

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
美国农业部 （USDA）发布《国家战略种质和品种收集评估和利用计划》	1
科研进展.....	2
Journal of Genetics and Genomics: 广泛杂交揭示了小麦-山羊草物种复杂系中 功能着丝粒的稳健性.....	2
The Plant Cell: 拟南芥范围扩展过程中驱动转座元件负载变化的力	4
Nature Communications: 植物物种多样性导致农业增产的原因与微生物有关	5
Nature Communications: 茄科植物远亲谱系中莨菪生物碱的生物合成进化历 史.....	6
Nature Plants: 蓝光诱导的相分离促进 m6A 修饰调控叶绿素稳态的新机制.	7
Nature Plants: 小分子活性肽 SCOOPs 产生的机制及在植物受到胁迫时的功 能.....	8
PNAS: ABA 和 CO ² 触发特异性染色质重塑进而启动植物的非生物胁迫响 应.....	9
Molecular Plant: 克隆全球首个水稻再生力基因 RRA3	10
会议动态.....	12
2024 全国健康土壤生态与植物营养生理学术论坛将在海南三亚举办	12
2024 特色植物萜类资源研究与高值化利用研讨会将在海南三亚举办	12
第八届全国植物生物学与植物逆境生物学研讨会将在海南三亚举办	12
2024 全国生物固氮与环境效应影响研讨会将在海南三亚举办	13
第五届植物科学与农业国际会议将在法国巴黎举办	13
第 65 届日本植物生理学家学会年会将在日本神户举办	14
2024 全球粮食与营养安全国际会议（ICGFNS 2024）将在日本东京举办 ..	14

政策规划

美国农业部（USDA）发布《国家战略种质和品种收集评估和利用计划》

2023 年 11 月 17 日，美国农业部（USDA）发布国家战略种质和品种收集评估和利用计划，以支持农业研究局（ARS）美国国家植物种质系统（NPGS）的使命。

USDA-ARS NPGS 相信实施该计划将解决当前的运营和研究挑战。该系列通过为育种者和研究人员提供他们所需的种质资源，为美国消费者提供丰富、安全和负担得起的农产品，对于维持国家的食品供应至关重要。

NPGS 是一个由 22 个基因库组成的网络，主要由 USDA-ARS 运营，通常与赠地大学建立牢固的伙伴关系，评估、表征和保存独特的种质资源，包括种子、组织、块茎和芽。这些收藏品为研究人员和育种者提供了遗传多样性的机会，这对于开发抗虫害和环境适应型作物以应对新出现的疾病和害虫、快速变化的气候和市场需求至关重要。

基因库目前保存着来自 100 多种不同作物的 617,000 多种独特的植物种质，每年分发超过 200,000 个种质样本，用于研究、教育和育种目的。此外，NPGS 科学家还开展研究，以加强维护和改良种质资源的方法，同时确保与这些重要材料相关的所有信息和数据都可以通过种质资源信息网络（GRIN）-Global 获得。

根据国会在 2018 年农业法案中的指示，该计划概述了 NPGS 的现状、优势和劣势以及管理植物种质的运营能力，包括获取、维护、表征、分布、评估和遗传增强。它确定了业务积压、植物种质管理能力不足以及其他威胁到种质资源用于作物改良的关键业务和研究需求。

更重要的是，这个全面的 10 年计划包括根据 NPGS 科学家和领导层的数据驱动评估和建议，在国家遗传资源咨询委员会的指导下，应对上述挑战的战略。成功实施后，这些策略将产生：

- 维护更多无病、安全备份并可用于研究和育种的植物种质。
- 加强对该种质的内在遗传变异和高价值性状的了解。
- 获取、保存和开发具有重要性状的新植物种质。

信息来源：<https://www.ars.usda.gov/crop-production-and-protection/plant-genetic-resources-genomics-and-genetic-improvement/docs/npgs-plan/>



科研进展

Journal of Genetics and Genomics: 广泛杂交揭示了小麦-山羊草物种复杂系中功能着丝粒的稳健性

普通小麦是主要的粮食作物之一。普通小麦的形成涉及三个祖先种的两次远缘杂交和异源多倍化过程。小麦基因组大小约 16Gb, 包含 A、B 和 D 三套既高度同源又有明显分化的亚基因组（其中, 90%以上为重复序列）。普通小麦具有良好的可杂交性, 可以与多种近缘野生种进行杂交, 由此引入野生资源的优异性状, 有效改良小麦的农艺性状。普通小麦着丝粒主要由卫星重复序列和反转座子组成, 平均大小约 8Mb。不同倍性小麦参考基因组、大规模重测序以及多组学数据的发表, 为小麦着丝粒的研究提供了重要的基因组资源。

远缘杂交和异源多倍化是指物种通过种属间杂交和全基因组加倍, 使多套染色体在同一细胞核内稳定遗传的现象, 是新物种形成和生物多样性重要的驱动力之一。远缘杂交可以拓宽作物基因库的遗传多样性, 改良作物关键农艺性状甚至创造新物种, 具有不可替代的作用和独特优势。研究表明, 作物远缘杂交和异源多倍化早期世代会经历不同程度的基因组冲击, 并伴随染色体数目和结构的异常, 产生染色体重排以及单亲染色体丢失等核型不稳定现象。因此, 对远缘杂交过程不同亲本来源染色体组的稳定和适应机制进行研究, 有助于克服种间隔离, 实现种质资源更高效、更广泛的利用。

该研究通过人工创制一系列四倍体和六倍体合成小麦材料来模拟自然界小麦多倍化过程, 并通过着丝粒特异组蛋白 CENH3 抗体进行 ChIP-seq 试验发现, 在小麦-山羊草合成材料 F1、S0 及有限世代连续自交过程中, 着丝粒 CENH3 的装载相对亲本稳定（如图）。这说明面对基因组冲击人工合成异源多倍体小麦早期世代着丝粒 CENH3 渐进式进化方式的普遍性, 为剖析异源多倍体早期基因组相对稳定提供了保证机制。

12 月 7 日, 相关研究成果以 Wide hybridizations reveal the robustness of functional centromeres in Triticum-Aegilops species complex lines 为题, 在线发表在 Journal of Genetics and Genomics 上。

信息来源: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1673852723002436>



推荐评论: 普通小麦 ($2n=6x=42$) 是世界上种植面积最广的粮食作物, 也是典型的异源六倍体 (BBAADD), 是由栽培四倍体小麦 (BBAA) 和二倍体粗山羊草 (DD) 经过杂交和基因组多倍化形成。作物远缘杂交和异源多倍化可能导

致基因组不稳定或染色体数目及结构异常，因此对远缘杂交过程不同亲本来源染色体的稳定性研究，有助于克服种间隔离，创制优良新品种。该文揭示了人工合成多倍体小麦着丝粒渐进式进化方式的普遍性，为小麦遗传改良提供重要的理论依据和材料基础。

The Plant Cell: 拟南芥范围扩展过程中驱动转座元件负载变化的力

转座子 (Transposable elements, TEs) 是较多生物基因组中主要的组成部分 (在玉米中可达到 80% 以上)。与单碱基变异相比, 转座子序列长、突变速率快, 可更快速地产生大效应的突变。转座子能够通过多种机制影响基因的功能和生物的表型。尽管已有较多关于转座子的研究, 但尚不清楚转座子对生物进化有利还是有害、遗传负荷变异的驱动力、物种生境扩张过程中转座子负荷 (TE load) 是否发生累积, 以及哪些进化力量和分子机制影响转座子负荷。

中国科学院植物研究所郭亚龙研究组利用 1115 个全球广布的拟南芥自然品系, 发现了拟南芥在东西向扩张过程中发生了转座子负荷的累积。尤其是向东扩张的过程, 在最东的长江群体累积了最高的转座子负荷。转座子的累积与扩散距离正相关, 与遗传多样性负相关。有效群体大小能够解释转座子负荷变异的 62%, 高转座速率和自然选择是扩张群体转座子负荷增加的重要原因。研究通过对转座的两个阶段 (转录和转座, 即转座子家族的表达量和拷贝数) 的全基因组关联分析, 系统解析了转座子负荷变异的遗传基础, 鉴定到一系列候选的活跃性的转座子及候选调控基因 (包括一个已知的转座子调控基因 **RDR2**)。在拟南芥自然群体中, 转座子调控基因 **RDR2** 能够影响转座子家族的表达量及拷贝数, 这表明其变异可能是长江群体转座子累积较多的重要原因之一。

该研究利用全球广布的模式物种拟南芥的自然群体材料, 综合运用群体遗传学和数量遗传学等多学科的交叉研究手段, 解析了生境扩张过程中转座子负荷变异的模式和规律, 揭示了转座子在基因组水平更倾向于有害突变, 初步挖掘了调控转座子总量的进化生物学因素及遗传学因素, 为揭示转座子的作用这一核心科学问题奠定了基础。

11 月 30 日, 相关研究成果发表在 *The Plant Cell* 上。研究工作得到国家自然科学基金和中国科学院战略性先导科技专项的支持。中国科学院动物研究所和中国农业科学研究院深圳基因组研究所的科研人员参与研究。

信息来源: <https://academic.oup.com/plcell/advance-article/doi/10.1093/plcell/koad296/7456361>



推荐评论: 转座子是植物基因组中可移动的 DNA 序列, 对于驱动基因组进化与新物种形成有着至关重要的作用。该研究结合拟南芥群体遗传学和全基因组关联分析发现拟南芥在东西向扩张过程中发生了转座子负荷的累积, 并鉴定到一系列候选的活跃转座子及候选调控基因, 解析了生境扩张过程中转座子负荷变异的模式和规律, 揭示了转座子在基因组水平更倾向于有害突变。

Nature Communications：植物物种多样性导致农业增产的原因与微生物有关

2023 年 12 月 18 日，中国农业大学王光州和堪萨斯大学的 James D. Bever 教授以共同通讯作者发表在 Nature Communications 上题为《Dilution of specialist pathogens drives productivity benefits from diversity in plant mixtures》的一项研究，基于堪萨斯大学的田间和温室实验，显示了种植多样化作物而非单一植物物种如何提高农业产量：对植物有害的土壤病原体更难“茁壮成长”。研究表明，一个主要的驱动因素是病原体的专化，特别是那些针对不同植物物种的病原体。这些病原体抑制了低多样性群落的产量。

研究结果表明，生物多样性会抑制病原体的生长，但在植物界之外，这种情况并不明显。科研人员在植物界取得的明确结果与动物界这一文献的复杂性形成了鲜明对比。在最近对病原体的关注（如 COVID）背景下，生态学中对病原体的研究一直存在争议。多样性对病原体影响的影响，是增加还是减少，一直存在争议。科研人员对植物的研究结果表明，人们更关心的是多样性增加后病原体传播的减少，而不是增加。在他们的研究中，对病原体，包括生活在土壤中的病原体进行了研究。在叶面病原体中也观察到了类似的模式。争议源于病原体对动物界和植物界的影响方式不同。

信息来源：<https://www.nature.com/articles/s41467-023-44253-4>



推荐评论：多样化的农业群落有可能抑制病原体，从而提高产量，一个主要的驱动因素是病原体的专化，特别是那些针对不同植物物种的病原体。这些病原体抑制了低多样性群落的产量。生态学中对病原体的研究一直存在争议，多样性对病原体影响的影响，是增加还是减少，一直存在争议。该文研究结果表明，生物多样性会抑制病原体的生长，但在植物界之外，这种情况并不明显。这与动物界的结论形成了鲜明对比。

Nature Communications: 茄科植物远亲谱系中莨菪生物碱的生物合成进化历史

2023 年 12 月 20 日, 兰州大学刘建全团队在 Nature Communication 在线发表了题为《Multiple independent losses of the biosynthetic pathway for two tropane alkaloids in the Solanaceae family》的研究论文, 该研究基于不同谱系的茄科植物基因组分析, 揭示了两种莨菪生物碱生物合成的进化历史, 并发现在茄科植物中两种莨菪生物碱的生物合成途径存在多次独立的丧失。

在这项研究中, 研究人员对产生 HS 的三个谱系代表性物种 (*Brugmansia arborea*、*Anisodus tanguticus* 和 *Mandragora caulescens*) 以及一个不产生 HS 的物种 (*Lycium chinense*) 的基因组进行了测序。同时还从其他 13 个不产生 HS 的物种中获取了高质量基因组, 代表了多个不产生 HS 谱系, 以进行茄科这些远亲谱系中 HS 生物合成的比较和评估。该研究分析了三种 HS 产生物种中负责 HS 产生的共同生物合成途径。在两种类型的物种中, 观察到与 HS 合成相关的高水平基因共线性。此外, 通过在关键位点引入功能获得和功能丧失突变, 研究人员分别证实了这两种物种中参与 HS 合成的关键基因的功能减少/丧失或重新激活。这些发现表明, 自 HS 生物合成途径起源于祖先谱系以来, 它独立且重复地丢失。

这项研究为茄科作物 HS 生物合成的人工工程提供了潜在的应用前景。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-44246-3>



推荐评论: 植物中的次级代谢产物对于强大的进化选择起到了关键作用。值得关注的是, 在远缘谱系中我们可以观察到相同的植物次生代谢产物。另一种解释是这些代谢途径可能起源于所有相关谱系的最新共同祖先, 并在远缘谱系中得以保留, 但由于多样化过程中的不利选择压力或遗传漂移, 可能在一些近缘谱系中丧失。山莨菪碱和东莨菪碱 (HS) 是两种在茄科的多个远缘谱系中具有重要药用价值的莨菪生物碱, 但是关于其合成进化历史的理解依然有限。该研究基于不同谱系的茄科植物基因组分析, 揭示了两种莨菪生物碱生物合成的进化历史, 并发现在茄科植物中两种莨菪生物碱的生物合成途径存在多次独立的丧失。

Nature Plants: 蓝光诱导的相分离促进 m6A 修饰调控叶绿素稳态的新机制

2023 年 12 月 8 日, 福建农林大学未来技术学院海峡联合研究院蛋白质组学研究中心林辰涛教授课题组在 Nature Plants 发表了题为《Light-induced LLPS of the CRY2/SPA1/FIO1 complex regulating mRNA methylation and chlorophyll homeostasis in Arabidopsis》的研究论文, 该研究发现, 蓝光诱导 CRY2-SPA1-FIO1 复合体发生较为缓慢的液-液相分离, 直接增强 m6A“编码器” FIO1 的甲基化转移酶活性, 促进叶绿素平衡态调节以及相关基因的 m6A 修饰和翻译效率, 从而影响植物在光下的叶绿素平衡态。

在对 m6A “编码器”突变体的蓝光表型筛选中, 研究发现 METTL16 类型的 m6A“编码器”fio1 突变体在蓝光下表现出类似蓝光受体 cry1cry2 突变体的叶绿素缺陷表型, 而 METTL3 类型的 mta 突变体在同样条件下则表现出正常的叶绿素含量表型。这一结果表明, CRY-FIO1 特异的 m6A 修饰对叶绿素稳态的调控是至关重要的。进一步分析发现, 虽然蓝光通过 CRYs 调控一部分编码叶绿素代谢酶基因的表达, 但是这些基因并不显示依赖于 CRYs 和 FIO1 但独立于 MTA 的 mRNA 修饰、翻译与蛋白丰度光调控。

与此同时, 该多组学分析发现了六个编码叶绿体蛋白的核基因依赖于 CRYs 和 FIO1 却独立于 MTA 的 mRNA 修饰、翻译与蛋白丰度光调控, 并将这六个基因归类命名为 CHR (Chlorophyll Homeostasis Regulator), 即叶绿素平衡态调节基因, CRY2-FIO1 介导蓝光调控 CHR 基因的 mRNA 修饰和翻译对维持蓝光下叶绿素平衡发挥着关键作用。同时进一步探究 CRY2-FIO1 如何特异性调控叶绿素平衡态调节基因的 m6A 修饰并促进翻译。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01580-0>



推荐评论: 光不仅为植物光合作用提供能量, 还能通过影响植物生长发育更好适应外界环境变化, 提升光合作用效率。叶绿素是光合作用不可或缺的组成部分, 目前已知光可以通过调控叶绿素合成酶的基因表达或者酶活性影响植物的叶绿素含量, 然而光如何影响叶绿素的合成与降解, 调控复杂自然条件下的叶绿素平衡态的机制目前还并不清楚。该研究发现, 蓝光诱导 CRY2-SPA1-FIO1 复合体发生较为缓慢的液-液相分离, 直接增强 m6A“编码器” FIO1 的甲基化转移酶活性, 促进叶绿素平衡态调节以及相关基因的 m6A 修饰和翻译效率, 从而影响植物在光下的叶绿素平衡态。

Nature Plants: 小分子活性肽 SCOOPs 产生的机制及在植物受到胁迫时的功能

2023 年 12 月 4 日, 剑桥大学的植物科学研究中心塞恩斯伯里实验室 Jack Rhodes 等在 Nature Plants 发表题为《Subtilase-mediated biogenesis of the expanded family of SERINE RICH ENDOGENOUS PEPTIDES》的研究论文, 该论文揭示了植物在应对环境压力时, 如何通过特定的次生蛋白酶加工出一大类名为 SCOOP 的信号肽, 进而影响其免疫和发育过程, 扩展了对植物信号传导途径的理解。

本研究揭示植物信号肽 SERINE RICH ENDOGENOUS PEPTIDES (SCOOP) 家族及其在植物应对环境压力时的作用。SCOOPs 是从更大的前体蛋白通过蛋白水解切割生成, 以调节植物生长、发育和应对压力反应。通过迭代基因组搜索识别 PROSCOOP 基因, 合成相应的 SCOOP 肽并测试其生物活性, 以及对相关次生蛋白酶进行遗传分析等研究方法, 研究结果揭示在拟南芥基因组中识别了至少 50 个 SCOOP 家族成员, 这些成员在受到胁迫时表达增加。这些 SCOOP 肽的活性严格依赖于 MIK2 受体, 而这种活性肽体是由特定的次生蛋白酶在保守的切割位点上处理 PROSCOOP 生成的。通过实验, 确认了 SBT3.5、SBT3.6、SBT3.8 和 SBT3.9 是必要且足以加工 PROSCOOP 的酶。SBT3 的高阶突变体 (缺失多个 SBT3 基因) 的表型类似于缺失 MIK2 的植物, 表明这些次生蛋白酶在 PROSCOOP 的加工和 SCOOP 信号传导中起着关键作用。

该研究揭示了 SCOOP 家族的扩张及其在植物免疫和发育中的关键作用, 特别是在植物应对环境压力时。这一发现扩展了对植物信号传导途径的理解, 提供了对植物生物学多样性的深入见解。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01583-x>



推荐评论: 小肽个头小, 作用大, 它是生物体中一类重要的活性物质, 其不仅可以作为激素, 还能作为生长因子或信号分子参与调节生物体的生长发育等过程。目前研究表明, 小肽不仅可以通过“非编码区”的小开放阅读框翻译而来, 也可通过前体蛋白的加工间接产生。解析这些活性小肽的产生及作用机制, 对改良作物的多种农艺性状具有重要的意义。该研究揭示了蛋白酶切割植物中的蛋白质前体产生免疫活性小肽 SCOOPs 的分子作用机制, 这对于未来通过现代生物技术手段精准调控植物免疫, 进而培育抗病作物具有重要的理论和实践意义。

PNAS: ABA 和 CO² 触发特异性染色质重塑进而启动植物的非生物胁迫响应

2023 年 12 月 19 日, 来自斯坦福大学的 Julian I. Schroeder 团队在 PNAS 发表研究成果《Distinct guard cell-specific remodeling of chromatin accessibility during abscisic acid- and CO²-dependent stomatal regulation》, 该研究从拟南芥植株中分离出保卫细胞细胞核, 发现 ABA 在保卫细胞、根和叶肉细胞中触发广泛和动态的染色质重塑, 具有明确的细胞类型特异性模式。同时证明 ABA 和 CO² 诱导了不同的染色质重塑程序, 启动了基因组的非生物抗性。

团队重点研究了能够迅速从周围环境中吸收 ABA 的根, 发现 ABA 触发的根中染色质可及性随时间发生变化, 同时 ABA 调节的可及染色质区域(ACRs)往往比静态区域距离转录起始位点(TSS)(>1kb)更远。此外, ABF/AREB 转录因子识别的基序在 ABA 诱导的 ACRs 中高度富含。

本研究揭示了 ABA 诱导的大规模染色质重塑, 确定了在保卫细胞中特别活跃的基因组调控区域, 并揭示了控制气孔孔径大小的信号如何改变这些序列的可及性。ABA 触发的染色质动力学可能为保卫细胞基因组的长期重编程以实现非生物胁迫生存提供基础。

信息来源: <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2310670120>



推荐评论: 染色质结构重塑后允许转录因子结合靶 DNA 被认为是基因调控的关键步骤, 受环境刺激和植物激素信号调控。ABA 作为一种主要的植物应激激素, 在受非生物胁迫的细胞和组织中积累, 触发了拟南芥基因组中数千个基因的差异表达, 然而, 目前还不清楚 ABA 是否重塑了染色质结构, 以及 ABA 调节的转录因子在染色质背景下可能如何发挥作用。该研究揭示了 ABA 诱导的大规模染色质重塑, 确定了在保卫细胞中特别活跃的基因组调控区域, 并揭示了控制气孔孔径大小的信号如何改变这些序列的可及性。ABA 触发的染色质动力学可能为保卫细胞基因组的长期重编程以实现非生物胁迫生存提供基础。

Molecular Plant: 克隆全球首个水稻再生力基因 RRA3

2023 年 12 月 4 日, 国际学术期刊 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。

研究发现 RRA3 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 (Nucleoredoxin, NRX), 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 (Cytokinin, CK) 受体组氨酸激酶 (Histidine Kinase) 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。此外, RRA3 启动子区的变异导致其表达量差异, 从而导致再生力的变异。

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.sciencedirect.com/science/article/pii/S1674205223003234>



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。

会议动态

2024 全国健康土壤生态与植物营养生理学术论坛将在海南三亚举办

为进一步推动健康土壤生态学及植物营养生理研究的发展,为专家学者及行业同仁搭建高水平学术交流平台,引导广大青年科研工作者开展创新研究,促进土壤生态和植物营养生理科研工作再上新台阶。2024 年 1 月 19-22 日,2024 全国健康土壤生态与植物营养生理学术论坛将在海南三亚举办。会议交流议题与学术报告范围为:(1)土壤微生物生态学与微生物生态过程;(2)健康土壤与根际生态学;(3)土壤污染生态学与土壤修复;(4)土壤生态与作物健康、食品安全;(5)土壤生态与全球变化;(6)养分需求、循环与环境;(7)植物营养机理与调控;(8)植物营养与土壤健康;(9)肥料研究开发与科学施用;(10)土壤化学与健康土壤交叉研究及农业可持续发展领域新进展与成果。

信息来源: http://www.gznykejifazhan.com/news_view.asp?id=7697



2024 特色植物萆类资源研究与高值化利用研讨会将在海南三亚举办

为进一步交流国内学者在特色植物萆类资源研究、开发与高值化利用方面的研究进展,加强全国植物萆类资源研究科技人员之间的交流与合作,促进中国青年药用植物及萆类资源研究科技人员的成长,加速中国萆类资源开发产业的发展。2024 特色植物萆类资源研究与高值化利用研讨会将于 2024 年 1 月 25-28 日在三亚举办。

信息来源: http://www.gznykejifazhan.com/news_view.asp?id=7703



第八届全国植物生物学与植物逆境生物学研讨会将在海南三亚举办

为促进在植物生物学与植物逆境领域的学术交流及合作,共同推动植物生物学的蓬勃发展。经协商,由 T8NSPB 组委会、中科农研(北京)农业技术研究院、北京植物探索未来发展中心(筹)、中国农业发展与科技交流学术网主办,中科农研植物科学创新研究中心、农业科学与植物技术智汇大讲堂承办。第八届全国植物生物学与植物逆境生物学研讨会定于 2024 年 1 月 26-29 日在三亚市召开。会议交流主要议题及征文方向和范围:(一)行业热点聚焦与创新研究 1. 植物

生物技术与先进成果、发展趋势；2. 植物逆境生物学研究、新进展；3. 生物化学与分子生物学。（二）综合报告与学术（技术）交流 专题一：植物生物技术 1.植物与生物互作研究；2.作物遗传育种、种质资源创新研究和利用；3.遗传多样性研究；4.生物大分子结构、修饰与功能；5.作物、植物生长发育与植物激素调控；6.组学研究作物遗传改良；7.植物基因编辑技术、应用与发展；8.分子育种新技术、新方法、新进展；9.绿色健康作物种植与食品安全；10.植物生物资源高质量高水平利用技术与发展。专题二：植物逆境生物学 1.作物逆境生理；2.植物逆境分子生物学；3.逆境响应相关分子机制研究；4.植物逆境感应与信号转导；5.植物细胞器与逆境应答；6.植物发育可塑性与逆境适应；7.植物抗逆生物学及其调控研究；8.植物营养逆境；9.逆境生物技术；10.抗逆种质资源创新研究、利用与品质调控。

信息来源：http://www.gznykejifazhan.com/news_view.asp?id=7707



2024 全国生物固氮与环境效应影响研讨会将在海南三亚举办

为展示我国生物固氮与环境影响效应研究新进展、新成果。探索生物固氮研究与应用新发展。加强全国生物固氮研究科技人员之间的交流与合作，促进中国青年科技人员的成长，搭建务实、高效的交流合作平台。2024 全国生物固氮与环境效应影响研讨会将于 2024 年 1 月 31 日-2 月 3 日在三亚举办。会议学术交流范围包括：（1）生物固氮的研究和利用新进展、新成果；（2）生物固氮和植物生物学；（3）植物-微生物共生互作与调控；（4）生物固氮与植物光合作用；（5）根瘤菌与植物及环境互作过程、机制；（6）菌剂的研究、开发和应用；（7）生物固氮的环境行为效应；（8）农田固氮与作物提质增产增效；（9）江河湖库、湿地、河口及海洋水生态系统生物固氮研究；（10）森林生物固氮研究与探索；（11）微生物驱动研究与作用。

信息来源：http://www.gznykejifazhan.com/news_view.asp?id=7706



第五届植物科学与农业国际会议将在法国巴黎举办

2024 年 2 月 7-8 日，2024 植物科学与农业国际会议将在法国巴黎举办。本

次会议主题为“深入研究植物科学的新发现和现代趋势”。会议全面跨越植物科学领域的各个方面，旨在提供一个包罗万象的平台。主要目标是促进植物科学家、生物技术专家、植物科学研究人员、植物诊断实验室专业人员、植物企业企业家、园艺专家、研究学者、种植园公司、生物化学家、农艺师和来自全球的植物科学培训中心的动态融合。这次合作聚会是促进宝贵信息交流、分享研究经验和展示植物科学各个角落成果的途径，旨在创造一个丰富的环境，激发富有成效的讨论，鼓励跨学科的互动，并推动植物科学领域走向新的视野。

信息来源: <https://plantscience.alliedacademies.com/>



第 65 届日本植物生理学家学会年会将在日本神户举办

2024 年 3 月 17-19 日，第 65 届日本植物生理学家学会年会将于在兵库县神户港岛神户国际会议中心举行（现场/线上混合会议）。在神户举行的第 65 届年会是自 COVID-19 从 2 级传染病降级为 5 级传染病以来的第一次年会。因此，经过年会委员会的讨论，决定这次将在会场进行海报展示，该海报展示在前三届年会（岛根、筑波和仙台）上在线进行。年会委员会计划创建一个场所，让所有参与者，包括海报展示者，都可以参与有意义的讨论。对于那些在线参会人员，年会委员会将准备一个在线分发环境，用于观看海报展示和参与问答（聊天形式）、研讨会讲座和一般口头报告。此外，还将举行颁奖典礼和颁奖典礼、获奖讲座、海报展示、午餐会、公司展览等。

信息来源: <https://jspp.org/annualmeeting/65/>



2024 全球粮食与营养安全国际会议（ICGFNS 2024）将在日本东京举办

2024 年 3 月 18-19 日，全球粮食与营养安全国际会议（ICGFNS 2024）将在日本东京举办。全球粮食和营养安全国际会议旨在汇集顶尖的学术科学家、研究人员和研究学者，交流和分享他们在全球粮食和营养品安全各个方面的经验和研究成果。它还为研究人员、从业者和教育工作者提供了一个一流的跨学科平台，以介绍和讨论全球粮食和营养安全领域的最新创新、趋势和关注点，以及遇到的实际挑战和采取的解决方案。

会议诚挚邀请高质量的研究贡献,描述全球粮食和营养安全所有领域的概念性、建设性、实证性、实验性或理论性工作的原始和未发表成果,在会议上发表。会议征集涉及会议主题的摘要、论文和电子文件,包括新颖研究材料的图表和参考文献。

信息来源: <https://waset.org/global-food-and-nutrition-security-conference-in-march-2024-in-tokyo>





《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