

抗体定制文献精编·植物篇

CUSTOM ANTIBODY SERVICE·PLANT



中国

武汉市东湖新技术开发区高新二路388号光谷生物加速器7栋4层

WEB: www.abclonal.com.cn

TEL: 400-999-6126

E-mail: cn.market@abclonal.com

USA

ABclonal Technology Co.,Ltd.

500W Cummings Park, Ste. 6500 Woburn,

MA 01801

WEB: www.abclonal.com

TEL: 888-754-5670

E-mail: info@abclonal.com



20210305.2.1



Web

abclonal.com.cn



E-mail

cn.market@abclonal.com



Phone

400-999-6126

公司简介



LEADER IN BIOMOLECULAR
SOLUTIONS FOR LIFE SCIENCE

关于我们

ABclonal提供功能性抗体开发及应用的整体解决方案,助力基础科学研究到应用推广,涵盖科研、诊断、治疗、粮食安全等方面。具备从载体构建-抗原制备-多/单克隆抗体制备-抗体应用验证-单克隆抗体大规模生产等一系列自有成熟技术平台,保证项目开发的完整和高效运转。

平台成立至今,拥有上万个多克隆抗体制备服务项目的经验,涵盖的物种有人、大小鼠、水稻、拟南芥、果蝇、斑马鱼和病毒等,拥有模式生物的抗体库。可制备非修饰抗体以及磷酸化、甲基化和乙酰化,泛组氨酸甲基化,泛素化等多种修饰性抗体,尤其在表观遗传领域和PTM抗体制备中积累了丰富的经验。而且开发模式灵活多变,对于客户经费紧张,指标重要的,可以免费合作开发。目前客户通过定制抗体发表的文章高达几百篇,其中包括Nature、Cell、Science、Nature Communications、Cell Research、Plant Cell、Molecular Plant、Nature Plants等国际知名期刊。

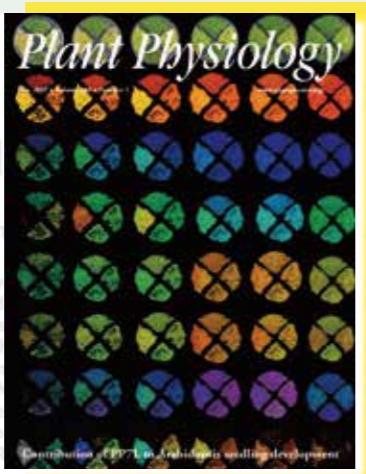
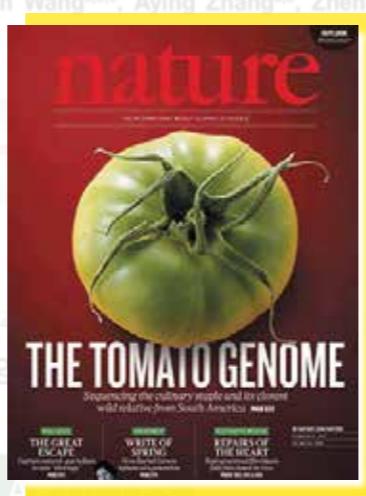
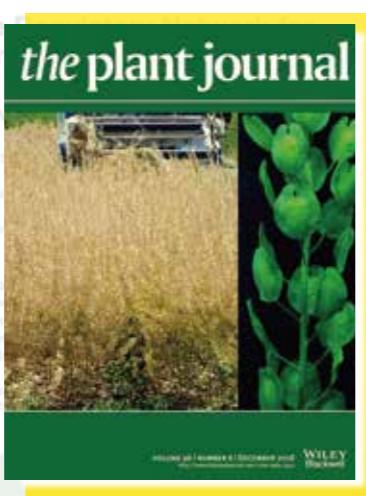
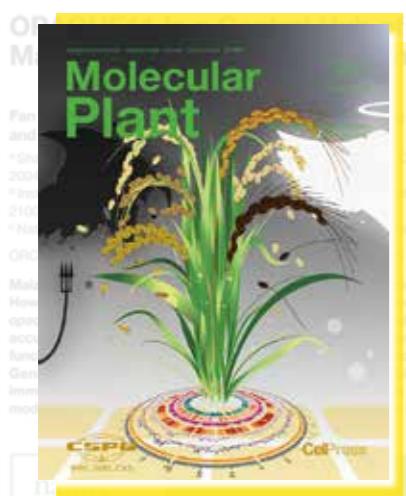
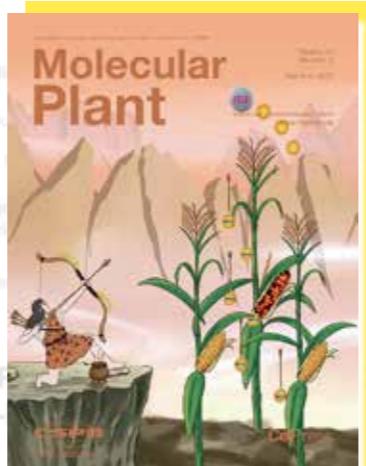
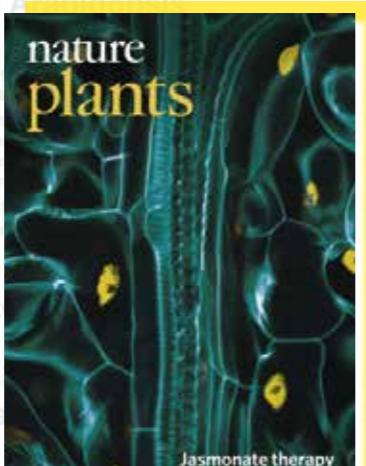
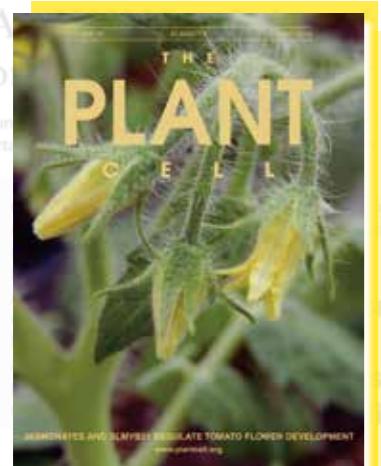
Cell Research

The Plant Cell, Vol. 30: 1871–1888, September 2018, www.plantcell.org © 2018 ASPP.

Check for updates

ABclonal is a dynamic and growing provider of high quality biology research reagents, tools and custom services. Our mission is to improve the quality of life.

ARTICLE OPEN



绿色革命水稻品种通过氮响应的染色质重塑提高产量

Enhanced sustainable green revolution yield via nitrogen-responsive chromatin modulation in rice

01



水稻组蛋白H2B可逆单泛素化精细调控脱落酸信号和干旱响应

Reversible Histone H2B Monoubiquitination Fine-tunes Abscisic Acid Signaling and Drought Response in Rice

02



GPA5编码水稻贮藏蛋白后高尔基体分选所需的Rab5a效应子

GPA5 Encodes a Rab5a Effector Required for Post-Golgi Trafficking of Rice Storage Proteins

03



水稻双重功能tRNA^{His}鸟苷酸转移酶对植物高温响应的蛋白翻译调控

Translational Regulation of Plant Response to High Temperature by a Dual Function tRNA^{His} Guanylyltransferase in Rice

04



植物生长-代谢协同调控利于农业可持续发展

Modulating plant growth-metabolism coordination for sustainable agriculture

05



OsCERK1介导的几丁质感知和免疫信号依赖受体样细胞质激酶185激活水稻中的MAPK级联反应

OsCERK1-mediated chitin perception and immune signaling requires Receptor-like Cytoplasmic Kinase 185 to activate a MAPK cascade in rice

06



SPL6蛋白通过抑制内质网胁迫信号输出控制水稻穗细胞死亡

SPL6 represses signalling outputs of ER stress in control of panicle cell death in rice

07



E3泛素连接酶HAF1在长日照条件下调控OsELF3蛋白昼夜节律性积累以控制水稻抽穗期

The E3 Ubiquitin Ligase HAF1 Modulates Circadian Accumulation of EARLY FLOWERING3 to Control Heading Date in Rice under Long-Day Conditions

08



OsSHI1通过影响IPA1转录活性调控水稻株型

OsSHI1 Regulates Plant Architecture Through Modulating the Transcriptional Activity of IPA1 in Rice

09



脱落酸通过H₂O₂抑制水稻蛋白磷酸酶PP45并减轻对Ca²⁺ / CaM依赖性蛋白激酶DMI3的抑制

Abscisic Acid Inhibits Rice Protein Phosphatase PP45 via H₂O₂ and Relieves Repression of the Ca²⁺/CaM-Dependent Protein Kinase DMI3

10

Article	page	Article	page
O 水稻qGL3 / OsPPKL1与GSK3/SAGGY-Like家族激酶OsGSK3相互作用调控BR信号通路 Rice qGL3/OsPPKL1 Functions with the GSK3/SAGGY-Like 3 Kinase OsGSK3 to Modulate Brassinosteroid Signaling	11	B 芸苔属植物通过对重复基因的功能分化以及转录调控补救嵌合基因所带来的不利影响 Altered Transcription and Neofunctionalization of Duplicated Genes Rescue the Harmful Effects of a Chimeric Gene in <i>Brassica napus</i>	24
O F-BOX类蛋白对水稻雄性减数分裂时DNA双链断裂修复至关重要 MEIOTIC F-BOX Is Essential for Male Meiotic DNA Double Strand Break Repair in Rice	13	Z 玉米胚/胚乳贮藏蛋白重分配依赖于VP1介导的籽粒盾片发育和营养同化 Intra-Kernel Reallocation of Proteins in Maize Depends on VP1-Mediated Scutellum Development and Nutrient Assimilation	25
O 茉莉酸调控水稻花器官发育 Jasmonic acid regulates spikelet development in rice	14	Z ZmNLP5转录因子参与调节玉米的氮响应 The NIN-like protein 5 (ZmNLP5) transcription factor is involved in modulating the nitrogen response in maize	26
A 磷酸化分子开关控制植物中TAA1介导的生长素生物合成 A phosphorylation-based switch controls TAA1-mediated auxin biosynthesis in plants	16	Z OPAQUE11在玉米胚乳发育和营养代谢过程中的核心调控作用 OPAQUE11 Is a Central Hub of the Regulatory Network for Maize Endosperm Development and Nutrient Metabolism	28
A 拟南芥中一种新型接头蛋白ECAP可连接JAZ与TPR2并抑制茉莉酸敏感性的花青素积累 Arabidopsis ECAP is a New Adaptor Protein that Connects JAZ Repressors with TPR2 Co-repressor to Suppress Jasmonate-Responsive Anthocyanin Accumulation	17	Z 玉米VKS1蛋白调节早期胚乳发育过程中的有丝分裂和细胞分裂 Maize VKS1 Regulates Mitosis and Cytokinesis during Early Endosperm Development	29
A H3K27me3去甲基化酶-HSFA2正向反馈循环维持拟南芥对高温的传代记忆 An H3K27me3 demethylase-HSFA2 regulatory loop orchestrates transgenerational thermomemory in Arabidopsis	18	R 月季转录因子PTM通过PIP2; 1水通道蛋白平衡植株生长和干旱存活 In rose, transcription factor PTM balances growth and drought survival via PIP2;1 aquaporin	30
A EIN3和PIF3形成相互依赖的调控模块抑制幼苗出土中的叶绿体发育进程 EIN3 and PIF3 Form an Interdependent Module That Represses Chloroplast Development in Buried Seedlings	19	T 一种新型番茄F-box蛋白SlEBF3参与调节植物发育和跃变型果实成熟过程中乙烯信号传导 A novel tomato F-box protein, SlEBF3, is involved in tuning ethylene signaling during plant development and climacteric fruit ripening	31
A TMK1介导的生长素信号调控植物顶端弯钩的差异性生长 TMK1-mediated auxin signalling regulates differential growth of the apical hook	20	W BES/BZR转录因子TaBZR2调节小麦干旱响应机制 BES/BZR Transcription Factor TaBZR2 Positively Regulates Drought Responses by Activation of TaGST1	32
A 拟南芥EIN3/EIL1与PIFs转录偶联对植物幼苗顶端弯钩调控的分子机制 Integrated Regulation of Apical Hook Development by Transcriptional Coupling of EIN3/EIL1 and PIFs in Arabidopsis	21	O 水稻 / A 拟南芥 / B 甘蓝型油菜 / Z 玉米 / R 月季 / T 番茄 / W 小麦	
A RGLG1和RGLG5通过介导PP2CA的泛素化降解从而促进打开ABA信号通路的激活机制 Ubiquitin Ligases RGLG1 and RGLG5 Regulate Abscisic Acid Signaling by Controlling the Turnover of Phosphatase PP2CA	23		

文献标题

绿色革命水稻品种通过氮响应的染色质重塑提高产量

RESEARCH ARTICLE SUMMARY

PLANT SCIENCE

Enhanced sustainable green revolution yield via nitrogen-responsive chromatin modulation in rice

Kun Wu*, Shuansuo Wang*, Wenzhen Song, Jianqing Zhang, Yun Wang, Qian Liu, Jianping Yu, Yafeng Ye, Shan Li, Jianfeng Chen, Ying Zhao, Jing Wang, Xiaokang Wu, Meiyue Wang, Yijing Zhang, Binmei Liu, Yuejin Wu, Nicholas P. Harberd†, Xiangdong Fu†

种属	水稻	应用	WB
期刊	Science	影响因子	41.3
PMID	32029600	ABclonal合作技术	SLR1的抗体订制 (A18329)

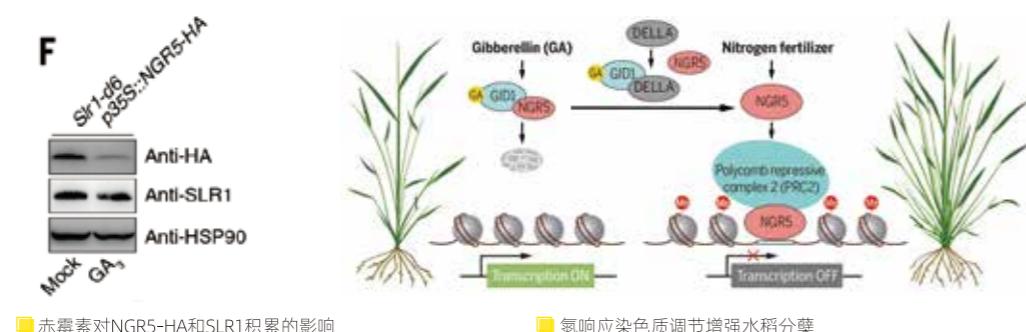
基本信息



文章摘要



目前全球的农业生产都非常依赖于无机化肥的使用，而无机化肥会对生态环境造成破坏，因此未来农业的可持续发展依赖于作物氮利用效率的提高。这篇文章中，研究者发现基因组的H3K27me3修饰能够帮助水稻响应氮肥而增加分蘖。作者鉴定到了一个含有APETAL2-domain的转录因子NGR5，NGR5受到氮肥的诱导，并能增加靶基因位点的H3K27me3水平，进而导致下游的分蘖抑制基因的表达受到抑制，从而增加水稻的分蘖。NGR5也是水稻赤霉素受体GID1的靶蛋白之一，GID1是一种F-box蛋白，在结合NGR5后会促进NGR5的泛素化并使NGR5降解。水稻中的DELLA蛋白SLR1也是GID1的靶蛋白，能够和NGR5竞争结合GID1，从而保护NGR5不被泛素化和降解。由于绿色革命水稻品种（一种半矮杆品种）中SLR1蛋白含量更高，所以绿色革命品种NGR5蛋白丰度更高，因此植株对氮肥更加敏感，在施氮肥的条件下分蘖也更多。通过增加NGR5蛋白的含量，可以提高水稻在低氮条件下的分蘖，增加水稻在低氮肥条件下的产量。因此，NGR5能够提高作物的氮利用效率，并有助于增加全球农业发展的可持续性和粮食保障。



实验数据



ABclonal推荐



以半矮杆育种为标志的第一次绿色革命使得世界粮食产量得到了大幅的提升，绿色革命作物品种的半矮杆化主要是由于植株赤霉素（GA）合成或者信号传导相关基因发生了突变，导致植株生长受到抑制，株高变低，而抗倒性增强，对氮肥的耐受性增加。然而第一次绿色革命也存在着局限性，即半矮杆品种的高产严重依赖于氮肥，因此，提高半矮杆高产品种的氮利用效率具有重要意义。本研究通过筛选氮不敏感突变体，克隆到了一个重要的氮响应调控因子NGR5，能够通过表观调控的方式响应氮肥而增加植物的分蘖。进一步研究表明，水稻DELLA蛋白SLR1能够和NGR5竞争结合GID1，从而保护NGR5不受降解，这也解释了绿色革命品种（SLR1的含量较高）对氮肥敏感的原因。同时文章也指出增加水稻品种中NGR5的含量，是实现节肥增产的途径之一，因此本文的结果对于农业生产具有重要的意义。

文献标题

水稻组蛋白H2B可逆单泛素化精细调控脱落酸信号和干旱响应

Molecular Plant
Research Article

CellPress
PARTNER JOURNAL

Reversible Histone H2B Monoubiquitination Fine-Tunes Abscisic Acid Signaling and Drought Response in Rice

Siqi Ma^{1,3}, Ning Tang^{1,2,*}, Xu Li¹, Yongjun Xie¹, Denghao Xiang¹, Jie Fu¹, Jianqiang Shen^{1,4}, Jun Yang¹, Haifu Tu¹, Xianghua Li¹, Honghong Hu¹ and Lihong Xiong^{1,*}

种属	水稻	应用	ChIP-seq ChIP-qPCR
期刊	Molecular Plant	影响因子	10.812
PMID	30578854	ABclonal合作技术	OsbZIP46的抗体订制

基本信息

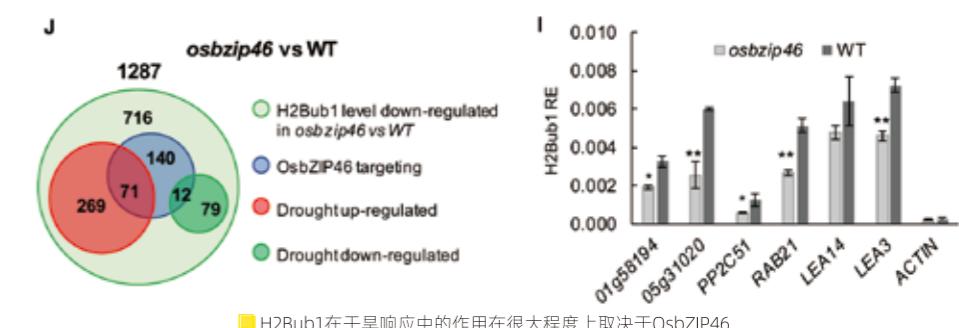


文章摘要



组蛋白H2B的单泛素化修饰（H2Bub1）在很多生理和发育过程中都扮演着重要作用，但是H2Bub1在植物抗逆反应中的作用目前仍然不清楚。这篇文章中，作者证实了H2Bub1在水稻的ABA信号通路以及干旱响应中具有重要作用。作者发现，一个E3连接酶OsHUB2能参与水稻基因组的H2Bub1修饰，并能够和水稻ABA信号和干旱响应核心因子OsbZIP46互作。遗传分析显示，OsHUB2受到ABA和干旱的诱导，并且能够正调控ABA的敏感性和干旱的抗性。在ABA和干旱处理条件下，OsbZIP46靶基因位点上的H2Bub1水平和OsbZIP46靶基因的表达量都发生了上调。另外，MODD能通过抑制OsbZIP46的活性而负调控水稻ABA的信号通路和干旱响应，而作者同时发现，MODD抑制OsbZIP46的活性的原理，主要是通过招募去泛素酶（deubiquitinase）OsOTLD1去除OsbZIP46靶基因位点的H2Bub1。在水稻中抑制OsOTLD1的表达，能够显著增加OsbZIP46靶基因位点的H2Bub1的水平以及OsbZIP46靶基因的表达量。综上，这些研究结果表明组蛋白的单泛素化修饰能够精细调控水稻ABA信号通路以及干旱响应。

实验数据



ABclonal推荐



组蛋白的甲基化、乙酰化、泛素化、糖基化等修饰是表观调控的重要方式，在生物的发育进程以及各项生理调控中都具有重要作用。组蛋白修饰涉及调控到三方面的调控因子，分别是：writer、reader和eraser，分别负责修饰的建立、识别以及去除，这三方面的调控因子的鉴定和功能研究对于解析生命现象具有重要作用。在这篇文章中，作者发现了H2Bub1（组蛋白H2B的单泛素化修饰）的writer OsHUB2和eraser OsOTLD1，能够调控OsbZIP46靶基因位点组蛋白H2B的泛素化和去泛素化，从而调控OsbZIP46靶基因的表达，最后影响水稻的ABA通路以及干旱响应。这篇文章的研究结果向我们展示了表观调控是如何影响植物的发育进程和各项生理反应，也为从表观遗传学的角度解析植物的各项生命现象提供了思路。

文献标题

GPA5 编码水稻贮藏蛋白后高尔基体分选所需的Rab5a效应子

The Plant Cell, Vol. 32: 758–777, March 2020, www.plantcell.org © 2020 ASPB.

Check for updates

GPA5 Encodes a Rab5a Effector Required for Post-Golgi Trafficking of Rice Storage Proteins

Yulong Ren,^{a,1} Yihua Wang,^{b,1} Tian Pan,^{b,1} Yunlong Wang,^{b,1} Yongfei Wang,^b Lu Gan,^a Zhongyan Wei,^a Fan Wang,^b Mingming Wu,^b Ruohan Jing,^b Jiachang Wang,^a Gexing Wan,^a Xiu-hao Bao,^b Binglei Zhang,^b Pengcheng Zhang,^b Yu Zhang,^b Yi Ji,^b Cailin Lei,^b Xin Zhang,^a Zhijun Cheng,^a Qibing Lin,^a Shanshan Zhu,^a Zhichao Zhao,^a Jie Wang,^a Chuanyin Wu,^a Lijuan Qiu,^a Haiyang Wang,^a and Jianmin Wan^{b,2}

基本信息

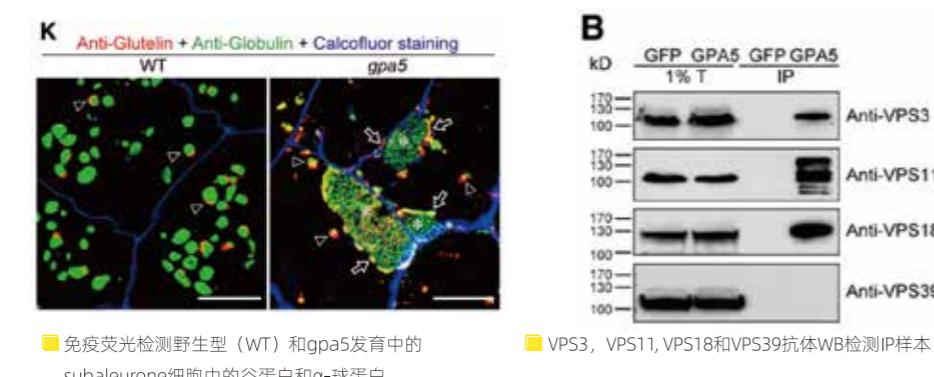


种属	水稻	应用	WB IF
期刊	Plant Cell	影响因子	8.631
PMID	31949008	ABclonal合作技术	GPA5 , VPS3, VPS11 , VPS18和VPS39的抗体订制

文章摘要



致密囊泡 (Dense vesicles, DVs) 是植物特有的运输囊泡，能够介导贮藏蛋白从高尔基体转运到蛋白贮藏液泡 (Protein storage vacuoles, PSVs)。然而，DVs靶向运输到PSVs的分子机制目前还未知。在这篇文章中，研究者报道了一个水稻谷蛋白前体积累突变体 *gpa5* (*glutelin precursor accumulation 5*)，*gpa5* 的DVs到PSVs的定向运输发生了紊乱，导致DVs中的货物（即谷蛋白）被错误的运输到了细胞外。通过图为克隆发现GPA5编码一个植物特有的phox-homology domain containing蛋白，并与拟南芥的ENDOSOMAL RAB EFFECTOR WITH PX-DOMAIN同源。GPA5是一个膜结合蛋白，在胚乳发育过程中，GPA5在DVs的表面形成同源二聚体。共定位实验、生物化学实验以及遗传学实验结果显示，GPA5能和Rab5a (GAP1), VPS9a (GAP2)协同调控DVs分选至PSVs。另外，作者还发现，GPA5能够和PSVs表面的栓系复合体CORVET和含有VAMP727的膜融合复合体SNARE互作，并最终介导DVs与PSVs的融合，完成谷蛋白的转运。综合来说，GPA5作为Rab5a的下游效应因子，介导了胚乳细胞中DVs向PSVs的靶向转运和融合。



实验数据



谷蛋白是水稻最主要的贮藏蛋白，且富含赖氨酸，易被人体吸收，因此提高谷蛋白的含量是水稻品质改良的重要方向。谷蛋白前体 (57 kd) 在内质网中合成后被运输到高尔基体，然后从反面高尔基体网以致密囊泡的形式，运输到贮藏液泡中，谷蛋白前体随后在贮藏液泡中被酶解加工成成熟的谷蛋白，并储存在蛋白体II (Protein body II, PB II) 中。谷蛋白的合成、分选、加工过程涉及到很多关键的调控因子，鉴定和解析这些调控因子能为水稻品质分子育种提供了理论基础。本文通过筛选57H (谷蛋白前体过量积累的突变体) 材料和图位克隆鉴定到了一个关键的谷蛋白分选调控因子GPA5，并通过遗传学和生化实验，解析了GPA5和之前鉴定到的谷蛋白分选调控因子Rab5a (GPA1)、VPS9a (GAP2)的相互关系，通过这些生化和遗传学的证据，作者得到了一个完整的谷蛋白后高尔基体分选信号通路，这对于水稻品质改良育种具有重要的意义。

ABclonal推荐



文献标题

水稻双重功能tRNA^{His}鸟苷酸转移酶对植物高温响应的蛋白翻译调控

Molecular Plant

Translational Regulation of Plant Response to High Temperature by a Dual Function tRNA^{His} Guanylyltransferase in Rice

Ke Chen, Tao Guo, Xin-Min Li, Yi-Min Zhang, Yi-Bing Yang, Wang-Wei Ye, Nai-Qian Dong, Chuan-Lin Shi, Yi Kan, You-Huang Xiang, Hai Zhang, Ya-Chao Li, Ji-Ping Gao, Xuehui Huang, Qiang Zhao, Bin Han, Jun-Xiang Shan, Hong-Xuan Lin

基本信息



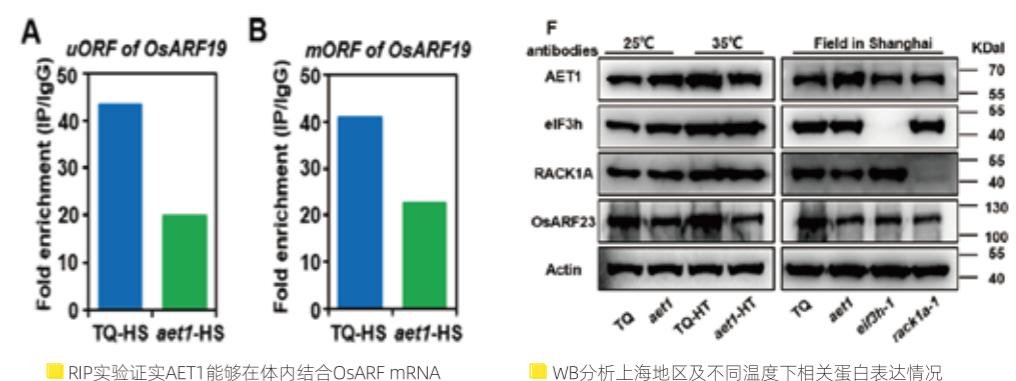
种属	水稻	应用	WB RIP
期刊	Molecular Plant	影响因子	8.827
PMID	31075443	ABclonal合作技术	AET1蛋白表达及抗体定制

文章摘要



高等植物拥有固着生长的特性，因此发展出多种适应环境温度生长的策略。对于植物适应高温，包括表观调控、转录调控、热激蛋白、蛋白酶体等多种分子机制已逐渐阐明，但是对于蛋白翻译调控植物高温适应性的研究仍然较少。研究者通过大规模EMS诱变，筛选到一个株高、结实率、叶宽、分蘖数等多种重要农艺性状在上海与海南产生明显差异的突变体 *aet1*，该基因编码一个tRNA^{His}鸟苷转移酶，多种遗传手段确认 *aet1* 的突变是造成 *aet1* 突变体在不同地区生长差异的原因。进一步研究发现AET1与两个核糖体相关蛋白RACK1A和eIF3h发生两两相互作用，形成分子调控模块，这三个蛋白均定位于细胞质，而且它们的表达均受高温诱导上调。该研究发现AET1除了具有鸟苷转移酶活性外，还具有与核糖体相关蛋白一起调控蛋白翻译过程的新功能。

实验数据



ABclonal推荐



该研究通过大规模EMS诱变，筛选到一个在不同地区产生明显差异的突变体，并创新性地在植物中使用tRNA测序手段研究tRNA修饰酶对植物tRNA内稳态的作用，另外结合RIP实验、RNA EMSA实验、核糖体蔗糖密度梯度离心实验等手段，为其他tRNA修饰酶、RNA结合蛋白分子机制研究手段提供新的研究思路，而该研究对于蛋白翻译调控植物环境适应性也提供重要理论依据。

文献标题

植物生长-代谢协同调控利于农业可持续发展

nature
International journal of science

基本信息

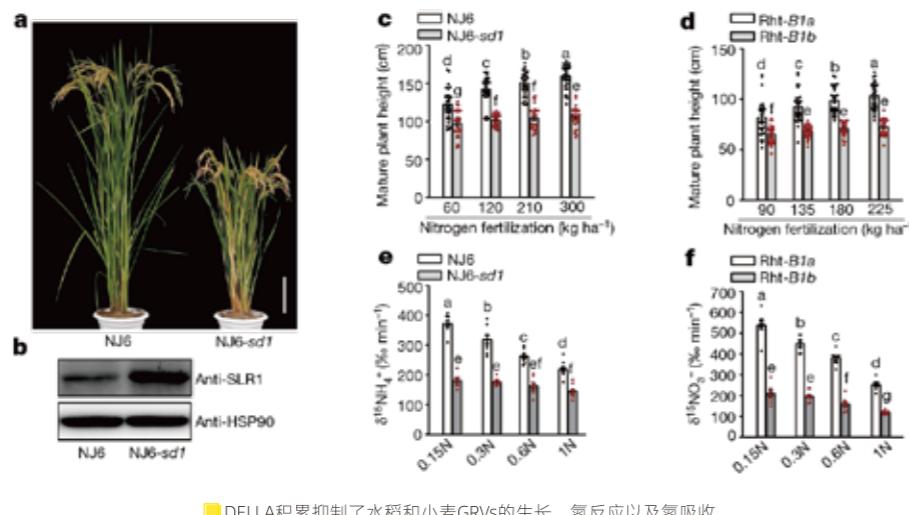


种属	水稻	应用	WB
期刊	Nature	影响因子	41.577
PMID	30111841	ABclonal合作技术	SLR1蛋白表达及抗体定制

文章摘要



含有“绿色革命”基因的作物品种氮利用效率低，为实现高产需施用大量氮肥，造成资源浪费和环境污染。为了解决这一难题，研究人员发现了一个新的植物碳-氮代谢的正调控因子GRF4，可以促进氮素吸收、同化和转运途径，以及光合作用、糖类物质代谢和转运等，进而促进植物生长发育。这项研究进一步阐明了GRF4作用的具体分子机制，提出了相对平衡的GRF4-DELLA互作模型。在该互作机制中，较高的GRF4的表达水平不仅提高了碳氮吸收利用率，同时还保留了绿色革命半矮化表型赋予的抗倒伏和高产特性。



实验数据



该研究利用RNA干涉、过表达、RNA-seq和ChIP-seq证实DELLA-GRF4介导的作物生长与氮代谢的协同调控机制，进一步加深我们对于植物生长、氮素吸收利用和碳素同化之间协同调节机制的认识，找到了一条在保证粮食总产量不断提高的同时，提高氮肥利用效率，降低生产投入成本，减少对环境造成的污染的可持续发展农业新途径。

ABclonal推荐



文献标题

OsCERK1介导的几丁质感知和免疫信号依赖受体样细胞质激酶185激活水稻中的MAPK级联反应

Molecular Plant

OsCERK1-mediated chitin perception and immune signaling requires Receptor-like Cytoplasmic Kinase 185 to activate a MAPK cascade in rice

Chao Wang, Gang Wang, Chi Zhang, Pinkuan Zhu, Huiling Dai, Nan Yu, Zuhua He, Ling Xu, Ertao Wang

基本信息



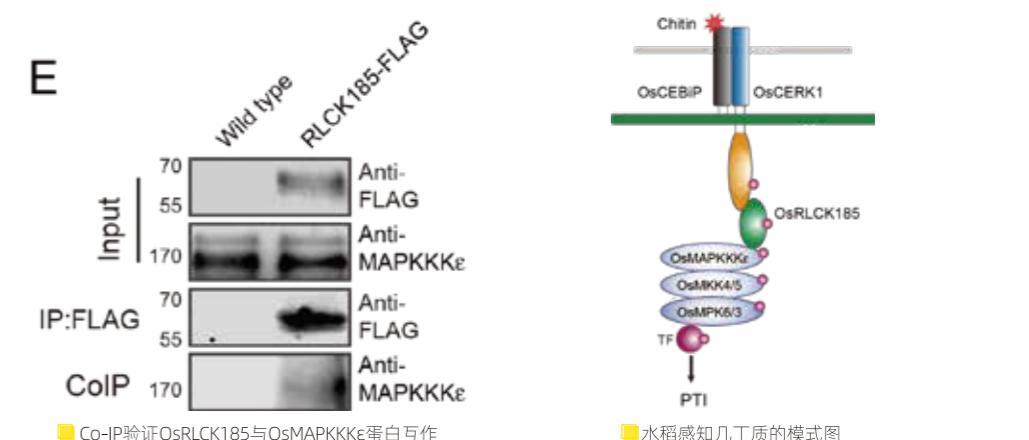
种属	水稻和烟草	应用	WB
期刊	Molecular Plant	影响因子	8.827
PMID	28111288	ABclonal合作技术	OsMAPKKε多肽合成及抗体定制

文章摘要



MAPK级联蛋白通路在植物响应外界和内源信号中十分重要，是几丁质介导的免疫激活信号通路的重要组成部分，但几丁质受体如何传递到MAPK级联蛋白的机制还不清楚。该研究通过酵母双杂交筛选到OsRLCK185的互作蛋白OsMAPKKε，并将其磷酸化。过量表达OsMAPKKε激酶结构域会引发MAPK激活和强烈的细胞坏死，而失去C端结构域的OsMAPKKε蛋白也能在烟草里导致类似表型，暗示该蛋白的C末端在信号传递中起着负调控作用。在内源MAPKKε沉默的水稻或烟草里，MAPK响应几丁质的激活能力减弱。诱导表达OsMAPKKε激酶结构域或全长蛋白的水稻对几丁质处理更敏感，即MAPK的激活增强。一系列体内外生化实验证明水稻利用蛋白质磷酸化介导一条线性化的几丁质信号通路，即OsCERK1-OsRLCK185-OsMAPKKε-OsMAPK4-OsMAPK3/6。

实验数据



ABclonal推荐



文章通过酵母双杂交筛选和Co-IP验证互作蛋白，通过表达和截短体找到负调控作用结构域，进一步应用基因沉默和体内外生化实验发现一条通过蛋白磷酸化介导的信号通路，对信号通路研究有参考和借鉴意义。该论文揭示了几丁质(chitin)受体OsCERK1的底物RLCK185，能够直接磷酸化MAPKKε，激活MAPK信号通路，该研究填补了稻瘟病特征分子-几丁质感知和MAPK级联放大信号之间的空白。

文献标题

SPL6蛋白通过抑制内质网胁迫信号输出控制水稻穗细胞死亡

nature
plants

ARTICLES

SPL6 represses signalling outputs of ER stress in control of panicle cell death in rice

Qing-Long Wang¹, Ai-Zhen Sun¹, Si-Ting Chen¹, Li-Sha Chen¹ and Fang-Qing Guo^{1,2*}

基本信息



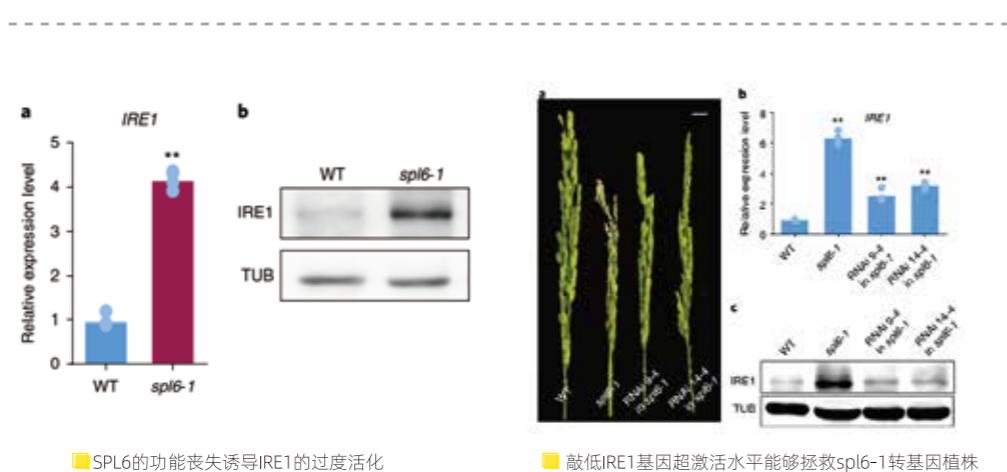
种属	水稻	应用	WB
期刊	Nature Plants	影响因子	11.471
PMID	29632394	ABclonal合作技术	IRE1蛋白表达及抗体定制

文章摘要



肌醇依赖酶IRE1是未折叠蛋白反应UPR最保守的传感器，可以根据其激活的幅度和持续时间产生适应性或死亡的信号。该研究发现在*spl6*缺陷型植株中，内质网胁迫灵敏元件IRE1表现出超激活，进而导致水稻穗的死亡，这个现象说明了SPL6是抑制持续性或强烈内质网胁迫条件的生存因子。重要的是，通过转IRE1-RNAi敲低IRE1基因的mRNA超激活水平能够拯救*spl6-1*转基因植株中穗的顶端死亡，证明了在*spl6-1*突变体中IRE1的超激活与细胞死亡之间的遗传联系。本文的发现解释了一个新的细胞存活机制，SPL6通过抑制内质网灵敏元件IRE1的转录激活来控制内质网胁迫信号的输出，而这种输出信号取决于内质网胁迫期间决定细胞命运的适应性和死亡信号之间的平衡。

实验数据



ABclonal推荐



该研究在破译水稻顶端小穗退化的遗传机制过程中，研究组采取了和以往研究者不同的策略和技术路径。通过利用反向遗传学的手段，从高通量筛选和获得水稻穗发育特异表达转录因子基因入手，筛选了一批在水稻穗发育过程中特异表达的转录因子作为重点研究对象。其中发现水稻SBP-box家族转录因子SPL6功能缺失突变体呈现明显的穗顶端退化的“秃顶”表型。该方法对破译遗传机制同样具有一定的适用性，筛选出潜在的转录因子，进而找到与表型明显相似的功能突变体。

文献标题

E3泛素连接酶HAF1在长日照条件下调控OsELF3蛋白昼夜节律性积累以控制水稻抽穗期



The E3 Ubiquitin Ligase HAF1 Modulates Circadian Accumulation of EARLY FLOWERING3 to Control Heading Date in Rice under Long-Day Conditions^[OPEN]

Chunmei Zhu,^a Qiang Peng,^a Debao Fu,^a Dongxia Zhuang,^a Yiming Yu,^a Min Duan,^a Weibo Xie,^a Yaohui Cai,^b Yidang Ouyang,^a Xingming Lian,^a and Changjin Wu^{a,*}

基本信息



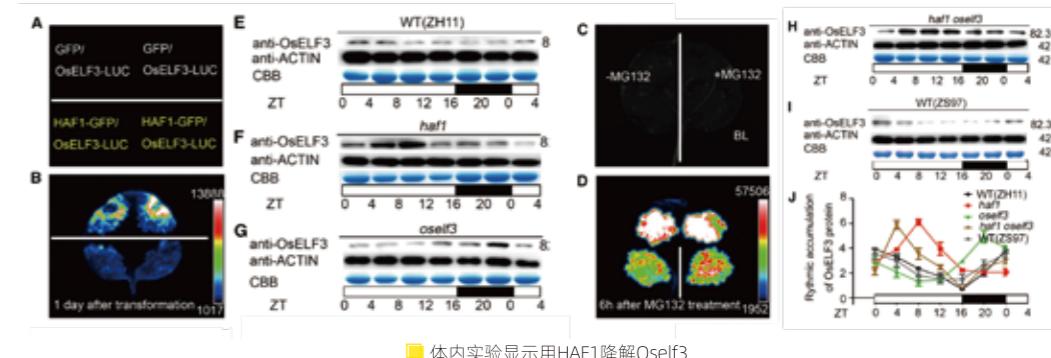
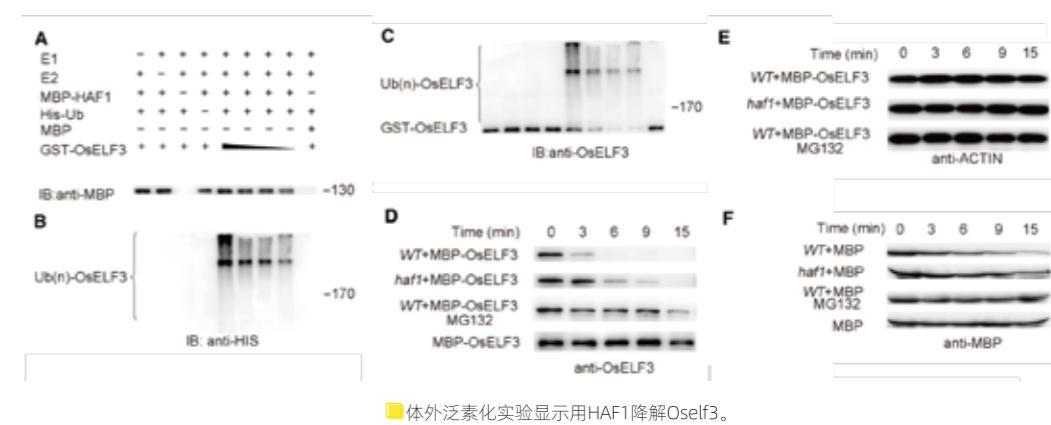
种属	水稻	应用	WB
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	30242038	ABclonal合作技术	OsELF3蛋白表达及抗体定制

文章摘要



吴昌银课题组前期研究发现，OsELF3作为一个生物钟基因，它的昼夜表达相位是影响水稻长日条件下抽穗期的关键因素（Yang et al., 2013 Molecular Plant）。该研究通过蛋白互作实验发现HAF1与长日照调控水稻抽穗期的关键基因OsELF3相互作用。体外泛素化和体内蛋白降解实验证明，HAF1通过26S蛋白酶复合体降解OsELF3，从而调节OsELF3蛋白昼夜节律性累积。进一步研究发现，OsELF3与HAF1互作的区段存在单个氨基酸的变异，该氨基酸的变异在水稻品种的地域分布中受到选择。带有OsELF3(L)的粳稻品种分布在高纬度地区，而OsELF3(S)的粳稻品种则分布在低纬度地区。野生稻和大多数籼稻品种为OsELF3(S)类型，OsELF3(S)蛋白不与HAF1互作，它的降解可能受到其它因子的调控。这些结果揭示了水稻抽穗期蛋白节律性调控可能存在品种间的多样性。

实验数据



ABclonal推荐



水稻作为重要的粮食作物和单子叶植物基因组研究的模式植物，抽穗期决定了品种的季节和地区适应性，是影响水稻产量的重要因素之一。本篇文章通过蛋白泛素化调节系统解析了水稻适应长日照条件抽穗的分子机制。这些结果揭示了水稻抽穗期蛋白节律性调控可能存在品种间的多样性，为水稻抽穗期分子设计育种提供了理论指导。

文献标题

OsSHI1通过影响IPA1转录活性调控水稻株型



OsSHI1 Regulates Plant Architecture Through Modulating the Transcriptional Activity of IPA1 in Rice

Erchao Duan^{a,1}, Yihua Wang^{a,1}, Xiaohui Li^a, Qibing Lin^b, Ting Zhang^c, Yupeng Wang^b, Chunlei Zhou^a, Huan Zhang^a, Ling Jiang^a, Jiulin Wang^b, Cailin Lei^b, Xin Zhang^b, Xiuping Guo^b, Haiyang Wang^b, and Jianmin Wan^{a,b,2}

种属	水稻	应用	WB Co-IP ChIP
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	30914468	ABclonal合作技术	OsSHI1和IPA1多肽合成及抗体定制

基本信息

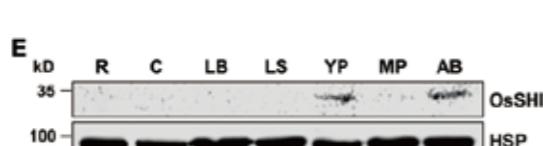


文章摘要

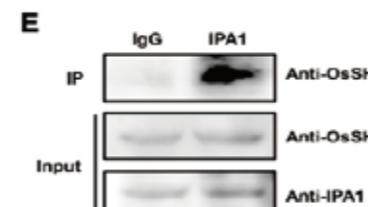


禾本科作物（比如水稻、小麦、大麦以及高粱等）的产量主要由有效穗数、穗粒数及千粒重三个因素决定，而有效穗数和穗粒数则主要由植株分蘖数及穗分枝数所决定。因此，深入研究分蘖或分枝发育的调控机理，对通过植株形态改良进而提高作物产量具有重要的指导意义。

前期研究发现，IPA1是一个调控株型的重要基因，以转录因子的功能激活调节分蘖与穗分枝基因OsTB1和OsDEP1的表达，以此影响水稻株型的变化，田间试验证明IPA1可提升10%的水稻产量。这篇报道中，作者发现了一个新的水稻株型发育突变体*shi1* (short inter node1)，其分蘖数减少、茎秆粗壮并且穗分枝数显著增加。发现OsSHI1编码植物特异转录因子，IPA1对水稻株型发育的调控主要是通过调控下游关键基因OsTB1及OsDEP1来实现。有趣的是，在这两个基因的启动子中均发现OsSHI1识别基序的存在，并且OsSHI1可直接结合OsTB1及OsDEP1的启动子。在突变体*shi1*中，OsTB1及OsDEP1的表达水平显著上调。进一步研究发现，OsSHI1可降低IPA1对OsTB1及OsDEP1启动子的结合能力并抑制其对下游靶基因的转录激活活性，进而协同调控水稻株型的发育。这一研究从分子遗传学的角度阐明了转录因子OsSHI1在水稻分蘖及穗分枝形成过程中的关键作用，对进一步通过植物株型改良进而提高作物产量具有重要指导意义。



OsSHI1在水稻各组织中的表达情况

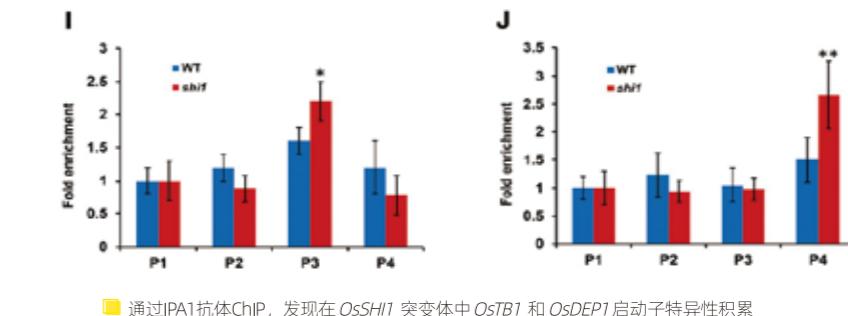


OsSHI1与IPA1的相互作用CO-IP实验验证

实验数据



ABclonal推荐



通过IPA1抗体ChIP，发现在OsSHI1突变体中OsTB1和OsDEP1启动子特异性积累

作者从*shi1*突变体入手，进行图位克隆后获得OsSHI1基因，使用多个Co-IP、Pull-Down、BiFC等技术发现并证明OsSHI1的N-端与C-端均可以与IPA1的C-端相互作用。*shi1*中IPA1的下有激活基因OsTB1与OsDEP1的表达有明显的上调，结合上述互作结论，暗示OsSHI1与IPA1之间有调控关系，通过体外的EMSA与体内的ChIP-Qpcr实验，结合构建了一系列相关基因的突变体观察表型，发现OsSHI1通过抑制IPA1与，OsTB1与OsDEP1启动子区域的结合，调控水稻分蘖性状。

文献标题

脱落酸通过H₂O₂抑制水稻蛋白磷酸酶PP45并减轻对Ca²⁺ / CaM依赖性蛋白激酶DMI3的抑制



Abscisic Acid Inhibits Rice Protein Phosphatase PP45 via H₂O₂ and Relieves Repression of the Ca²⁺/CaM-Dependent Protein Kinase DMI3

Lan Ni^{a,b,c,d}, Xiaopu Fu^{a,b,c}, Huan Zhang^{a,b}, Xi Li^{a,b}, Xiang Cai^{a,b}, Panpan Zhang^{a,b}, Lei Liu^{a,b}, Qingwen Wang^{a,b,c}, Manman Sun^{a,b,c}, Qianwen Wang^{a,b,c}, Aying Zhang^{a,b}, Zhengguang Zhang^d, and Mingyi Jiang^{a,b,c,e,f}

^a College of Life Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China

种属	水稻	应用	WB Co-IP
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	30538152	ABclonal合作技术	DIM3, p-DIM3 T263, PP45抗体定制

基本信息



文章摘要

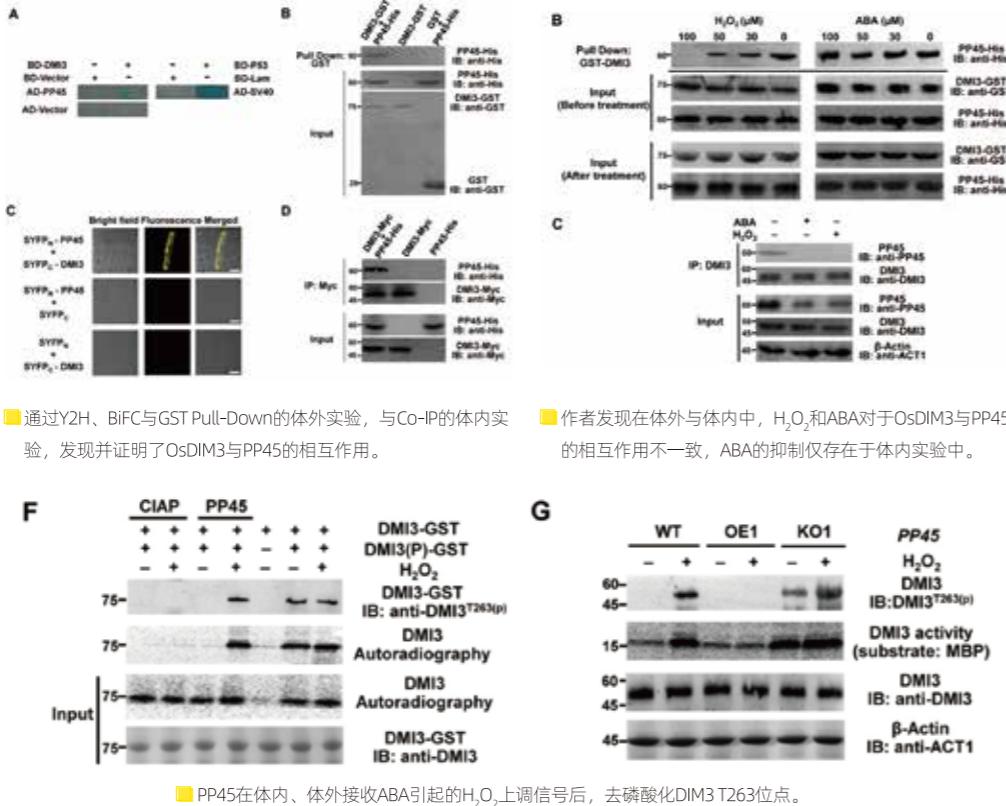


Ca²⁺是ABA信号转导中的重要的第二信使。植物体内Ca²⁺信号转导能被Ca²⁺感受器所识别并传导。CCaMK是Ca²⁺的感受器之一。蒋明义教授团队先前的研究显示，水稻CCaMK (OsDMI3) 是ABA信号转导中正调控因子。然而，ABA活化OsDMI3的机理尚不清楚。

为了研究ABA诱导OsDMI3活化的机理，蒋明义教授团队通过酵母双杂筛选找到一个OsDMI3的互作蛋白--蛋白磷酸酶OsPP45。研究结果显示，ABA信号转导中，OsPP45作用于OsDMI3的Thr263位点，负调节OsDMI3自磷酸化活性，抑制OsDMI3与CaM结合，进而去磷酸化OsDMI3。进一步研究发现ABA一方面降低OsPP45的基因表达，从而使OsPP45蛋白含量降低，更重要的一方面是ABA诱导产生H₂O₂，H₂O₂作用于OsPP45的Cys350和Cys428，使其形成分子间二硫键，导致OsPP45形成二聚体而失活。失活的OsPP45释放OsDMI3，使OsDMI3自磷酸化，自磷酸化的OsDMI3结合CaM磷酸化底物从而转导传递ABA信号。

该研究结果揭示了OsDMI3在ABA信号转导中的一个新的互作蛋白OsPP45，阐明ABA信号转导中OsDMI3与OsPP45的互作机制，进而揭示ABA信号转导中一条新的OsDMI3活化途径。这一研究的开展不仅有助于人们对植物细胞CCaMK参与植物抗逆反应的功能与作用机制的认识，进而拓展人们对逆境下ABA信号转导机理的理解，而且对于利用分子生物学手段提高作物的耐逆性具有重要的指导意义。

实验数据



Abclonal推荐



在研究某个目的基因时，通过蛋白质相互作用从体内找到某个新的作用基因并研究其功能是一个非常有效的策略，本文作者就通过一些列的相互作用实验将OsDMI3的互作蛋白PP45鉴定并进行了验证，并且结合OsDMI3在ABA信号通路上的研究将PP45也带入进行了更加深入的调控机制研究。

文献标题

Rice qGL3 / OsPPKL1与GSK3/SHAGGY-Like家族激酶OsGSK3相互作用调控BR信号通路



Rice qGL3/OsPPKL1 Functions with the GSK3/SHAGGY-Like Kinase OsGSK3 to Modulate Brassinosteroid Signaling

Xiuying Gao¹, Jiaqi Zhang¹, Xiaojun Zhang^{1,2}, Jun Zhou¹, Zhisheng Jiang¹, Peng Huang¹, Zhengbin Tang¹, Yongmei Bao¹, Jinping Cheng¹, Haijuan Tang¹, Wenhua Zhang³, Hongsheng Zhang^{1*}, and Ji Huang^{1*}

基本信息



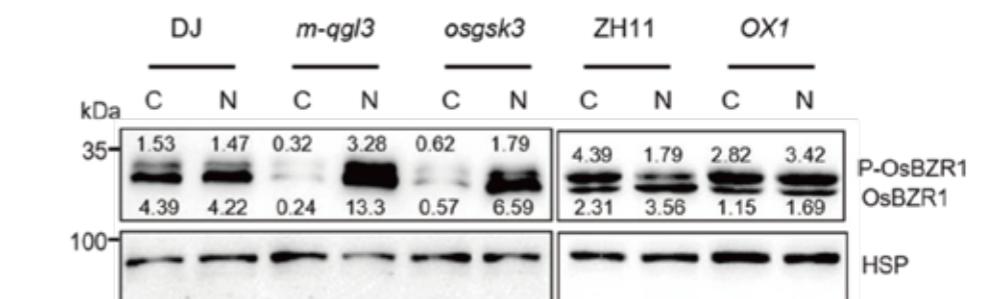
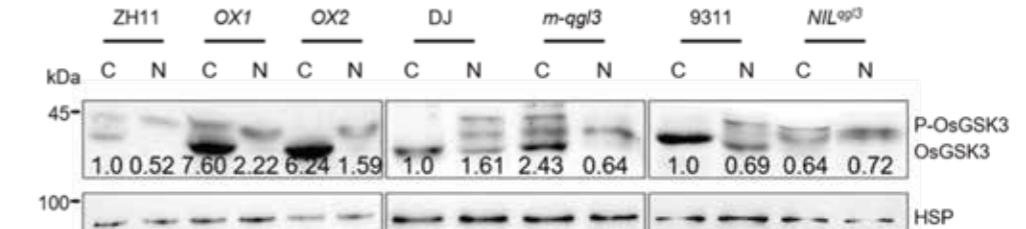
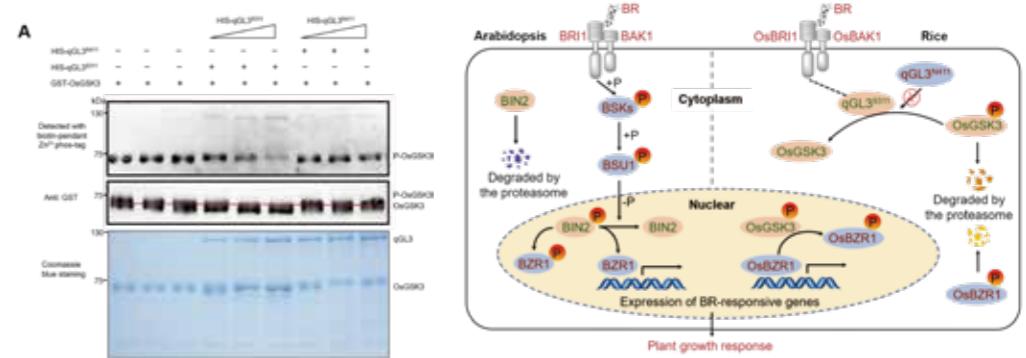
种属	水稻	应用	WB
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	30923230	ABclonal合作技术	OsGSK3抗体定制

文章摘要



水稻粒长不仅关系到水稻的产量也决定了水稻的外观品质，因此水稻粒长的研究具有重要意义。qGL3编码一个包含两个Kelch结构域的PP2A蛋白磷酸酶（OsPPKL1）。本研究发现，与拟南芥BSU1作用机制不同，qGL3在BR信号途径中发挥负调控作用。来自于9311和N411的qGL3均能够与GSK3/SHAGGY-Like家族激酶OsGSK3相互作用，磷酸化状态的OsGSK3通过蛋白酶体途径被降解，因此qGL3具有稳定OsGSK3蛋白水平的作用。进一步研究发现，OsGSK3可以与BR信号通路中关键的转录因子OsBZR1相互作用并将其磷酸化，进而导致OsBZR1进入细胞质被蛋白酶体途径降解。相应的，如果qGL3和OsGSK3功能缺失则导致OsBZR1在细胞核中积累，行使转录调控下游BR应答基因的功能。这种调控机制的阐明对于利用油菜素甾醇信号中的关键基因进行水稻分子改良具有重要的应用价值。

实验数据



ABclonal推荐



本文作者将水稻粒长这一重要形状与BR信号通路建立起机制联系。深入的研究了qGL3的互作因子OsGSK3，其主要的活性影响因素来自于qGL3对于OsGSK3的磷酸化，并且保持磷酸化状态的OsGSK3可以进一步将信息通过磷酸化传递给OsBRZ1，并且带入到细胞核内。这一研究从分子机制上揭开了水稻粒长与BR信号调控之间的关系。

文献标题

F-BOX类蛋白对水稻雄性减数分裂时DNA双链断裂修复至关重要



MEIOTIC F-BOX Is Essential for Male Meiotic DNA Double Strand Break Repair

in Rice

Yi He^a, Chong Wang^a, James D. Higgins^b, Junping Yu^a, Jie Zong^a, Pingli Lu^c, Dabing

Zhang^{a, d}, Wanqi Liang^{a,*}

种属	水稻	应用	IF Co-IP
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	27436711	ABclonal合作技术	OsCenH3, REC8, γH2AX, COM1, RAD51C, PAIR2, PAIR3 和ZEP1抗体的定制开发, 及多个标签抗体的提供

基本信息

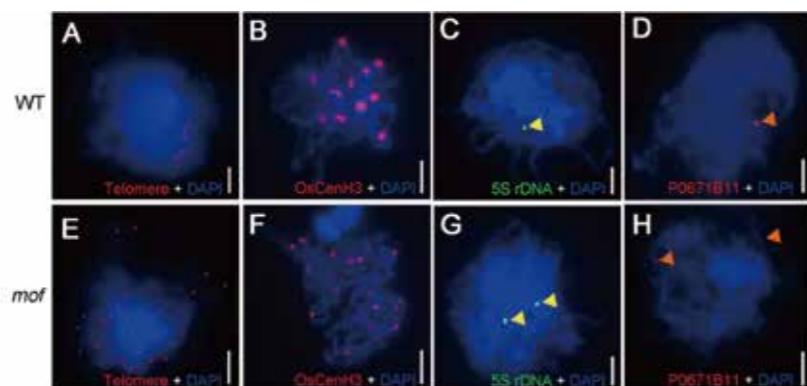


文章摘要



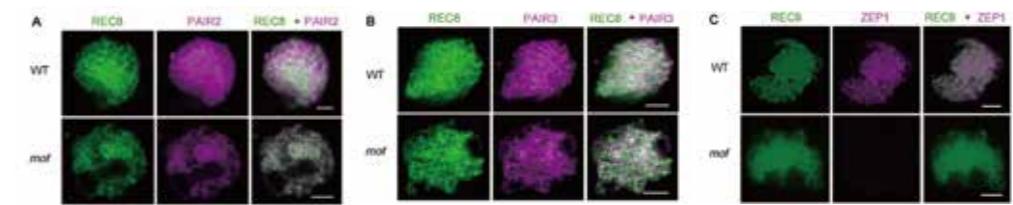
本研究通过对一个F-box蛋白基因 *MOF*的克隆和功能分析, 揭示了蛋白泛素化途径在水稻雄性母细胞减数分裂过程中重要作用。水稻*mof*突变体的雄性孢母细胞不能进行正常的减数分裂, 细线期不能形成端粒束, 同源染色体不能完成配对、同源重组等过程。雄性孢母细胞发育停滞在减数分裂粗线期之前, 随后DNA发生碎片化, 促发细胞凋亡导致完全的雄性不育。水稻减数分裂过程中, 同源染色体的配对和重组依赖于DNA双链断裂(double strand break, DSB)的形成和修复。该项研究证明*MOF*突变影响了DSB修复相关蛋白在染色体上定位, 导致DSB修复无法完成。这项研究工作第一次报道了F-box类蛋白在植物性母细胞发育及减数分裂过程中的调节作用, 为阐明泛素化途径在减数分裂过程中的作用机制提供了新的认识。

实验数据

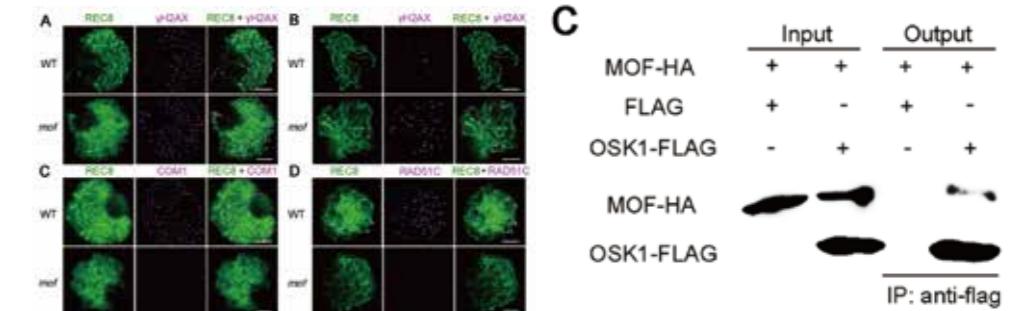


在野生型和*mof*突变体中的免疫荧光结果证明, MOF对于染色体细线期和同源配对极为重要。

(D、H中额P0671B11为包含MOF建议的BAC片段的转)



在野生型和*mof*突变体中SC相关蛋白PAIR2、PAIR3、ZEP1与标志蛋白REC8的定位情况分析。



通过多个标志基因的在野生型和*mof*突变体的共定位分析表明, MOF与 *SKP1-like*基因OSK1相互作用, 说明MOF很可能参与DSB的修复过程, 但是对于减数分裂极为重要。

是SCF E3 ligase的一个组分。

ABclonal推荐



文献标题

茉莉酸调控水稻花器官发育



ARTICLE

Received 21 Oct 2013 | Accepted 20 Feb 2014 | Published 19 Mar 2014

DOI: 10.1038/ncomms4476

Jasmonic acid regulates spikelet development in rice

Qiang Cai^{1,*}, Zheng Yuan^{1,*}, Mingjiao Chen¹, Changsong Yin¹, Zhijing Luo¹, Xiangxiang Zhao², Wanqi Liang¹, Jianping Hu³ & Dabing Zhang¹

种属	水稻	应用	Co-IP ChIP
期刊	Nature Communications	影响因子	12.353
PMID	24647160	ABclonal合作技术	OsMYC2抗体的定制

基本信息

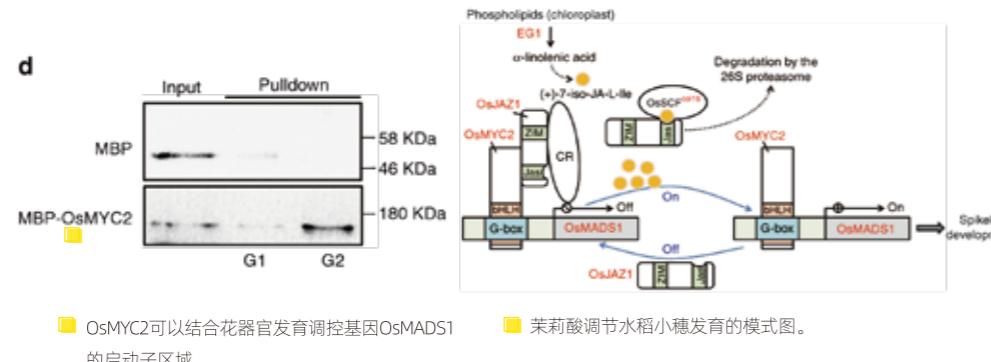
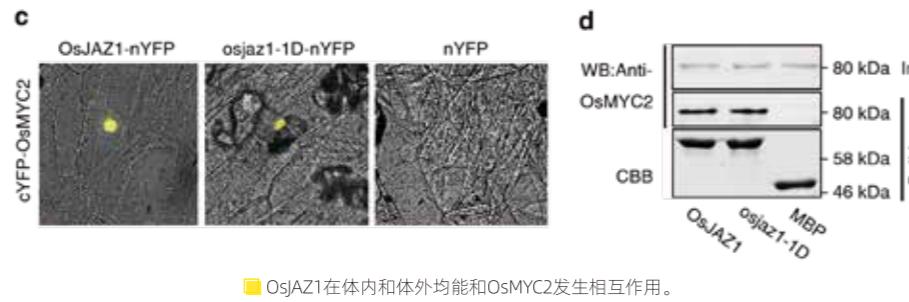
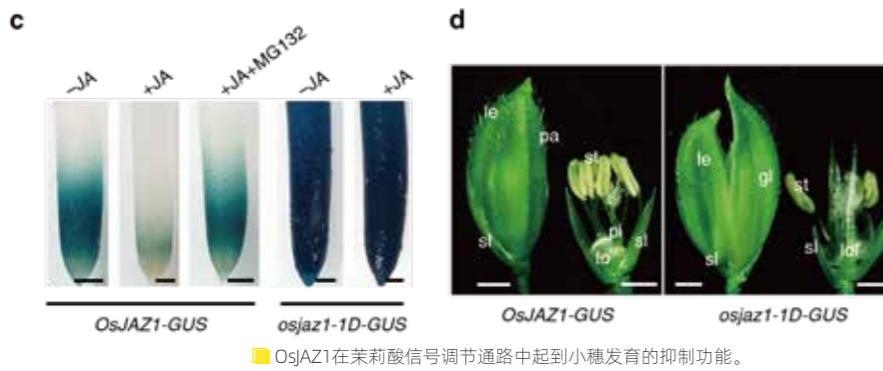


文章摘要



这项工作发现水稻EG1编码茉莉素合成关键酶，EG2/OsJAZ1编码茉莉素信号途径中的抑制因子；依赖于EG1合成的茉莉素信号可以促进水稻花器官的发育，茉莉素受体OsCOI1b在感应到茉莉素信号后，与信号抑制因子EG2/OsJAZ1结合，并将其带到26S蛋白降解复合体中进行降解反应，从而释放茉莉素响应基因OsMYC2，OsMYC2蛋白可直接结合到E类花器官发育调控基因OsMADS1的启动子区域，激活水稻小花的发育进程。这项研究首次证明了植物激素茉莉酸信号途径可调控水稻花器官发育，为阐明水稻花器官发育的分子机理提供了新的机制。

实验数据



ABclonal推荐



在植物研究中，从一个目标蛋白起点出发，希望在某个信号通路的上下游寻找到相关基因，往往需要构建一系列的材料先判断目标基因所起的正向或负向功能，再结合亚细胞定位、时空表达等技术辅助判断目标基因的可能功能，然后再利用Co-IP、Y2H、ChIP等技术搜索目标基因的功能范围，最终需要将一些列的基因链条与某个经典通路进行类比和关联，形成完整的研究路线。

文献标题

磷酸化分子开关控制植物中TAA1介导的生长素生物合成



ARTICLE

<https://doi.org/10.1038/s41467-020-14395-w>

OPEN

A phosphorylation-based switch controls TAA1-mediated auxin biosynthesis in plants

Qian Wang^{1,2,3,5}, Guochen Qin^{1,5}, Min Cao^{1,2}, Rong Chen¹, Yuming He², Liyuan Yang², Zhejun Zeng², Yongqiang Yu², Yangtao Gu², Weiman Xing¹, W. Andy Tao⁴ & Tongda Xu^{1,2*}

种属	拟南芥	应用	WB
期刊	Nature Communications	影响因子	11.878
PMID	32015349	ABclonal合作技术	TMK4的抗体订制

基本信息

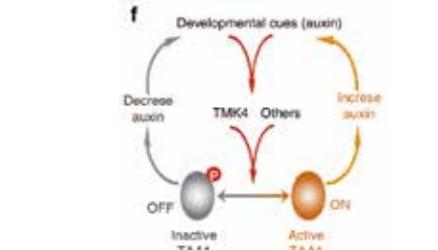
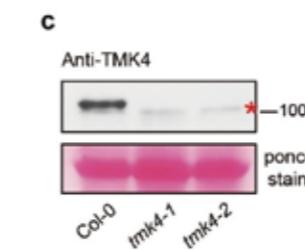


文章摘要



生长素是重要的植物激素，对植物组织器官的生长发育具有决定性的影响。植物组织中生长素局部浓度受到精准的调控。目前关于生长素局部浓度的调控研究主要集中在生长素的转运层面上，而在生长素的合成层面上的研究较少。在这篇文章中，研究者发现了生长素合成关键因子TAA1的第101位苏氨酸（T101）存在磷酸化修饰，且该修饰是TAA1的活性开关（磷酸化无活性，非磷酸化有活性），植株通过TAA1的T101的磷酸化与去磷酸化调控植物根尖分生组织的生长和根毛的发育。进一步研究发现，TAA1的这种磷酸化修饰在植物中是进化保守的，这说明翻译后修饰在生长素合成调控中是一个普遍现象。另外，研究者还发现生长素能通过诱导TMK4（TRANS-MEMBRANE KINASE 4）将TAA1的T101磷酸化，从而使TAA1失活而不能合成生长素，从而形成了一个负反馈抑制调控环路。因此，研究者认为：依赖于磷酸化的TAA1活性调控是植物生长素浓度响应内外部因素变化的一种方式。

实验数据



ABclonal推荐



蛋白的磷酸化是细胞信号传导的重要方式，通过响应上游信号，蛋白发生磷酸化或者去磷酸化，使得蛋白活性发生改变，从而调控下游信号通路，实现信号的传递。在这篇文章中，作者通过质谱分析，鉴定到了一个TAA1（生长素合成关键因子）的磷酸化位点（T101），进一步通过遗传学和生化实验证明，TAA1的T101磷酸化与去磷酸化，是植物响应内外界信号变化而调控生长素合成的一种重要方式。除了磷酸化之外，糖基化、乙酰化、泛素化等修饰也是蛋白翻译后修饰的重要方式，通过鉴定蛋白调控因子的这些翻译后修饰，可能为解析某些重要的生命过程提供线索。

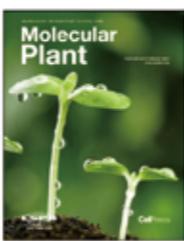
文献标题

拟南芥中一种新型接头蛋白ECAP可连接JAZ与TPR2并抑制茉莉酸敏感性的花青素积累

Journal Pre-proof

Arabidopsis ECAP is a New Adaptor Protein that Connects JAZ Repressors with TPR2 Co-repressor to Suppress Jasmonate-Responsive Anthocyanin Accumulation

Changjiang Li, Lei Shi, Yanan Wang, Wei Li, Binqing Chen, Lei Zhu, Ying Fu



基本信息

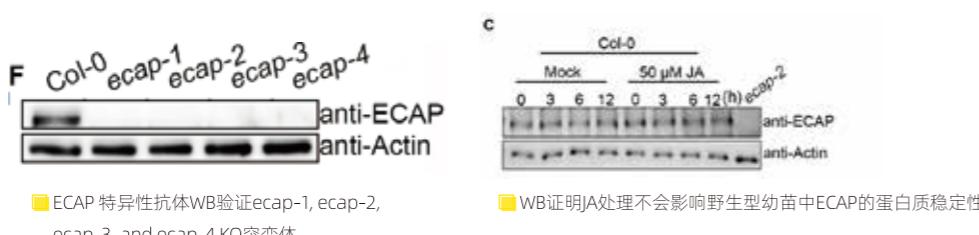


文章摘要



由转录抑制因子所介导的转录抑制机制在很多植物信号传导通路中都普遍存在。比如在拟南芥中，转录抑制因子JAZs蛋白通过抑制下游靶基因表达，调控植株的茉莉酸信号传导。NINJA蛋白是JAZs的接头蛋白，能将JAZs蛋白和转录共抑制因子TPL (TOPLESS) 结合在一起，进而调控JA依赖性的根生长以及防御相关基因表达。然而，NINJA蛋白或者其它接头蛋白是否还参与了其它的JA响应反应，目前还不得而知。在这篇文章中，作者鉴定到了一个功能未知的接头蛋白ECAP (EAR motif Containing Adaptor Protein)，能直接和JAZ6/8互作，提高JAZ6/8的转录抑制活性。另外，研究者还证实，ECAP还能帮助JAZ6/8招募转录共抑制因子TPR2，然后形成一个转录抑制复合物，抑制WB-repeat/bHLH/MYB复合物的表达，从而抑制JA依赖的青花素合成途径。这项研究，结合之间的研究结果表明：不同的接头蛋白可能与不同的JAZs蛋白和转录共抑制因子 (TPL或者TPRs) 相配合，负责不同的JA响应反应。

实验数据



ABclonal推荐



很多植物激素的信号传导都依赖于转录抑制机制，即无激素时，下游基因的表达被转录抑制因子所抑制；而激素存在时，转录抑制因子被降解或者失活，下游基因开始表达，激素信号通路被激活。EAR motif containing蛋白在转录抑制机制中扮演重要作用，EAR motif containing蛋白能够招募转录共抑制因子TPL (TOPLESS) 或者TPR2到靶基因上，通过改变靶基因的组蛋白修饰从而抑制靶基因的表达。然而很多转录抑制因子并不含有EAR motif，他们只是通过和含有EAR motif的接头蛋白（如NINJA）互作，来招募TPL或者TPR2抑制下游基因表达。本研通过突变体筛选，鉴定到了一个新的含有EAR motif的接头蛋白，能将JA信号通路上的转录抑制因子 (JAZ/B) 和转录共抑制因子 (TPR2) 连接在一起，抑制JA诱导型的青花素合成基因的表达。文章的结论还指出，植物中可能还存在很多种接头蛋白，他们可以将不同的信号分子和转录共抑制因子连接起来，调控不同的下游基因表达。因此，鉴定这些接头蛋白，以及接头蛋白所介导的生物学反应，具有重要生物学意义。

文献标题

H3K27me3去甲基化酶-HSFA2正向反馈循环维持拟南芥对高温的传代记忆

Cell Research

ARTICLE OPEN

An H3K27me3 demethylase-HSFA2 regulatory loop orchestrates transgenerational thermomemory in *Arabidopsis*

Junzhong Liu¹, Lili Feng^{1,2,3}, Xueling Gu^{1,2}, Xian Deng⁴, Qi Qiu^{2,4}, Qun Li¹, Yingying Zhang¹, Muyang Wang^{1,5}, Yiwen Deng¹, Ertao Wang¹, Yuke He¹, Isabel Bäurle⁶, Jianming Li^{1,5,7}, Xiaofeng Cao^{2,4,8} and Zuhua He^{1,3}

www.nature.com/cr
www.cell-research.com



基本信息

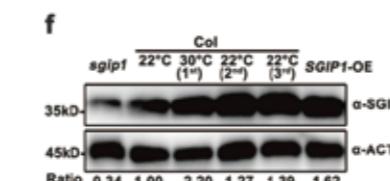
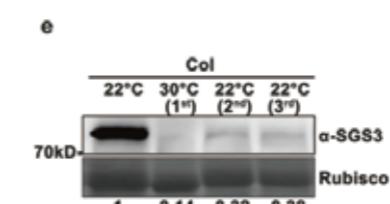


文章摘要

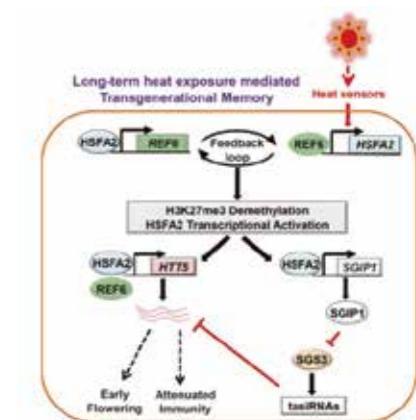


全球变暖对于植物的生长和适应产生了深远的影响。植物演化出了精细的表观机制来快速响应高温，并且高温诱导的转录后基因沉默PTGS能够跨代遗传。然而，植物对于温度记忆是如何遗传给子代的，以及其生理学基础还不清楚。本文的研究显示高温诱导的热休克转录因子HSFA2直接激活H3K27me3去甲基化酶REF6，进而反过来解除HSFA2的抑制。REF6和HSFA2一道建立起了一个可遗传的反馈回路，激活E3泛素连接酶SGS3-SGIP1。SGIP1介导的SGS3降解导致tasiRNA的生物合成受到抑制。REF6-HSFA2循环以及tasiRNA覆盖度的减少都有助于HTT5基因的激活，HTT5能够驱动植株进入早花，但同时会牺牲植株的自身免疫。

实验数据



■ WB分析热击及子代SGS3和SGIP1蛋白表达



ABclonal推荐



该研究通过生物化学、分子生物学和遗传学相结合的方法鉴定出一个F-box泛素连接酶SGIP1参与降解SGS3蛋白，揭示了一个由组蛋白去甲基化酶、染色质重塑因子、转录因子、泛素连接酶和小分子RNAs共同组成的复杂的表观调控网络参与植物对高温的传代记忆，促使植物提前开花同时以低抗病性为代价来保证植物能顺利繁衍和适应高温逆境。本篇文章对其他环境胁迫造成的表观遗传调控同样具有借鉴和参考意义。

文献标题

EIN3和PIF3形成相互依赖的调控模块抑制幼苗出土中的叶绿体发育进程



EIN3 and PIF3 Form an Interdependent Module That Represses Chloroplast Development in Buried Seedlings

Xiaoqin Liu,^{a,b} Renlu Liu,^b Yue Li,^b Xing Shen,^b Shangwei Zhong,^{b,1} and Hui Shi^{a,b,1}

^aCollege of Life Sciences, Capital Normal University, Beijing 100048, China

^bState Key Laboratory of Protein and Plant Gene Research, School of Advanced Agricultural Sciences and School of Life Sciences, Peking University, Beijing 100871, China

基本信息

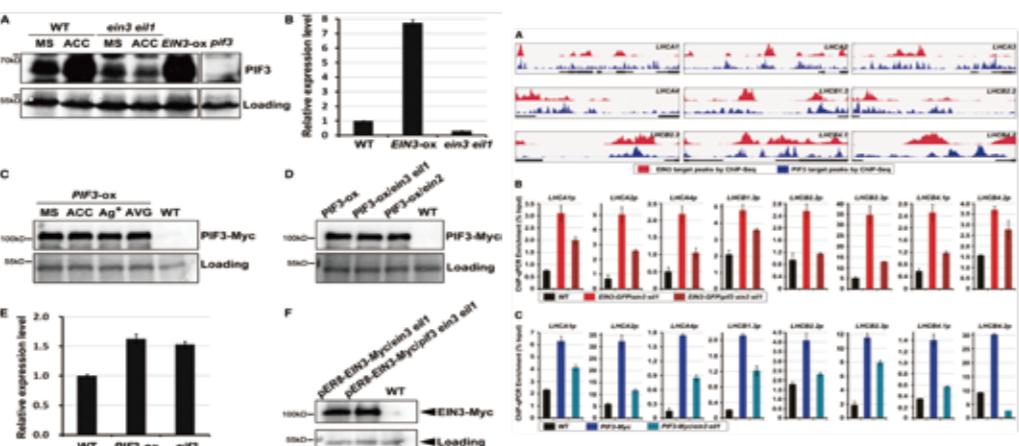


种属	拟南芥	应用	WB ChIP-qPCR
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	29114016	ABclonal合作技术	PIF3蛋白表达及抗体定制

文章摘要



植物幼苗在土壤中萌发后，同时承受着土壤机械压力与光信号等多重环境因子的调控，然而，幼苗怎样整合出土过程中不断变化的多重环境因子信息，相应调控其叶绿体发育的分子机制尚未清楚。本研究通过转录组测序，分析发现EIN3能显著调控大量光合作用相关功能基因表达。电镜实验显示 *ein3* 突变体存在严重的叶绿体发育缺陷，且黄化质体发育表型与先前报道的光通路核心转录因子 *piF3* 突变体相似。分子遗传鉴定表明EIN3与PIF3在调控叶绿体发育中互相依赖，缺一不可。进一步体内和体外生化实验发现EIN3与PIF3蛋白有直接相互作用，并通过形成一个蛋白质复合体，直接结合到捕光蛋白家族LHC基因的启动子上，共同抑制LHC基因的表达。最后，该研究通过转基因组成型高表达部分LHC基因，发现黄化质体能呈现出与 *ein3* 或 *piF3* 突变体类似的发育缺陷表型，并在出土见光时遭受严重光氧化伤害。因此，该研究揭示EIN3和PIF3形成一个互相依赖的转录调控元件，实现对上游机械压力与光信号环境因子的整合，并通过直接抑制LHC基因转录，调控幼苗出土中的叶绿体发育进程。



利用电镜实验观察到 *ein3* 突变体存在严重的叶绿体发育缺陷，且黄化质体发育表型与先前报道的光通路核心转录因子 *piF3* 突变体相似。分子遗传鉴定表明EIN3与PIF3在调控叶绿体发育中互相依赖，缺一不可。

进一步体内和体外生化实验发现EIN3与PIF3蛋白有直接相互作用，并通过形成一个蛋白质复合体，利用ChIP-qPCR实验观察到直接结合到捕光蛋白家族LHC基因的启动子上，两者共同抑制LHC基因的表达。

ABclonal推荐



在本研究中，提出叶绿体的发育是由光和乙烯通过EIN3-PIF3转录模块调节的。EIN3-PIF3相互依赖的模块提供了一种分子机制，当黑暗和机械压力信号共存时，通过这种机制，黄化叶绿体分化停止。幼苗从土壤中出来后，会经历白天的明暗变化或者受到周围物体的机械压力时，EIN3-PIF3模块将受损，使叶绿体的持续生物发生达到光自养能力。因此，这种EIN3-PIF3相互依赖的模块确保了合适的叶原体叶绿体的发育，以适应苗期发生的复杂环境变化。将这些研究结合起来，相互依赖的转录因子模块可能是植物和动物在调节特定发育过程中融合内外信号的共同机制。今后识别和阐明这些模块的工作将大大提高科研工作者对由各种信号控制的相干细胞活性的理解。

文献标题

TMK1介导的生长素信号调控植物顶端弯钩的差异性生长



TMK1-mediated auxin signalling regulates differential growth of the apical hook

Min Cao^{1,2,3,5}, Rong Chen^{1,5}, Pan Li^{1,2,3,5}, Yongqiang Yu^{1,2}, Rui Zheng^{1,2,3}, Danfeng Ge^{1,2,3}, Wei Zheng², Xuhui Wang², Yangtao Gu², Zuzana Gelová⁴, Jiří Friml⁴, Heng Zhang¹, Renyi Liu², Jun He^{1,2} & Tongda Xu^{2*}

基本信息



种属	拟南芥	应用	WB IF RNA-Seq
期刊	Nature	影响因子	41.577
PMID	30944466	ABclonal合作技术	TMK1 _{C-terminal} 和 α-TMK1C蛋白表达及抗体定制

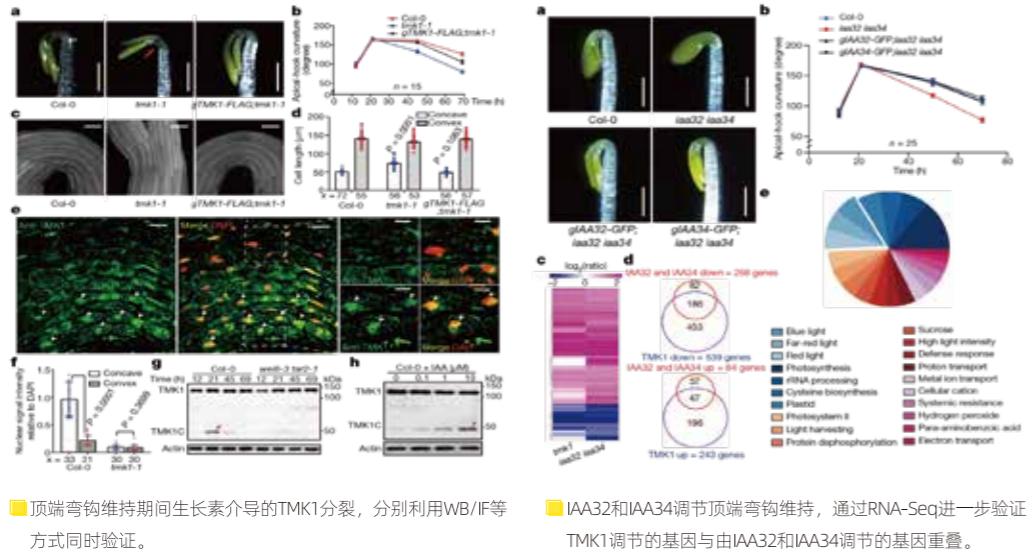
文章摘要



生长素作为植物最重要的激素之一调控了复杂的植物发育过程。不同浓度的生长素对植物的调控完全不同，但其浓度效应的作用机制目前尚不清楚。研究人员利用双子叶植物的顶端弯钩作为模型去研究内外侧不同生长素浓度如何导致差异性生长。

前期的研究报道了类受体激酶TMK (transmembrane kinase) 家族蛋白也参与生长素对植物细胞水平调控的信号传递。在这项最新的研究中，课题组发现TMK成员之一TMK1介导了生长素对于顶端弯钩发育的调控。在顶端弯钩维持阶段，其内侧细胞的高浓度生长素能促进TMK1剪切形成TMK1C末端片段并从细胞膜转运到细胞质和细胞核内，进而调控下游通路。通过探索，研究人员发现剪切后的TMK1C特异地和两个非经典Aux/IAA家族转录抑制子 (IAA32和IAA34) 互作并磷酸化IAA蛋白。Aux/IAA蛋白被报道是受到生长素细胞核内受体TIR1调控的转录抑制因子，并被TIR1介导的泛素化途径所降解。有意思的是，与TMK1C互作的IAA32/34并不具有与TIR1互作的结构区域，因此不能被TIR1所调控，这意味着TIR1介导的生长素信号途径和TMK1介导的生长素途径通过选择不同IAA蛋白来区分下游信号途径。更有意思的是，与之前报道的TIR1/AFB介导的生长素对Aux/IAA蛋白泛素化降解过程相反，生长素通过TMK1剪切后形成的TMK1C来稳定IAA32和IAA34蛋白，最终依然通过ARF转录因子来调控基因表达，在生长素聚集的地方抑制细胞生长，从而导致顶端弯钩内外侧的差异性生长。

实验数据



顶端弯钩维持期间生长素介导的TMK1分裂，分别利用WB/IF等方式同时验证。

IAA32和IAA34调节顶端弯钩维持，通过RNA-Seq进一步验证TMK1调节的基因与由IAA32和IAA34调节的基因重叠。

ABclonal推荐



该项研究阐明了一条新的生长素-TMK1-IAA32/34信号通路，一方面揭示了生长素通过TMK蛋白剪切的方式从细胞膜向细胞质和细胞核传递信号的新模式，另一方面揭示了生长素通过非典型IAA蛋白调控植物生长发育的分子机制。该信号通路解释了局部高浓度生长素抑制生长的分子机制从而解释了顶端弯钩维持阶段内外侧差异性生长的调控机制。该工作为生长素信号通路的研究开拓了新的思路，拓展了新的方向。

文献标题

拟南芥EIN3/EIL1与PIFs转录偶联对植物幼苗顶端弯钩调控的分子机制



Integrated Regulation of Apical Hook Development by Transcriptional Coupling of EIN3/EIL1 and PIFs in Arabidopsis

Xing Zhang,^{a,b} Yusi Ji,^b Chang Xue,^b Honghao Ma,^b Yulin Xi,^b Peixin Huang,^{a,b} Huan Wang,^b Fengying An,^b Bosheng Li,^a Yichuan Wang,^a and Hongwei Guo^{a,1}

^aInstitute of Plant and Food Science, Department of Biology, Southern University of Science and Technology (SUSTech), Shenzhen, Guangdong 518055, China

种属	拟南芥	应用	ChIP-PCR
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	30104405	ABclonal合作技术	MYC蛋白表达及抗体定制

基本信息



文章摘要



植物顶端弯钩的发育过程受到外源光、温度等信号和多种内源植物激素信号的调控，但调控机制并不清楚。郭红卫教授团队在2012年和2014年的工作相继发现乙烯信号通路的核心转录因子EIN3/EIL1直接结合HOOKLESS1 (HLS1) 的启动子序列并激活其基因转录，以此促进顶端弯钩的形成 (An et al., 2012 Cell Research; Zhang et al., 2014 Plant Cell)。HLS1是顶端弯钩形成的重要调控因子，突变体呈现弯钩完全消失的表型。

本研究延续过去的工作，发现PIFs转录因子是顶端弯钩发育过程中除EIN3/EIL1之外的又一类正向调控因子。PIFs是促进植物暗形态建成的核心蛋白，在见光后被迅速降解以开启光形态建成。PIFs识别E-box序列 (CAAATG, 区别于EIN3/EIL1结合位点) 并直接结合HLS1启动子从而上调HLS1表达促进顶端弯钩发育，此过程不依赖于EIN3/EIL1的存在。同时，EIN3/EIL1与PIFs以相似模式响应上游信号（植物激素乙烯、茉莉素、赤霉素和光），同时缺失两者后顶端弯钩表型消失并且不再受上游信号调控。

实验数据



A HLS1 promoter feature:



C HLS1 probe:

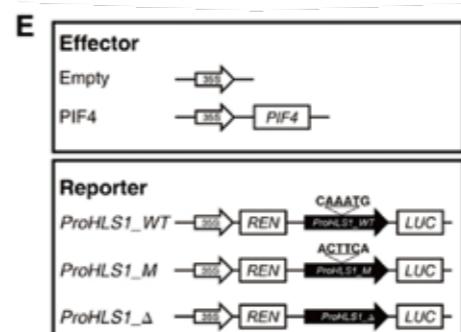
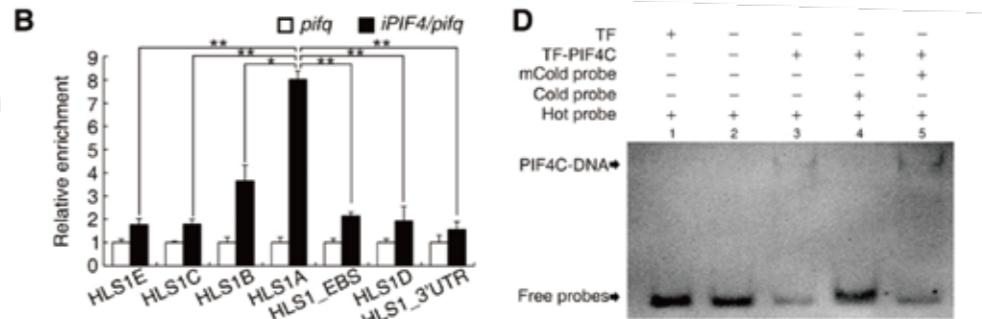
E-box CAAATG

TF PIF4C mCold probe Cold probe Hot probe

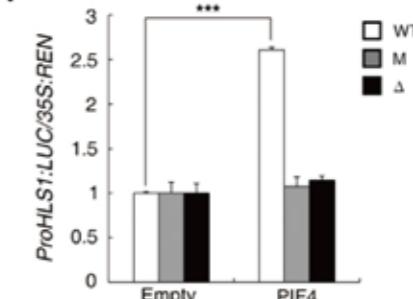
PIF4C-DNA*

Free probes*

1 2 3 4 5



F



PIF4直接与HLS1启动子中的一个元件结合，激活HLS1转录

ABclonal推荐



本研究揭示了EIN3/EIL1与PIFs两类转录因子组成的整合节点，共同介导光和激素等上游信号并调控HLS1等在顶端弯钩发育中具有重要作用的一系列基因。同时，本研究揭示的内源信号与外源信号整合调控植物生长发育的分子机制也为研究植物信号网络提供了一个范例。

文献标题

RGLG1和RGLG5通过介导PP2CA的泛素化降解从而促进打开ABA信号通路的激活机制



Ubiquitin Ligases RGLG1 and RGLG5 Regulate Abscisic Acid Signaling by Controlling the Turnover of Phosphatase PP2CA

Qian Wu,^{a,1} Xu Zhang,^{a,1} Marta Peirats-Llobet,^b Borja Beida-Palazon,^b Xiaofeng Wang,^a Shao Cui,^a Xiangchun Yu,^a Pedro L. Rodriguez,^{b,2} and Chengcai An^{a,2}

^aThe State Key Laboratory of Protein and Plant Gene Research, College of Life Sciences, School of Agriculture Science, Peking University, Beijing 100871, P.R. China

^bInstituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universidad Politécnica de Valencia, ES-46022 Valencia, Spain

ORCID IDs: 0000-0002-7499-3813 (X.Y.); 0000-0002-5886-9425 (P.L.R.)

基本信息

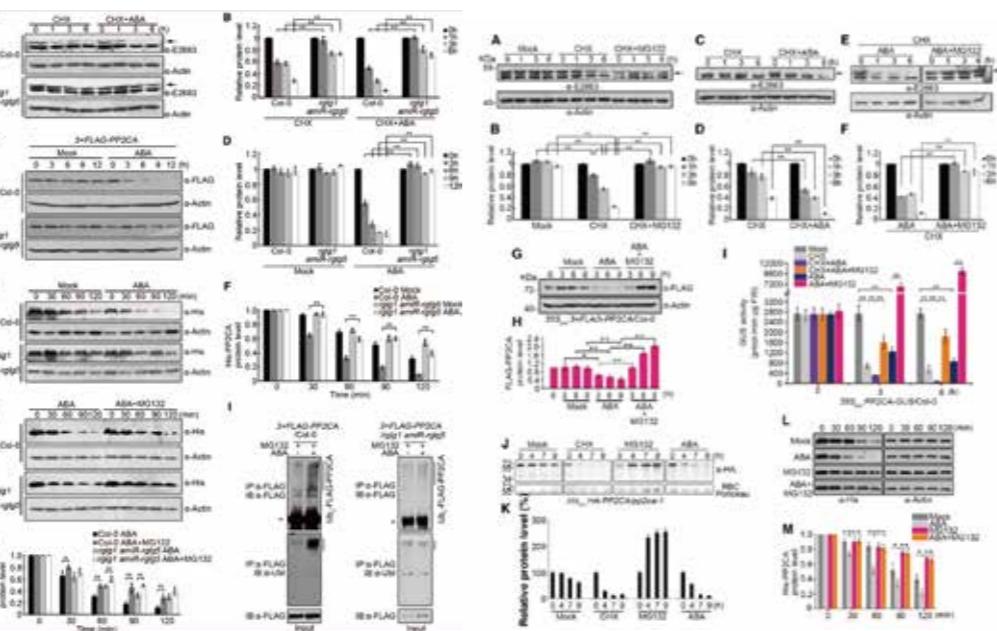


种属	拟南芥	应用	ChIP-PCR
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	27577789	ABclonal合作技术	PP2CA蛋白表达及抗体定制

文章摘要



本研究发现了ABA能够促进泛素连接酶小家族RGLGs中的成员RGLG1和RGLG5与多个蛋白磷酸酶PP2CA、ABI2以及HAB2在植物体内相互作用，并发现RGLG1和RGLG5的功能缺失导致对ABA抑制的种子萌发、萌发后生长以及根生长效应的敏感性降低，ABA应答基因的表达明显受阻，植物对干旱和盐胁迫的抗性减弱。进一步的研究发现，RGLG1和RGLG5能够直接介导PP2CA、HAB2以及ABI2的泛素化，而ABA能够促进PP2CA的泛素化降解，并且这一促进作用在RGLG1和RGLG5的功能缺失突变体中消失。进而通过表型回复实验，证明了RGLG1和RGLG5在ABA信号应答中的功能依赖于PP2CA的活性。



■ ABA增强PP2ca的泛素化并促进其与体内RGLG1/5的相互作用 ■ ABA可增强由26S蛋白酶体途径介导的PP2CA泛素化降解

ABclonal推荐



植物激素脱落酸（ABA）在植物生长发育和抵御外界胁迫的过程中发挥着重要作用，ABA信号的传递起始于ABA识别并结合PYR/PYLs类受体蛋白，并且促进其对下游负调控因子PP2Cs（蛋白磷酸酶）的抑制作用，从而激活一系列应答反应。然而对于PP2Cs及其调控机理却所知甚少，尤其是蛋白水平的调控。该研究发现了与ABA信号重要负调因子PP2Cs的互作蛋白RGLG1和RGLG5，揭示了在ABA的作用下，RGLG1和RGLG5通过介导PP2CA的泛素化降解从而促进打开ABA信号通路的激活机制。

文献标题

芸苔属植物通过对重复基因的功能分化以及转录调控补救嵌合基因所带来的不利影响



Altered Transcription and Neofunctionalization of Duplicated Genes Rescue the Harmful Effects of a Chimeric Gene in *Brassica napus*

Shengqian Xia, Zhixin Wang, Haiyan Zhang, Kaining Hu, Zhiqiang Zhang, Maomao Qin, Xiaoling Dun,¹ Bin Yi, Jing Wen, Chaozhi Ma, Jinxiang Shen, Tingdong Fu, and Jinxing Tu²

National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, College of Plant Science and Technology, National Sub-Center of Rapeseed Improvement in Wuhan, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

ORCID ID: 0000-0001-5131-4526 (J.T.)

种属	甘蓝型油菜	应用	WB
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	27559024	ABclonal合作技术	Bnams4 ^b 蛋白表达及抗体定制

实验数据



基本信息

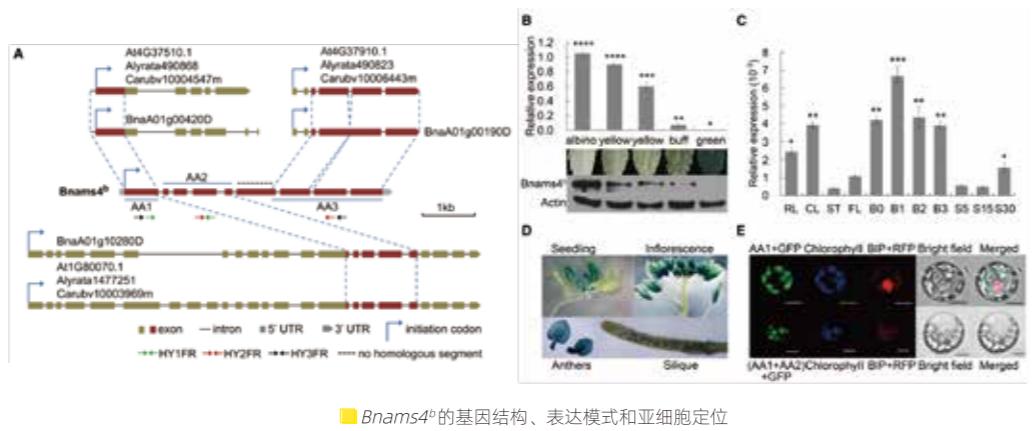


文章摘要



在本次报道的研究论文中，研究人员利用图位克隆的方法，综合利用拟南芥、白菜、甘蓝以及甘蓝型油菜的参考基因组，结合BAC文库以及第二代高通量测序策略，先后历时15年最终克隆了控制油菜核不育系统7365ABC的不育关键基因Bnams4^b。研究发现核不育基因Bnams4^b是一个新起源的嵌合基因，它起源于460万年前的三个祖先基因的2次外显子重排事件，Bnams4^b能影响质体的正常发育、引起花药败育以及叶片和新芽的黄化，为一个有害的新起源基因。该基因是新基因（起源时间较短，通常为几百到几十万年的基因），且能引起雄性不育以及对植物发育不利，理应在进化上被淘汰掉，因此该基因的存活是一个有趣的科学问题。论文揭示了与Bnams4^b共进化且通过“新功能化”形成的抑制基因BnaMs3是其存活下来的原因之一，BnaMs3可在蛋白质水平上恢复其育性，使得该有害基因能保存下来直到人们发现和利用这个基因。另一个抑制基因Bnams4^a则通过降低Bnams4^b的转录水平来遏制有害基因的表达。另外，Bnams4^b也可以引起芸薹科其他植物，比如拟南芥稳定、彻底的雄性不育，并且可以被抑制基因BnaMs3恢复育性，暗示利用这些基因可以在其他物种中构建出稳定的可进行杂种优势利用的雄性核不育系统。芸薹属植物可在基因组上以新功能化和改变转录水平的方式来阻止由于新形成的嵌合基因导致营养生长和生殖生长的发育缺陷。

实验数据



ABclonal推荐



甘蓝型油菜是重要的芸薹科物种，是人类食用植物油的重要来源之一，为异源四倍体（AACC, 2n=38），它是由基本种白菜（AA, 2n=20）和甘蓝（CC, 2n=18）在大约1万年前通过天然杂交（达尔文的无意识选择），以多起源方式形成，被认为是一个“年轻”的物种。油菜杂种优势利用是培育油菜优良新品种的重要方法，其途径主要有细胞质雄性不育、细胞核雄性不育、自交不亲和、化学杀雄等。到目前为止，细胞质雄性不育被认为是培育油菜优良杂交种的最重要的途径之一。相对于细胞质雄性不育，细胞核雄性不育具有育性稳定、无胞质负效应、易转育且恢复源广得到优点。该研究发现了控制油菜细胞核雄性系统7365ABC的关键的不育基因 *Bnms4^b* 为新形成的嵌合基因，同时解析了其两个恢复基因 *Bnms3* 和 *Bnms4^a* 的遗传机制，这对阐明该雄性不育分子机理和促进新型智能核不育的应用具有重要意义。

文献标题

玉米胚/胚乳贮藏蛋白重分配依赖于VP1介导的籽粒盾片发育和营养同化

The Plant Cell, Vol. 31: 2613–2635, November 2019, www.plantcell.org © 2019 ASPB.

Check for updates

Intra-Kernel Reallocation of Proteins in Maize Depends on VP1-Mediated Scutellum Development and Nutrient Assimilation^[OPEN]

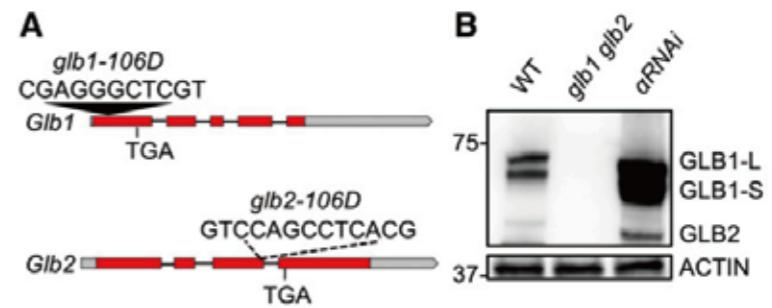
Xixi Zheng,^{a,b,1} Qi Li,^{a,b,1} Changsheng Li,^c Dong An,^c Qiao Xiao,^{a,b} Wenqin Wang,^c and Yongrui Wu^{a,2}

种属	玉米	应用	WB
期刊	Plant Cell	影响因子	8.631
PMID	31530735	ABclonal合作技术	GLBs的抗体订制

在玉米籽粒发育过程中，胚乳主要负责光合同化产物的储存，并为胚的发育提供滋养。 α -淳溶蛋白(α -zein)和球蛋白(globulins, GLBs)分别主要储存在玉米的胚乳和胚中，在本研究中，通过RNAi将胚乳中的 α -淳溶蛋白合成基因沉默(α RNAi)，使得胚乳中 α -淳溶蛋白含量降低，但是同

时还导致了胚中的球蛋白含量大量增加，贮藏液泡(protein storage vacuoles, PSV)的大小和数量也大量增加，这说明胚和胚乳之间存在着蛋白的重分配(protein reallocation)。在 α RNAi中, *Glb*基因(球蛋白合成基因)在盾片(胚和胚乳的连接处)的中上层部位大量表达，并导致该部位的细胞体积明显变大。而去除 $GLBs$ 后，不管是否沉默 α -zein，都会使得胚内蛋白含量明显减少，这说明GLBs是胚中的主要贮藏蛋白。胚和胚乳间蛋白重分配调控主要发生在转录水平上， α RNAi和WT中差异表达的基因涉及到硫同化、营养物质代谢等通路，而这些差异表达的基因很多都是受到盾片特异表达基因 $VP1$ (*VIVIPAROUS1*)调控。进一步发现， $VP1$ 突变体存在盾片发育障碍，而且胚和胚乳间的蛋白重分配也不复存在。这些结果说明， $VP1$ 对于盾片的发育和胚/胚乳蛋白的重分配非常重要。

实验数据



玉米籽粒中胚乳的主要贮藏蛋白是醇溶蛋白，而胚的主要贮藏蛋白是球蛋白。其中醇溶蛋白不易被人体吸收，不含有赖氨酸；而球蛋白则富含赖氨酸，更富有营养价值。有趣的是，玉米胚乳特异转录因子 $Opaque2$ 的突变，会使醇溶蛋白合成基因表达减少，醇溶蛋白含量降低，但是同时却还伴随着富含赖氨酸的谷蛋白和球蛋白含量大量增加，从而增加了玉米籽粒的营养品质，这种现象被称为蛋白的重分配，而这也是玉米品质改良育种的理论基础。在这篇文章中，作者发现蛋白重分配不仅在胚乳中存在，而在胚乳和胚之间也存在，减少胚乳中醇溶蛋白的含量，会使胚中的球蛋白含量增加。而且胚和胚乳间的蛋白重分配是由盾片特异表达基因 $VP1$ 所调控的。本文的结果进一步揭示了玉米籽粒营养品质形成的分子机制，并为高赖氨酸玉米育种提供了新的思路。

基本信息



文章摘要



文献标题

ZmNLP5转录因子参与调节玉米的氮响应

the plant journal

S E B
SOCIETY FOR EXPERIMENTAL BIOLOGY

Original Article | Open Access |

The NIN-like protein 5 (ZmNLP5) transcription factor is involved in modulating the nitrogen response in maize

Min Ge, Yuancong Wang, Yuhe Liu, Lu Jiang, Bing He, Lihua Ning, Hongyang Du, Yuanda Lv, Ling Zhou, Feng Lin, Tifu Zhang, Shuaiqiang Liang, Haiyan Lu, Han Zhao

First published: 02 December 2019 | <https://doi.org/10.1111/tpj.14628>

基本信息

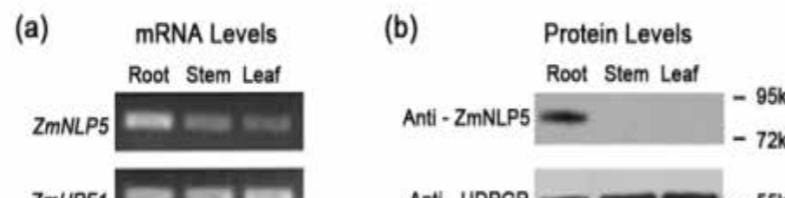
种属	玉米	应用	WB ChIP-qPCR
期刊	The Plant Journal	影响因子	5.726
PMID	31793100	ABclonal合作技术	ZmNLP5的抗体订制

文章摘要

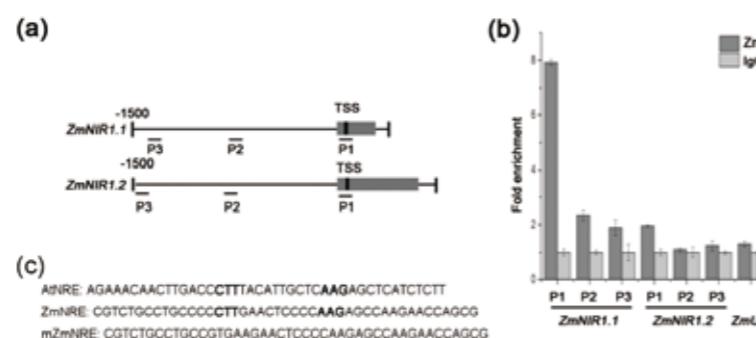


玉米对氮肥非常敏感，在氮肥充足的情况下会得到很高的产量。在这篇文章中，作者报道了一个玉米NIN家族转录因子ZmNLP5 (NIN-like protein 5) 在植株氮代谢过程中扮演中心作用。*zmnlp5*主要在根和维管组织中表达，并且受到氮肥的诱导。在氮供应不充足时，*zmnlp5*根中的硝酸盐、亚硝酸盐，以及茎中的氨基含量明显低于野生型，另外，*zmnlp5*旗叶和籽粒中的氮含量也显著低于野生型。而将*ZmNLP5* cDNA转入*zmnlp5*中，能显著的提高*zmnlp5*根中的硝酸盐含量。另外，在*zmnlp5*中，一些氮信号通路基因和氮代谢相关基因表达发生变化，作者进一步发现ZmNLP1能直接结合在硝酸还原酶基因*ZmNIR1.1*的5'UTR上的硝酸盐响应元件NRE (nitrate-responsive *cis*-element)上。有趣的是，玉米自交系Mo 17含有一个功能缺失的*ZmNLP5*等位基因，而Mo 17籽粒和叶片中氮含量也偏低。因此，本研究的结果显示，ZmNLP5在玉米的氮响应过程中扮演重要角色。

实验数据



ZmNLP5主要在根和维管组织中表达



ZmNLP5通过NRE结合激活ZmNIR1.1的表达

ABclonal推荐



在保证农作物高产的前提下，降低氮肥的使用，不仅能节约生产成本，还能保护环境，因此提高作物的氮利用效率NUE (Nuse efficiency)具有重要意义。豆科植物的结瘤因子NIN (NODULE INCEPTION) 在豆科植物生物固氮过程中扮演着核心角色，在本研究中，作者利用生物信息学分析，系统的研究了玉米中的NIN-like protein，并发现ZmNLP5最有可能参与玉米的氮代谢和氮响应。作者进一步利用遗传学、分子生物学等研究手段证明了ZmNLP5在玉米氮同化和氮响应中的作用。更加重要的是，作者发现ZmNLP5的自然变异对于玉米自交系的氮积累量有明显影响，这说明ZmNLP5对于玉米的NUE改良具有重要意义。

文献标题

OPAQUE11在玉米胚乳发育和营养代谢过程中的核心调控作用



OPAQUE11 Is a Central Hub of the Regulatory Network for Maize Endosperm Development and Nutrient Metabolism

Fan Feng,^a Weiwei Qi,^a Yuanda Lv,^b Shumei Yan,^a Liming Xu,^a Wenyao Yang,^a Yue Yuan,^a Yihan Chen,^a Han Zhao,^b and Rentao Song^{a,c,1}

基本信息



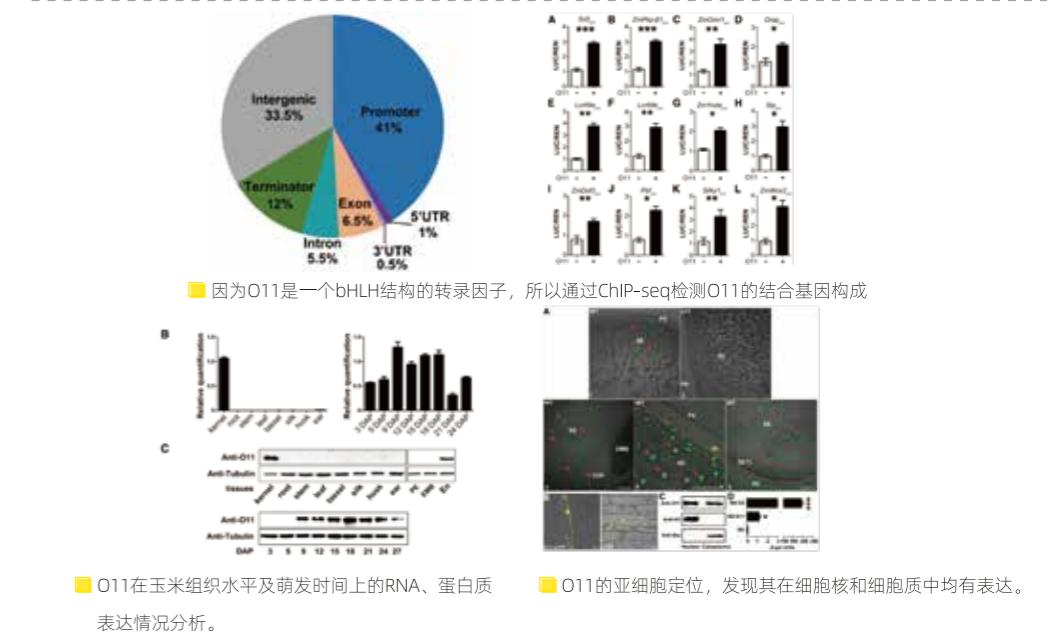
种属	玉米	应用	WB IF ChIP
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	29436476	ABclonal合作技术	O11 和 ZmICE1的抗体订制

文章摘要



玉米胚乳是营养物质储存的主要组织，在发育过程中高度分化。然而，胚乳发育和营养代谢的调控网络仍知之甚少。玉米*opaque11* (*o11*)是一种典型的种子突变体，具有小而不透明的胚乳，其淀粉和蛋白质积累减少。研究人员克隆了*O11*，发现其编码一种胚乳特异性的bHLH转录因子。*O11*的功能缺失显著影响碳水化合物/氨基酸代谢和胁迫响应基因的转录。全基因组结合位点分析揭示出9,885个*O11*结合位点，分布在6033个基因上。通过染色质免疫沉淀测序 (ChIP-seq) 与RNA测序 (RNA-seq)，研究人员鉴定出259个*O11*调控的靶基因。*O11*可直接调控胚乳发育 (NKD2和ZmDof3) 和营养代谢 (O2和PBF) 过程中的关键转录因子。此外，*O11*可直接调控cyPPDK和多种碳水化合物代谢酶。*O11*可激活ZmYODA，暗示其通过MAPK途径调控胚乳发育。许多胁迫响应基因也是*O11*的直接靶标。此外，研究人员还发现11个与*O11*互作的蛋白质，包括共同调控胁迫响应靶基因和ZmYODA的ZmICE1。总结而言，该研究揭示了以*O11*为中心的胚乳调控网络，该网络协调了胚乳发育、代谢和胁迫响应。

实验数据



文献标题

玉米VKS1蛋白调节早期胚乳发育过程中的有丝分裂和细胞分裂



Maize VKS1 Regulates Mitosis and Cytokinesis during Early Endosperm Development

Yongcai Huang^{1, 2, 4}, Haihai Wang^{1, 4}, Xing Huang^{1, 2}, Qiong Wang¹, Jiechen Wang¹, Dong An³, Jiqin Li¹, Wenqin Wang³, Yongrui Wu^{1*}

种属	玉米	应用	WB IF
期刊	Plant Cell	影响因子	8.228
PMID	30962394	ABclonal合作技术	VKS1蛋白表达及抗体定制

基本信息

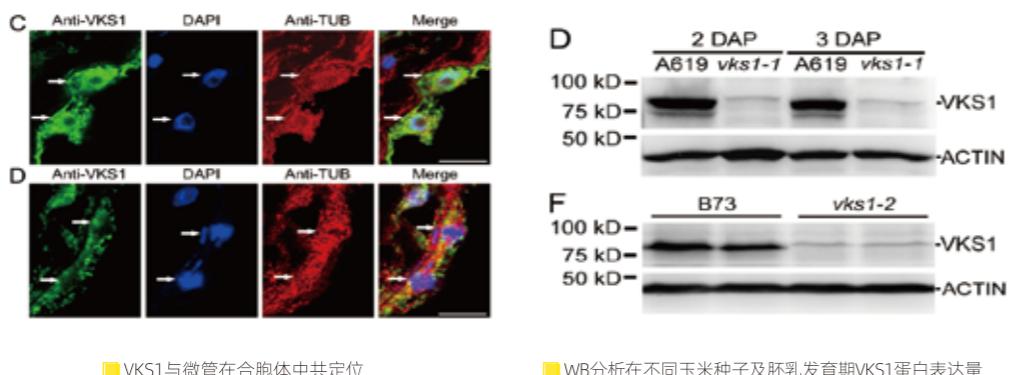


文章摘要



胚乳早期发育是籽粒发育的一个重要阶段，伴随着快速而活跃的细胞分裂过程，短时间内形成大量的胚乳细胞，是决定玉米籽粒大小和产量的关键因素，但具体的作用机制一直不是很清楚。研究者对玉米整个籽粒发育过程进行了细胞学观察，发现突变体籽粒变小的主要原因是早期胚乳发育过程中细胞数目减少。进一步的遗传和分子细胞学研究表明由于马达驱动蛋白（ZmKIN11）失去功能，在玉米早期胚乳快速的细胞分裂过程中，影响了游离核的核质域形成及迁移，以及在有丝分裂过程中纺锤体的组装、染色体的分离及成膜体的形成，最终影响了早期胚乳发育过程中细胞的增殖。一个纯合突变体果穗上不同籽粒由于有丝分裂和胞质分裂异常程度不同，从而导致大小变异的籽粒。

实验数据



ABclonal推荐



该研究通过大规模EMS诱变，筛选到一个影响籽粒发育的突变体，并首次运用活体的免疫荧光方法研究玉米早期胚乳发育，通过遗传学、分子生物学和细胞学的方法解析了驱动蛋白KIN11（ZmVKS1）在玉米早期胚乳发育中作用机制。这是玉米胚乳发育的一个里程碑式的研究，它将早期胚乳发育中特定基因、正向遗传学、细胞生物学、发育和产量性状联系在一起。这项研究将是这一领域良好的开端。

文献标题

月季转录因子PTM通过PIP2; 1水通道蛋白平衡植株生长和干旱存活



ARTICLES

In rose, transcription factor PTM balances growth and drought survival via PIP2;1 aquaporin

Shuai Zhang^{1,7}, Ming Feng^{1,7}, Wen Chen^{2,7}, Xiaofeng Zhou¹, Jingyun Lu¹, Yaru Wang¹, Yonghong Li³, Cai-Zhong Jiang^{4,5}, Su-Sheng Gan⁶, Nan Ma^{1*} and Junping Gao^{1*}

种属	月季和烟草	应用	WB
期刊	Nature Plants	影响因子	11.471
PMID	30833710	ABclonal合作技术	RhPTM蛋白表达及抗体定制

基本信息

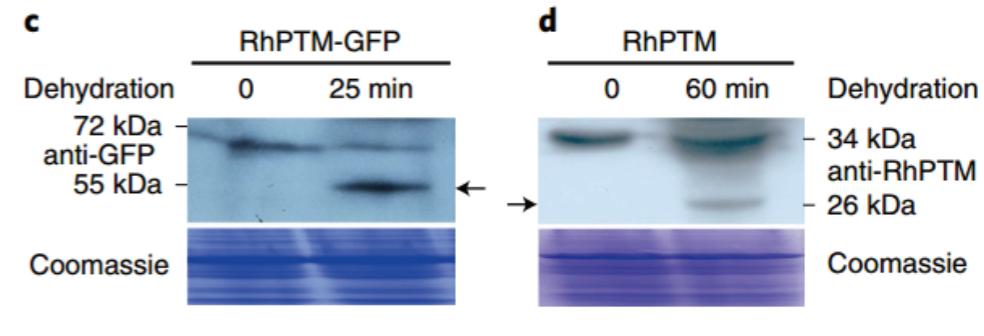


文章摘要



月季质膜型水通道蛋白RhPIP2;1通过控制细胞吸水扩展，从而调节了花瓣生长和花朵开放品质。为了阐明其潜在的作用机制，研究者发现月季中的RhPIP2;1能够与定位于质膜的MYB类转录因子RhPTM相互作用。水分亏缺快速诱导RhPIP2;1第273位丝氨酸残基发生磷酸化修饰，从而导致RhPTM的C-末端从膜上解离并进入细胞核。RhPTM的C-端作为转录抑制子，降低了碳水化合物合成相关基因的表达，减缓了植株生长。沉默RhPTM基因后，提高了植株各器官在干旱胁迫下的生长量，但显著降低了植株的存活率。这一发现揭示了以RhPIP2;1-RhPTM模块为核心，调节干旱胁迫下植株“生长—存活”平衡的新途径。

实验数据



ABclonal推荐



该研究应用分裂泛素膜酵母双杂交（MYTH）筛选，双分子荧光互补和荧光共定位找到水通道蛋白RhPIP2;1与膜结合的MYB蛋白RhPTM相互作用，点突变技术产生磷酸化缺陷型和磷酸化模拟形式发现磷酸化影响RhPTM定位，RNA测序进一步表明RhPTM影响与碳水化合物代谢相关的基因的表达。翻译后修饰是植物逆境研究的热点方向，诸多的研究揭示了包括磷酸化、糖基化、泛素化等在内的翻译后修饰调控逆境胁迫响应。在植物逆境条件下，研究A蛋白结合并磷酸化B蛋白，促进B蛋白入核，进而促进代谢、生长等信号通路的表达，最终促进植物应对逆境胁迫。文章研究思路经典，在其他领域也有类似的思路应用，值得参考与学习。

文献标题

一种新型番茄F-box蛋白SIEBF3参与调节植物发育和跃变型果实成熟过程中乙烯信号转导

the plant journal



A novel tomato F-box protein, SIEBF3, is involved in tuning ethylene signaling during plant development and climacteric fruit ripening

Heng Deng¹, Julien Pirrello², Yao Chen¹, Nan Li¹, Sihua Zhu¹, Ximena Chirinos², Mondher Bouzayen², Yongsheng Liu¹, Mingchun Liu^{1*}

基本信息



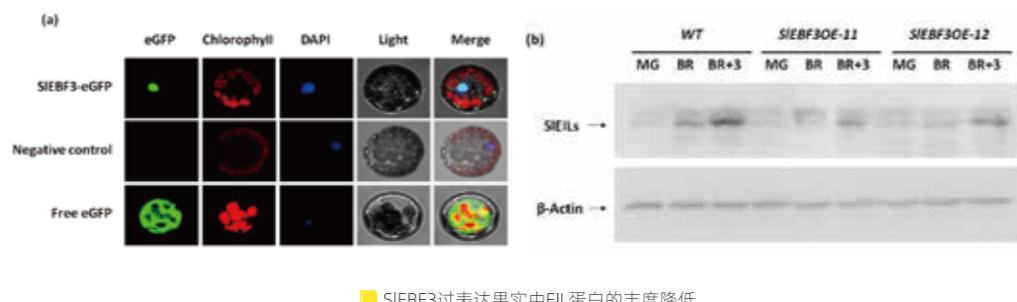
种属	番茄	应用	WB
期刊	The Plant Journal	影响因子	5.775
PMID	29797363	ABclonal合作技术	EIL蛋白表达及抗体定制

文章摘要



乙烯有助于跃变型果实成熟，EIN3 BINDING F-BOX (EBF) 蛋白通过调控拟南芥EIN3/EIL的降解，从而介导乙烯响应。然而，番茄EBF在乙烯依赖的果实成熟中的作用和分子机理仍不清楚。该研究从番茄基因组中鉴定出两个新的EBF基因 *SIEBF3* 和 *SIEBF4*，并且*SIEBF3*表现出与成熟相关的表达模式，表明其可能参与调控果实成熟阶段的乙烯响应。*SIEBF3*下调的番茄株系无明显的成熟相关表型，可能是由于*SIEBF*家族成员之间的功能具有冗余性。相比较而言，*SIEBF3*过表达株系则表现出乙烯相关的多效变化，包括抑制果实成熟、降低三重反应及延迟花瓣脱落。酵母双杂交和BiFC实验结果表明，*SIEBF3*与所有已知的番茄SIEIL蛋白存在相互作用，并且在*SIEBF3*过表达果实中总的SIEIL蛋白水平降低，证实*SIEBF3*介导的EIL蛋白降解导致乙烯敏感性降低和果实成熟缺陷。此外，EIL1通过反馈回路调控*SIEBF3*表达，表明其参与调控乙烯信号转导及响应。

实验数据



SIEBF3过表达果实中EIL蛋白的丰度降低

ABclonal推荐



该研究利用酵母双杂交和BiFC实验，过表达研究蛋白之间作用关系，表型影响，以及信号转导调控。揭示了一种新的番茄EBF基因在跃变型果实成熟中的作用，从而为肉质果实成熟调控提供了新的基因资源。

文献标题

BES/BZR转录因子TaBZR2调节小麦干旱响应机制

BES/BZR Transcription Factor TaBZR2 Positively Regulates Drought Responses by Activation of *TaGST1*^{1[OPEN]}

Xiao-Yu Cui,^{a,d,2} Yuan Gao,^{a,2} Jun Guo,^b Tai-Fei Yu,^a Wei-Jun Zheng,^b Yong-Wei Liu,^c Jun Chen,^a Zhao-Shi Xu,^{a,3,4} and You-Zhi Ma^{a,3}

种属	小麦	应用	WB
期刊	Plant Physiology	影响因子	6.305
PMID	30842265	ABclonal合作技术	TaBZR2的抗体订制

基本信息

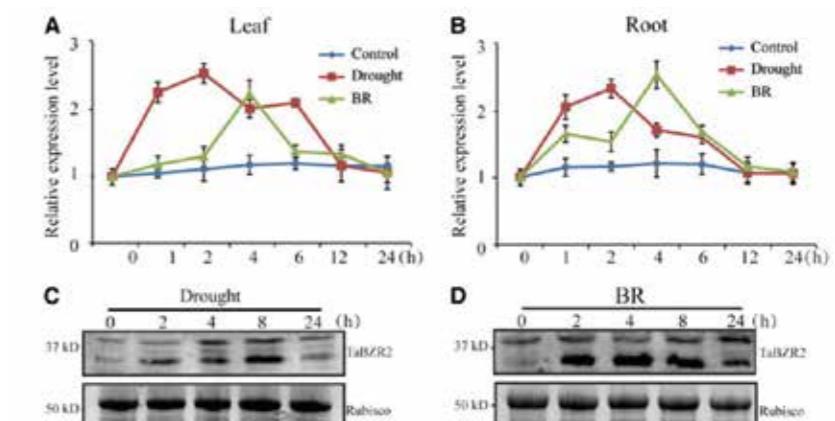


文章摘要



BES/BZR家族转录因子参与了一系列的生理过程，但是还有一些BES/BZR转录因子的功能仍然未知，另外BES/BZR转录因子是否参与了植物的逆境响应也有待研究。在这篇文章中，作者发现，在小麦中过量表达TaBZR2能使植物表现出抗旱的表型，而通过RNAi在小麦中沉默TaBZR2，会使植株表现出对干旱敏感。EMSA实验和萤光素酶报告基因分析实验结果显示，TaBZR2能直接结合在TaGST1基因的启动子上，而 TaGST1能够消除小麦在干旱逆境中所产生的活性氧 (O_2^-)。另外，TaBZR2是BR信号通路的正调控因子，外源BR处理能够促进TaBZR2介导的活性氧消除以及一些抗氧化酶基因的表达。综上，小麦BES/BZR家族转录因子TaBZR2能够通过激活 TaGST1的表达以及BR信号通路的响应，来增加小麦植株对干旱胁迫的抗性。另外，本文的结果还揭示了BES/BZR家族转录因子在小麦的干旱响应中的具体作用。

实验数据



干旱和外源BR条件下小麦中TaBZR2表达与定位

ABclonal推荐



小麦是重要的粮食作物，然而由于小麦是六倍体，基因组复杂，对于小麦的研究很长时间内都是集中在基因组层面，而很少聚焦到具体的某个基因上。当前，随着小麦的参考基因组数据库逐渐完善，小麦的功能基因组研究越来越深入，不断有重要基因得到克隆。本文通过转录组数据，筛选到一个BR和干旱诱导的BES/BZR家族转录因子，然后通过一些列生化、分子、遗传学实验，证实了BES/BZR在小麦干旱胁迫中的作用，并进一步解析了BES/BZR作用机制。本文的研究路线是小麦反向遗传学研究的一个经典案例。