



要闻

科研进展

通知公告

工作动态

媒体聚焦

科技动态

专家视野

区域新政

首页 > 科研进展

分子植物卓越中心林鸿宣研究组合作在水稻抗高温基因挖掘与机制研究上取得新突破

文章来源: 分子植物科学卓越创新中心 | 发布时间: 2022-06-16 | 【打印】 【关闭】

2022年6月17日,中国科学院分子植物科学卓越创新中心林鸿宣研究团队与上海交通大学林尤舜研究团队合作在国际顶尖学术期刊《科学》上发表题为“A genetic module at one locus in rice protects chloroplasts to enhance thermotolerance”的研究论文。该成果不仅首次揭示了在一个控制水稻抗热复杂数量性状的基因位点(TT3)中存在由两个拮抗的基因(TT3.1和TT3.2)组成的遗传模块调控水稻高温抗性的新机制和叶绿体蛋白降解新机制;同时发现了第一个潜在的作物高温感受器。

温度是一个复杂的物理信号,植物面对环境温度变化时,需要及时有效地将这一物理信号“解码”成生物信号,从而实现对温度胁迫的快速应答。目前鉴定到的植物温度感受器多为调节植物在温暖环境下的形态变化或发育转换过程。关于植物抵抗极端高温的温度感受器还未曾被报道过。随着全球气候变暖趋势的加剧,极端高温成为制约世界粮食生产安全的最主要的胁迫因子之一,因此挖掘高温抗性基因资源、探究植物高温响应机制以及培育抗高温作物品种成为当前亟待解决的重大科学问题。然而,一直以来,通过正向遗传学方法定位克隆高温抗性相关复杂数量性状基因位点(QTL)是一个具有挑战性的课题。该研究团队经过7年(加上遗传材料构建,耗时近10年)的努力,成功分离克隆了水稻高温抗性新基因位点TT3,并且阐明了其调控高温抗性的新机制。这是该研究团队继TT1(Nature Genetics, 2015)和TT2(Nature Plants, 2022)之后,取得的又一重大进展。

研究团队通过对22762株水稻遗传材料进行大规模交换个体筛选和耐热表型鉴定,定位克隆到一个控制水稻高温抗性的新QTL位点TT3。非洲栽培稻(CG14)来源的TT3相较于亚洲栽培稻(WYJ)来源的TT3具有更强的高温抗性。进一步研究发现TT3位点中存在两个拮抗调控水稻高温抗性的QTL基因TT3.1和TT3.2,其中TT3.1正向调控抗性而TT3.2为负向调控因子,TT3.1位于TT3.2的遗传上游发挥功能,这为揭示复杂数量性状的遗传和分子调控机制提供了新的视角。在抽穗期和灌浆期的高温处理条件下,近等基因系NIL-TT3CG14比NIL-TT3WYJ增产1倍左右,同时田间高温胁迫下的小区增产也达到约20%;过量表达TT3.1或敲除TT3.2也能够带来2.5倍以上的增产效果。而在正常田间条件下,它们对产量性状没有负面的影响。因此TT3基因位点和TT3.1及TT3.2基因在抗高温分子育种中具有重要的应用价值(图1)。机制上的进一步研究发现:细胞质膜定位的E3泛素连接酶蛋白TT3.1能够响应高温信号,从细胞表面转移至多囊泡体(MVB)中,随后胞质中的叶绿体前体蛋白TT3.2被TT3.1招募和泛素化进入多囊泡体,进一步被液泡降解,减轻在热胁迫下TT3.2积累所造成的叶绿体损伤,从而提高水稻的高温抗性。在CG14背景下,TT3.1CG14具有较强的E3泛素连接酶活性,从而更多地招募并泛素化叶绿体前体蛋白TT3.2,并通过多囊泡体-液泡途径降解,使得成熟态TT3.2蛋白在NIL-TT3CG14叶绿体中含量降低,实现在高温胁迫下对叶绿体的保护,从而提高水稻高温抗性和产量;而在WYJ背景下,由于TT3.1WYJ具有较弱的泛素连接酶活性,只有少量的叶绿体前体蛋白TT3.2被降解,更多的TT3.2成熟蛋白在NIL-TT3WYJ叶绿体中积累,造成叶绿体破坏,最终导致水稻的高温敏感和减产(图2)。

综上所述,该研究发现的TT3.1-TT3.2遗传模块首次将植物细胞质膜与叶绿体之间的高温响应信号联系起来,揭示了全新的植物响应极端高温的分子机制;在极端高温下(42度),细胞质膜定位的TT3.1蛋白通过定位改变,感知温度信号,并将高温物理信号“解码”成生物信号传递给叶绿体前体蛋白TT3.2,并通过不同于26S蛋白酶降解途径和叶绿体水解酶途径的方式对叶绿体前体蛋白TT3.2进行液泡降解,从而在高温下维持叶绿体的稳定性(图2)。因此该研究发现了TT3.1是一个潜在的高温感受器,同时也揭示了叶绿体蛋白降解的新机制。此外,由于TT3.1和TT3.2在多种作物中具有保守性,因而为应对全球气候变暖引发的粮食安全等问题提供了具有广泛应用前景和商业价值的珍贵的抗高温基因资源。值得一提的是,在论文评审过程中,审稿人均对该工作给予了高度评价,认为此研究带来了非常有趣、重要的新见解。

中科院分子植物科学卓越创新中心博士研究生张海(上海科技大学联合培养)为本文第一作者,林鸿宣研究员和林尤舜副教授为本文共同通讯作者。该中心的周基福、阎义、单军祥和叶汪薇等参与了该项研究工作。该工作得到了国家自然科学基金中心项目、中科院先导科技专项、上海交大、岭南现代农业广东省实验室等的资助。

论文链接: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abo5721>

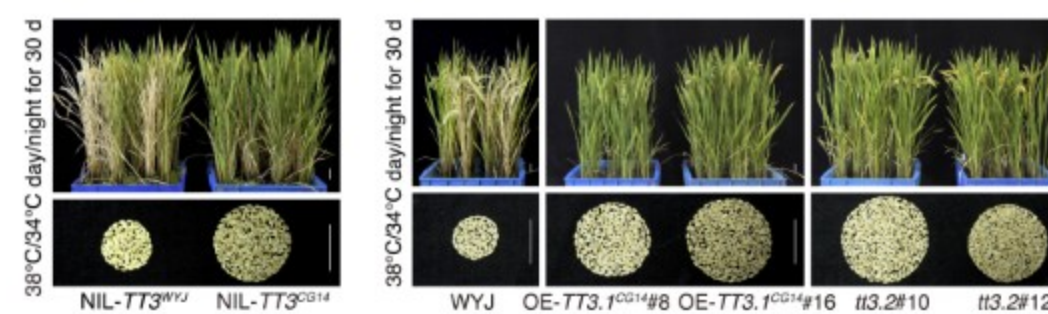


图1. 来自非洲栽培稻的TT3CG14位点及TT3.1过量表达、TT3.2敲除构建显著增加高温胁迫下的水稻产量。

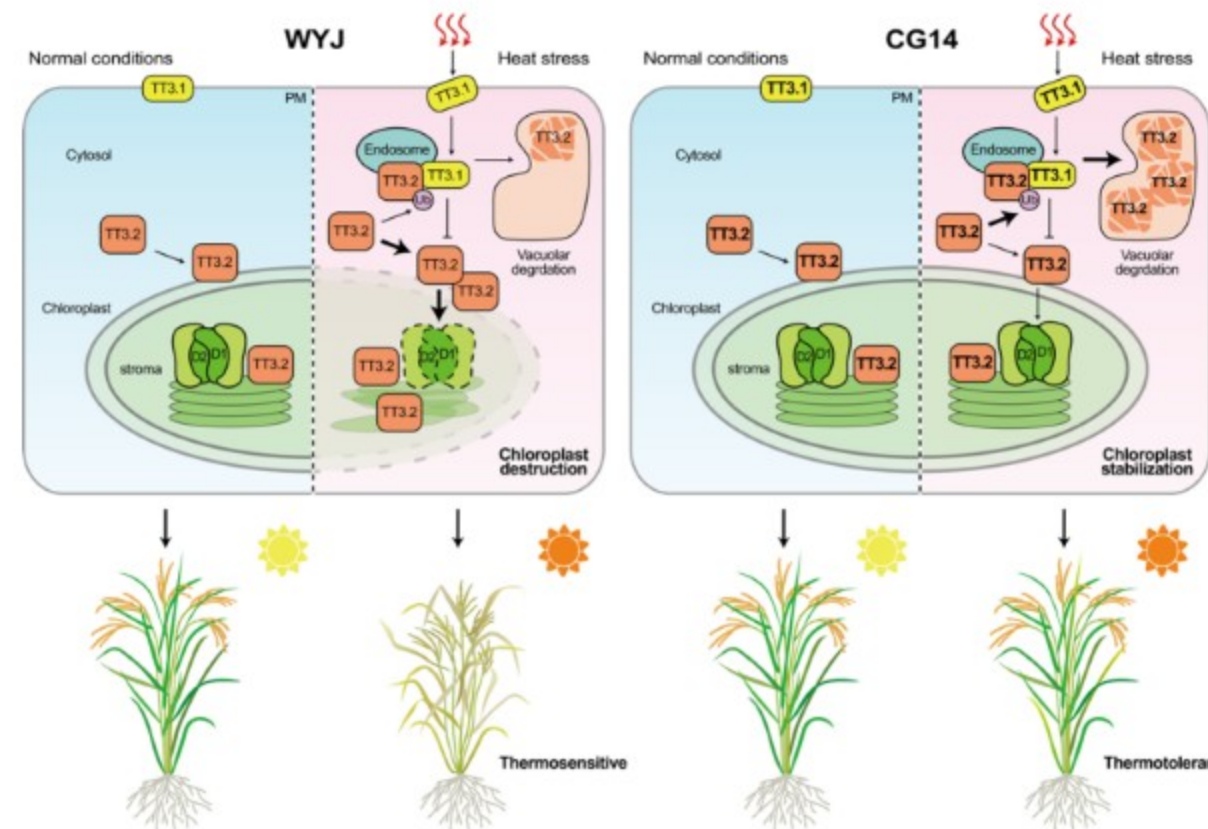


图2. TT3.1-TT3.2遗传模块调控抗热与产量平衡的分子机理。