

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

项目资助.....	1
美国国家科学基金会 （NSF） 和印度生物技术部 （DBT） 提交合作提案 的特别指南以支持推进生物技术和促进生物经济的知识、技术和创新.....	1
科研进展.....	2
Science: 植物利用两种光周期感知系统独立调控开花和生长	2
Science: 拟南芥受精时雄源信号诱导胚乳增殖	4
PNAS: COP1 通过表观遗传介导植物的光温调控	5
PNAS: 赤潮甲藻和珊瑚共生甲藻的光系统 I-捕光天线结构特征和演化机制	6
PNAS: C 亚族棕榈酰转移酶通过 BSK1 介导 BR 信号途径的机制	7
Nature Communications: 亚非稻种间杂种衰退的分子机制	8
Nature Plants: 首个多细胞植物染色体的部分设计与合成.....	9
Nature Plants: 新细胞壁结构调控黄瓜蜡粉形成.....	10
Molecular Plant: 多组学分析鉴定小麦穗发育的转录调控因子.....	11
Science: 柑橘油胞发育与精油合成的分子调控	12
会议动态.....	13
第十届植物生物学女科学家学术交流会将在海南省三亚市举办	13
2024 年全国植物病原丝核菌、链格孢菌和镰刀菌学术交流及教学研讨会将在 云南省临沧市举办.....	13
2024 年全国植物整合组学学术研讨会将在广西省南宁市举办	14
2024 整合植物生物学前沿学术研讨会暨 JIPB 编委会将在福建省福州市召开	14
第 6 届国际农业与生物系统工程大会（CIGR2024）将在韩国济州岛举办.....	14

项目资助

美国国家科学基金会（NSF）和印度生物技术部（DBT）提交合作提案的特别指南以支持推进生物技术和促进生物经济的知识、技术和创新

2024 年 2 月 8 日，美国国家科学基金会（NSF）宣布已经和印度政府生物技术部（DBT）签署了一项关于研究合作的实施安排。《实施安排》为鼓励美国 and 印度研究界之间的合作提供了一个框架，并规定了支持联合活动的原则。通过这种研究机构合作伙伴关系，美国研究人员可能分别获得 NSF 和印度研究人员的资助。

NSF-DBT 的合作研究机会特别关注共同感兴趣的领域的发现和创新，以支持推进生物技术和促进生物经济的知识，技术和创新。

可以提交提案，以解决复杂的科学挑战并创新解决方案，这些解决方案利用合成和工程生物学、系统和计算生物学以及其他相关领域的进步，这些领域是开发未来生物制造解决方案和推进生物经济的基础。挑战领域的例子包括但不限于：

- 开发用于基因组工程的创新工具、技术和资源，以及合成和工程生物学中与植物和其他生物相关的基因组操作
- 设计细胞器（核糖体、线粒体、膜、调节模块、分子机器等）或可以整合到细胞或细胞样系统中的合成成分
- 了解微生物细胞编程和菌株工程的生物学原理以及植物群落和根际中的宿主（植物）微生物相互作用
- 工程 DNA、RNA 和蛋白质/酶
- 代谢网络建模和网络间相互作用
- 设计重组蛋白的宿主表达系统
- 工程新型微生物底盘
- 开发和应用合成基因电路
- 工程新型工厂底盘
- 支持机理理解和工程设计的细胞和亚细胞系统的预测模型

提交给此机会的提案可能侧重于开发支持所有应用程序空间的基础工具或专注于特定应用程序。感兴趣的应用领域示例包括：

- 生产具有工业重要性的智能蛋白质和高价值小化学分子
- 开发气候适应型作物以及作为原料的植物
- 工程微生物，增强二氧化碳捕获和转化能力
- 扩大蛋白质功能多样性，以扩大生物经济应用的生化多样性
- 微生物群落的工程设计，以减少肥料使用、提高植物生产力、提高可持

续性和/或能够改善生物制造生产的循环性

信息来源: <https://new.nsf.gov/funding/opportunities/special-guidelines-submitting-collaborative-17>



科研进展

Science: 植物利用两种光周期感知系统独立调控开花和生长

美国耶鲁大学分子细胞发育生物学系 Joshua Gendron 实验室在 Science 在线发表了题为 Plants distinguish different photoperiods to independently control seasonal flowering and growth 的研究论文(王晴晴博士和刘伟博士为该论文的第一和第二作者),发现了植物利用两种光周期感知系统独立调控开花和生长,以适应季节变换。拟南芥在长日照里生长得更快,作者挖掘了在长日照中诱导并进行适当营养生长所需的基因的转录组数据。作者鉴定了肌醇-1-磷酸合成酶 1 (MIPS1),它编码植物产生肌醇所需的基因,肌醇是控制生长的各种重要细胞过程所需的糖。发现 MIPS1 的表达在长日照内被诱导,并且 MIPS1 突变体植物在长日照内具有生长缺陷。因为开花光周期测量系统已经在植物中得到了表征,测试了生长突变体是否处于相同的途径。发现 mips1 突变体没有开花缺陷,光周期开花突变体没有生长缺陷,这一结果被具有 mips1 和光周期开花突变的双突变体所证实。这些实验表明,光周期开花和生长在遗传上是可分离的,控制开花的光周期测量系统并不能控制光周期生长。进一步的实验表明,MIPS1 的表达和功能受到昼夜节律时钟控制的代谢日照测量系统的调节。通过在一天中改变光照强度,同时保持综合强度,作者证明光周期生长和 MIPS1 功能受光合期控制,开花受完全不同的光周期控制。

信息来源: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.adg9196>



推荐评论: 光周期是季节变换中最稳定的外界环境信号,许多生物已经进化出光周期测量系统,以预测和适应与特定季节相关的生物和非生物变化。然而,关于调控植物光周期生长的关键因子,包括光周期测量系统、细胞信号通路和光

周期依赖的生长调节基因等的研究并不充分。这种不足部分原因是由于缺乏与 CO-FT 途径相似的用于调控生长的遗传工具和标记物。该研究发现植物能够测量自然界两种不同的光周期：植物的光感受器可以感知低强度光来测量绝对光周期，从而控制开花时间。与此同时，植物也可以感知较高强度光引起的光合作用周期以控制生长。开花时间和生长的独立调控使得植物能够协调季节性发育，以精确调节各种季节性生长发育的过程。

Science: 拟南芥受精时雄源信号诱导胚乳增殖

瑞士苏黎世大学 Ueli Grossniklaus 等研究人员合作发现，拟南芥受精时雄源信号诱导胚乳增殖。研究人员利用拟南芥实验表明，精子衍生信号能诱导雌配子（中心细胞）在受精后增殖。中心细胞在 RETINOBLASTOMA RELATED1 (RBR1) 蛋白的作用下停滞在 S 期。受精后，细胞周期核心成分 CYCD7;1 的传递会导致 RBR1 降解，从而进入 S 期，确保形成功能性胚乳，进而形成有活力的种子。

据了解，在多细胞生物中，有性生殖依赖于高度分化细胞（配子）的形成，配子在静止状态下等待受精。受精后，细胞周期重新开始。成功的发育要求雌雄配子处于细胞周期的同一阶段。在动物和植物中，以依赖受精的方式恢复细胞分裂的分子机制都鲜为人知。

信息来源: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.adj4996>



推荐评论: 在多细胞生物中，有性繁殖取决于高度分化细胞——配子的形成，一开始配子处于静息状态等待受精，而受精时，细胞周期则恢复。该文使用拟南芥为模型展示了植物受精时由精子来源的信号诱导雌性配子——中央细胞的增殖，在 S 期处于静息状态的中央细胞在受精后，其细胞周期成分 CYCD7;1 的递送导致 RBR1 降解，从而推进 S 期继续发展，确保了功能性胚乳的形成，并最终形成有活力的种子。

PNAS: COP1 通过表观遗传介导植物的光温调控

2024 年 2 月 13 日, 美国德克萨斯大学奥斯汀分校的 Sibum Sung 团队在 PNAS 上发表了题为 “COP1 controls light-dependent chromatin remodeling” 的研究论文, 科研人员惊喜地发现, VIL1/VRN5 是一个新的 COP1 底物, 通过调控 VIL1/VRN5, COP1 可以影响全基因组 H3K27me3 的水平及下游基因的染色质重塑, 从而调控这些基因的表达, 协调植物对外界环境的响应。

研究人员首先发现 VIL1 蛋白的稳定性受光照影响, 在黑暗下通过 26S 蛋白酶体被快速降解, 这与很多光信号通路的调控因子相似。将 VIL1 重组蛋白引入 cop1-4 突变体中, VIL1 蛋白的泛素化水平和降解被显著抑制。同时多种生化实验证明 COP1 可以直接与 VIL1 蛋白相互作用, 影响 VIL1 蛋白的稳定性, 而 PRC2 核心组分蛋白却并不受影响。同时发现 COP1-VIL1 模块可以特异性地调控 665 个生长相关基因的 H3K27me3 修饰水平, 从而影响这些基因的表达。而 COP1-VIL1 的功能实现又受到光照的影响。光照条件下, VIL1 蛋白还可以与光敏色素 phyB 结合, 使下游基因形成染色质环, 影响下游基因表达。

COP1 通过 VIL1 调控众多基因的甲基化修饰和染色质重塑, 填补了 COP1 在表观遗传方面的空白。作为一个新的 COP1 底物, VIL1 不是转录因子, 这让我们对 COP1 的功能有了新的认知。VIL1 作为低温春化的重要调节因子, 很可能在植物光照和温度感知中起着桥梁作用。

信息来源: <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2312853121>



推荐评论: 光是植物生长发育最重要的环境因子之一, 明星基因 COP1 是光信号通路的核心调控因子。近年来, COP1 参与的多种信号调控网络在植物中得到了广泛而深入的研究。作为一个保守的 E3 泛素连接酶, COP1 通过调控众多的下游转录因子 (如 PIFs, HY5 等) 介导植物的光形态建成及其他生长发育过程。然而, COP1 在表观遗传方面的功能却是未知的。该研究发现 COP1 通过 VIL1, 进而影响全基因组甲基化修饰和染色质状态, 最终调控植物对外界光温的响应。

PNAS: 赤潮甲藻和珊瑚共生甲藻的光系统 I-捕光天线结构特征和演化机制

2024 年 2 月 6 日, 中国科学院植物研究所王文达团队在 PNAS 上发表了题为 Structures and organizations of PSI-AcpPCI supercomplexes from red tidal and coral symbiotic photosynthetic dinoflagellates 的研究论文, 揭示了赤潮甲藻和珊瑚共生甲藻的光系统 I-捕光天线结构特征和演化机制。

该研究利用生理生化和单颗粒冷冻电镜技术研究了赤潮甲藻—强壮前沟藻 (*Amphidinium carterae*) 和共生甲藻—虫黄藻的 3 个光系统 I (PSI)-叶绿素 (Chls) a/c-多甲藻素捕光天线 (PSI-AcpPCI) 超级复合物的结构特征和捕光机制, 发现甲藻 PSI-AcpPCI 超复合物在亚基组成、蛋白二级结构、色素排布方面表现出显著的独特性。与其他真核光合生物相比, 两种甲藻的 PSI 核心 PsaA/B 亚基明显被“剪小”, 缺少了 20 多个色素结合位点; 而其他 PsaD/F/I/J/L/M/R 等亚基扩大, 并发展出一些新的色素位点, 部分弥补了 PsaA/B 亚基在结构与色素上的变化; 这些变化可能由甲藻进化过程中经历的多次内共生和叶绿体基因组变化导致。

甲藻的捕光天线蛋白 AcpPCI 为适应 PSI 核心亚基结构的变化而产生了一些新的 loop 结构和色素位点, 从而保证了充分的光能捕获和顺畅传能, 也进一步形成了与其他光合生物截然不同的蛋白组装模式和能量传递网络。该研究为深入理解海洋赤潮甲藻和共生甲藻的光适应机制提供了重要结构与功能基础, 也为探索持续演化的光合生物, 以及人工设计新的自养生物底盘提供了重要线索。

信息来源: <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2315476121>



推荐评论: 甲藻在进化、细胞生物学和基因组学上都拥有非常“不寻常”的特征, 会进化出不同于其他藻类和植物的光系统与捕光天线, 并结合了叶绿素 c 和多甲藻黄素等类胡萝卜素, 既保证了宽幅捕获蓝绿光、高效传能和光电转换等反应过程, 也可以快速调控光保护和电子传递以适应复杂变化的海洋光环境, 而相关光合膜蛋白的精确结构和调控机制此前未见报道。该研究解析了强壮前沟藻和虫黄藻的光系统 I-叶绿素 a/c-多甲藻素捕光天线超级复合物的结构特征和捕光机制, 发现甲藻 PSI-AcpPCI 超复合物在亚基组成、蛋白二级结构、色素排布方面表现出显著的独特性。

PNAS: C 亚族棕榈酰转移酶通过 BSK1 介导 BR 信号途径的机制

2024 年 2 月 5 日, 近日, 南开大学张彦课题组和山东农业大学李厦课题组联合在美国科学院院刊 PNAS 上发表了题为 *Arabidopsis protein S-acyl transferases positively mediates BR signaling through S-acylation of BSK1* 的研究论文, 揭示了拟南芥 C 亚族棕榈酰基转移酶通过棕榈酰化修饰 BSK1, 正向调控 BR 信号途径的过程。

该研究中课题组通过 T-DNA 插入突变体结合 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术, 创制了拟南芥 C 亚族棕榈酰基转移酶 PAT19/20/22 的高阶突变体。其功能缺失表现为植株矮小, 叶片窄, 主根短, 根分生区紊乱, 气孔密度增加, 以及黑暗下生长的下胚轴短等表型, 类似油菜素内酯缺失突变体。课题组继而证明了 C 亚族棕榈酰基转移酶特异性地与 BR 途径关键胞质类受体激酶 BSK1 互作, 并催化 BSK1 的棕榈酰化修饰。此外, BSK1 作为一个受豆蔻酰化 (N-myristoylation) 和棕榈酰化修饰的非跨膜蛋白, 棕榈酰化修饰确保了其从内质网-高尔基体靶向质膜的过程。这一机理可能普遍适用于植物细胞内双酯酰化修饰的非跨膜蛋白。

信息来源: <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2322375121>



推荐评论: 蛋白质的 S-乙酰化修饰, 即棕榈酰化修饰, 是一种可逆的翻译后修饰, 调控蛋白质的活性、稳定性、亚细胞定位以及蛋白质的相互作用。棕榈酰化由棕榈酰转移酶(PAT)催化, 大量的植物蛋白可能被棕榈酰化修饰, 然而对于其上游 PAT 的研究知之甚少。该研究利用拟南芥 C 亚族棕榈酰基转移酶 PAT19/20/22 的三突, 揭示了 C 亚族棕榈酰基转移酶特异性地与 BR 途径关键胞质类受体激酶 BSK1 互作, 并催化 BSK1 的棕榈酰化修饰。

Nature Communications: 亚非稻种间杂种衰退的分子机制

2024 年 2 月 2 日, 中国科学院分子植物科学卓越创新中心林鸿宣院士研究组和韩斌院士研究组合作在国际综合学术期刊 Nature Communications 在线发表了题为 “Dysfunction of duplicated pair rice histone acetyltransferases causes segregation distortion and an interspecific reproductive barrier” 的研究论文。该成果不仅成功分离并克隆了控制亚非稻种间杂种衰退的基因, 同时揭示了一种全新的控制水稻种间杂种衰退的分子机制, 为利用种间杂种优势、培育高产品种提供了相应的理论基础和技术支撑。

研究团队通过大规模群体筛选结合正向遗传学的方法成功鉴定到了一对控制亚洲栽培稻与非洲栽培稻种间生殖隔离的基因 HWS1、HWS2。表达量分析、CRISPR-Cas9 介导的基因敲除实验以及泛基因组数据分析结果表明, HWS1 表达量失活及 HWS2 基因的缺失最终导致杂种衰退表型的形成而产生生殖隔离。

该研究揭示了一对重复隐性基因控制亚非稻种间生殖隔离的分子遗传机制, 丰富了对杂种不亲和性的理解, 加深了对表观遗传调控控制种间杂种衰退分子机制的认识, 并提出了通过增加 HWS 基因拷贝数以克服亚非稻种间生殖隔离的技术方法。

信息来源: <https://www.nature.com/articles/s41467-024-45377-x>



推荐评论: 稻属由 23 个种组成, 其中栽培水稻分为亚洲栽培稻 (*O.sativa*) 和非洲栽培稻 (*O.glaberrima*) 两个种, 其余均为野生稻。亚非稻种间具有强大的杂种优势, 但是种间生殖隔离的存在却导致杂种的产量优势无法得到充分利用, 因此如何利用亚非稻种间超强的杂种优势一直以来是育种家们努力的目标。该研究通过群体筛选和正向遗传学鉴定到了一对控制亚洲栽培稻与非洲栽培稻种间生殖隔离的基因 HWS1、HWS2, 并进一步通过遗传, 生化和基因组学的方法解析了这对基因作用的分子机制。该研究促进了作物基因调控理论的发展, 进而用于指导远缘水稻种间/亚种内杂交亲本的选配以及广亲和性材料的选育。

Nature Plants：首个多细胞植物染色体的部分设计与合成

2024年1月26日,中国科学院遗传与发育生物学研究所的焦雨铃等在 Nature Plants 上发表了 A designer synthetic chromosome fragment functions in moss 的论文,该研究利用合成基因组学技术对藓类植物小立碗藓的染色体片段进行组装和改造,研究者通过使用化学合成的片段代替染色体臂的编码区来简化苔藓的基因组,他们成功地消除了 55.8%的 155 kb 内源染色体区域,而基本不影响苔藓的表型,这表明了转座子元件可能对生长的影响很小。此外,研究者还引入了其他序列修饰,如 PCR 标记的掺入、终止密码子替换等,尽管三维染色质组织结构有些许变化,但合成序列小立碗藓的表观遗传特征和表征与野生型(WT)基本相同,该研究为合成苔藓基因组计划奠定了基础,也为多细胞生物的基因组合成奠定了基础。

该研究通过减少重复序列、简化基因组而不影响生物的表型,证明了在多细胞生物中进行基因组合成的潜力。这项工作的意义在于通过使用合成基因组技术成功地在苔藓植物细胞中进行了染色体片段的合成和组装,为多细胞生物的基因组合成奠定了基础,为合成植物和动物基因组打开了新的可能性。

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



推荐评论: 合成基因组学通过设计与合成重塑基因组,既可以探索基因组的组织规律,也是改造基因组、创造人工生命的底盘技术。然而,多细胞生物基因组庞大,表观遗传调控复杂,难以转化和定向重组 DNA 大片段,难以实现个体再生,给多细胞生命的基因组合成带来了极大挑战。该研究大幅删除了内源重复序列,极度简化了基因组,并加入了其他设计元件形成了全新的人工设计与合成的染色体序列;研究在小立碗藓体内完成了约 1/3 染色体臂的人工合成与替换,为进一步开展更大范围的合成苔藓基因组计划(SynMoss)奠定了技术基础,并为多细胞生物的基因组合成铺平了道路。

Nature Plants：新细胞壁结构调控黄瓜蜡粉形成

2024 年 2 月 19 日，湖南农业大学园艺学院/岳麓山实验室蔬菜品种创制中心武涛教授团队与日本东京大学 Toru Fujiwara 教授团队合作在 Nature Plants 杂志发表了题为 Novel lignin-based extracellular barrier in glandular trichome 的学术论文，发现了一种在黄瓜蜡粉球状体（腺体毛）由木质素构成且在建立隔室过程中发挥质外体屏障功能的新细胞壁结构，命名为“neck strip”，其在黄瓜果实表面蜡粉形成过程中起着决定性作用。

该研究首次在植物根以外细胞中发现了一种由木质素构成且具备质外体屏障功能的新细胞壁结构，neck strip，可调控黄瓜果皮蜡粉形成；同时，发现 neck strip 结构在植物中普遍存在。通过对不同黄瓜种质 neck strip 结构调控基因进行操纵，可指导培育果皮光亮无蜡粉的黄瓜新品种，有望变革当前黄瓜产业中通过脱蜡粉南瓜砧木嫁接去除蜡粉提高黄瓜品质的生产方式，从而降低高品质黄瓜生产成本，提高生产效率；此外，了解 neck strip 调控植物腺体毛特殊化合物储存或者积累的功能，将有助于提高未来“生物工厂”生产效率，并广泛应用于药物和化学品生产。

信息来源：<https://www.nature.com/articles/s41477-024-01626-x>



推荐评论：黄瓜果皮光泽度主要受蜡粉影响，表面光亮、无蜡粉的黄瓜果实深受消费者喜爱。蜡粉是覆盖在黄瓜果皮表面的微粒，可影响果皮对光的反射，从而影响果皮光泽度。为了去除黄瓜果实表面蜡粉、增加黄瓜果皮光泽度，生产上常利用脱蜡粉南瓜砧木进行嫁接并取得了较好效果，但这种生产方式增加了生产成本。目前人们对黄瓜果实表面蜡粉形成的分子调控机制还不了解，也较难从遗传角度去除黄瓜果实表面蜡粉，增加黄瓜果实光泽度。该研究以黄瓜 EMS 诱变获得的少蜡粉突变体 ygp 为研究材料，首次在植物根以外细胞中发现了一种由木质素构成，具备质外体屏障功能且广泛分布的新型细胞壁结构——neck strip，其调控黄瓜果皮蜡粉形成。这项研究不仅在植物学理论上取得创新，而且对于园艺育种也具有重要价值。

Molecular Plant: 多组学分析鉴定小麦穗发育的转录调控因子

2024 年 2 月 2 日, 中国科学院遗传与发育生物学研究所肖军课题组在国际植物学领域著名期刊 *Molecular Plant* 上发表了一篇题为 “Systemic identification of wheat spike development regulators by integrated multiomics, transcriptional network, GWAS and genetic analyses” 的研究论文。研究综合分析了小麦穗转录组、染色质可及性和组蛋白修饰的数据, 描绘了小麦穗成熟过程中的动态转录和表观遗传景观。

研究基于多维组学和群体遗传学的整合, 鉴定了 227 个潜在的调控因子, 其中 42 个已在小麦或水稻的穗形成中有所涉及。通过对 61 个新基因进行表型筛选, 研究发现了 36 个突变, 包括 TaMYC2-A1、TaMYB30-A1 和 TaWRKY37-A1, 这些基因改变了开花时间或穗的形态。

该研究不仅揭示了小麦穗发育过程中基因转录和表观遗传调控的动态变化, 还为小麦的精准育种和形态改良提供了有益的信息。

信息来源: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1674205224000108?via%3Dihub>



推荐评论: 小麦的产量主要由亩穗数、千粒重和穗粒数决定。穗型结构影响小麦的小穗数、穗粒数和产量, 是育种改良的重要选择性状。挖掘小麦穗发育重要调控因子与解析分子调控机制, 对小麦穗型的分子设计与精准改良、突破产量瓶颈具有重要意义。由于小麦功能基因组学发展较晚, 穗发育关键基因挖掘及作用机制的研究处于初步阶段。该文通过多维组学、群体遗传学和基因功能解析等研究手段, 绘制了小麦穗发育过程的动态转录和表观修饰图谱, 搭建了小麦穗发育过程的转录调控网络。

Science：柑橘油腺发育与精油合成的分子调控

Science 杂志以封面论文形式发表了果蔬园艺作物种质创新与利用全国重点实验室、华中农业大学柑橘团队邓秀新院士、张飞教授课题组题为“Molecular regulation of oil gland development and biosynthesis of essential oils in Citrus spp.”的研究成果。

陆生植物的分泌结构是各种次生代谢产物的储存库。其中，芸香科植物的分泌腔以含有应用广泛的精油而闻名。然而，分泌腔发育的分子基础尚不清楚。作者揭示了柑橘油腺形成的分子框架。通过基因图谱和基因组编辑，证明了这一过程需要晚期 MERISTEM IDENTITY1 (LMI1)，这是叶锯齿的关键调节因子。LMI1 启动子的一个保守的 GCC 盒元件募集 DONROSCHE 样 (DRNL) 进行转录激活。这种 DRNL-LMI1 级联触发 MYC5 激活，促进油腺的发育和精油的生物合成。该发现突显了叶片形状基因内顺式调控的差异，推动了新的功能组织的形成。

信息来源：<https://www.science.org/doi/10.1126/science.adl2953>



推荐评论：复杂功能结构如何形成是一个重要生物学问题。植物进化出多种分泌结构来抵御植食动物取食和病原菌侵染。前人关于植物分泌结构研究大多聚焦于表皮分泌腺毛，如番茄腺毛、青蒿腺毛等。然而，亚表皮分泌囊、内部分泌结构如树脂道以及乳汁管等如何形成依然是迷，其主要原因在于缺乏合适模式研究系统。该研究以柑橘油腺为新模式系统，揭示了分泌囊起始和发育的分子调控通路，为提升金柑类果实鲜食品质和增加甜橙、柠檬等精油产值提供重要理论基础。

会议动态

第十届植物生物学女科学家学术交流会将在海南省三亚市举办

2024 年 3 月 20 日至 23 日，第十届植物生物学女科学家学术交流会将在海南省三亚市举办，本次大会的主题是：南繁种业与粮食安全，将邀请植物生物学领域著名科学家(尤其是女科学家)通过学术与科普报告、专题论坛等形式，进行广泛深入的学术交流，并探讨女科学家现况及发展。

信息来源：<https://meeting.cspb.org.cn/10nvkenianhui/index.php>



2024 年全国植物病原丝核菌、链格孢菌和镰刀菌学术交流及教学研讨会将在云南省临沧市举办

2024 年 3 月 30 日至 4 月 2 日，“2024 年全国植物病原丝核菌、链格孢菌和镰刀菌学术交流及教学研讨会”将在云南省临沧市举办，会议由中国植物病理学会教学专业委员会和中国植物病理学会植物病原真菌专业委员会共同主办，滇西科技师范学院生物技术与工程学院具体承办。会议主要包括：交流植物病原丝核菌、链格孢菌和镰刀菌的相关研究进展；研讨植物病理学教学中如何融入植物病原丝核菌、链格孢菌和镰刀菌的前沿动态。

信息来源：<http://www.cspp.org.cn/newsdata/202421110477.html>



2024 年全国植物整合组学学术研讨会将在广西省南宁市举办

2024 年 4 月 12 日至 15 日,“2024 年全国植物整合组学学术研讨会”将在南宁市召开。会议由中国植物学会植物整合组学专业委员会、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主办,广西药用植物园协办。会议以“数据和算法驱动的植物整合组学”为主题,邀请从事植物组学、植物学交叉前沿技术研究的专家、学者、研究生和企业参会,共同研讨植物科学与大数据、人工智能和计算科学等交叉融合的最新进展,推动整合组学与植物生长发育、逆境适应、生物育种、合成生物学等研究领域中的衔接和应用。

信息来源: http://www.botany.org.cn/xwzx/tzgg/202401/t20240126_769100.html



2024 整合植物生物学前沿学术研讨会暨 JIPB 编委会将在福建省福州市召开

为更好地促进植物科学领域的学术交流与发展,由中国植物学会和中国科学院植物研究所 Journal of Integrative Plant Biology 编辑部主办,福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室、福建农林大学植物保护学院、福建农林大学未来技术学院·海峡联合研究院联合承办的“2024 整合植物生物学前沿学术研讨会暨 JIPB 编委会”将于 2024 年 5 月 10 日至 13 日在福州召开,届时将邀请植物生物学研究领域知名学者,聚焦整合植物生物学相关前沿问题,探讨植物科学发展前景,展示领域内最新成果,助力国家粮食安全。

信息来源: <https://mp.weixin.qq.com/s/Z9yaMAxcHewt2xA8CFhr5w>



第 6 届国际农业与生物系统工程大会 (CIGR2024) 将在韩国济州岛举办

2024 年 5 月 19 日至 22 日,第 6 届国际农业与生物系统工程大会(CIGR2024)将在韩国济州岛济州国际会议中心举办。本次大会由国际农业与生物系统工程学会(CIGR)主办,由韩国农业机械学会(KSAM)、韩国农业工程学会(KSAE)和韩国生物与环境控制学会(KSBEC)联合承办。

本届 CIGR 国际会议的主题是“数字农业(保证未来粮食供给)”。活跃在第一线的思想领袖、科学家和研究人员将在本次会议上分享和交流有关农业工程的最新技术信息。此外，本次会议将为来自世界各地的农业和生物工程领域的专家提供一个很好的交流机会。大会学术活动将包括 8 个分会，分别是农业机械新技术和创新、农业机器人及传感技术结构和农业环境、可持续植物生产、人工智能和数据科学、农业加工中的机器视觉系统、食品安全、加工和工程、智慧畜牧业。这些分会将是交流各学术领域最新研究成果的宝贵论坛。

信息来源：<https://www.cigr2024.org>





《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