

# 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

    国家自然科学基金委员会发布 2024 年重点项目立项领域，植物科学领域 10 个..... 1

    生态环境部发布《中国生物多样性保护战略与行动计划（2023—2030 年）》..... 2

科研进展..... 3

    Nature Communications: 玉米胚乳分化基因调控网络的解码 ..... 3

    Nature Communications: 新技术揭示根际免疫制约病原菌的过程与微生态机制..... 4

    Nature Communications: 水稻矮缩病毒促进病毒水平传播的调控机制 ..... 5

    Nature Communications: 水稻叶际微生物群落稳态的分子机制 ..... 6

    Nature Plants: 植物 SERRATE 基因表达受精确调控的分子机制 ..... 7

    Nature Plants: 植物 MBD2 蛋白在精细胞形成过程中维持转座子沉默的新机制..... 8

    PNAS: 植物细胞分裂的新机制 ..... 9

    PNAS: 细胞分裂素快速激活基因表达的分子机制 ..... 10

    Molecular Plant: 甲基乙二醛参与病原菌—植物互作新机制..... 11

会议动态..... 12

    联合国森林论坛第十九届会议（UNFF 19）将在美国纽约举办 ..... 12

    第五届全国植物开花•衰老与采后生物学大会将在山东省潍坊市举办..... 12

    第二届中国野生植物保护大会暨中国野生植物保护与利用展将在福建省厦门市举办..... 12

    2024 年土壤科学与植物营养学国际学术研讨会(SSPN 2024)将在中国云南省昆明市举办..... 13

## 政策规划

国家自然科学基金委员会发布 2024 年重点项目立项领域，植物科学领域 10 个

2024 年 1 月 11 日，国家自然科学基金委员会发布了 2024 年的项目指南。

《指南》主要包括科学基金最新改革举措、申请规定、资助政策、资助领域和方向等，并特别介绍了 2024 年国家基金委将重点项目资助的研究领域或研究方向及有关要求。

2024 年度生命科学部重点项目实行按“立项领域”申请和按“宏观领域”申请两类申请模式。计划安排重点项目直接费用约 3 亿元，按“立项领域”申请的重点项目，计划资助约 95 项；按“宏观领域”申请的重点项目，计划资助约 25 项，直接费用平均资助强度约为 300 万元/项，请申请人根据自己的研究需要实事求是地提出合理的资金预算。

生命科学部根据国家重大需求，结合学科发展战略和优先资助方向，通过广泛调研，并经专家论证确定 2024 年度 47 个重点项目立项领域。其中植物科学领域有 10 个：

- (1) 植物多样性形成及环境适应分子机制(C02)
- (2) 植物重要活性成分的代谢及其调控(C02)
- (3) 作物复杂性状形成的分子基础与遗传调控网络解析(C13)
- (4) 作物高产、优质、抗逆生理与绿色高效生产基础(C13)
- (5) 农作物有害生物致害成灾机制与绿色防控(C14)
- (6) 农作物对重要病虫害抗性机制(C14)
- (7) 园艺作物重要农艺性状形成机制及调控(C15)
- (8) 养分资源高效利用机制与调控(C15)
- (9) 林草资源定向培育或高效利用(C16)
- (10) 林草种质资源挖掘与创新(C16)

信息来源：<https://www.nsfc.gov.cn/publish/portal0/tab1525/info91471.htm>



## 生态环境部发布《中国生物多样性保护战略与行动计划（2023—2030 年）》

2024 年 1 月 18 日，生态环境部发布《中国生物多样性保护战略与行动计划（2023—2030 年）》（以下简称《行动计划》），明确我国新时期生物多样性保护战略部署、优先领域和优先行动，为各部门各地区推进生物多样性保护提供指引。

发布《行动计划》是贯彻落实党中央、国务院对生物多样性保护工作决策部署的重要举措，是全面提升生物多样性治理水平的科学指引，是作为《生物多样性公约》第十五次缔约方大会（COP15）主席国持续推动“昆明—蒙特利尔全球生物多样性框架”落实的切实行动。

《行动计划》提出，到 2030 年，至少 30% 的陆地、内陆水域、沿海和海洋退化生态系统得到有效恢复，至少 30% 的陆地、内陆水域、沿海和海洋区域得到有效保护和管理，以国家公园为主体的自然保护地面积占陆域国土面积的 18% 左右，陆域生态保护红线面积不低于陆域国土面积的 30%，海洋生态保护红线面积不低于 15 万平方公里，长江水生生物完整性指数有所改善，利用遗传资源和 DSI（数字化序列信息）及其相关传统知识所产生的惠益得到公正和公平分享。

《行动计划》还明确了到 2035 年和到 2050 年的中长期目标与愿景。

《行动计划》部署了生物多样性主流化、应对生物多样性丧失威胁、生物多样性可持续利用与惠益分享、生物多样性治理能力现代化等 4 个优先领域，每个优先领域下设 6 至 8 个优先行动，涵盖法律法规、政策规划、执法监督、宣传教育、社会参与、调查监测评估、保护恢复、生物安全管理、生物资源可持续管理、生态产品价值实现、城市生物多样性、惠益分享等内容。

信息来源：[https://www.gov.cn/lianbo/bumen/202401/content\\_6926868.htm](https://www.gov.cn/lianbo/bumen/202401/content_6926868.htm)



## 科研进展

### Nature Communications：玉米胚乳分化基因调控网络的解码

2024 年 1 月 2 日，中国农业大学马泽阳及宋任涛共同通讯在 Nature Communications 在线发表题为“Decoding the gene regulatory network of endosperm differentiation in maize”的研究论文，该研究使用单细胞转录组学分析发育中的玉米胚乳细胞分化过程。在获得 17022 个单细胞的转录组学数据后，鉴定出了 5 种胚乳细胞类型对应的 12 个细胞簇，并揭示了复杂的转录异质性。

该研究描述了授粉后 6 至 7 天时间基因表达模式。分析了 161 个细胞簇间差异表达的转录因子的基因组 DNA 结合位点，并将单细胞转录组学数据与直接 DNA 结合谱相结合，构建了基因调控网络，鉴定了 181 个包含转录因子编码基因及其高置信度靶标的调控子。此外，该研究将这些调控子映射到胚乳细胞簇，鉴定了细胞簇特异性的必需调控子。并通过实验验证了三个预测的关键调节因子。本研究为了解谷物胚乳的单细胞发育和功能提供了一个框架。

此外，研究团队还运用改进的 ampDAP-seq 技术，对 161 个转录因子的全基因组 DNA 结合位点进行鉴定，形成了目前玉米中最大的转录因子结合位点数据集。通过整合单细胞转录组数据与转录因子 DNA 结合位点信息，构建了高可靠度的胚乳基因调控网络，包含 181 个转录因子及其高置信度靶标基因组成的调控单元（regulon）。进一步通过该网络，成功预测并实验验证了多个细胞类型特异的关键调控因子，为改造玉米粒重等育种应用提供了重要的线索。

这些结果为在单细胞水平深入理解作物胚乳细胞的发育和功能提供了框架性的数据。将成为相关研究领域的宝贵资源，为持续改善玉米的产量和品质提供有力支持。

信息来源：<https://www.nature.com/articles/s41467-023-44369-7>



#### 推荐评论：

胚乳占禾谷类作物种子的绝大部分，是人类和动物的重要食物来源。与其它作物相比，玉米胚乳具有更大的体积和更多的细胞类型，是经典的遗传和分子发育生物学研究模型。尽管已有详细的形态学描述，但由于技术限制，目前不仅缺少更高精度的基因表达图谱，也缺乏更全面的基因转录调控网络研究。因此，对胚乳细胞分化和命运决定的分子调控机制仍不清楚。该文通过结合单细胞转录组和改进的 ampDAP-seq 技术，构建了玉米胚乳不同发育时期窗口的基因调控网络，为玉米胚乳发育和籽粒遗传改良提供了重要支撑。

## Nature Communications: 新技术揭示根际免疫制约病原菌的过程与微生态机制

2024 年 1 月 2 日, Nature Communications 在线发表了沈其荣院士团队 LorMe 实验室与西南大学张勇教授合作的最新研究成果 “Effects of plant tissue permeability on invasion and population bottlenecks of a phytopathogen”。该研究通过建立等位基因标记技术, 动态示踪微生物种群变化, 突破了根际入侵过程中无法精细刻画致病菌种群演替的关键技术瓶颈, 解析了根际免疫制约土传致病菌入侵的过程与微生态机制, 为土传致病菌的生态阻控提供理论和技术支撑。

研究组以土传植物病原细菌青枯菌为研究对象, 建立了高通量基因组等位基因标记技术: 在青枯菌染色体的非编码区插入序列随机的 DNA 片段, 人工构建了等位基因标记的青枯菌复合群体, 通过扩增子测序检测 DNA 片段的丰度变化, 采样群体遗传学算法量化根际免疫, 利用生态模型探究青枯菌的种群动态变化。为评估根际免疫强度对致病菌入侵过程的影响, 本研究以抗性和易感两种番茄品种为材料, 采用灌根接种、伤根接种和注射接种三种方式, 模拟根际免疫强度的梯度变化, 探究根际入侵前后, 标记青枯菌种群结构、组成和多样性的变化规律。研究发现根际免疫强度的增加, 选择压增强, 导致成功入侵植物体内青枯菌的种类和多样性减少。其中, 根系物理结构和免疫能力的完整性, 阻控青枯菌入侵的关键。

该研究揭示了根际免疫制约土传致病菌入侵过程与微生态机制, 为土传致病菌的生态阻控提供理论与技术支撑。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-44234-7>



### 推荐评论:

致病菌是制约土壤健康和粮食安全的典型生物污染因子。生产上, 常采用土壤熏蒸、农药抗生素、抗性品种来控制土传致病菌。尽管当季可取得一定效果, 但致病菌遗传多样性丰富、适应能力强, 极易产生适应性进化, 导致抗生素失效、作物抗性退化。当前, 致病菌的多样性和生态进化研究已经成为土壤生物健康领域的前沿热点。然而, 研究这一问题的难点在于如何动态追踪致病菌的种群演替规律。该研究通过创新等位基因标记技术, 揭示了微生物种群变化的动态特征, 这一技术突破了根际入侵过程中精确追踪病原菌种群演替的瓶颈问题。此外, 这项研究深入解析了根际免疫系统对土传病原菌入侵过程的制约机制以及微生态结构, 为未来土传病原菌的生态阻控提供了理论依据和技术支持。

## Nature Communications: 水稻矮缩病毒促进病毒水平传播的调控机制

2024 年 1 月 2 日, Nature Communications 在线发表了福建农林大学陈倩/魏太云团队研究论文“Leafhopper salivary vitellogenin mediates virus transmission to plant phloem”。该论文揭示了水稻矮缩病毒 (Rice dwarf virus, RDV) 挟持介体叶蝉卵黄原蛋白通过外泌体途径释放, 促进病毒水平传播的调控机制。该研究突出创新点在于 NcVg 从唾液腺释放经由唾液进入水稻, 抑制水稻 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 生成, RDV 劫持 NcVg 通过外泌体释放途径释放, 并利用 NcVg 效应子抑制水稻体内 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 的爆发, 促进叶蝉取食并传毒, NcVg 通过与 OsGSTF12 互作抑制水稻 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 的爆发。

该研究揭示了 RDV 如何利用昆虫外泌体释放途径, 挟持黑尾叶蝉卵黄原蛋白 (NcVg) 共同释放至植物, 抑制植物抗虫反应, 促进自身水平传播的机制。这是虫媒病毒经介体昆虫水平传播机制的一大发现, 也为制定靶向跨界生物信息流传递途径的病害控制策略提供理论依据。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-43488-5>



### 推荐评论:

大约 80%的植物病毒是由媒介昆虫传播的, 大多数媒介昆虫是刺吸式口器的昆虫。这些昆虫的唾液效应子能够抑制植物防御, 促进昆虫进食, 但如何促进植物病毒传播的机制尚不清楚。由水稻矮缩病毒引起的水稻矮缩病是第一个被发现由昆虫传播的病毒, 在病毒-介体昆虫-水稻三者互作的虫传机理研究领域颇具代表性。该文揭示了 RDV 利用 NcRab5 诱导并劫持 NcVg 共同搭载外泌体, 经由唾液释放至水稻韧皮部。被释放的 NcVg 与 OsGSTF12 互作, 从而抑制水稻植株释放 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, 促进叶蝉的取食和传毒。这些结果证明病毒利用昆虫外泌体跨界传递效应子, 实现病毒高效的水平传播。



## Nature Communications：水稻叶际微生物群落稳态的分子机制

2024 年 1 月 2 日，中国农业科学院植物保护研究所、湖南省农科院、英国南安普顿大学等单位合作在 Nature communications 发表了联合研究成果

“Microbiome homeostasis on rice leaves is regulated by a precursor molecule of lignin biosynthesis”。该研究发现水稻木质素前体 4-hydroxycinnamic acid (4-HCA) 定向原位募集有益叶际微生物、抑制有害病原微生物，从而维持水稻叶际“健康态”。定位并克隆了 1 个控制叶际微生物稳态的 M 基因 (Microbiome-shaping genes) OsPAL02。率先从分子水平解答了植物叶际微生物群落组装与植物遗传、代谢调控的关系，为基于植物微生物组建立植物病害新防控新策略提供了理论支撑。

该研究系统且完整地阐明了水稻与微生物群落互作中，宿主通过代谢物 4-HCA 募集 Pseudomonas 属有益细菌和抑制 Xanthomonas 属有害病原细菌的遗传与分子机制。

基于该研究结果，研究提出微生物组塑造基因 (M 基因) 的新概念，M 基因是植物中能塑造健康叶际微生物组的优良基因，指出作物抗病育种应将 M 基因作为选育靶标。M 基因的进一步开发和利用有望实现抗病育种与有益微生物群体控害两大领域有机统一，培育更为广谱持久抗病农作物新品种。

信息来源：<https://www.nature.com/articles/s41467-023-44335-3>



### 推荐评论：

微生物组稳态对抑制植物微生物组中的致病群体、抑制病原菌侵染的发生尤为重要，因此被广泛认为是先发于植物细胞物理屏障、模式触发免疫、效应蛋白触发免疫的第一道防线。然而，如何靶向操控微生物群体募集，提高微生物组稳态平衡能力，实现植物对病害发生的持续性先发抑制，是该领域的一项重要议题。该文章创新性提出以微生物组为单位的生物防治资源利用理论，突破传统外源施用菌剂的生物防治思维，通过遗传操作手段定向原位募集有益微生物群体，实现对病原菌的先发抑制。基于该研究结果，作者们提出微生物组塑造基因 (M 基因) 的新概念，系统性地提出作物抗病抗逆育种可将 M 基因作为潜在的选育靶标。M gene 策略可作为继经典 R (Resistance) 基因育种、编辑 S (susceptibility) 基因育种策略之后提出的第三大广谱抗病育种新策略。其进一步开发和利用有望实现抗病育种与有益微生物群体控害两大领域的有机统一。



## Nature Plants: 植物 SERRATE 基因表达受精确调控的分子机制

2024 年 1 月 2 日, 南京大学孙博教授团队在 Nature Plants 在线发表题为“Capture of regulatory factors via CRISPR/dCas9 for mechanistic analysis of fine-tuned SERRATE expression in Arabidopsis”的研究论文, 解析了在植物生长发育不同时期及抗病过程中 SE 表达受精确调控的分子机制。

该研究首先通过 CRISPR/dCas9 系统在拟南芥体内自然情况下捕获与 SE 基因位点结合的调控因子, 发现其中包括三个转录因子 PAR2、WRKY19 和 MYB27。对这三个转录因子的系列实验表明, PAR2 是 SE 的正调控因子, MYB27 是 SE 的负调控因子, 而 WRKY19 在拟南芥生长发育过程中不调控 SE。病原菌感染实验表明, PAR2 及 WRKY19 通过正调控 SE 的表达从而抵御病原菌的侵害。

进一步研究表明, MYB27 在拟南芥营养生长早期以及生殖生长过程中通过与 PRC2 复合体的几个成员互作, 从而招募“SEAIR-PRC2”复合体至 SE 位点, 引起 SE 第一个外显子区域 H3K27me3 的富集, 抑制 SE 的表达。在拟南芥营养生长后期, PAR2 通过与 MYB27 互作, 导致 MYB27 既不能招募“SEAIR-PRC2”复合体, 也不能结合 SE 的启动子区域, 从而降低 SE 第一个外显子区域 H3K27me3 的水平, 促进 SE 的表达。

该研究介绍了一种在植物体内整体性捕获关键基因上游直接调控因子的方法。该研究结果也揭示了 SE 在植物发育与抗病中其表达受多因子共同作用的精确调控机制。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01575-x>



### 推荐评论:

SE 是一个编码 C2H2 锌指蛋白的基因, 其在植物 miRNA 形成途径中起到关键作用。此外, SE 可调控植物的叶片发育、顶端分生组织的活性、花序结构和植物发育阶段的转换。同时, SE 也参与植物响应生物胁迫和非生物胁迫的过程。然而, 相对于被广泛报道的 SE 功能的重要性, 关于 SE 在植物生长发育不同时期及抗病抗逆时的作用方式及其表达受调控模式仍然未知。该研究通过 CRISPR/dCas 技术鉴定了 SE 位点的正负调控因子, 揭示了 SE 在植物发育与抗病中其表达受多因子共同作用的精确调控机制。

## Nature Plants: 植物 MBD2 蛋白在精细胞形成过程中维持转座子沉默的新机制

2024 年 1 月 15 日, 加州大学洛杉矶分校 Steven E. Jacobsen 教授领导的研究团队在 Nature Plants 上发表了题为 MBD2 couples DNA methylation to transposable element silencing during male gametogenesis 的研究论文, 揭示了植物 MBD2 蛋白在精细胞形成期间维持转座子沉默的机制, 及其在保障基因组的完整性中发挥的重要功能。

该研究通过 ChIP-seq 技术发现 MBD2 和 MBD4 能够结合 CG 甲基化位点, 包括异染色质和 RNA 介导的 DNA 甲基化 (RdDM) 区域的转座子。研究进一步发现, 位于 MBD 结构域内的精氨酸对于 MBD2 和 MBD4 识别 DNA 甲基化至关重要, 并且 MBD2 蛋白可以在不引入 DNA 甲基化的情况下, 直接抑制 FWA 基因的转录, 表明 MBD2 的作用发生在 DNA 甲基化的下游。

研究显示 MBD2 通过识别 DNA 甲基化, 在精子形成过程中保持转座子沉默, 而 MBD1 和 MBD4 没有相似功能。MBD2 在 DNA 甲基化的下游沉默转座子, 并且不依赖 SANT 或 HDA6 蛋白。MBD2, MBD5/6 以及 ADCP1 冗余地抑制转座子活性, 揭示了植物在进化过程中对抗转座子增殖的多样化策略。这一多元沉默途径反映了植物基因组为了保护其完整性, 与转座子的增殖进行了激烈的进化竞争。这项研究提供了关于植物精卵细胞如何准确传递遗传物质给下一代的新见解, 并对未来关于基因组稳定性的研究提供了新的理论支持。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41477-023-01599-3>



### 推荐评论:

在植物生长发育和繁殖的过程中, DNA 甲基化作为表观修饰的一种, 扮演着不可替代的角色。DNA 甲基化在转座子上的作用尤为显著, 它通过导致转录沉默抑制转座子活性, 防止其对 DNA 造成损害, 确保了基因组的稳定和遗传物质的准确传递。拟南芥 Methyl-CpG Binding Domain (MBD) 蛋白能够识别 DNA 甲基化位点, 并可能影响后续的转录活动。已知 MBD5 和 MBD6 能识别 DNA 甲基化并通过招募热休克蛋白来实现转录沉默。而在拟南芥的 MBD 蛋白家族中, 还有 11 个成员尚未被研究, 尤其是 MBD1、MBD2 和 MBD4, 这三者是否同样能识别 DNA 甲基化并导致转录沉默, 进而影响植物发育, 是一个值得探究的课题。该文揭示了 MBD2, MBD1 和 MBD4 之间的功能异同及发挥功能的辅因子, 还提出了基因组维持完整性的新机制。

## PNAS: 植物细胞分裂的新机制

2024 年 1 月 9 日, 四川大学生命科学学院林宏辉/邓星光团队与美国加州大学戴维斯分校柳波团队合作在 PNAS 发表了题为“A coadapted KNL1 and spindle assembly checkpoint axis orchestrates precise mitosis in Arabidopsis”的研究论文。该论文解析了动粒蛋白 KNL1 和纺锤体组装检查点信号分子之间的快速进化和谱系特异性联系。

该研究在拟南芥中鉴定出可存活但生长迟缓的 *kn11-1* 纯合后代, 同时使用 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术生成了另外两个提前终止翻译的等位基因 *kn11-2cr* 和 *kn11-3cr*, 在此基础上运用细胞学结合遗传学及分子生物学方法对 KNL1 的生物学功能开展了系统的研究工作。研究发现, KNL1 是贯穿有丝分裂细胞分裂周期的动粒组成蛋白, 该蛋白的缺失会直接导致有丝分裂过程发生错误: 一些染色体位于纺锤极附近, 而其他染色体已经在中期板上对齐; 形成不同大小的微核并与较大的子核分离。进一步的研究表明, 纺锤体组装检查点成员 BUB3.3 和 BMF3 与 KNL1 N 端的双子叶特定区域 (ESD) 相互结合而发生互作。此外, 还发现在拟南芥 KNL1 启动子的控制下, 双子叶植物番茄的 KNL1 同源物能在一定程度上恢复 *kn11-1* 突变体的功能, 而早期陆生植物苔藓以及单子叶植物水稻的同源物则不能。

该研究证明了拟南芥 KNL1 蛋白获得了与双子叶特异性序列结构相关的新功能特征, 同时保留了作为动粒支架蛋白招募关键 SAC 信号分子的基本功能。拟南芥中可育的 *kn11-1* 突变体揭示这种快速进化的蛋白如何获得谱系特异性以及该蛋白如何在有丝分裂过程中与 SAC 调控耦合提供了很大的优势。该研究为植物 SAC 信号的特异性特征带来了新的见解。

信息来源: <https://doi.org/10.1073/pnas.2316583121>



### 推荐评论:

在有丝分裂过程中, 染色体向子细胞的正确分配依赖于在染色体着丝粒上组装的动粒蛋白复合物。动粒和纺锤体微管的附着受到纺锤体组装检查点 (SAC) 严格监控, 以延迟细胞进入后期, 直到所有动粒正确附着。拟南芥 KNL1 仅在两个功能域上与动物相关, 其余氨基酸序列几乎没有同源性, 所以植物同源物能否在 SAC 信号传导中起作用, 高度分化的 KNL1 家族蛋白在不同植物谱系中的功能是否不同仍需要进一步探索。该研究证明了拟南芥 KNL1 蛋白获得了与双子叶特异性序列结构相关的新功能特征, 同时保留了作为动粒支架蛋白招募关键

SAC 信号分子的基本功能。同时，该研究也为植物 SAC 信号的特异性特征带来了新的见解，这与在动物和真菌细胞中的认识不同。

### PNAS: 细胞分裂素快速激活基因表达的分子机制

2024 年 1 月 10 日，辰山植物园科研人员与中国科学院分子植物科学卓越创新中心王佳伟和张鹏研究组合作 PNAS 在线发表了题为“The structure of B-ARR reveals the molecular basis of transcriptional activation by cytokinin”的研究论文。该研究解析了来自模式植物拟南芥 B-ARR 成员 ARR1 的 RD-DBD (ARR1RD-DBD) 以及 ARR1DBD-DNA 复合物的蛋白晶体结构。对 ARR1DBD-DNA 复合物的分析揭示了 ARR1 对 GAT 三核苷酸序列特异性识别的结构基础。通过比较 ARR1RD-DBD 和 ARR1DBD-DNA 的结构，进一步揭示了未磷酸化的 ARR1RD-DBD 处于一个闭合构象，在 RD 与 DBD 之间存在广泛的接触面。体外和体内功能实验显示，RD 的磷酸化削弱了其 DBD 的相互作用，引起 DBD 的构象改变，从而导致 DBD 结合靶标 DNA，激活下游基因的表达。

信息来源: [www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2319335121](http://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2319335121)



### 推荐评论:

细胞分裂素是一种重要的植物激素，在植物的生长发育中扮演着多种角色，包括维持分生组织、促进维管组织分化、调控叶片衰老和促进再生等。以往的研究表明，当细胞分裂素被细胞表面受体识别后，信号会通过组氨酸磷酸转移蛋白 (AHPs) 上特定的组氨酸残基接受磷酸转移而介导，进一步磷酸基团会被传递到 B-ARRs 的 RD 中的天冬氨酸残基上，从而迅速激活对细胞分裂素的转录响应。然而，这个调控过程的详细分子机制仍不清楚。该研究通过结构生物学和生化实验揭示了 RD 的磷酸化削弱了其 DBD 的相互作用，引起 DBD 的构象改变，从而导致 DBD 结合靶标 DNA，进而调控下游基因的表达。

## Molecular Plant: 甲基乙二醛参与病原菌—植物互作新机制

2024 年 1 月 3 日, 武汉大学吕应堂教授团队在 *Molecular Plant* 发表了题为“Pathogen-induced methylglyoxal negatively regulates rice bacterial blight resistance by inhibiting OsCDR1 protease activity”的研究论文, 揭示了病原菌通过宿主糖类代谢物 MG 提高自身侵染能力的新机制。

在该研究中, 作者发现水稻细菌性白叶枯病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Xoo) 可诱导转录抑制因子 OsWRKY62.1 的表达, OsWRKY62.1 蛋白直接结合 OsGLYII 基因启动子并抑制其转录, 进而导致 MG 的积累。进一步, MG 修饰组成型天冬氨酸蛋白酶 OsCDR1 的第 97 位精氨酸并抑制其酶活, 降低 OsCDR1 介导的水稻白叶枯病抗性。此外, MG 含量降低的 OsGLYII2ox 材料表现出对 Xoo 不同菌株、水稻细菌性条斑病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*, Xoc)、水稻真菌性纹枯病菌 (*Rhizoctonia solani*) 的广谱抗性。该研究对解析病原菌—植物互作分子机制, 预防和控制水稻病害具有重要意义。

信息来源: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1674205224000017?via%3Dihub>



### 推荐评论:

糖和糖类代谢物对病原菌—植物互作具有重要作用, 它们可为病原菌和植物提供生长所必须的能量, 同时还能作为信号分子调控植物抗病反应, 但是糖和糖类代谢物调控抗病反应的分子机制还有待深入研究。葡萄糖代谢中间物甲基乙二醛 (MG) 是植物生长发育和非生物逆境应答的重要调控因子, 但是 MG 是否及如何调控植物生物逆境应答仍不清楚。该文揭示了病原菌通过宿主糖类代谢物 MG 提高自身侵染能力的新机制。

## 会议动态

### 联合国森林论坛第十九届会议（UNFF 19）将在美国纽约举办

2024 年 5 月 6 日至 10 日，联合国森林论坛第十九届会议（UNFF 19）将在美国纽约举行。UNFF 19 的优先主题为：加强基于森林的经济、社会和环境效益；大幅增加世界各地的受保护森林和其他可持续管理森林地区的面积，以及来自可持续管理森林的森林产品的比例；调动财政资源并加强科技合作；改进治理框架以推进实施；加强可持续森林管理的合作、协调和一致性。

信息来源：<https://sdg.iisd.org/events/19th-session-of-the-un-forum-on-forests-unff-19/>



### 第五届全国植物开花·衰老与采后生物学大会将在山东省潍坊市举办

为展示植物开花、衰老与采后生物学领域的最新理论与应用研究进展，促进本领域专家与青年学者之间的交流，2024 年 5 月 10-13 日，中国植物生理与分子生物学学会开花成熟衰老专业委员会将在山东潍坊举办“第五届全国植物开花·衰老与采后生物学大会”。

会议分 3 个专题征集论文摘要：1.开花专题；2.衰老专题；3.采后专题，部分口头报告将从摘要中遴选。会议设 40 个墙报席位，申请者需自备墙报，每一篇墙报规格需在 120cm（长）、90cm（宽）范围内。会议提供展架用于墙报展示。

信息来源：<https://meeting.cspb.org.cn/khsl2021/>



### 第二届中国野生植物保护大会暨中国野生植物保护与利用展将在福建省厦门市举办

2024 年 5 月 18 日—20 日，中国野生植物保护协会拟在福建省厦门市与中国植物学会、中国科学院生物多样性委员会、中国医学科学院药用植物研究所、国家植物园共同主办第二届中国野生植物保护大会暨中国野生植物保护与利用展。大会主题确定为“高水平保护：筑牢绿色屏障，坚持绿色发展”，围绕全国野生

植物保护现状、植物保护名录、迁地与就地保护、生物多样性监测、药用植物保护与发展、芳香植物保护与利用、绿色低碳循环发展、社会责任与植物保护等内容进行探讨与交流。

同期举办“植物中国 和谐共生——中国野生植物保护与利用展”，展区将组织展出中国药用植物、兰科植物、水生植物、芳香植物、蕨类植物以及植物多样性监测与保护、中国荒漠治理与荒漠植物、植物园、生态科技与绿色双碳等方面的相关单位、企业在保护与发展中的所在领域取得的成果，推进野生植物资源的可持续利用与大众化传播。

信息来源：[https://mp.weixin.qq.com/s/c2zFrKUz-WTwqCvY0d\\_pLA](https://mp.weixin.qq.com/s/c2zFrKUz-WTwqCvY0d_pLA)



## 2024 年土壤科学与植物营养学国际学术研讨会(SSPN 2024)将在中国云南省昆明市举办

2024 年 5 月 28-30 日,2024 年土壤科学与植物营养学国际学术研讨会(SSPN 2024)将在中国昆明举行。SSPN 2024 旨在为业内专家学者分享技术进步和业务经验,聚焦土壤科学与植物营养学等相关领域的前沿研究,提供一个交流的平台。会议将集聚来自世界各地的科研人员、工程师、学者及业界专家,展示他们在土壤科学与植物营养学领域的最新研究成果及活动进展。全文投稿截止日期:2024 年 2 月 22 日。摘要投稿截止日期:2024 年 2 月 22 日。仅参会注册截止日期:2024 年 5 月 28 日。

信息来源：<https://www.maymeeting.org/conference/ch/Index.aspx?id=1719>







---

《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](mailto:xbjiang@sinh.ac.cn)