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

第 1 期 （总第 1 期） 2023 年 7 月 1 日

目录

政策规划.....1
国家六部委联合发文：金融支持种业振兴.....1
美国 NASA 发布国际空间站植物科学研究人员指南.....2
英国 JIC：2023-2028 年的四个“研究所战略计划”（ISP）.....3
项目资助.....4
2023 年度国家自然科学基金委员会与国际农业研究磋商组织合作研究项目指南.....4
2023 年度国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目指南（第二批）...6
科研进展.....8
Nature：英德研究人员揭示拟南芥着丝粒中卫星序列和转座子的快速循环，可促进物种的形成.....8
Nature：揭示树木多样性对土壤碳氮积累的长期影响.....10
Nature：树岛增强油棕榈景观的生物多样性和功能.....12
Science：早期多叶植物的叶子和孢子囊以罕见的非斐波那契螺旋形发展..13
Nature Plants：利用比较植物转录组学揭示根瘤共生的演化过程.....14
The Plant Cell：拟南芥对渗透胁迫响应的新机制.....15
The Plant Cell：转录因子 MYB112 连通光和生物钟信号调控幼苗.....16
Molecular Plant：lncRNA 调控玉米耐受低磷胁迫新机制.....17
Molecular Plant：大豆荚色调控的分子机制.....18
Molecular Plant：植物感知低氧胁迫的分子机理.....19
会议动态.....20
2023 欧洲植物生物学会议（Plant Biology European 2023，PBE 2023）在法国马赛法罗宫举办.....20
第 24 届国际植物生长物质大会（The 24th International Conference on Plant Growth Substances,IPGSA 2023）在韩国庆州举办.....21
第三届亚太植物表型组学国际会议在海南三亚举办.....21
国际分子植物与微生物互作学会(MPMI)2023 年大会（IS-MPMI CONGRESS 2023）在美国罗德岛举办.....22

政策规划

国家六部委联合发文：金融支持种业振兴

为深入贯彻落实党的二十大、中央经济工作会议、中央农村工作会议重要精神和中央一号文件部署要求，完整、准确、全面贯彻新发展理念，中国人民银行、金融监管总局、中国证监会、财政部、农业农村部近日联合发布《关于金融支持全面推进乡村振兴 加快建设农业强国的指导意见》，对做好粮食和重要农产品稳产保供金融服务、强化巩固拓展脱贫攻坚成果金融支持、加强农业强国金融供给等九个方面提出具体要求。

《意见》强调，各金融机构要主动对接粮食生产主体扩大产能、设备改造、技术升级等融资需求，促进粮食稳产增产。加强种业振兴等农业关键核心技术攻关金融支撑，强化农业科技装备和绿色发展融资支持。

《意见》在做好粮食和重要农产品稳产保供金融服务，持续加强种业振兴金融支持中提出：完善重点种业企业融资监测机制，精准满足国家种业基地和重点企业融资需求。鼓励金融机构持续加大对生物育种重大项目、国家育种联合攻关和畜禽遗传改良计划等中长期贷款投入，创新品种权（证书）、育种制种设施设备等抵质押贷款业务，合理满足育种研发、种子（苗种）繁殖、精深加工、推广销售等环节差异化融资需求，助力“育繁推一体化”发展。用好现代种业发展基金，鼓励天使投资人创业投资基金等加大资金投入。

信息来源：https://www.gov.cn/zhengce/zhengceku/202306/content_6886854.htm

美国 NASA 发布国际空间站植物科学研究人员指南

2023 年 3 月 16 日，美国国家航空航天局（National Aeronautics and Space Administration，NASA）发布了国际空间站植物科学研究人员指南。指出数十年的太空飞行实验所取得的进步已经确定了在细胞，组织，整个植物和社区水平上对重力和太空飞行环境对植物生物学作用的理解的关键差距。

国际空间站是一个独特的平台，重力降低可用于探测和剖析植物中的生物机制，以了解陆地生物学如何对重力做出反应。这些知识对于使用空间植物和微生物群落的生物再生生命支持来支持人类在太空中的安全和长期居住非常重要。这些知识还可以通过设计与太空生活相关的问题的对策来降低宇航员的探索风险。此外，科学家还可以研究植物如何对月球和火星上的重力降低环境做出反应。

该研究人员指南提供有关植物科学研究背景的信息，总结以前的研究，包括经验教训，并提供有关国际空间站研究设施的信息。还提供了有关潜在调查人员在国际空间站上进行研究应了解的信息。

信息来源：https://www.nasa.gov/connect/ebooks/researchers_guide_plant_science_detail.html

英国 JIC：2023-2028 年的四个“研究所战略计划”（ISP）

英国约翰英纳斯中心（John Innes Centre，JIC）发布了 2023-2028 年的四个“研究所战略计划”（ISP），为“交付可持续小麦”“建立作物的稳健性”“利用生物合成促进可持续粮食和健康”以及“促进植物健康”。

“促进植物健康”（Advancing Plant Health，APH）计划整合了约翰英纳斯中心和塞恩斯伯里实验室的研究专业知识，旨在揭示有关植物免疫，微生物发病机制和共生关系的新信息，然后将这些知识应用于开发和部署新形式的抗病性，促进生长和对害虫的恢复力。

“建立作物稳健性”（Building Robustness in Crops，BRiC）计划的目的是提供遗传多样性和知识，创新技术和培训，以实现强壮的高产作物的可持续生产。研究重点是油菜、豌豆、谷物和芸苔属蔬菜，并通过与行业协商确定作物生产的关键问题和挑战而发展。将采用跨学科方法，结合在作物科学、植物发育生物学、基因调控、基因组学和计算生物学方面的研究专长，开发新的知识和资源，以促进农业经济的创新。

“交付可持续小麦”（Delivering Sustainable Wheat，DSW）计划旨在应对小麦健康、产量和生产方面的关键挑战，以保障这一重要作物的未来。该计划是一个高度综合的跨学科计划，汇集了四个研究机构和五所大学以及国家农业植物研究所的互补技能。该计划投资于育种前，以确保新的性状、基因、知识和新型小麦进入育种、农业和粮食生产。开放和公平的数据访问是该计划的核心，以确保其成功和进展，以保证世界各地的植物育种者和小麦研究。

“利用生物合成促进可持续食品和健康”（Harnessing Biosynthesis for Sustainable Food and Health，HBio）计划利用植物和微生物的卓越和未充分利用的生物合成能力来制造有价值的新分子，以应对全球粮食和人类健康挑战。

信息来源：https://www.jic.ac.uk/research-impact/our-strategic-research-programmes/

项目资助

2023 年度国家自然科学基金委员会与国际农业研究磋商组织合作研究项目指南

2023 年 2 月国家自然科学基金委发布 2023 年度国家自然科学基金委员会与国际农业研究磋商组织合作研究项目指南。

根据国家自然科学基金委员会（NSFC）与国际农业研究磋商组织（CGIAR）下属 11 个研究中心（研究所），即国际生物多样性中心（Bioversity）、国际热带农业中心（CIAT）、国际林业研究中心（CIFOR）、国际玉米小麦改良中心（CIMMYT）、国际马铃薯中心（CIP）、国际干旱地区农业研究中心（ICARDA）、世界农用林业中心（ICRAF）、国际半干旱热带作物研究所（ICRISAT）、国际食物政策研究所（IFPRI）、国际家畜研究所（ILRI）以及国际水稻研究所（IRRI）达成的合作共识，双方将共同资助科学家开展合作研究。合作研究将聚焦于可持续农业和生物多样性与气候变化相关研究领域。

资助领域由 NSFC 和 CGIAR 所属研究中心（研究所）协商确定，项目的受理、评审和管理由 NSFC 负责。中方科研人员应以项目主持人身份与上述 CGIAR 下属 11 个研究中心（研究所）之一的科研人员共同提出项目申请。

项目说明

（一）资助领域及申请代码

1. 主要粮食作物（水稻、玉米和小麦）优异种质资源挖掘和遗传改良的基础研究（申请代码 1 选择 C13 的下属代码）。

2. 主要粮食作物（水稻、玉米和小麦）和薯类作物（甘薯、木薯和马铃薯）的近缘野生种资源精准鉴定和利用的基础研究（申请代码 1 选择 C13 的下属代码）。

3. 主要粮食作物（水稻、玉米和小麦）水分、养分高效利用的栽培模式与理论（申请代码 1 选择 C15 的下属代码）。

4. 主要粮食作物（水稻、玉米和小麦）及薯类作物（甘薯、木薯和马铃薯）主要病虫害防治基础研究（申请代码 1 选择 C14 的下属代码）。

5. 食用豆类种质资源的引进和深度评价（申请代码 1 选择 C13 的下属代码）。

6. 旱地农业与旱地作物改良（申请代码 1 选择 C13 的下属代码）。

7. 畜禽重要遗传资源的基础研究（申请代码 1 选择 C17 的下属代码）。

8. 重要畜禽疫病防治的基础研究（申请代码 1 选择 C18 的下属代码）。

9. 热带牧草种质资源分析和遗传改良（申请代码 1 选择 C16 的下属代码）。

10. 牧草栽培和牧草饲料高效利用的基础研究（申请代码 1 选择 C16 的下属代码）。

11. 木本植物遗传多样性和种质资源保护和利用（申请代码 1 选择 C16 的下属代码）。

12. 农林生物多样性及其功能研究（申请代码 1 选择 C03 的下属代码）。

13. 亚洲热带水稻种植土壤微生物资源多样性及其功能研究（申请代码 1 选择 C03 的下属代码）。

14. 关键陆地生态系统（农田、森林、草地）对全球变化的响应与适应（申请代码 1 选择 C03 的下属代码）。

15. 基于自然解决方案的作物生产系统转型研究（申请代码 1 选择 C13 的下属代码）。

16. 营养目标下的食物供给与消费均衡研究（申请代码 1 选择 G0311）。

17. 中国及重点国家草地贪夜蛾有害生物入侵应急管理与综合防治技术的社会经济研究（申请代码 1 选择 G03 的下属代码）。

18. 农业政策研究（申请代码 1 选择 G0311）。

（1）多目标协同发展下中国农业食物系统减排政策优先序及其国际比较研究

（2）中国化肥农药减量实践和政策及其对发展中国家的启示

（3）贸易体系变局下农食系统转型与城乡融合发展的耦合机制与实施路径

（4）数字化背景下乡村产业转型升级路径与对策研究

（5）生态保护补偿制度促进农业可持续发展的机制、路径与政策研究

未按要求填写指定申请代码 1 的申请书将不予受理。

（二）资助规模

拟资助合作研究项目 12 项左右。

（三）资助强度

中方资助强度为不超过 200 万元/项（直接费用），包括研究经费和国际合作交流经费等。

（四）资助期限

资助期限为 5 年，申请书中的研究期限应填写 2024 年 1 月 1 日至 2028 年 12 月 31 日。

信息来源：https://www.nsfc.gov.cn/publish/portal0/tab442/info88576.htm

2023 年度国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目指南（第二批）

2023 年 5 月国家自然科学基金委发布 2023 年度国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目指南（第二批）。

自然科学基金委与地方政府共同出资设立区域创新发展联合基金，旨在发挥国家自然科学基金的导向作用，吸引和集聚全国的优势科研力量，围绕区域经济与社会发展中的重大需求，聚焦其中的关键科学问题开展基础研究和应用基础研究，促进跨区域、跨部门的协同创新，推动我国区域自主创新能力的提升。

2023 年度区域创新发展联合基金（第二批）以重点支持项目或集成项目的形式予以资助，资助期限均为 4 年。

在“生物与农业领域”，立足宁波市农业高质量发展需求，围绕粮食作物与宁波市特色经济作物、水产等相关领域的关键科学问题，开展相关基础研究或应用基础研究。与植物学领域相关的项目有：

集成项目

集成项目直接费用平均资助强度约为 1000 万元/项，研究方向：

1. 作物重要病毒流行灾变致害的分子机制（申请代码 1 选择 C14 的下属代码）

围绕对粮食安全和生物安全的迫切需求，以宁波地区主要作物水稻上发生的重要病毒病和新近入侵宁波地区重要经济作物的检疫病毒为研究对象，开展病毒入侵、致病、传播、致害的流行灾变机制研究。

研究内容包括：

（1）病毒入侵、致病的机制研究

（2）病毒经介体昆虫传播的多因子互作研究

（3）作物防御病虫的分子机制

（4）病毒反防御致害的分子机制

本集成项目的申请应同时包含以上 4 个研究内容，围绕项目主题“作物重要病毒流行灾变致害的分子机制”展开深入和系统研究。预期研究成果应包括原理、技术、论文、专利等。

重点支持项目

研究方向

1. 南方溶质型水蜜桃采后生物与环境应答机制研究（申请代码 1 选择 C20 的下属代码）

围绕奉化水蜜桃等南方溶质型水蜜桃的采后贮运物流需求，探究生物因子、非生物因子与果实品质劣变的关联性，从糖信号和糖代谢角度挖掘相关抗冷、抗病关键基因，解析其在常温软化、低温冷害及病害中的功能，揭示其遗传调控网

络，为优化水蜜桃采后贮运条件提供基础理论。

4. 海岸全域生态多模态感知及多样性演化机理研究（申请代码 1 选择 D01 的下属代码）

紧密围绕宁波海岸带生物多样性调查与保护的重大需求，研究面向海岸带生态要素全天候获取的多模态遥感成像理论，揭示海岸带生物多样性的高分辨率光谱表征机理，阐明复杂因素耦合下的海岸带植物功能多样性的时空演化规律和驱动力，为滨海生态保护与修复提供科学支撑。

信息来源：https://www.nsfc.gov.cn/publish/portal0/tab442/info89296.htm

科研进展

Nature：英德研究人员揭示拟南芥着丝粒中卫星序列和转座子的快速循环，可促进物种的形成

2023 年 5 月 17 日，Nature 期刊在线发表了英国剑桥大学 Ian R. Henderson、德国马普生物学研究所 Detlef Weigel 和英国萨塞克斯大学 Alexandros Bousios 联合团队及其合作者题为“ Cycles of satellite and transposon evolution in Arabidopsis centromeres ”的研究论文。该研究组装了 66 个 Arabidopsis thaliana 种质和 2 个 Arabidopsis lyrata 种质的 346 着丝粒序列，显示了它们具有显著的种内和种间多样性；并揭示 通过卫星序列的同质化可介导着丝粒阵列中转座子入侵和清除的快速循环，从而推动着丝粒进化并最终促进物种的形成。

着丝粒对于细胞分裂、CENH3 或 CENPA 组蛋白核小体的加载、着丝粒形成和染色体分离都至关重要。尽管着丝粒的功能保守，但它们的大小和结构在不同物种中是存在差异的。要理解这种矛盾，需要先了解着丝粒的多样性是如何产生的，是否反映了古老的跨物种变异，或者是物种形成后的快速分化。无论是植物还是动物，着丝粒的组装一直具有挑战性，因为它们通常由复杂的串联重复阵列组成。随着长读长 DNA 测序技术的进步，如 PacBio 高保真（HiFi）和牛津纳米孔技术（ONT），复杂的着丝粒组装现在已经成为可能，并实现了人类和拟南芥的端粒到端粒的完整基因组图谱。然而，种内着丝粒多样性如何与种间着丝粒的快速进化相关联，尚不清楚。

为了回答上述问题，该研究组装了 66 个 Arabidopsis thaliana 种质的着丝粒序列，并显示它们表现出显著的种内多样性。对着丝粒序列集合分析，该研究发现，除了 137,520 个较短的 159-bp 重复序列（AthCEN159，原称 CEN160）之外，还存在 5,345,259 个拷贝的~178-bp 着丝粒卫星重复序列（AthCEN178，原称 CEN180）。AthCEN178 卫星重复阵列周围的遗传变异表明，同一 AthCEN178 组的着丝粒通常嵌入跨着丝粒的单倍型连锁块中。

串联复制是着丝粒卫星重复序列进化的一个重要模式，并导致植物中的高阶重复（HORs）。该研究发现，这些着丝粒卫星重复序列与介导卫星序列进化的姐妹染色单体间的单向基因转换或不等交叉一致，且 AthCEN178 重组和 HOR 形成在着丝粒内和着丝粒间的速率存在异质性。进一步研究发现， A. thaliana 着丝粒内的遗传和表观遗传信息与 CENH3 富集之间的相互作用一致。

Col-0 基因组显示，着丝粒卫星重复阵列中存在 ATHILA 反转录转座子；该研究发现，大部分（90%）的非卫星着丝粒序列由 ATHILA 元素组成，表明 A. thaliana 卫星重复阵列被偏中心的 ATHILA 广泛定植。研究人员由此提出了一个

模型，AthCEN178 均质化途径可用于清除 A. thaliana 着丝粒卫星阵列中的 ATHILA 元素。

为了进一步研究拟南芥种间着丝粒的差异性，该研究加入了 2 个 Arabidopsis lyrata 种质的着丝粒序列，并显示它们表现出显著的种间多样性，且着丝粒序列的变化更为极端；表明着丝粒序列的种间快速进化。

基本以上结果，研究人员提出了卫星序列同质化和 ATHILA 反转录转座子入侵介导着丝粒进化循环的模型：拟南芥着丝粒阵列中的 ATHILA 多样性表明存在一个高水平反转录转座子状态和低水平反转录转座子状态之间的循环，ATHILA 表达可诱导病毒样颗粒，并整合入侵到着丝粒中；同时，卫星重复阵列通过同源重组，可诱导着丝粒内重复、卫星序列同质化和 ATHILA 的清除。

信息来源：https://www.nature.com/articles/s41586-023-06062-z

推荐评论：着丝粒是染色体的重要组成部分，对染色体的正确分离起着重要作用。着丝粒区域重复序列的组成和排布在着丝粒结构和功能中的作用是着丝粒研究领域的难点和热点，也是基因组测序组装很难完成的染色体区域。随着测序技术的发展，复杂的着丝粒组装现在已经成为可能，但种内着丝粒多样性如何与种间着丝粒的快速进化相关联这一问题尚未被解答。该研究通过对拟南芥种内的不同种质着丝粒序列进行组装和分析，同时引入不同种种质的着丝粒序列，不仅展现了拟南芥着丝粒种内和种间的多样性，还揭示了卫星序列同质化和 ATHILA 反转录转座子入侵介导着丝粒进化循环的模型，对人类进一步理解植物着丝粒结构和功能具有重要意义。

Nature：揭示树木多样性对土壤碳氮积累的长期影响

2023 年 4 月 26 日，加拿大阿尔伯塔大学 Xinli Chen 等在 Nature 上发表了题为“Tree diversity increases decadal forest soil carbon and nitrogen accrual”的研究论文。该研究探讨了树木多样性和土壤碳、氮积累在天然林之间的关系，研究表明树木多样性可以增加十年森林土壤碳、氮的累积量。该研究发现更大的树木多样性与更高的土壤碳和氮的积累有关，验证了生物多样性操作实验的推论。

森林土壤中的碳储量和氮储量对于维持土壤肥力和调节全球气候变化至关重要。土壤氮储量对支持土壤氮循环和氮素有效性具有重要意义，从而推动森林生态系统的碳同化和植物生长。全球范围内植物多样性迅速下降，导致生态系统功能（包括土壤功能）退化。众多生物多样性控制试验发现植物生物多样可以增加生态系统中土壤的碳、氮储量。

在森林中，土壤碳和氮循环是相互作用的，既是树木多样性的原因，也是树木多样性的结果。相比之下，较高的土壤碳和氮储量往往更频繁地出现在潮湿和较冷的地点，因为这些条件减缓了分解和矿化过程，而不是降低了生产力。由于生态位互补性增强，不同的树木群落应具有更高的生产力和更少的土壤氮损失。此外，因为地上和地下凋落物输入的增加，多样性驱动的树木生物量固碳和氮保留的增加预计将随着时间的推移导致土壤碳和氮的更大积累。

然而，目前还不清楚基于生物多样性控制试验得出的植物多样性与土壤碳、氮储量之间的这些正相关关系是否可以推广到复杂的自然森林生态系统中。该研究首次在大空间尺度上发现树木均匀度和功能多样性的增加可以大大提高有机层和矿物层土壤的碳、氮积累，证明了生物多样性控制试验的有效性，揭示了树木多样性对土壤碳氮积累的长期影响。该研究认为，促进树木功能多样性（尤其是阔叶和针叶物种的混交林）不仅可以增加林地生产力，还可以缓解全球气候变化并减少土壤退化。

森林碳汇能力的提升是如期实现碳中和目标的重要途径之一，如何通过合理的经营管理措施来提升亚热带森林生态系统的净碳汇能力是应对气候变化亟需解决的重要科学技术问题之一，亦是环境与资源学院、碳中和学院的重要任务之一。研究结果对于提升森林生态系统的固碳能力具有重要指导意义。

信息来源：https://www.nature.com/articles/s41586-023-05941-9

推荐评论：树木的生物多样性和土壤碳、氮积累始终是生物多样性研究领域的重要议题，与全球气候变化和地球可持续发展息息相关。尽管之前的研究已经关注到植物多样性与土壤碳、氮储量之间具有正相关关系，然而尚没有推广到复杂的自然森林生态系统中。该研究利用加拿大国家森林资源（NFI）数据库，使用 SEM 模型进行研究，发现树木均匀度和功能多样性的增加可以大大提高有机层和矿物层土壤的碳、氮积累，揭示了树木多样性对土壤碳氮积累的长期影响。该研究结论对于开发全球气候变化和土壤退化的应对策略都有积极而重要的意义。

Nature：**树岛增强油棕榈景观的生物多样性和功能**

瑞士纳沙泰尔大学 Delphine Clara Zemp 等研究人员合作发现，树岛增强油棕榈景观的生物多样性和功能。2023 年 5 月 24 日，nature 杂志在线发表了这项成果。

研究人员介绍了在一个富含 52 个树岛的油棕榈景观中进行的大规模、为期 5 年的生态系统恢复实验结果，其中包括对 10 个生物多样性指标和 19 个生态系统功能指标的评估。总的来说，与传统管理的油棕榈相比，树岛的生物多样性和生态系统功能指标，以及多元性和生态系统多功能性都更高。较大的树岛通过植被结构的变化导致了更大的多变性收益。此外，树木的富集并没有减少景观范围内的油棕榈产量。这些结果表明，用树岛丰富以油棕榈为主的景观是一种有前途的生态恢复战略，但不应取代对剩余森林的保护。

据介绍，在联合国生态系统恢复十年中，关于如何在以经济作物为主的热带景观中增加生物多样性和生态系统功能，仍然存在巨大的知识差距。

信息来源：https://www.nature.com/articles/s41586-023-06086-5

推荐评论：农业经济作物耕地对原始森林面积的侵占，以及对生态的影响一直是受到关注的问题。在帮助当地经济发展的同时，不可避免地面临树木的物种多样性降低，气候环境发生改变这些问题。该研究通过树岛对油棕榈景观进行生态系统恢复并取得较理想的结果，树岛的生物多样性和生态系统功能指标，以及多元性和生态系统多功能性都更高，且并未影响油棕榈的产量。这为今后经济作物景观生态系统恢复提供了参照性的经验和策略，有望进行应用。当然，该研究也指出树岛策略不应取代对剩余森林的保护，提示我们生态恢复是个长期复杂的过程，应全面考虑多方因素，单一的解决方案不足以逆转当下面临的问题。

Science：早期多叶植物的叶子和孢子囊以罕见的非斐波那契螺旋形发展

英国爱丁堡大学 Alexander J. Hetherington 团队发现，早期多叶植物的叶子和孢子囊以罕见的非斐波那契螺旋形发展。相关论文于 2023 年 6 月 16 日发表在 Science 杂志上。

研究人员表示，植物的侧面器官，包括叶子和生殖结构，在茎上以独特的模式排列，称为叶序。大多数现存的植物都表现出由斐波那契数列在数学上描述的叶序模式。然而，仍然不清楚在早期的多叶植物中存在什么样的侧器官排列。

为了研究这个问题，研究人员对泥盆纪早期石松植物 Asteroxylon mackiei 化石中的叶序进行了量化。研究人员报告了叶子中多样化的叶序，包括轮状和螺旋状。螺旋体都是 n:(n+1)非斐波那契类型。研究人员还表明，叶子和生殖结构发生在同一个植物学系列中，表明这些器官之间的发育相似性。这项发现阐明了关于叶子起源的长期争论，并证明了植物中非斐波那契螺旋的古老性。

信息来源：https://www.science.org/doi/10.1126/science.adg4014

推荐评论：这是一个非常有趣的问题。我们现在知道许多被子植物的叶序和花序排列呈轮状或螺旋状，其数量遵循斐波那契数列的规律。然而很少有研究关注这一现象产生的原因，和它内在的进化规律。该研究注意到了这个科学问题，即早期的多叶植物中存在什么样的侧器官排列。通过对早期植物化石中的叶序进行量化分析，发现早期植物的侧器官也基本遵循斐波那契数列的规律。这一发现不仅让我们获得了植物叶片起源的蛛丝马迹，也为植物学家进一步探究植物器官进化提供了启发和基础。

Nature Plants：利用比较植物转录组学揭示根瘤共生的演化过程

2023 年 6 月 15 日，Nature Plants 在线发表了法国图卢兹大学、法国国家农业食品与环境研究院（INRAE）和国家科学研究中心（CNRS）Delphine Capela、Pierre-Marc Delaux 和 Philippe Remigi 团队题为“Comparative phylotranomics reveals ancestral and derived root nodule symbiosis programmes”的研究论文。该研究利用多个物种的转录组学和系统基因组学重建了祖先的根瘤共生转录组，并利用进化实验的突变菌株逐步剖析了完整的共生互作，重建了植物共生的进化过程。

该研究首先组装了豆科植物含羞草（Mimosa pudica）染色体水平的基因组，以及它响应其共生菌 Cupriavidus taiwanensis 过程中的转录组。进一步，该研究比较了 9 种固氮结瘤（NFN）植物的共生转录组学。通过比较与 RNS 相关的植物转录组学，发现祖先 RNS 具有保守性，其核心机制与 Nod 因子、根瘤感染、根瘤器官发生和固氮相关；此外，根瘤诱导的分泌型小肽（如 NCR）也表现出趋同进化。这些结果支持 RNS 的收敛增益理论，重建了植物共生的演化过程。

信息来源：https://www.nature.com/articles/s41477-023-01441-w

推荐评论：根瘤共生问题一直是豆科植物研究的重要议题之一，过去有非常多优秀的高水平研究聚焦于此，揭示根瘤共生的内在分子机制。然而，迄今为止大规模的系统研究尚缺乏。该文利用了大量的基因组和转录组数据，通过比较组学从豆科植物根瘤器官和共生菌两者同时入手，比较了 9 种 NFN 植物的共生转录组学，这无疑是个庞大而全面的系统工作。经过比较分析，本研究也找到了负责调控根瘤共生的关键机制分子 Nod、分泌型小肽等，这些结论能够进一步指导日后对 RNS 更复杂机制的研究，对豆科植物的根瘤研究具有重要借鉴意义。

The Plant Cell：拟南芥对渗透胁迫响应的新机制

2023 年 6 月 20 日，上海交通大学农业与生物学院李子兴副教授课题组在 The Plant Cell 杂志上发表了题为“Arabidopsis PLANT U-BOX44 down-regulates osmotic stress signaling by mediating Ca2+-DEPENDENT PROTEIN KINASE4 degradation”的研究论文，揭示了植物 U-BOX 类型的 E3 泛素连接酶 PUB44，能够识别并泛素化修饰 CPK4 促其通过 26S 蛋白酶体途径降解，调节细胞内 CPK4 的蛋白丰度以响应植物渗透胁迫的分子机制。

该研究鉴定到一个 U-BOX 类型的 E3 泛素连接酶 PUB44，能够识别并泛素化修饰 CPK4 促其通过 26S 蛋白酶体途径降解，调节细胞内 CPK4 的蛋白丰度。渗透胁迫信号下，CPK4 结合钙离子，蛋白发生构象改变，减弱 PUB44 泛素连接酶对 CPK4 蛋白的泛素化修饰程度。同时，渗透胁迫信号还会抑制 PUB44 蛋白的泛素酶活性，进一步降低 CPK4 蛋白的泛素化修饰水平。通过这些方式，植物细胞在正常环境下维持一定 CPK4 蛋白的丰度，并在胁迫条件下快速增加 CPK4 蛋白的含量，激活细胞适应性生理活动来响应渗透胁迫。

信息来源：https://academic.oup.com/plcell/advance-article/doi/10.1093/plcell/koad173/7203679?login=true

推荐评论：泛素化-蛋白酶体降解途径是包括高等植物在内的生命体精准调控蛋白功能的主要方式之一，然而在渗透胁迫下，蛋白泛素化过程是否参与其中还未得到证明。CPK4 作为钙离子依赖的信号响应蛋白，在植物响应干旱胁迫时作为正调因子发挥重要作用，促使植物细胞调节自身生理活动以响应环境渗透胁迫。但在渗透胁迫条件下，植物如何精确调控 CPK4 蛋白的机制尚不清楚。该研究鉴定到泛素化途径中关键的 E3 泛素连接酶 PUB44 能够结合及调控 CPK4 的蛋白丰度，并揭示在渗透胁迫下 PUB44 对 CPK4 泛素化的分子机制，弥补了这一领域的空白。

The Plant Cell：转录因子 MYB112 连通光和生物钟信号调控幼苗

2023 年 6 月 19 日，南方科技大学生科院生物系邓兴旺院士团队在 The Plant Cell 发表了题为“MYB112 Connects Light and Circadian Clock Signals to Promote Hypocotyl Elongation in Arabidopsis”的研究论文，鉴定到一个连通光信号和生物钟信号的关键转录因子 MYB112，揭示了光信号和生物钟信号产生联系并调控拟南芥光形态建成的新机制。

该研究发现，R2R3-MYB 转录因子 MYB112 是拟南芥光形态建成的负向调节因子（图 1A），其 mRNA 及蛋白在光照条件下积累。MYB112 能够与光形态建成的核心抑制子 PIF4（PHYTOCHROME-INTERACTING FACTOR 4）蛋白直接互作，增强 PIF4 对下游靶基因 YUCCA8、IAA19 和 IAA29 的转录激活能力。

研究人员进一步鉴定了 MYB112 的关键靶基因，MYB112 能够直接结合在 LUX（LUX ARRHYTHMO，编码生物钟中央振荡器的核心组分）的启动子上并抑制 LUX 的转录，减弱 LUX 对 PIF4 转录的抑制作用，从而促进 PIF4 的转录。最后，该研究发现在昼夜循环的条件下，MYB112 主要是在下午促进 PIF4 转录本的积累并增强 PIF4 蛋白的转录激活能力，最终促进幼苗的下胚轴伸长。

综上，该项研究揭示了 MYB112 连通光和生物钟信号从而调控拟南芥光形态建成的分子机制。

信息来源：https://academic.oup.com/plcell/advance-article/doi/10.1093/plcell/koad170/7202154?login=true

推荐评论：光合作用是植物赖以生存的重要过程，其中植物进化出了在白天与黑夜的不同节律和生物学功能，使其能够适应昼夜交替，更高效地同时进行产能和发育生长过程。以往研究已经对植物生物钟进行了大量探索，尤其对生物钟调控关键分子 PIF 家族蛋白有了充分的认知。然而，植物生物钟如何感应信号，即光信号和生物钟信号如何交互的问题还有待解决。该研究发现了一个能够在光信号下积累，并与光形态建成的核心抑制子 PIF4 直接互作的转录因子 MYB112，通过分子信号轴研究阐明其作用机制，无疑为揭示植物光形态建成找到了中间桥梁。

Molecular Plant：lncRNA 调控玉米耐受低磷胁迫新机制

2023 年 6 月 1 日， Molecular Plant 在线发表了中国农业科学院李文学研究员团队题为 “The long-noncoding RNA PILNCR2 increases low phosphate tolerance in maize by interfering with miRNA399-guided cleavage of ZmPHT1s” 的研究论文。该研究系统研究了长链非编码 RNA PILNCR2 、miR399 与 PHTs 的关系，发现 PILNCR2 通过干扰 miR399 对 PHTs 的切割，进而平衡磷胁迫下玉米的生长与磷素的吸收。

该研究首先通过改良 5′-RACE 证实 ZmPHT1;1、ZmPHT1;3 和 ZmPHT1;13 是 ZmmiRNA399 的靶基因；分析链专一性转录组文库发现来源于 ZmPHT1;1 反义链的长链非编码 RNA PILNCR2 。 PILNCR2 主要位于细胞质中，其转录依赖于 RNA polymerase II。RNA-RNA 互作实验、核糖核酸酶保护实验以及烟草瞬时表达实验证实 PILNCR2 与 ZmPHT1s 形成双链，保护 ZmPHT1s 不被 miR399 切割。

为了进一步研究 PILNCR2 的生物学功能，研究人员构建了 PILNCR2 过表达、敲除及敲减转基因玉米。过表达 PILNCR2 增强玉米吸收磷的能力，进而增加玉米对低磷胁迫的耐受性；与此相反，敲除和敲减 PILNCR2 转基因玉米吸收磷能力下降、对磷胁迫更加敏感。此外，在 miR399 过表达玉米中出现的磷中毒现象在 PILNCR2 敲除/miR399 过表达转基因玉米中消失。

信息来源：https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(23)00145-4

推荐评论：PHT1 是调控植物低磷胁迫的关键因子，miR399 也在以往研究中被证明与低磷响应密切相关，然而其中的调控机制，尤其在玉米耐受低磷胁迫中的作用机制并不清楚。lncRNA 作为动植物体内大量存在的非编码 RNA，已被证明在植物多种关键生命活动中具有重要作用。该研究从 miR399 调控 PHT1 mRNA 的稳定性出发，通过转录组筛选到来源于 ZmPHT1;1 基因的反义链 lncRNA PILNCR2，且通过分子实验确定其与 ZmPHT1s mRNA 形成保护性双链，从而免于被 miR399 切割的命运，从机制上来说具有新颖性，揭示 lncRNA 除了“miRNA 海绵”功能外的另一种调控下游靶基因方式。

Molecular Plant：**大豆荚色调控的分子机制**

2023 年 6 月 19 日， Molecular Plant 在线发表了中国农业科学院作物科学研究所 邱丽娟团队和 刘斌团队题为“The Domestication-Associated L1 gene Encodes an Eucomic Acid Synthase Pleiotropically Modulating Pod Pigmentation and Shattering in Soybean”的研究论文， 鉴定了调控大豆荚皮色的关键基因 L1 ，解析了其分子机制，阐明了黑色豆荚对野生大豆环境适应性的重要性以及选择浅色豆荚在大豆驯化和改良中的意义 。

野生大豆中 L1 基因不仅能够使种子更有效的传播，还为种子提供一种伪装色，避免种子被觅食者发现，从而提高了野生大豆的环境适应性。然而 L1 基因不利于栽培大豆成熟后的收获，同时斑驳的种皮严重影响了种子外观和品质，因此在大豆驯化过程中 L1 基因被逐渐淘汰，而其功能缺失等位基因 l1 受到了强烈的人工选择。

该研究解析了大豆荚皮颜色变异的分子机制，丰富了人们对 DRE-TIM 金属酶超家族的酶学活性的认知，为深入理解大豆驯化提供了有价值的见解，并为豆科植物的从头驯化和品种改良提供了重要靶基因。

信息来源：https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(23)00169-7

推荐评论：植物组织或器官着色是植物学和遗传学研究的一个重要领域，植物器官颜色在驯化过程中的进化机理对经济植物的栽培具有重要意义，然而豆类植物果荚着色背后的分子机制至今未知，调控这一性状的确切基因仍不清楚。该研究利用 BSR-Seq、图位克隆和转基因技术等遗传学方法，成功地鉴定出了调控大豆荚皮色的关键因子 L1 基因，并解析了其调控大豆豆荚黑色素沉积的分子机制，能够为之后针对豆荚颜色进行大豆品种改良的研究提供非常重要的基础和参考依据。

Molecular Plant：植物感知低氧胁迫的分子机理

2023 年 6 月，中山大学生命科学学院植物逆境生物学方向肖仕教授团队以“Calcium-dependent activation of CPK12 facilitates its cytoplasm-to-nucleus translocation to potentiate plant hypoxia sensing by phosphorylating ERF-VII tranion factors”为题一文发表在国际期刊 Molecular Plant 上。揭示了低氧诱导的钙信号激活钙依赖蛋白激酶 CPK12，在磷脂酸 PA 和支架蛋白 14-3-3 的共同调控下，从细胞质穿梭至细胞核，激活低氧感知关键因子 ERF-VIIs，增强植物低氧信号转导的新机理。

研究表明，低氧诱导植物中多不饱和酰基辅酶 A（C18:3-CoA）积累，且 C18:3-CoA 作为关键脂质信号分子介导 ERF-VII 与膜锚定蛋白 ACBPs 的解离和向核转移，调控植物低氧应答，而 CPK12 对 ERF-VIIs 稳定性的调控作用则依赖于 ACBPs 介导的 C18:3-CoA 信号。进一步研究发现，磷脂酸 PA 与 CPK12 高亲和度结合，诱导 CPK12 在低氧下的核质易位。相反，14-3-3 蛋白则通过与磷酸化 CPK12 互作，抑制 CPK12 入核，从而负调控 ERF-VIIs 介导的低氧信号转导。

该研究首次揭示了 CPK12-ERF-VII 功能模块调控植物低氧感知与信号转导的分子机理，并发现了钙信号由细胞质到细胞核的转导新机制，研究成果对深入理解植物逆境信号应答的调控网络具有重要意义。

信息来源：https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(23)00100-4

推荐评论：低氧是影响植物生长发育与产量最常见的非生物胁迫之一。洪涝/水淹造成的淹没或积水等灾害条件降低了植物所处环境中的氧气浓度，使细胞处于缺氧状态，从而影响植物正常生理代谢和生长发育，导致作物减产甚至绝收，威胁农业安全。因此，研究植物对低氧胁迫的感知和信号转导机制，对于深入理解植物水淹适应性、保障洪涝灾害后作物稳产具有重要的科学和实践意义。然而植物对低氧信号的感知与传导的分子研究较少，其中的具体机制尚不明确。该研究发现低氧诱导的 C18:3-CoA 与磷脂酸 PA 对 CPK12-ERF-VII 功能模块的调控，完整揭示了钙信号由细胞质到细胞核转导的新机制，对人类理解植物响应低氧胁迫过程，制定应对策略具有重要意义。

会议动态

2023 欧洲植物生物学会议（Plant Biology European 2023，PBE 2023）在法国马赛法罗宫举办

2023 年 7 月 3 日-6 日，2023 欧洲植物生物学大会（Plant Biology Europe 2023，PBE 2023）在法国马赛法罗宫举办。

会议涵盖多个学科和不同规模的广泛植物科学主题。本次会议在多种主题中，特别强调植物和气候变化，藻类生物学和生物能源。

会议计划由 18 场主题会议组成，分三个场地同时进行。18 个主题包括：

（1）比较基因组学

（2）染色体动力学

（3）驯化回顾和育种的未来

（4）植物的表观遗传机制和反应

（5）基因组编辑及其在植物育种中的应用

（6）与植物和土壤微生物群的界面

（7）植物中的常量和微量营养素

（8）力学和应力反应

（9）细胞器生物学

（10）光合作用：对其操作的理解和进展

（11）植物适应气候变化

（12）植物和藻类的发展和进化

（13）植物免疫

（14）植物繁殖：机制和进化

（15）植物对非生物胁迫的反应

（16）植物对非生物胁迫的反应

（17）植物数量性状的遗传结构

（18）植物与植物相互作用的自然变异遗传学

信息来源：https://europlantbiology2023.org/

第 24 届国际植物生长物质大会（The 24th International Conference on Plant Growth Substances,IPGSA 2023）在韩国庆州举办

2023 年 7 月 4 日-8 日，第 24 届国际植物生长物质大会（The 24th International Conference on Plant Growth Substances, IPGSA 2023）在韩国庆州举办。

国际植物生长物质大会已经成为植物激素领域的国际学术盛会。本次会议讨论的主题有：远距离信号和传输、激素代谢 A、激素代谢 B、其他生长物质（同期会议）、生物多样性和进化、激素感知、激素信号 A、激素信号 B、荷尔蒙与环境、非生物应激信号、生物相互作用和病原体、开花和生殖发育、营养发育、激素相互作用、化学和合成生物学、生物技术和转化、荷尔蒙与农业、激素研究方法。

信息来源：https://www.ipgsa2023.com/

第三届亚太植物表型组学国际会议在海南三亚举办

为促进亚太地区植物表型领域科学家进一步交流最新研究进展，推动植物表型组学研究发展，2023 年 7 月 7 日-10 日第三届亚太植物表型组学国际会议在海南三亚举办。本次大会主题为“作物表型组学与精准设计育种”，主要议题包括：

（1）传感器和植物表型

（2）室内植物表型

（3）田间植物表型

（4）智能表型分析及应用

（5）多组学数据与应用

（6）表型建模与大数据应用

（7）学术期刊专场

信息来源：http://www.appp-con.com/

国际分子植物与微生物互作学会(MPMI)2023 年大会（IS-MPMI CONGRESS 2023）将在美国罗德岛举办

2023 年 7 月 16 日-20 日，国际分子植物与微生物互作学会(MPMI)2023 年大会（IS-MPMI CONGRESS 2023）将在美国罗德岛举办。会议将讨论对植物与微生物相互作用的基本理解方面的重大进展，以帮助开发更具耐性的作物。

2023 年大会将以特别会议开始，重点关注孟加拉国、东非和巴西作物生产面临的新威胁，并展示 MPMI 研究如何应对这些挑战。然后，全体会议将涵盖过去四年中 MPMI 在理解分子植物-微生物相互作用方面取得的重大进展，从植物免疫受体的结构生物学到如何建立和维持健康的植物微生物组，以及介于两者之间的一切。

信息来源：https://www.ismpmi.org/Events/2023Congress/Pages/default.aspx

《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

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