

第六大植物激素的 首个“搬运工”现身

油菜素内酯 (BR)

王敏 朱子月



拟南芥 ABCB19 蛋白

油菜素内酯被学界列为第六大植物激素,在植物生长调控中发挥着重要作用。在细胞内部进行生物合成的油菜素内酯,需要被搬运到细胞外才能发挥作用。但是,自其被发现的80多年来,谁负责搬运,其运输过程是怎样的,一直是未解之谜。

中国科学技术大学教授孙林峰团队与比利时根特大学教授尤金妮娅·拉西诺娃团队合作,在油菜素内酯的运输领域取得突破性进展。他们发现了油菜素内酯首个转运蛋白——ABCB19蛋白,它可以将油菜素内酯搬运到细胞外。该成果填补了油菜素内酯运输领域的关键空白,对研究植物生长发育以及农业生产具有重要意义。相关研究成果近日发表于《科学》。

意外发现 ABCB19 蛋白 “隐藏功能”

解开油菜素内酯搬运之谜,对于孙林峰团队来说是个“意外”。当时团队在研究第一类植物激素——生长素的运输蛋白,在此过程中,他们意外发现 ABCB19 蛋白是油菜素内酯的“搬运工”。

事实上,ABCB19 蛋白是个搬运“老手”,它一直被视作生长素的“搬运工”,而这一结果也被学术界广泛接受。

但在此次研究中,孙林峰团队有了新发现。

“一开始,我们一直想要解释 ABCB19 蛋白是如何结合和搬运生长素的,但是实验发现 ABCB19 蛋白对于生长素的结合和搬运并不明显。”孙林峰说,由于始终无法获得很好的实验结果,这项工作被暂时搁置。

后来,在一次与开展植物学研究的同事讨论中,孙林峰得到了一些启发。

“假设 ABCB19 蛋白搬运的是生长素,那么当它被破坏后,也就是它的突变体植株会出现生长素信号缺陷的特征。但是,在实验中我们注意到,ABCB19 蛋白突变体植株与其他的生长素搬运蛋白突变体植株外形表现并不一致。”孙林峰说。

于是,团队大胆猜测:ABCB19 蛋白除了搬运生长素外,是否还搬运其他植物激素。

质疑权威是一个很大的挑战,但团队决定试一试。

一般来说,蛋白在搬运植物激素时,需要消耗能量。因此,通过监测能量消耗的情况,就能初步判断蛋白是否和植物激素发生了反应。

团队首先在 ABCB19 蛋白中加入生长素,发现并不能促进蛋白对能量的消耗。证实了蛋白没有很好地搬运生长素。

同样,团队又分别监测了 ABCB19 蛋白在赤霉素、油菜素内酯等多种植物激素中的能量消耗情况。“我们意外地观察到,在油菜素内酯中,ABCB19 蛋白能量消耗异常显著。”孙林峰说。

研究团队建立了利用放射性标记追踪物质运动状态的体系,这相当于给油菜素内酯植入了一个“定位仪”,并利用其证明了 ABCB19 蛋白在人工构建的模拟细胞环境中可以搬运油菜素内酯。

为了进一步看清 ABCB19 蛋白的样貌,团队利用冷冻电镜技术解析得到高分辨率三维结构,直观地观察到了 ABCB19 蛋白是如何结合、搬运油菜素内酯的。

ABCB19 蛋白长得像一个双开口的 V 形夹,倒 V 字开口“捕捉”细胞内部的油菜素内酯,结合后,再以正 V 字开口在细胞外部打开进行“释放”。

最终,孙林峰团队与尤金妮娅·拉西诺娃团队合作,在植物细胞内进一步证实了 ABCB19 蛋白能够搬运油菜素内酯,并且促进油菜素内酯发挥信号调控作用。

“我们意外地发现了 ABCB19 蛋白的这些‘隐藏功能’,阐明了很多之前在表型上观察到的差异,这让我们可以重新审视该蛋白的生理作用。”孙林峰说。

能效显著的油菜素内酯

油菜素内酯又名“芸苔素内酯”,在植物中含量极低,因此其鉴定过程十分漫长且艰难。

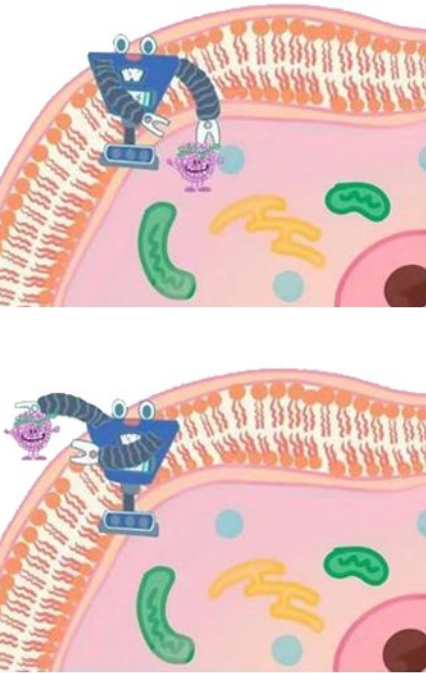
早在 1941 年,美国学者就发现玉米花粉提取物可以促进大豆生长,但并不知道具体原因。1970 年,他们从油菜花粉中提取出一种活性物质,发现它同样可以促进大豆的生长,并将其命名为“油菜素”。

1979 年,研究人员通过优化纯化工艺,从 227 千克油菜花粉中提取了 4 毫克活性物质。他们通过 X 射线、质谱等手段解析了活性物质的化学结构,揭开了该物质的神秘面纱,将其命名为“油菜素内酯”。

随着研究的深入,研究人员逐渐意识到油菜素内酯在植物生长调控中的重要性,于是 1996 年,继生长素、脱落酸、细胞分裂素、乙烯和赤霉素之后,学界将油菜素内酯列为第六大植物激素。

虽然油菜素内酯在植物中含量极低,但能效十分显著。“它可以调控植物的生长、开花和育种等多个方面,还可以提高植物对干旱、盐碱等环境以及病虫害等胁迫的适应性,对于植物的发育和生存十分关键。”论文共同通讯作者孙林峰介绍,施用油菜素内酯经济实惠,只需要使用微量的油菜素内酯,就可以显著提高经济作物的产量。目前,该方法已被广泛应用于农业生产中。

随着生活水平提高,人们对农产品的安全和品质提出了更高要求。孙林峰认为,油菜素内酯作为一种高效广谱、无毒无害的新型植物生长调节剂,具有广阔的应用前景。



填补油菜素内酯 信号通路研究空白

粮食安全是“国之大事”。“植物激素的基础研究有助于农业增产高效。”孙林峰说。

孙林峰自 2017 年加入中国科学技术大学并建立团队以来,就将研究方向定为“植物激素运输和信号调控”。近年来,他们针对重要植物激素的运输过程进行研究,通过冷冻电镜技术描绘了多个关键“搬运工”的样貌,并利用各种生物化学研究手段回答了它们搬运植物激素的原理。

比如,团队揭示了生长素“搬运工”成员 PIN1 蛋白的结构,让人们更清晰地理解植物“向光生长”等有趣的生命现象。相关研究成果于 2022 年 8 月 2 日发表在《自然》上。

在此基础上,2023 年,团队在《植物通讯》发表了靶向 PIN 蛋白抑制剂的研究,发现消炎、镇痛药物分子萘普生可以抑制 PIN 蛋白的功能,这为开发更安全、有效的农药提供了思路。此外,团队还解析了植物激素脱落酸“搬运工”ABCG25 蛋白的三维结构。相关研究成果发表于《自然-植物》。

可以说,孙林峰团队一直在“死磕”植物激素研究。

此前,前五大植物激素的转运蛋白已经被发现,只有油菜素内酯转运蛋白是个未知数。“当我们证实 ABCB19 蛋白是油菜素内酯转运蛋白时,真的很激动。我们的工作填补了油菜素内酯信号通路的研究空白。”孙林峰说,这也为设计开发针对该蛋白的小分子功能调节化合物奠定了基础,为相关农药和植物生长调节剂用于农业生产、提高作物产量提供了更多思路。

“ABCB19 蛋白更偏向于转运油菜素内酯而不是生长素,是一个有趣的发现。这为该领域研究作出了重大贡献。”一位审稿专家评价道。

未来,孙林峰将带领团队进一步分析、改造 ABCB19 蛋白,为人们利用油菜素内酯促进农业生产提供更多帮助。

据《中国科学报》

甘蓝育种大突破:“一步法”快速创制不育系

马爱平

近日,笔者从中国农业科学院获悉,该院蔬菜花卉研究所甘蓝类蔬菜遗传育种创新团队,开发了快速创制细胞质雄性不育系的新方法——“一步法”。相关研究日前发表在国际期刊《自然·植物》上。

论文通讯作者、中国农业科学院蔬菜花卉研究所研究员李占省告诉笔者,目前,甘蓝类蔬菜规模化杂交制种主要依赖于一种来自萝卜的细胞质雄性不育源。因此,在育种过程中需要培育纯合自交系和纯合细胞质雄性不育系。而纯合自交系可以通过多代自交、小孢子培养等方法获得;而纯合细胞质雄性不育系只能依靠杂交后连续多代回交获得。这两种育种过程均具有周期长、投入高、效率

低等缺点。本研究首次创制了青花菜父系单倍体诱导系。借助基因编辑等技术,通过与青花菜自交系进行杂交,能在后代中成功筛选出父系单倍体,可作为纯合细胞质雄性不育系亲本使用。

“该研究首次在芸薹属作物中开创了一种利用体内单倍体诱导技术介导细胞质替换的新途径,能够快速实现创制植物细胞质雄性不育系的育种目标,可将十字花科作物的自交系、双单倍体系通过‘一步法’转变为相应的雄性不育系(母本)。”李占省说。

相较传统的育种方法,李占省表示,该生物育种途径可缩短育种年限 4 到 5 年以上,节省大量劳



动力,极大地提升青花菜及其他十字花科作物育种效率。这为传统育种向高效生物育种新方向稳步快速转变,提供了一项有力的技术支撑。

据《科技日报》

分析研究竹类植物有了称手“利器”

赵汉斌 杨紫娟

竹类植物是竹亚科植物的总称,与水稻、小麦、大麦和燕麦同属于禾本科 BOP 分支,具有重要的经济、生态和文化价值。有效整理盘活海量的竹类组学和分类学信息数据,更好地服务竹类植物的系统进化和功能研究,已经成为研究人员和相关产业的迫切需求。

近日,中国科学院昆明植物研究所研究员李德铎团队基于长期研究成果,搭建并公布了一个竹类组学和分类学信息平台(BambooBase),相关论文在线发表于国际期刊《分子植物》。

这一信息平台收录了竹类植物 18 个不同版本的基因组、476 个转录组和 16 个表现基因组的数据,以及 135 个属的分类学信息。研究团队基于序列相似性和基因共线性信息,构建了竹亚科物种基因组及亚基因组间的同源基因数据集。

该平台提供了丰富的生物信息学工具,方便用户对不同竹类植物基因以及基因同源关系进行查询、分析和可视化。“竹类组学和分类学信息平台用户界面友好,是一个集成竹类多组学和分类学资源的信息平台,可为全球从事竹类相关研究的人员提供一站式数据支持。”李德铎介绍。

在演化进程中,竹类植物经历过多次异源多倍化事件,各主要分支间形成复杂的网状演化关系,同源基因的鉴定比较困难。该平台选择水稻作为外类群,以亚基因组为单位,通过整合序列相似性和基因共线性信息,将 13 个基因组 27 个亚基因组的基因聚类划分到 16.63 万个共线直系同源基因簇。与仅使用序列相似性信息聚类方法获得的基因簇相比,同源基因簇在区分直系同源基因和旁系同源基因方面表现更优。

“此外,相较于严格要求基因拷贝数符合染色体倍性的‘完美拷贝’方法,共线直系同源基因簇提供了更灵活和更全面的直系同源基因数据集。”中国科学院昆明植物研究所副研究员刘云龙介绍,平台用户可以从目标基因出发,查询其在同源基因簇的所有基因列表和基因树。

竹类组学和分类学信息平台为每个基因建立一张“卡片”,记录包括基因注释、各类组织和不同发育阶段表达量等基本信息。研究人员还可以从该卡片链接到基因组可视化和同源基因等模块以及相关外部数据库。此外,平台还提供了丰富的查询、分析和可视化工具,如微观和宏观尺度(亚)基因组共线性、序列搜索比对、引物设计、同一竹种不同拼接组版本版本的基因 ID 转换、功能基因富集和共表达网络分析等。

除了多组学数据外,平台的竹类系统发育工作组版块集中介绍了全球竹亚科已知的 3 个族 135 属的主要分类学信息,包括每个属发表时的原始文献、异名、模式种、形态学描述和地理分布等。同时,该平台还提供了相关研究文献、标本及活体照片和所含物种等信息。

据《科技日报》

7

兵团日报

2024年3月27日
星期三

联系电话:
0991-5509362

新知·植物

投稿邮箱: btrzkqb@163.com

责任编辑: 陈永峰 视觉: 任延雪

兵团科技局科协协办



团炬客户端