



新闻 频道

校园快讯
华农人物人才培养
狮山时评科学研究
媒体华农学术交流
南湖视点社会服务
电子校报

青春

光影

网视

悦读

首页 > 新闻 > 科学研究 > 正文

我校油菜团队联合生物信息团队揭示油菜激素合成和信号转导调控网络

2023-05-12 21:57

扫描到手持设备 字号: T T

核心提示: 近日, 华中农大油菜团队联合生物信息团队在国际知名期刊Plant Biotechnology Journal在线发文。研究通过涵盖7种激素处理的198份转录组数据对油菜中不同激素处理下基因的全局响应进行解析, 差异表达基因分析显示不同激素处理下的基因响应是动态

南湖新闻网讯 (通讯员 刘东旭) 近日, 华中农大油菜团队联合生物信息团队在国际期刊*Plant Biotechnology Journal*在线发表题为“Comparative transcriptome profiling reveals the multiple levels of crosstalk in phytohormone networks in *Brassica napus*”的论文。该研究通过涵盖7种激素处理的198份转录组数据对油菜中不同激素处理下基因的全局响应进行解析, 差异表达基因分析显示不同激素处理下的基因响应是动态变化的。

Phytohormone是指植物通过自身代谢产生的、在很低浓度下就能产生明显生理效应的一些有机信号分子。植物激素可在合成部位发挥功能, 或经维管系统运输到距合成部位相对较远的组织中起作用。植物激素调控植物生长发育及环境适应的各个过程, 它们既相互独立又协同调控植物种子萌发、营养生长、生殖生长、胚胎发育、种子成熟和休眠等生长发育过程。植物激素自发现以来, 已广泛应用于农业生产等领域, 产生了巨大社会经济效益。此外, 不同植物激素间存在大量相互作用 (Depuydt and Hardtke 2011)。系统解析激素之间互作有助于预测特定功能基因的丧失或过度表达对植物整体响应的影响。在模式植物拟南芥中, 利用转录组图谱和蛋白互作组揭示了全局水平的激素互作关系 (Nemhauser et al 2006), 但在其它植物中特别是异源四倍体油菜, 不同激素间的互作仍是未知的。

今日推荐

- 告别过去 拥抱未来: 2023狮山欢乐节如约而至
- 李召虎在2023狮山欢乐节上的新年致辞
- 李健迅: 数学塑造了我, 我要用数学改变世界
- 10年坚守, 乡村教育振兴之花在武陵山区绽放
- 奋力逐梦 温情助梦: 2023年研考与爱同行
- 致返乡学子家长朋友们的一封信



新闻排行

浏览 评论

- 1 讣告
- 2 【狮山骊歌】乘“狮山风”行稳致远 2023年毕
- 3 《自然》杂志发表我校李国田教授团队研究成果
- 4 园艺学领域英文学术期刊Horticulture Advance
- 5 张端品同志遗体告别仪式在武汉举行
- 6 我校16门课程被认定为第二批国家级一流本科课
- 7 【特别关注】攻关“水稻克星”: “你不放弃我
- 8 【狮山骊歌】691份特别的爱, 荟园14栋毕业生
- 9 校领导走访附校幼儿园祝贺“六一”国际儿童节
- 10 新西兰林肯大学代表团访问我校

推荐图片



【新闻特写】元宵佳节闹元宵



2022年下半年“狮子山杯”系列赛

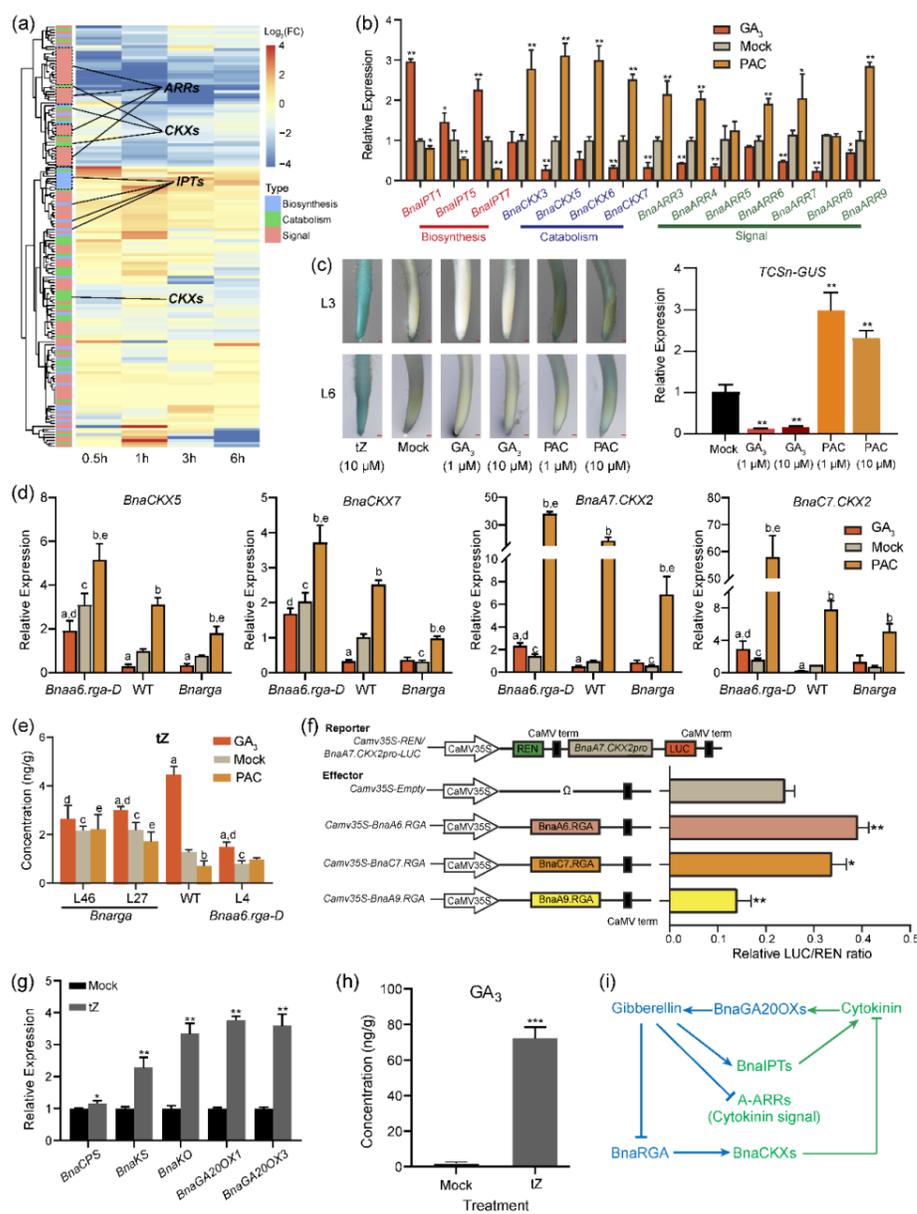


告别过去 拥抱未来: 2023狮山欢



直击: 2022年毕业典礼暨学位授予

推荐视频



研究者进一步基于不同激素处理下的差异基因，构建了不同层次的激素crosstalk网络。这种复杂的激素互作类似于“多米诺效应”，共同维持着植物体的稳态。通过该网络，研究者揭示了油菜中不同层次和不同模式的激素互作，例如促生长类激素生长素（IAA）、油菜素内酯（BR）、反式玉米素（tZ）和赤霉素（GA）的合成基因对自身的拮抗作用及其代谢基因的协同作用。相反，ABA和MeJA的合成、代谢基因对于自身的协同作用，这些激素间的互作也说明植物体通过合成和代谢途径来共同维持体内的激素平衡。该研究通过构建的互作网络鉴定到调控激素合成的关键基因和转录因子。例如，GA代谢通路基因的共表达网络中共鉴定到306个转录因子，其中BnaC2.FUS3通过结合到赤霉素合成基因BnaA6.KO的启动子区来抑制BnaA6.KO的表达。另外，分别鉴定到286和244个与IAA和乙烯（ETH）合成通路基因共表达的转录因子，这些基因为研究油菜中的激素调控提供重要资源。

已在多个生物学过程中表征了赤霉素和细胞分裂素之间的拮抗作用（Jasinski et al 2005），但关于二者稳态和信号转导间的直接调控关系却并不清楚。本研究发现，赤霉素在诱导甘蓝型油菜中细胞分裂素生物合成相关基因BnaIPTs表达的同时，抑制细胞分裂素代谢相关基因BnaCKXs的表达，从而促进内源活性细胞分裂素的积累。进一步研究发现，赤霉素信号阻遏蛋白BnaRGA通过促进BnaCKXs的表达降低内源细胞分裂素水平。此外，外源细胞分裂素处理可通过诱导赤霉素合成相关基因（如BnaKS、BnaKO、BnaGA20OX1等）的表达来促进活性赤霉素GA3的积累。上述结果揭示了赤霉素与细胞分裂素间新的相互作用关系。

华中农大戴成副教授和杨庆勇教授为该论文共同通讯作者，信息学院博士后刘东旭和植科院博士研究生闫冠博为该论文共同第一作者。华中农大油菜团队郭亮教授、鲁少平副教授对本项研究提供了指导。该研究数据分析工作得到作物遗传改良全国重点实验室生物信息计算平台支持和帮助，得到国家自然科学基金和国家重点研发计划资助。

论文链接: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.14063>

英文摘要:

Plant hormones are the intrinsic factors that control plant development. The integration of different phytohormone pathways in a complex network of synergistic, antagonistic and additive interactions has been elucidated in model

plants. However, the systemic level of transcriptional responses to hormone crosstalk in *Brassica napus* is largely unknown. Here, we present an in-depth temporal-resolution study of the transcriptomes of the seven hormones in *B. napus* seedlings. Differentially expressed gene analysis revealed few common target genes that co-regulated (up- and down-regulated) by seven hormones; instead, different hormones appear to regulate distinct members of protein families. We then constructed the regulatory networks between the seven hormones side by side, which allowed us to identify key genes and transcription factors that regulate the hormone crosstalk in *B. napus*. Using this dataset, we uncovered a novel crosstalk between gibberellin and cytokinin in which cytokinin homeostasis was mediated by RGA-related CKXs expression. Moreover, the modulation of gibberellin metabolism by the identified key transcription factors was confirmed in *B. napus*. Furthermore, all data were available online from <http://yanglab.hzau.edu.cn/BnTIR/hormone>. Our study reveals an integrated hormone crosstalk network in *Brassica napus*, which also provides a versatile resource for future hormone studies in plant species.

审核：戴成 杨庆勇

责任编辑：匡敏

 复制网址  打印  收藏



[关于我们](#) | [联系方式](#) | [加入我们](#) | [版权声明](#) | [友情链接](#) | [举报平台](#)

CopyRight 2000-2005 HZAU ALL Rights Reserved

版权所有：华中农业大学

网站运营：党委宣传部(新闻中心)