



## 新闻动态

头条新闻

科研进展 &gt;

科研动态

党政工作

媒体报道

通知公告

首页 &gt; 新闻动态 &gt; 科研进展

## 生物所联合发布水稻全景定量蛋白质图谱

发布时间: 2024-07-12

7月12日,生物所研究联合多家单位共同绘制了水稻全景定量蛋白质组图谱,为水稻的基因功能研究提供了重要的蛋白表达量资源,也为基于多组学数据的作物智能设计育种提供了新思路。成果发表在著名学术期刊《自然植物 (Nature Plants)》上。

一直以来,植物基因表达调控研究主要聚焦在基因组至转录组层面,受限于蛋白质组技术的覆盖度和精度,对作物定量蛋白质组以及对蛋白质表达的调控机制的理解都不够深入。蛋白质是作物实现各种生物学功能的主要执行者,因此建立转录本到蛋白质这一环节的多组学研究策略,进而发现蛋白质表达量如何受到转录和转录后修饰的影响,对阐释植物生长发育、逆境相应及代谢调控等方面具有重要意义。

研究人员基于质谱等技术,量化了水稻主要组织中超过15000个基因的蛋白质水平,鉴定了8964个UniProt数据库中已记录的蛋白质,并为另外7077个蛋白编码基因提供了蛋白质水平证据,从而绘制出水稻全景定量蛋白质组图谱。通过对水稻各组织中的特异性蛋白和富集蛋白进行分析,揭示了与组织功能相关的关键生物学过程和途径。研究人员还进一步绘制出同批水稻组织样本的定量RNA甲基化m6A修饰图谱,通过对蛋白组图谱和m6A的整合分析,鉴定到新的植物中调控m6A的因子MED18,发现m6A是决定水稻中蛋白质与RNA丰度不一致性的关键因素,m6A对水稻蛋白表达量具有负调控作用。本研究为水稻的基因功能研究和表达调控提供了重要的蛋白表达量资源,此外,本研究运用的定量蛋白质组的方法也为其他作物的蛋白质组研究提供了借鉴。

该研究由中国农业科学院生物技术研究所联合北京格致博雅生物科技有限公司、浙江大学和新加坡国立大学等单位完成。李尚桐博士、柯蕴卓、朱云柯和朱天意是论文的共同第一作者。Liang Z研究员、俞皓教授和杨兵研究员为论文共同通讯作者。该研究得到农业生物育种重大专项、国家自然科学基金、中国农科院科技创新工程和新加坡国家研究基金等项目资助。

原文链接: <https://www.nature.com/articles/s41477-024-01745-5>

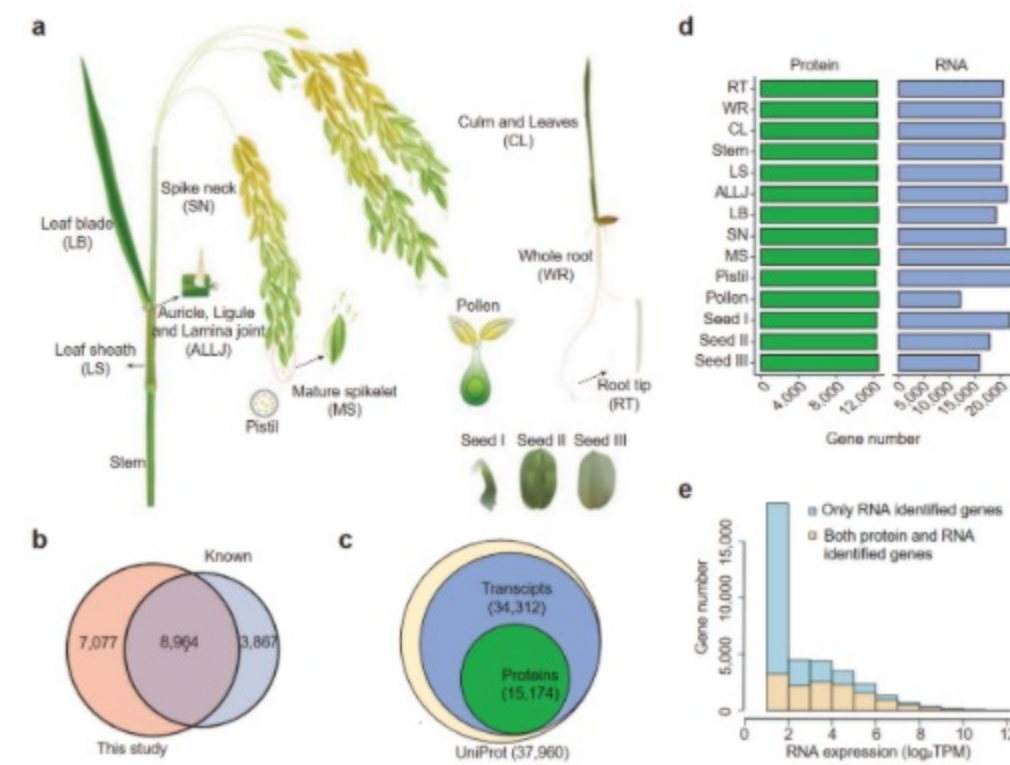


图1 水稻定量蛋白质组图谱

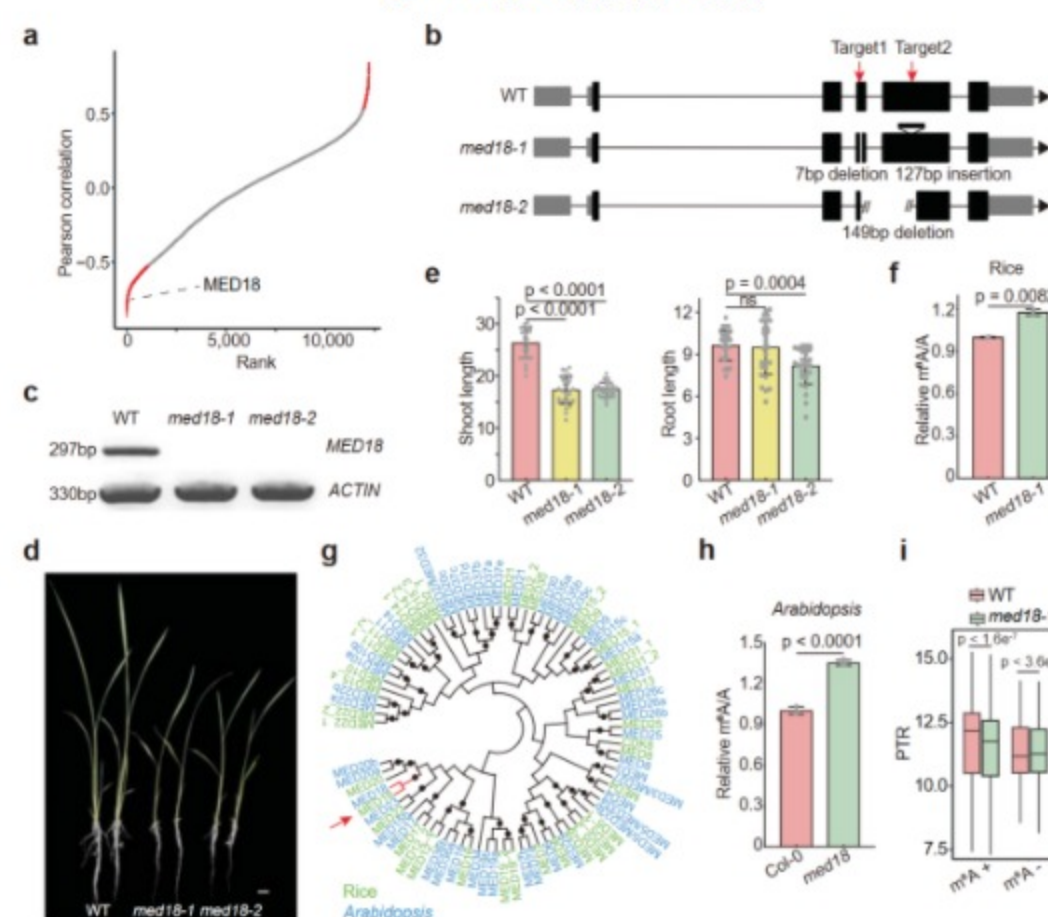


图2 鉴定出MED18是植物中一个新的调控m6A的因子

