

研究揭示水稻开花分子调控新机制

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27110.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！

研究揭示水稻开花分子调控新机制。近日，南京农业大学教授、中国工程院院士万建民团队与北京大学教授贾桂芳团队合作，在《分子植物》（Molecular Plant）发表了研究论文。该论文揭示了RNA结合蛋白通过m6A途径介导的相分离过程调控水稻抽穗期的机制。



南京农业大学供图

水稻抽穗期是决定品种地区和季节适应性的关键性状，影响水稻的产量和品质。挖掘新的抽穗期基因，解析抽穗期分子调控机制，对培育高产、优质、广适的水稻品种具有重要意义。

m6A是指RNA分子中腺嘌呤的N6位置上发生的甲基化修饰，是真核生物mRNA中最常见和最重要的RNA修饰之一。研究发现该修饰被m6A阅读器识别后具有影响mRNA的稳定性、前体RNA的剪接、选择性多聚腺苷酸化和促进翻译等生物学功能。然而，水稻抽穗期是否受到m6A途径的调控并不清楚；另外，近年来的研究发现m6A还会参与翻译抑制过程，但是其分子机制仍有待解析。

该研究定位克隆到一个在长短日照均能促进水稻抽穗的基因EHD6，其在细胞质内呈现散点状分

布，并编码一个RNA结合蛋白。

进一步研究发现，EHD6能够与含有YTH结构域的m6A阅读器蛋白YTH07互作。研究不仅发现了RNA结合蛋白通过与YTH家族互作高效结合m6A的现象，揭示了m6A通过相分离抑制蛋白积累的分子机制，还为水稻抽穗期调控提供了EHD6、YTH07等基因资源。

万建民课题组崔松博士和贾桂芳课题组宋培哲博士后为论文共同第一作者，万建民、周时荣和贾桂芳为该论文的共同通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划项目、国家自然科学基金项目、江苏省自然科学基金项目和生物育种钟山实验室项目的资助。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.molp.2024.05.002>

作者：万建民等 来源：《分子植物》

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