

中棉所李付广研究员团队揭示棉花纤维长度性状进化的分子机制

发布时间: 2023-01-12 来源: 棉花分子遗传改良创新团队 访问量: 1117 作者: 杨作仁

【字体: 大 中 小】

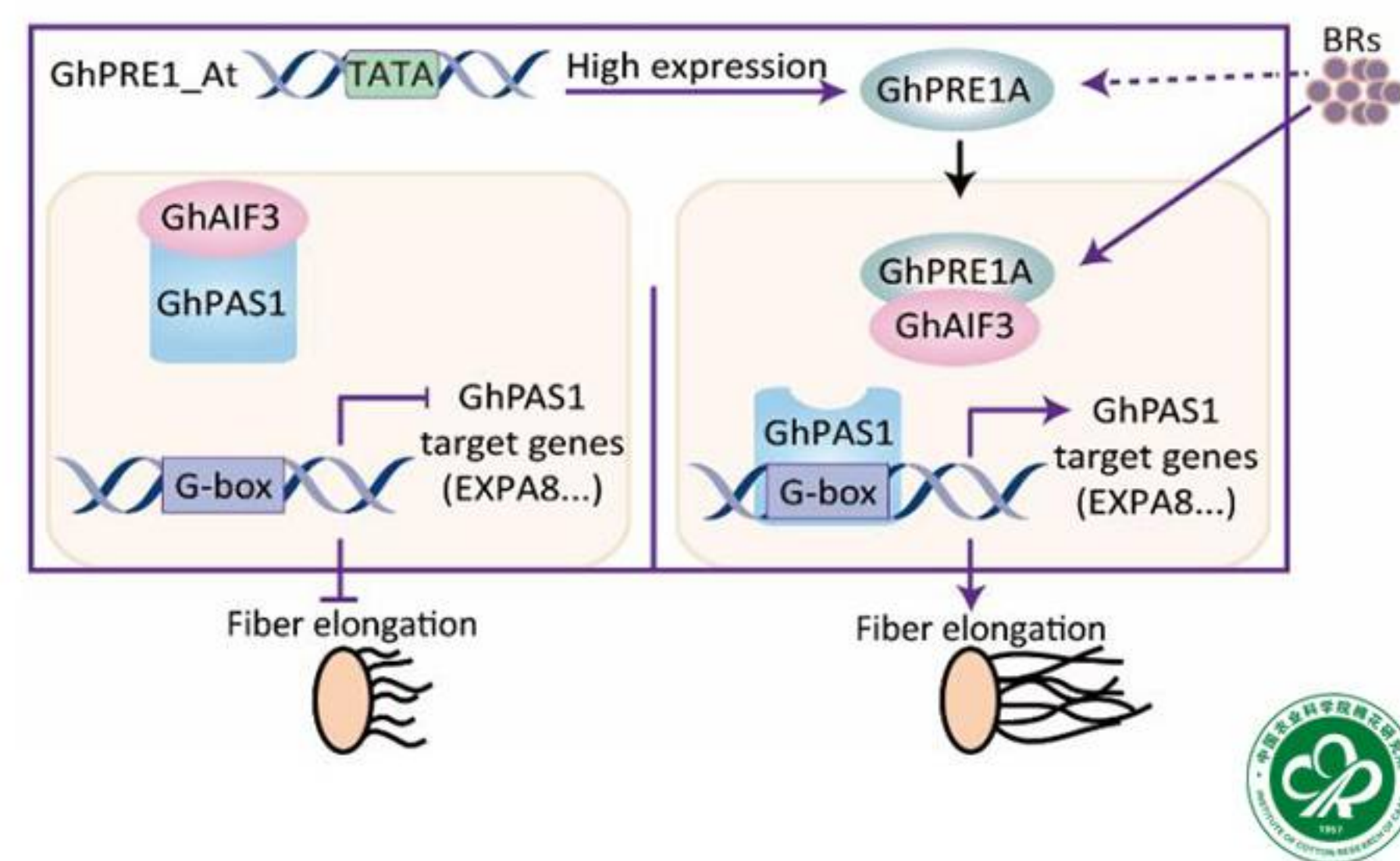
近日, 中国农业科学院棉花研究所李付广研究员团队揭示了棉花纤维进化重要靶基因GhPRE1A 参与油菜素内酯信号途径调控纤维伸长的分子机制, 对棉花纤维品质的遗传改良具有指导意义。相关研究结果以GhPRE1A promotes cotton fiber elongation by activating the DNA-binding bHLH factor GhPAS1 为题在线发表在《植物生物技术 (Plant Biotechnology Journal) 》(IF=13.26)上。

棉花是世界上最重要的天然纤维作物, 棉纤维是全球纺织业的重要原料, 纤维长度是棉花纤维品质的关键指标。现有研究表明GhPRE1A 是棉花纤维进化的重要靶标基因, 而GhPRE1A 调控棉花纤维伸长的分子机制尚不清楚。

该研究通过纤维酵母双杂交文库筛选到与GhPRE1A互作的GhAIF3以及与GhAIF3互作的GhPAS1。GhPRE1A与GhAIF3都属于非典型的bHLH转录因子, 但GhAIF3是棉花纤维伸长的负调控因子, 与GhPRE1A作用相反。GhPAS1是典型的bHLH转录因子, 具有很强的转录激活活性, 是纤维伸长的正调控因子, 可以直接调控GhEXPA8 等下游靶基因的表达促进纤维伸长。通过遗传和生化实验发现GhPRE1A 和GhPAS1 都是油菜素内酯信号下游的正调控因子, 但二者之间不存在直接相互作用。GhAIF3能够抑制GhPAS1的转录激活活性, 而GhPRE1A通过与GhAIF3相互作用解除GhAIF3对GhPAS1抑制作用, 重新激活GhPAS1对下游靶基因的调控, 从而促进纤维伸长。因此, GhPRE1A、GhAIF3和GhPAS1通过级联反应协同调控棉花纤维伸长。该研究为解析棉纤维伸长的调控机制提供了新思路。

中棉所李付广研究员和杨作仁研究员为共同通讯作者, 中棉所已毕业研究生吴焕焕博士和生物信息与分子设计中心范李强助理研究员为该论文共同第一作者。该研究得到了国家自然科学基金创新群体和新疆自然科学基金等项目的资助。

文章链接: <https://doi.org/10.1111/pbi.14005>



GhPRE1A参与油菜素内酯信号途径调控纤维伸长的模型

打印本页

上一篇: 中棉所刘方研究团队发现野生棉来源陆地棉不育系花粉败育机制

下一篇: 中棉所李亚兵研究员团队发现增种绿肥作物可以保持或提高棉花产量

网站地图 | 联系我们 |



版权所有 中国农业科学院棉花研究所 豫ICP备12016946号-1 地址: 河南省安阳市黄河大道38号 邮编: 455000

Tel: (0372)2562200 E-mail: mianhuasuo@caas.cn 豫公网安备41050202000117号

技术支持: 中国农业科学院农业信息研究所

TOP