控植物正常免疫能力和年龄依赖性免疫力方面的因果作用,提供了有力证据。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01501-1>



推荐评论:

陆生植物的地上和地下部分寄生着多种微生物,它们共同构成了植物的微生物群。研究表明,植物可能已经进化出选择和维持微生物群丰度、组成和功能的机制,以实现体内平衡。同时,遗传诱导的微生物群生态失调对植物的健康有害,表明正确组装的微生物群(即益生微生物群)可能对植物健康和生存至关重要。该研究利用基于泥炭的益生植物生长系统,发现无菌植物缺乏年龄依赖性免疫力和正常的 PTI 响应,但叶合成微生物群可基本恢复这些缺陷;同时,失调微生物群会过度刺激免疫基因的表达;揭示了益生微生物群在调控植物正常免疫能力的重要作用。

Nature Communications: 大数据技术 QTG-miner 解析玉米雄穗分枝数遗传

2023 年 8 月 26 日, 华中农业大学植物科学技术学院李林教授课题组在 Nature Communications 在线发表了题为“ QTG-Miner aids rapid dissection of the genetic base of tassel branch number in maize” 的 研究论文, 开发了一种快速批量克隆作物数量性状位点的新方法 QTG-Miner, 定位并克隆了 7 个玉米雄穗分枝数功能基因, 构建了玉米雄穗分枝数的分子调控网络, 并揭示了现代玉米遗传改良过程中雄穗分枝数性状的驯化选择情况。

作者也探究了现代玉米育种过程中雄穗分枝数基因的选择历程。以 *lrs1* 基因为例, 该基因在现代玉米改良的过程中受到了强烈的选择, 序列多态性显著降低, 优良等位基因型在玉米中的占比显著增加, 也使得现代育种自交系的雄穗分枝数持续减少。

该研究开发了一种快速批量克隆作物数量性状位点的新方法 QTG-Miner, 为系统解析作物重要农艺性状的遗传基础提供了方法和思路。该方法同样适用于玉米以及其他物种的多个农艺性状, 具有非常广泛的应用前景。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-41022-1>



推荐评论:

玉米重要农艺性状的遗传解析对作物性状的遗传改良和全球的粮食安全非常重要。玉米雄穗分枝数是现代玉米育种过程中重要的选择目标, 由众多微效的数量性状位点 (QTL) 控制。到目前为止, 仍然缺乏快速批量克隆数量性状位点的方法, 这严重限制了玉米雄穗分枝数性状的系统解析, 一定程度上阻碍了现代玉米分子育种的发展。该文开发了一种快速批量克隆作物数量性状位点的新方法 QTG-Miner, 一种基于多组学数据的技术, 用于大规模、快速克隆玉米数量性状基因 (QTG), 主要包括 QTL 的初定位、单个 QTL 位点分离材料的筛选和测序及利用 QTG-Miner 进行候选基因的挖掘三个步骤。该方法成功定位并克隆了多个玉米雄穗分枝数功能基因, 构建了玉米雄穗分枝数的分子调控网络, 为加速现代玉米育种提供了有力的工具。

Nature Communications: 植物在质外体识别敌我囊泡的作用机制

2023年8月12日,南京农业大学王源超教授课题组在Nature Communications上发表了题为 *Divergent sequences of tetraspanins enable plants to specifically recognize microbe-derived extracellular vesicles* 的研究成果。该研究揭示了四次跨膜蛋白家族蛋白(TET蛋白)是植物识别胞外囊泡的关键因子,而植物和微生物TET蛋白序列的分化导致植物能够特异性识别来自微生物的胞外囊泡。

王源超课题组从大豆疫霉菌(*Phytophthora sojae*)的培养滤液中分离纯化到胞外囊泡,并对这些胞外囊泡进行了蛋白组解析。进一步筛选结果显示,定位于胞外囊泡上的四次跨膜蛋白(PsTET1和PsTET3)能够触发植物免疫反应,并且这种免疫反应依赖于植物细胞膜上的共受体BAK1。而且这些蛋白在疫霉菌侵染过程中随胞外囊泡分泌至植物细胞间隙,进一步研究显示,这些基因参与大豆疫霉菌的致病过程。四次跨膜蛋白家族的蛋白(tetraspanins)N端与C端位于囊泡内部,因此形成暴露在外部的两段Loop,而位于外部较大的Loop(EC2)是被植物识别的关键区域,并且EC2纯蛋白即拥有触发植物免疫的能力。

该研究鉴定了胞外囊泡被植物识别的关键蛋白组份,揭示了植物免疫系统在质外体区分敌我胞外囊泡的作用机理。对研究胞外囊泡在植物和微生物互作中的作用,进而针对病原微生物胞外囊泡实现作物的抗病精准改良具有重要意义。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-40623-0>



推荐评论:

胞外囊泡作为细胞间和跨物种的重要通讯工具,在植物和微生物互作中扮演着非常重要的角色。植物细胞分泌携带小RNA的胞外囊泡进入到病原菌体内实现对病原菌的抑制。病原菌也能够分泌包含毒性因子的胞外囊泡来帮助侵染。为了抵御病原菌的这种侵染,植物免疫系统能够识别微生物来源的胞外囊泡并引起免疫反应,然而植物在质外体如何区别敌我胞外囊泡尚不清楚。该研究鉴定了胞外囊泡被植物识别的关键蛋白组份,揭示了植物免疫系统在质外体区分敌我胞外囊泡的作用机理。为研究胞外囊泡在植物和微生物互作中的作用提供借鉴,并对实现作物的抗病精准改良具有重要意义。

Molecular Plant: 长链非编码 RNA DANA2 调控植物干旱应答的分子机制

2023年8月7日, Molecular Plant 在线发表了南昌大学王东教授团队和中国科学院遗传与发育生物学研究所 曹晓风院士团队题为 “The long non-coding RNA DANA2 positively regulates drought tolerance by recruiting ERF84 to promote JMJ29-mediated histone demethylation” 的研究论文。该研究发现拟南芥长链非编码 RNA DANA2 通过招募转录因子 ERF84 来促进 JMJ29 的表达, 从而正调控植物干旱胁迫应答。

研究发现 DANA2 与 ERF84 相互作用并协同结合到 JMJ29 基因位点从而激活其转录, JMJ29 的累积可引起干旱胁迫应答正调节因子 ERF15 和 GOLS2 基因座上的 H3K9me2 水平降低, 导致 ERF15 与 GOLS2 的转录上调, 进而增强植物耐旱性。

该研究系统解析了长链非编码 RNA DANA2 在拟南芥干旱胁迫应答中的功能与分子机制, 研究成果丰富了人们对植物 lncRNA 功能与作用机制的认知, 为全面了解植物干旱胁迫信号网络增加了新的内容, 为耐旱作物新品种的培育提供了理论基础和新思路。

信息来源: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(23\)00217-4](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(23)00217-4)



推荐评论:

干旱会严重影响植物的正常生长发育, 是限制植物生长和地域分布以及影响农作物产量的主要非生物胁迫因素之一。在长期进化过程中, 植物形成了一系列适应干旱胁迫的机制, 如气孔调节、渗透调节、脱水保护以及活性氧清除等。有大量研究表明长链非编码 RNA (lncRNA) 也参与调控植物干旱胁迫应答, 但其具体的功能与作用机制却鲜有报道。该研究通过分析与实验鉴定到一个 lncRNA DANA2, 通过多种实验手段解析了其通过与转录因子协同作用进而调控 JMJ29 的表达, 从而发挥抗旱的作用。该文全面拓展了非编码 RNA 的功能以及与植物干旱信号的关系。

Molecular Plant: 株型驯化关键基因 PROG1 调控水稻株型和穗型的分子机理

2023年8月23日, 广西大学亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室、生命科学与技术学院金健教授团队的最新研究成果“Rice domestication-associated transcription factor PROSTRATE GROWTH 1 controls plant and panicle architecture through the modulation of LAZY 1 and OsGIGANTEA expression, respectively”在 Molecular Plant 在线发表, 揭示了进化过程中水稻株型和穗型变化背后的分子机理。

研究发现, PROG1 蛋白能结合到 LA1(LAZY 1) 基因的启动子上, 抑制 LA1 的表达, 同时, LA1 蛋白也能结合到 PROG1 基因的启动子上, 抑制 PROG1 基因的表达。遗传证据显示, PROG1 和 LA1 的这种相互拮抗作用共同调节了包括分蘖角和分蘖数在内的水稻株型发育; 另一方面, PROG1 蛋白也能结合到 OsGI(OsGIGANTEA)基因间区, 激活 OsGI 的表达, 进而引起穗部细胞分裂素含量的变化, 从而调节穗型的发育。因此, 在水稻进化的过程中, 伴随着 PROG1 的失活, LA1 的表达会升高, 导致株型从松散变紧凑, 使水稻的密植成为可能, 并使其更方便于收割; 另一方面, PROG1 的失活同时会导致 OsGI 的表达量下降, 引起穗子变大, 穗粒数变多, 最终导致产量的增加。这两个因素的变化共同推进了野生稻向栽培稻的驯化过程, 最终使得水稻成为当今全球最主要的粮食作物。

信息来源: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(23\)00246-0](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(23)00246-0)



推荐评论:

野生稻到栽培稻的驯化是一个漫长的过程。前期的研究发现, 在这个过程中, 伴随着关键转录因子 PROG1 (PROSTRATE GROWTH 1) 的失活, 水稻会发生两个非常关键的变化: 一是株型由匍匐多蘖向直立少蘖转变; 另一个则是穗子变大, 穗粒数变多, 产量增加。然而这个过程背后的分子生物学机制并不清楚。该研究通过遗传与生化实验解析了 PROG1 调控株型的机制, 强调其在水稻驯化过程的关键作用, 同时为高产株型育种提供重要新思路。

Molecular Plant: 豆科植物共生固氮碳源供给机制

2023年8月19日, 国际权威学术期刊 *Molecular Plant* 发表了中国农业大学的最新相关研究成果, 题为 *Legume-specific SnRK1 promotes malate supply to bacteroids for symbiotic nitrogen fixation* 的研究论文。

科研人员发现 SnRK1 家族中出现了一种新型豆科植物特异性 SnRK1 α 4 并对共生固氮进行正向调控。表型分析表明, SnRK1 α 4 过表达植株的根瘤大小和固氮酶活性增加, 而 *snrk1 α 4* 突变体的根瘤大小和固氮酶活性显著降低。科研人员证明, 参与结瘤的一个关键上游激酶 DMI2 能在 Thr175 处磷酸化 SnRK1 α 4 以导致其活化。进一步的证据表明, SnRK1 α 4 磷酸化苹果酸脱氢酶 MDH1/2, 促进细胞质中苹果酸的产生, 为类菌体提供碳源。

该研究发现了豆科植物特异的新型能量感受器家族蛋白 SnRK1 α 4, 证明其是共生固氮的正调节子。SnRK1 α 4 被上游激酶 DMI2 激活, 并进一步磷酸化苹果酸脱氢酶 MDH, 促进苹果酸产生, 为类菌体提供碳源, 保障植物和微生物碳氮交换, 促进共生固氮。DMI2-SnRK1 α 4-MDH 为构建谷类作物的共生固氮提供了新模块。

信息来源: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(23\)00244-7](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(23)00244-7)



推荐评论:

据统计, 生物固氮每年能为农业系统提供 5000-7000 万吨的固定态氮源, 而共生固氮更是生物固氮中固定氮源最多的分支, 这种自然界高效而环境友好的固氮方式不仅能满足植物在低氮环境下生长发育的需求, 更极大地促进了大气圈的氮素循环。豆科植物共生固氮是一个高度耗能的过程, 每获取 1g 固定的氮需要消耗 12~17g 的碳源。在低氮条件下, 豆科植物如何分配能量和碳源实现高耗能共生固氮的分子机制尚不清楚。该研究发现了豆科植物特异的新型能量感受器家族蛋白 SnRK1 α 4 是共生固氮的正调节子, 并挖掘出其上下游作用模块, 揭示了能量分配与碳氮平衡的分子机制。

PNAS: 植物病原真菌致病过程中的时空 RNA 调控机制

2023 年 8 月 17 日, 国际权威学术期刊 PNAS 发表了德国杜塞尔多夫大学 Michael Feldbrügge 团队的最新相关研究成果, 题为 *The mRNA stability factor Khd4 defines a specific mRNA regulon for membrane trafficking in the pathogen Ustilago maydis* 的研究论文。该研究为真菌采用了一种强大的体内 RNA 标记技术, 揭示了一种关键的 RNA 结合蛋白 (RBP) 是如何通过决定编码膜转运调节因子的 mRNA 的确切稳定性来协调侵染性菌丝的极性生长的。科研人员揭示了一种不同的侵染调控概念: 单个 RBP 在 mRNA 稳定性水平上决定了众多调控蛋白的精确表达时间。这为利用 RBPs 作为新型杀真菌剂靶标提供了机会。

在这项研究中, 科研人员发现 RBP Khd4 在 *Ustilago maydis* 的致病发育过程中定义了一个独特的 mRNA 调节子, 以协调膜转运。通过建立真菌 RBPs 的 hyperTRIBE, 生成了 Khd4 在体内相互作用的全转录组综合图谱, 研究确定了一组富含调控蛋白的靶 mRNA, 例如参与 GTPase 信号转导的靶 mRNA。Khd4 通过存在于靶标 mRNA 3' 非翻译区的同源调控元件 AUACCC 控制靶标 mRNA 的稳定性, 并揭示了 Khd4 与液泡成熟之间的独特联系。该研究发现了一个 RNA 稳定因子在致病过程中的独特作用, 定义了膜转运过程中的特定 mRNA 调节子。

信息来源: https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2301731120?url_ver=Z39.88-2003&rfr_id=ori:rid:crossref.org&rfr_dat=cr_pub%20%20pubmed



推荐评论:

真菌病原体无处不在, 对公共卫生、农业和野生动物构成严重威胁。据估计, 真菌感染每年造成全球农作物减产 30%。真菌病原体的成功侵染依赖于复杂的基因表达程序。然而, 人们对真菌致病过程中的时空 RNA 控制机制知之甚少。在这项研究中, 科研人员发现 RNA 结合蛋白 Khd4 在病原菌的致病过程中充当一个独特的 mRNA 调节因子, 以协调膜转运。进一步通过基因组学, 鉴定了 Khd4 调控 RNA 动态的时空图谱, 为从 RNA 结合蛋白与 RNA 代谢调控植物抗性提供了有利的资源。

Nature Microbiology: 水稻细胞中稻瘟病菌非常规效应蛋白分泌的机制

2023年8月10日, 国际权威学术期刊 Nature Microbiology 发表了美国内布拉斯加大学林肯分校 Richard Wilson 团队的最新相关研究成果, 题为 Unconventional secretion of Magnaporthe oryzae effectors in rice cells is regulated by tRNA modification and codon usage control 的研究论文。

研究在稻瘟病菌 *M. oryzae* 中展示了非常规效应蛋白分泌如何依赖于 tRNA 修饰和密码子使用。并鉴定了 *M. oryzae* Uba4-Urm1 硫中继系统介导的 tRNA 反密码子摆动尿苷 2-硫醇化 (s2U34), 这是有效解码 AA 结尾同源密码子所需的一种保守修饰。缺失 s2U34 后, 编码非传统分泌的细胞质效应蛋白的富含 AA 结尾密码子的信使 RNA 的翻译会被取消, 但编码内质网-高尔基体分泌的细胞质效应蛋白的 mRNA 则不受影响。增加近义 tRNA 的接受度, 或将 PWL2 的同义 AA 结尾密码子改成 AG 结尾密码子, 可补救 Δ uba4 中细胞质效应蛋白的产生。在 UBA4+ 中, 表达重新编码的 PWL2 会导致 Pw12 超级分泌, 从而破坏宿主-真菌界面的稳定性。因此, U34 硫代和密码子的使用调节了寄主水稻细胞中病原体非常规效应蛋白的分泌。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41564-023-01443-6>



推荐评论:

真菌病原体用于成功定殖宿主植物的策略核心是效应子的分泌, 效应子是一种干扰宿主防御过程并重新编程宿主植物以支持病原体自身生存的分泌蛋白。微生物病原体利用效应蛋白来操纵宿主细胞的先天免疫, 通常使用的是人们知之甚少的非常规分泌途径。tRNA 反密码子修饰是一种普遍现象, 但其生物学功能却鲜为人知。在这篇文章中, 科研人员在稻瘟病菌 *M. oryzae* 中展示了非常规效应蛋白分泌如何依赖于 tRNA 修饰和密码子使用。尽管目前的研究仅限于稻瘟病菌, 但如果通过非常规系统分泌的细胞质效应蛋白的密码子使用偏好性在未来被证明在真菌和卵菌病原体中普遍存在, 这可能会对加速基因组学引导的不同真菌和卵菌的细胞质效应子的搜索具有广泛的意义, 也能够加深我们对真菌-植物的对抗的理解。

会议动态

中国植物学会智能植物工厂分会成立大会暨第一届全国智能植物工厂学术研讨会将在福建厦门举办

为进一步加强植物工厂相关科研、产业人员间的学术交流与合作，展示我国植物工厂科研的最新成果，促进智能植物工厂产业的全面健康发展，中国植物学会于 2023 年新设立了智能植物工厂分会。中国植物学会智能植物工厂分会定于 2023 年 9 月 25-27 日在福建省厦门市举办“中国植物学会智能植物工厂分会成立大会暨第一届全国智能植物工厂学术研讨会”。第一届全国智能植物工厂学术研讨会将邀请相关领域具有重要学术和产业影响的专家学者进行学术报告。会议的主要议题包括但不限于智能植物工厂、光合作用与植物照明、植物营养与水分管理、高效生产技术与模式管理、生产装备技术和系统、资源循环利用、人工智能管理等多个领域。

信息来源：<https://mp.weixin.qq.com/s/lvsrRwVyi9Awjxgs2PrBCA>



植物肽和受体会议（PPRM2023）将在法国里昂举办

2023 年 10 月 2-4 日，植物肽和受体会议（PPRM2023）将在法国里昂举办。植物肽和受体会议是一个国际年会，于 2013 年开会，2023 年是第 11 届。研讨会的重点是植物肽，包括膜结合和细胞质受体，修饰酶以及植物发育和适应中的下游信号事件。会议有两个主要目标：（1）为信息交流和今后可能的合作创造一个舞台；（2）利用现有的知识和专长，在国家和国际机构的资助下，开发新的项目想法并准备转化申请。本次会议计划举行专题会议包括：（1）繁殖，（2）免疫力，（3）发展，（4）共生，（5）非生物相互作用。

信息来源：<https://pprmeeting.sciencesconf.org/>



第六届国际水稻大会（IRC6）将在菲律宾马尼拉举办

2023 年 10 月 16-19 日，第六届国际水稻大会（IRC6）将在菲律宾马尼拉举办。国际水稻大会是一个科学平台，供以稻米为基础的粮食系统创新者努力塑造粮食和营养安全的未来。该大会由国际水稻研究所（IRRI）每四年召开一次，汇集了来自政府、私营和公共部门的科学家、专家和决策者，为全球水稻部门的一些最大挑战制定基于证据的解决方案。之前的 IRC 在北京（2002 年）、新德里（2006 年）、河内（2010 年）、曼谷（2014 年）和新加坡（2018 年）举行。2023 年 IRC 将首次在菲律宾举行。IRC 2023 的主题将涵盖从最小规模的基因到田地、农场、景观和价值链的概念，一直到国家和全球层面。

信息来源：<https://irc2023.irri.org/>



第 16 届国际水生植物研讨会将在比利时举办

2023 年 11 月 14-17 日，第 16 届国际水生植物研讨会将在比利时安特卫普市举办。会议的目的是促进关于与水生植被科学和管理有关的所有问题的辩论。此外，还将举办专题讨论会前活动，如物种鉴定和水生植物功能性状讲习班，以加强与会的产出。

信息来源：<http://www.internationalaquaticplantsgroup.com/index.html>



第 28 届亚太杂草科学学会会议（APWSS 2023）将在泰国举办

2023 年 11 月 27-30 日，第 28 届亚太杂草科学学会会议（APWSS 2023）将由泰国杂草科学学会（WSST）与亚太杂草科学学会（APWSS）合作主办，在泰国普吉岛举办。主题为“全球粮食安全的杂草科学解决方案”，将包括一个全体会议、两个主旨会议，同期会议和海报会议涵盖以下主题：入侵杂草及其管理、杂草生态学、生物学、生理学、种植区、非耕作区和水生系统的杂草综合管理；耐除草剂作物、抗除草剂杂草、化感、生物杂草控制、气候变化对杂草和杂草管理的影响、除草剂对土壤和水体的行为、杂草科学的教育和推广、除草剂配方和应用技术、新型除草剂及其作用方式、杂草利用、精密和先进的杂草管理技术。

信息来源：<https://www.apwss2023-phuket.com/>



《植物生物学简报》主编：冷冰 副主编：江晓波

《植物生物学简报》联络组：冷冰 江晓波 周丽 沈东婧 周成效 姚远 李莎 郑亚洁 吴晓运 雷震

本简报受到建设学术科研论文和科技信息交流社区项目资助

发行联系：上海市枫林路300号3号楼209室；岳阳路319号31号楼A座

电话：021-54922859 021-54922967；Email：xbjiang@sinh.ac.cn