
研究揭示荒漠蓝藻耐受极端干燥脱水的机制

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20384.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

研究揭示荒漠蓝藻耐受极端干燥脱水的机制。近日，国际著名学术期刊PNAS发表了华中师范大学生命科学院邱保胜教授课题组关于荒漠蓝藻耐干燥脱水的最新研究进展，论文题目为Coevolution of tandemly repeated hlips and RpaB-like transcriptional factor confers desiccation tolerance to subaerial Nostoc species。

干燥脱水(Desiccation)是自然界最严酷的逆境胁迫之一，严重影响生物的细胞结构和生理功能。虽然绝大多数生物干燥脱水后都不能存活，但少数物种可以从长期完全脱水状态下再次吸水复苏，这种干而不死的奇特现象一直是生物学界感兴趣的话题。1702年，显微镜之父安东尼·列文虎克观察到轮虫干燥脱水后可以复活，此后科学家们围绕酿酒酵母、复苏植物和水熊虫等复苏生物的耐干燥脱水开展了大量研究。近20年来，多组学技术的综合运用为人们揭示生物耐受干燥脱水的机制提供了一些线索，几个胁迫效应蛋白被认为在其中发挥重要功能。由于复苏生物往往缺乏遗传操作系统，这些蛋白在生物体内，特别是在光合生物中的作用机制仍不清楚。荒漠蓝藻在生物土壤结皮的形成与群落演替中发挥关键作用，揭示它们在干燥脱水过程中独特的光合保护机制，将有助于更好地理解光合生物的脱水耐受策略，为荒漠退化土地生态修复的技术革新与农作物的抗旱育种提供新思路。

邱保胜课题组二十多年致力于荒漠蓝藻发菜的研究，受邀为国家林业和草原局提供野生植物发菜国家一级保护的定级咨询建议，被国务院批准的新版《国家重点保护野生植物名录》采纳。课题组率先向国际同行公布并共享了发菜的全基因组信息，构建了发菜转录调控网络筛选系统平台，运用基因编辑技术突破了发菜遗传操作技术瓶颈，进而将发菜发展成为研究荒漠蓝藻的模式材料。

在此基础上，课题组鉴定到发菜基因组中一个高光诱导蛋白四基因串联重复(hlip-cluster)，在发菜耐受干燥脱水过程中发挥重要作用。该基因串联重复能特异、快速地响应干燥脱水而上调表达。通过基因编辑技术获得敲除突变体后，光系统II修复能力受损，耐干燥脱水能力显著下降。同时，hlip-cluster异源表达能显著增强脱水敏感藻株Nostoc PCC 7120的脱水耐受性。通过转录因子文库筛选，发现转录因子Hrf1可协同调控hlips-cluster与干燥诱导型psbA的表达，其在发菜适应恶劣的荒漠生境中起负向调节作用。系统发育分析显示，Hlip-cluster与转录因子Hrf1在陆生念珠藻类群中发生共进化，这为光合生物的耐旱机制提供了新的进化视角。

课题组的研究表明，念珠藻中Hrf1-hlips模块可促进干燥脱水过程中hlips的快速高效表达，最大限度地减少干燥脱水过程中的光损伤，从而使其在清晨短暂的复水生长窗口期内迅速恢复光合活性，争取更多的生长时间，得以在极端恶劣的荒漠环境中生存。

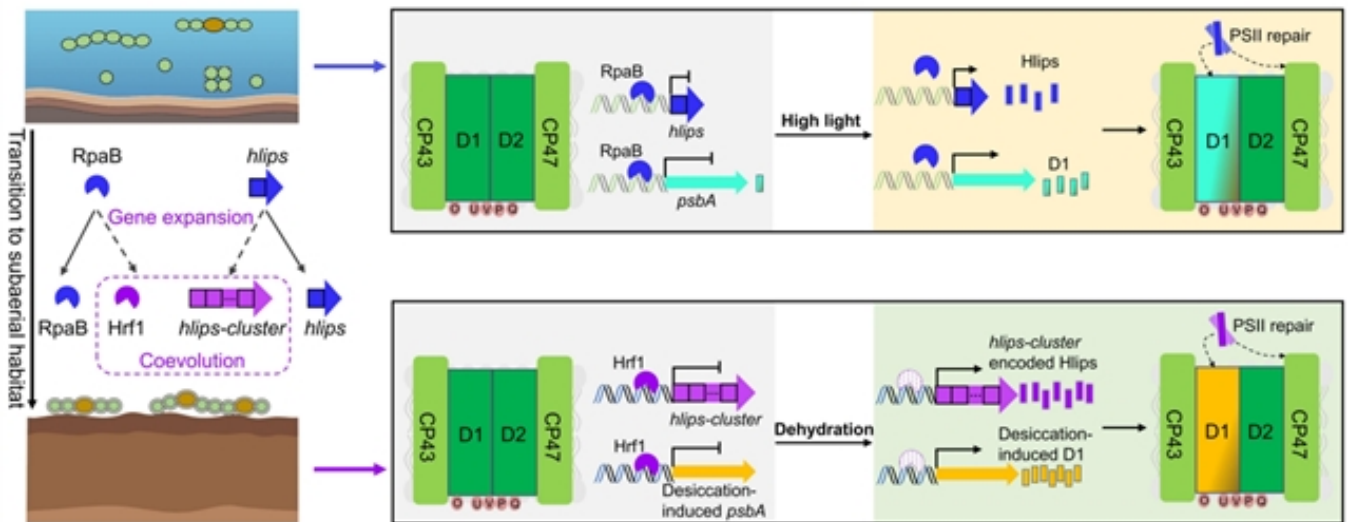


图1. hli基因簇与转录因子Hrf1的共进化让陆生念珠藻获得耐干燥脱水能力

该工作得到了国家自然科学基金的资助。课题组博士后徐海锋为论文第一作者，戴国政副教授为共同第一作者，博士生白扬、博士后尚金龙等人参与了该项研究，美国德克萨斯理工大学施华中教授和以色列希伯来大学Aaron Kaplan教授对该工作亦有重要贡献。邱保胜教授为论文通讯作者，华中师范大学为论文的第一完成单位。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1073/pnas.2211244119>

作者：邱保胜等 来源：PNAS

更多科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发