

# 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
英国环境、食品和农村事务部 (Defra) 发布《英国国际植物健康行动计划》 .....	1
项目资助.....	3
国家自然科学基金委员会生命科学部发布“生物育种”研究青年专项、“多年 生稻驯化改良与利用的基础研究”专项等 2023 年度专项项目指南.....	3
科研进展.....	5
Nature Plants: 建立碱基编辑器消除脱靶的通用策略.....	5
Nature Plants: 全球森林叶类型分布及气候变化潜在影响.....	6
Nature Plants: 水稻籼粳亚种根系构型对外界氮响应差异的分子机制.....	7
Molecular Plant: 大豆基因组和表观遗传修饰组研究中取得新进展.....	8
Molecular Plant: 再生稻再生力基因 RRA3 及其调控再生力的分子机制.....	9
Cell: 植物通过有性生殖实现远缘杂交的新机制.....	10
Nature Communications: 植物病原真菌的全球多样性和地理分布格局.....	11
Science: 海洋光合作用关键色素合成酶.....	12
会议动态.....	14
2024 农场精密实验国际会议 (ICOFPE2024) 将在美国德克萨斯州南帕德里 岛举办.....	14
第 11 届植物光生物学国际研讨会 (ISPP2024) 将在印度举办.....	15
植物和动物基因组会议 (PAG31) 将在美国加利福尼亚州圣地亚哥举办...15	

## 政策规划

英国环境、食品和农村事务部（Defra）发布《英国国际植物健康行动计划》

2023年6月21日，英国环境、食品和农村事务部（Defra）发布《英国国际植物健康行动计划》，旨在通过加强国际植物生物安全，并利用其他国家的信息和专业知识，可以减少引入该国的害虫数量，并将其对英国植物的影响降至最低。其中，已经商定了21个国际目标，这些雄心壮志分为5个主要领域：

### 全球有害生物监测

1. 支持《国际植物保护公约》（IPPC）关于加强有害生物爆发警报和应对系统以传达新出现的有害生物风险的目标。
2. 与国际植物园保护组织合作，扩大国际植物哨兵网络。
3. 将植物健康风险纳入国际自然灾害展望（INHFL）。

### 国际标准和指南

1. 支持国际植物保护公约制定商品和途径特定标准的目标，并随附诊断协议、植物检疫处理和指导。
2. 支持国际植物保护公约的目标，即制定关于使用第三方实体执行植物检疫行动（如处理或检查）的指南。
3. 协助制定欧洲和地中海植物保护组织（EPPO）和国际植物保护公约的标准、建议和指导。

### 执行、能力发展和市场准入

1. 支持国际植物保护公约（IPPC）的目标，即到2030年实施电子植物检疫证书信息的全球制作和交换系统，协调电子数据交换。
2. 支持国际植物保护公约建立诊断实验室服务和诊断规程网络的目标，以帮助各国更可靠、更及时地识别有害生物。
3. 支持国际植物保护公约关于管理电子商务以及邮政和快递途径的目标。
4. 支持国际植物保护公约植物检疫措施委员会（CPM）的建议“到2023年安全提供食品和其他援助，以防止在紧急情况下引入植物害虫”。
5. 继续带头采用国际植物保护公约标准，并促进其对其他国家的使用。
6. 推进其他国家的植物卫生系统，包括发展中国家和我们的海外领土。
7. 与其他国家建立市场并确保贸易协议。

### 研究与开发

1. 支持国际植物保护公约评估和管理气候变化对植物健康影响的目标。
2. 支持国际植物保护公约全球植物检疫研究合作的目标，以加速科学发展，支持所有植物检疫监管活动。
3. 参与全球研究计划

4. 与 Defra 网络和团体合作开展国际研究活动。

#### 国际参与

1. 通过与其他国家的植物健康专业人员交流，分享应对植物健康风险的方法。
2. 支持国际植物健康年（IYPH）的遗产。
3. 提高植物健康在全球“同一个健康”活动中的形象。
4. 继续在 IPPC，EPPO 和欧洲食品安全局（EFSA）机构中代表英国，并增加对世界贸易组织卫生和植物检疫措施（WTO-SPS）活动的参与。

#### 信息来源

<https://www.gov.uk/government/publications/uk-international-action-plan-for-plant-health/united-kingdom-international-action-plan-for-plant-health>



## 项目资助

国家自然科学基金委员会生命科学部发布“生物育种”研究青年专项、“多年生稻驯化改良与利用的基础研究”专项等 2023 年度专项项目指南

2023 年 9 月 26 日，国家自然科学基金委员会生命科学部发布 2023 年度专项项目指南，其中包括两项植物相关项目：“生物育种”研究青年专项、“多年生稻驯化改良与利用的基础研究”专项。

“生物育种”研究青年专项重点支持青年科技人员聚焦农业生物高产、优质、抗逆等重要经济性状，潜心研究，鉴定和利用优异遗传材料，创建高效育种新技术和新方法，培育优良新品种，为实现我国种业科技自立自强、种源自主可控提供科技支撑和人才保障。直接费用总额度约为 4000 万元，资助期限为 5 年，直接费用资助强度不超过 120 万元/项。申请书中研究期限应填写为“2024 年 1 月 1 日—2028 年 12 月 31 日”。本专项拟资助的研究方向包括：

### 1. 农作物新品种选育及其科学基础（申请代码：C13）

面向农作物育种自主创新的重大战略需求，深度挖掘农作物优异种质资源，研究农作物野生种及近缘种快速驯化、遗传改良与利用的理论和关键技术，针对育种亲本材料同质化严重等问题，利用野生及近缘种质资源和高效育种技术，创制具有自主知识产权的作物新品种。为农作物育种技术研发、优异亲本资源圃的拓展及优异新品种培育提供理论依据和种质、技术支撑。

### 2. 园艺植物新品种选育及其科学基础（申请代码：C15）。

面向种源自主可控的国家重大战略需求，以园艺植物为研究对象，重点在种质资源精准评价与种质创新和利用、优异性状形成遗传学机制、高效育种新技术和新方法以及基因编辑创制优异品种等方向开展应用基础研究，为创制优质多抗、高产高效、适于省力化生产的园艺植物新品种提供理论依据和技术支持。

### 3. 林草新品种（系）选育及其科学基础（申请代码：C16）。

面向种业自主创新国家重大需求，以特有用途林木、乡土草种、新型饲草等为主要研究对象，重点通过已有的林草优异资源，发展快速驯化理论与新品种（系）选育，研制基于智能植物工厂的育种加速与高效制种工艺，为林草高效育种技术研发、优良品种培育和规模化制种提供理论依据和技术支持。

### 4. 农业动物新品种选育及其科学基础（申请代码：C17 或 C19）。

面向畜禽、水产育种效率提升等重大需求，鉴定和利用优异种质资源，解析动物生长、抗病、繁殖、品质等优异性状形成遗传学机制，发展以高效精准育种为导向的组学大数据分析与基因组选择方法，为畜禽、水产高效育种技术研发和优良品种培育及持续改良提供理论依据和技术支持。

**“多年生稻驯化改良与利用的基础研究”** 专项旨在资助科研人员系统深入研究多年生稻驯化改良与利用的遗传基础，创制具有重大应用价值的优异基因和材料，并通过分子设计培育新种质和新材料，为多年生稻驯化改良提供理论、材料和技术。本专项项目直接费用总额度约为 200 万元。计划资助项目 1 项，直接费用资助强度约为 200 万元/项；资助期限为 5 年，为长期稳定支持项目。

拟资助的研究方向包括：

1. 长雄野生稻直接驯化及其与亚洲栽培稻种间杂交创制多年生稻的遗传机制和技术研究。

2. 具有“多年生性强、根（茎）集聚、易于耕种、经济可行、产量稳定”目标的多年生稻育种重要种质资源创新与利用。

信息来源：<https://www.nsf.gov.cn/publish/portal0/tab434/info90370.htm>



## 科研进展

### Nature Plants: 建立碱基编辑器消除脱靶的通用策略

2023年10月16日,中山大学生命科学学院李剑峰课题组在 Nature Plants 发表了题为 Split complementation of base editors to minimize off-target edits 的研究论文,报道了一种简单普适的 CBE/ABE 脱靶消除策略,即 SAFE (split deaminase for safe editing) 策略。该策略能够在水稻、拟南芥植株以及人、酵母细胞中实现高效、低脱靶的碱基编辑。Nature Plants 同期以研究简报的形式对该研究进行了推荐。

SAFE 策略不仅全面提升了动植物中碱基编辑的安全性和产物纯度,而且对不同脱氨酶变体组成的碱基编辑器通用,同时无需引入额外的脱氨酶活性调控元件。可预见的是,拆分后的碱基编辑器由于分子量变小,更利于病毒载体介导的碱基编辑器递送和在作物与人细胞中的表达。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01540-8>



### 推荐评论:

CRISPR 衍生的胞嘧啶/腺嘌呤碱基编辑器 (CBE/ABE) 由 Cas9 缺刻酶 (nCas9) 与胞苷或腺苷脱氨酶融合而成,能够高效实现基因组 C>T 或 A>G 的碱基突变,对动植物基因功能研究、作物分子育种和人类遗传病治疗具有重要意义。和 CRISPR 技术一样, CBE/ABE 也会因 gRNA 结合到基因组中与靶序列相似的序列而造成脱靶编辑 (即 gRNA 依赖性脱靶)。该研究在水稻、拟南芥以及人 HEK293T 细胞、酵母中先后验证了 SAFE 介导的中靶编辑效率并全面评估了脱靶效应,发现该策略确实能够大幅抑制 gRNA 非依赖的基因组和转录组随机脱靶编辑。同时,还能够降低 gRNA 依赖的 DNA 脱靶编辑,并且能够完全抑制 CBE 造成的缺失或插入 (indel) 突变。

## Nature Plants：全球森林叶类型分布及气候变化潜在影响

2023 年 10 月 23 日,瑞士苏黎世联邦理工学院马浩之等在 Nature Plants 期刊在线发表题为“The global biogeography of tree leaf form and habit”的论文。

该研究定量分析了全球不同类型树木的分布和占比情况,发现常绿针叶树占比最高,占全球树木总数的 38%,其次为常绿阔叶树(29%)和落叶阔叶树(27%),落叶针叶树占比最小,仅占 5%。常绿阔叶树对全球地上森林生物量的贡献最大(54%),而常绿针叶树仅为 21%。该研究还发现叶片习性(Leaf habit)对气候扰动较为敏感,叶片形态(Leaf form)受绝对温度和湿度的影响较大,结合未来不同排放情景气候数据,本世纪末地球上约三分之一的森林会受到气候变化带来的环境胁迫,影响森林的碳储量和演替进程。

本研究揭示了全球森林中不同叶型树木的数量分布和生物量贡献,强调了气候变化对森林生态系统的潜在影响,为如何更好地保护和管理森林资源提供了重要理论支撑。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01543-5>



### 推荐评论:

森林是地球最重要的生态系统之一,地球上约 80%的陆地生物量分布在森林生态系统中,对于调节全球生物地球化学循环具有重要作用。树木可以通过光合和呼吸作用、蒸腾作用等方式调节森林碳吸收,影响陆地生态系统的结构和功能以及地球系统的碳水循环和能量平衡。树木的叶片特征会显著影响植物的资源利用策略,深刻理解叶片类型的环境梯度变化对于预测气候变化背景下全球的生物地球化学循环至关重要,但是目前缺乏基于实地观测的全球森林叶片习性和叶片形态的定量研究。该研究定量分析了不同类型树木在全球的分布情况、生物量及环境因子对叶片习性和叶片形态的影响,发现叶片习性对气候扰动较为敏感,叶片形态与绝对温度和湿度具有更高的相关性。因此,气候变化背景下不确定的气候特征将影响常绿树木的生长,更高的年均温可能会不利于针叶树种的生存,这意味着未来的气候变化可能会对森林生态系统的结构和功能产生更大的影响。

## Nature Plants: 水稻籼粳亚种根系构型对外界氮响应差异的分子机制

2023年10月5日, Nature plants 在线发表了南京农业大学李姗教授团队题为“Improving rice nitrogen-use efficiency by modulating a novel monouniquitination machinery for optimal root plasticity response to nitrogen”的研究论文。该团队在水稻中鉴定到一个调控水稻根系氮响应的关键基因 RNR10, 并阐明其分子机制, 为改善水稻根系构型、提高氮肥利用效率供了新的基因资源。

该课题组发现水稻籼、粳亚种根系对外界氮响应水平存在显著差异。与籼稻相比, 在外界氮供应水平较低时, 粳稻根系大小对于外界氮供应水平变化更加不敏感。为了明确导致籼、粳亚种根系对外界氮供应水平响应差异的调控因子, 研究人员使用华粳籼 74 为背景的水稻单片段代换系材料鉴定到了一个调控水稻根系对外界氮响应的关键基因 RNR10(REGULATOR OF N-RESPONSIVE RSA ON CHROMOSOME 10), 该基因编码 F-Box 蛋白。进一步研究发现 RNR10 与该课题组前期克隆的生长素生物合成途径负调控因子 DNR1 (DULL NITROGEN RESPONSE1) 存在相互作用, 并通过 K53 位单泛素化修饰 DNR1 抑制其降解, 从而拮抗生长素的积累, 最终降低水稻根系对外界氮响应能力及其对硝态氮的吸收能力。田间试验表明, 敲除粳稻中的 RNR10, 降低 RNR10 丰度, 可以适度提高植株高度、减少分蘖和提高产量, 并且在低施氮水平下的增产效应更加显著。这表明 RNR10 在提高粳稻氮肥利用效率上具有巨大的应用价值。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01533-7>



### 推荐评论:

氮肥是决定作物产量的关键因素之一, 但过量施用氮肥不仅会提高生产成本, 还会带来严重的环境污染问题, 因此提高作物的氮肥利用率是实现农业绿色、高效生产的有效途径。作物氮肥利用效率很大程度上取决于其根系对外部氮元素的吸收能力, 而外界氮源的可用性和分布反过来又会引发作物根系构型改变, 优化作物在外界不同氮供应水平下的根系构型是提高作物氮肥利用效率的重要方向。该研究鉴定到了一个调控水稻根系对外界氮响应的关键基因 RNR10, 与生长素生物合成途径负调控因子 DNR1 相互作用抑制其降解, 从而拮抗生长素的积累, 最终降低水稻根系对外界氮响应能力及其对硝态氮的吸收能力。

## Molecular Plant: 大豆基因组和表观遗传修饰组研究中取得新进展

广西大学农学院王海峰教授团队在 *Molecular Plant* 上发表了题为 *The T2T genome assembly of soybean cultivar ZH13 and its epigenetic landscapes* 的文章，发布了中国大豆品种“中黄 13”(ZH13)的完整基因组“ZH13-T2T”，并首次绘制了该大豆品种的表现遗传修饰图谱。

这一工作揭示了具有不同生化特性的各种基因组区域的分布，并突显了不同染色质状态下 DNA 甲基化、转座子 (TE) 富集和基因表达之间的复杂关系。作者还使用 Nanopore 数据检测了 ZH13 着丝粒和端粒区域的 DNA 甲基化水平，并表明了第三代测序在准确捕捉复杂区域甲基化信号方面的潜力。此外，研究人员还通过分析 Hi-C 数据构建了 ZH13 的三维互作网络，鉴定了潜在的近端和远端的调控元件，为深入研究大豆的功能元件提供了新资源。

信息来源: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1674205223003179>



### 推荐评论:

大豆是重要的粮、油、饲兼用作物，国内外科研人员已获得多个代表性种质资源参考基因组，为深入研究大豆功能基因组学提供重要资源和平台。但随着大豆育种进程的跟进，现有大豆基因组及表观基因组资源仍然不足。该研究整合了 Nanopore 超长测序、PacBio HiFi 测序和 Hi-C 技术，成功组装了近乎完整的 ZH13-T2T 基因组，填补了 ZH13v2 基因组的空白区域，特别是着丝粒和端粒区域，为进一步研究大豆的功能基因组提供了坚实的数据基础。

## Molecular Plant: 再生稻再生力基因 RRA3 及其调控再生力的分子机制

2023 年 10 月 17 日, Molecular Plant 在线发表了华中农业大学熊立仲教授团队题为“Control of rice ratooning ability by a nucleoredoxin that inhibits histidine kinase dimerization to attenuate cytokinin signaling in axillary bud growth”的研究论文。该团队克隆了全球首个水稻再生力基因 RRA3, 并揭示了其参与调控水稻再生力的分子机理。本研究通过全基因组关联分析 (GWAS) 鉴定到与多个再生力和再生季产量性状显著关联的候选基因 RRA3 (Rice Ratooning Ability 3)。盆栽和田间表型实验表明, 与野生型黄华占 (HHZ) 相比, RRA3 敲除材料显著提高水稻的再生力和再生季产量, 而超表达材料的再生力和再生季产量则显著降低。

即 RRA3 可以通过还原 CK 受体 OHK4 的二聚化来减弱 CK 信号转导, 影响 CK 下游响应基因的表达, 从而负调控水稻的再生力。该研究对指导水稻强再生力的遗传改良具有重要意义。

信息来源: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(23\)00323-4](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(23)00323-4)



### 推荐评论:

再生稻是指在头季水稻成熟后收割留桩, 再经过一定的栽培管理措施, 使稻桩上的休眠芽萌发继续生长结实而再次收获的一季水稻。再生稻可以通过提高收获指数来增加粮食产量, 对确保粮食安全, 促进农民增收具有重要意义。近年来, 随着机收再生稻技术的迅速发展, 再生稻的种植面积逐年扩大。然而, 生产上缺乏再生力强的品种, 再生季产量低且不稳定等因素严重制约再生稻的进一步发展。再生力是决定再生季产量最重要的性状之一。然而, 关于再生力基因克隆的工作鲜有报道, 调控水稻再生力的分子机制尚不清楚。该文克隆了全球首个水稻再生力基因 RRA3, 其编码一个具有细胞核、细胞质和内质网定位的核氧化还原蛋白, 在头季收割后 3 天的腋芽中大幅上调表达。生化实验结果表明 RRA3 可与水稻细胞分裂素受体组氨酸激酶 OHK4、OHK5 和 OHK6 互作, 并通过还原 OHK4 分子间的二硫键来抑制其二聚体的形成。这种抑制作用最终导致 CK 信号转导减弱和再生力降低。

## Cell: 植物通过有性生殖实现远缘杂交的新机制

2023年10月7日,北京大学生命科学学院、北大-清华生命科学联合中心、新基石科学实验室瞿礼嘉/钟声团队在Cell期刊在线发表了题为“Antagonistic RALF peptides control an intergeneric hybridization barrier on Brassicaceae stigmas”的学术论文,在分子水平上解析了拟南芥柱头识别并接受自己花粉以及近缘花粉而不接受远缘花粉的机制,提出了柱头-花粉间识别与信号交流的“锁-钥模型”,阐明了柱头处的种间/属间生殖障碍形成的机理,完美解释了“花粉蒙导效应”。

该项发现是植物生殖生物学和植物远缘杂交领域的重大突破,不仅揭示了植物在柱头处关键生殖杂交屏障建立的分子基础,还清楚地解析了上世纪提出的“花粉蒙导效应”,从而找到了一种简单、有效的方法打破植物柱头处的关键生殖障碍。这对于未来我们打破植物种间/属间生殖隔离、实现植物远缘杂交、为农业、园艺等领域创制全新的种质资源具有重要的理论意义和广阔的应用前景。信息来源: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0092867423009819>



### 推荐评论:

新物种的产生对于维持地球生物多样性具有重要意义。不同植物种之间的杂交是新物种形成的一种重要机制。多种重要经济作物,如小麦、棉花和油菜,都源自自然界中植物间的杂交事件。然而,不同种植物间杂交,必须要克服合子前和合子后的生殖障碍。合子前的种间/属间生殖障碍首先产生在雌蕊对花粉的识别过程中,而柱头则是雌蕊识别花粉的第一个也是最重要的地方。要实现远缘杂交首先需要克服的就是在柱头处的生殖障碍,但长期以来花粉与柱头之间的识别机制仍很不清楚。该研究通过揭示植物在柱头处的关键生殖杂交屏障建立的分子基础,找到了一种简单、有效的方法打破植物柱头处的关键生殖障碍。

## Nature Communications: 植物病原真菌的全球多样性和地理分布格局

2023年10月14日, 国际权威学术期刊 Nature Communications 在线发表了生科院蒋建东教授与多国科研团队的合作研究成果, 题为“Global diversity and biogeography of potential phytopathogenic fungi in a changing world”。

研究团队构建并分析了全球潜在植物病原真菌图谱, 该图谱来自各大洲和主要海洋岛屿地区、11种土地覆被类型和12种生境类型的20312个样本。研究发现, 植物病原真菌的多样性在中纬度地区达到顶峰, 这与在地上生物中观察到的纬度多样性梯度形成鲜明对比。基于机器学习的随机森林模型表明, 生物气候是植物病原真菌全球分布的重要驱动因素。研究团队还对本世纪末的植物病原真菌分布情况进行了预测, 结果显示, 到2100年, 植物病原真菌的多样性和入侵潜力将在全球范围内增加。重要的是, 植物病原真菌的多样性在森林(37.27-79.12%)和耕地(34.93-82.51%)生态系统中大幅增加, 且在未来依赖化石燃料的工业情景下增幅将更加明显。因此, 研究团队建议改进森林和耕地的生物监测, 优化可持续发展方法, 以减少植物病原真菌的潜在威胁。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-42142-4>



### 推荐评论:

植物病原真菌对全球粮食安全、生态系统服务和人类生计构成重大威胁。植物病害对一系列陆地环境中的作物和森林管理造成了一系列可量化的直接经济后果。由于植物病原真菌群落的复杂性和多样性以及对其调控因素的不完全了解, 试图通过化学杀真菌剂和生物防治剂来减轻植物病原真菌引起的这类病害的影响, 往往在局部地区无效, 在全球范围内也不充分。因此, 确定植物病原真菌群落在全球范围内的分布和环境属性结构最近被认为是一个优先研究方向。该研究构建并分析了全球多个地区潜在植物病原真菌图谱, 发现生物气候是植物病原真菌全球分布的重要驱动因素。因此, 该团队建议改进生物监测方法, 以减少植物病原真菌的潜在威胁。

## Science: 海洋光合作用关键色素合成酶

2023年10月6日,西湖大学生命科学学院李小波团队在 *Science* 发表题为“*Chlorophyll c synthase widely co-opted by phytoplankton*”的文章,首次报道了叶绿素 c 合成酶编码基因及该酶作用机制,挖掘了叶绿素 c 的生理功能,讨论了该基因的演化形成与转移。这项研究解决了长期以来困扰海洋光合作用领域的一个问题,并为海洋藻类捕光机制的合成生物学应用打开了一扇门。

李小波团队从三角褐指藻基因组中根据各基因在不同生长条件下的表达水平选取了数十个候选基因,依次进行敲除与表型检测。其中一个基因的突变体表现出绿色,不同于野生型硅藻的褐色。色素分析显示,该基因的突变体虽然缺乏绿色的叶绿素 c,却也减少了与叶绿素 c 处于同一色素-蛋白复合体的黄色色素——岩藻黄素的含量,因此呈现比野生型更绿的颜色。在低光照条件下,该突变体表现出明显的生长劣势。体外实验证实,该基因编码的酶能够直接合成叶绿素 c,因此被命名为叶绿素 c 合成酶 (Chl c synthase),简称 CHLC。

结合 Tara Oceans 海洋生物调查数据,研究团队发现 CHLC 同源基因广泛分布于全球海洋。在系统演化分析中,团队发现不含叶绿素 c 的生物缺乏 CHLC 同源基因;而同样含有叶绿素 c 的定鞭藻、甲藻和隐藻,虽然与硅藻亲缘关系较远,均具有该基因。然而,与硅藻亲缘关系更近并含有叶绿素 c 的褐藻却缺乏该基因,这表明褐藻可能采用未知的、独立演化出的酶来合成叶绿素 c。这一结果与论文其他在演化方面的发现表明现在的光合作用机制演化学说还有待修正。

信息来源: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.adg7921#tab-contributors>



### 推荐评论:

硅藻作为单细胞真核生物,一般只有 2 微米到 200 微米,只有少数门类可以达到毫米级。目前主流理论认为,一个异养生命通过吞噬蓝细菌获得了光合作用的能力,演化出了绿藻与红藻,蓝细菌演化成了叶绿体,这是人们熟知的第一次内共生。而硅藻的祖先,吞噬了已经具备细胞核与叶绿体的红藻,并获取了特定的红藻基因,这也被称为第二次内共生。光合作用极其复杂,人类目前还不能完全解密,目前认为产氧光合生物主要含有五种类型的叶绿素:叶绿素 a, b, c, d, f,其结构与合成路径各有不同。与其他天然产物一样,叶绿素生物合成的每一步骤依赖于酶的催化,而每个酶有一个或多个基因编码。每种叶绿素生物合成通路的解析将使得该叶绿素在其他物种中的应用成为可能。硅藻类群中的模式物种三角褐指藻早在 2008 年就已完成基因组测序,该文首次揭示了叶绿素 c 合成酶编码

基因及该酶作用机制，挖掘了叶绿素 c 的生理功能，讨论了该基因的演化形成与转移。

## 会议动态

2024 农场精密实验国际会议（ICOFPE2024）将在美国德克萨斯州南帕德里岛举办

2024 年 1 月 8 -11 日农场精密实验国际会议将在美国德克萨斯州南帕德里岛举办。会议由多大学数据密集型农场管理项目（DIFM）组织，并由美国农业部国家食品和农业研究所赞助。会议的目的是展示和促进农业科学的革命，将农艺实验从大学和公司拥有的田地转移到农民自己的田地。

会议将汇集有兴趣使用精准农业技术的农民、作物顾问和专业农业研究人员，在农民自己的田地上进行有意义的农艺田间试验，然后利用产生的数据来提高农场利润和增强农场可持续性。为期四天的会议将由两个为期两天的研讨会组成。

2024 年 1 月 8-9 日：研讨会 I：“实践中的 OFPE”。适用于农民、顾问和其他对基于数据的作物生产管理感兴趣的人。

2024 年 1 月 10-11 日，研讨会 II：“专业研究中的 OFPE”。正式学术研究报告，针对专业研究人员，但向所有人开放。

信息来源：<https://2024.ofpe.org/>



## 第 11 届植物光生物学国际研讨会 (ISPP2024) 将在印度举办

2024 年 1 月 9-12 日, 第 11 届植物光生物学国际研讨会将在印度举办。植物光生物学国际研讨会于 2001 年在美国开始, 现每两年举办一次, 负责组织活动, 由来自北美和南美, 亚洲和欧洲的科学家自愿轮流举办。这个独特的会议为植物光生物学领域的领导者和新兴人才提供了一个分享他们最新研究并讨论未来方向的平台。第 11 届 ISPP 将与 EMBO 研讨会合并, 以组织一次高质量的会议, 未来可能会继续类似的两年一度的活动。

这是一个单一的平台, 植物光生物学领导者以及全球未来的人才聚集在一起, 分享他们最新的大部分未发表的结果并讨论未来的方向。有助于社区交流最新的技术和方法, 以解决不同领导小组采取的不同生物学问题。拟议的 EMBO 研讨会“植物光生物学的当前趋势”将汇集研究人员, 展示他们关于光感受器作为温度传感器的作用、光感知如何与植物竞争、营养摄取、开花、压力反应、生物钟以及使用光操纵细胞信号传导的新光遗传学工具的最新进展。

信息来源: <https://www.niser.ac.in/events/ispp2024/>



## 植物和动物基因组会议 (PAG31) 将在美国加利福尼亚州圣地亚哥举办

2014 年 1 月 12-17 日, 植物和动物基因组会议 (PAG31) 将在美国加利福尼亚州圣地亚哥举办, 会议旨在提供一个关于植物和动物基因组项目的最新发展和未来计划的论坛。完整计划包括科学研讨会、全体会议演讲者、行业研讨会、数字工具和资源会议、海报会议以及供应商展示行业相关生产和服务的展览。

信息来源: <https://intlpag.org/31/>



---

《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](mailto:xbjiang@sinh.ac.cn)