

---

# 成都生物所在禾本科植物 - 淀粉酶基因家族研究方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/4618.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！*

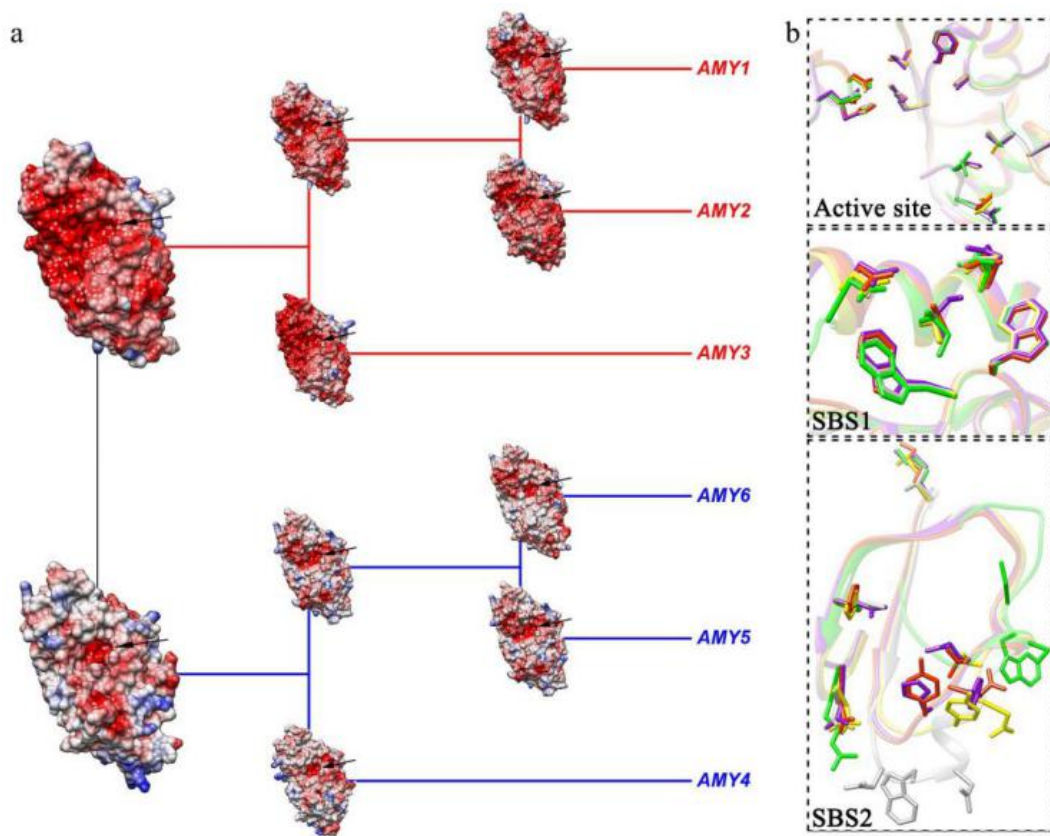
成都生物所在禾本科植物 -淀粉酶基因家族研究方面取得进展。淀粉广泛存在于植物体内的各组织器官中，为其整个生长发育进程提供必要的碳物质来源和能量供应，同时还作为局部信号分子应答生物与非生物因子逆境胁迫。植物淀粉的降解需要多种淀粉水解酶的协作参与。

-淀粉酶是最重要的水解酶之一，在绿色植物基因组中包含由多个亚基因家族(AMYs)编码的多种亚型，使植物在不同组织器官中能对不同淀粉类碳水化合物进行降解。

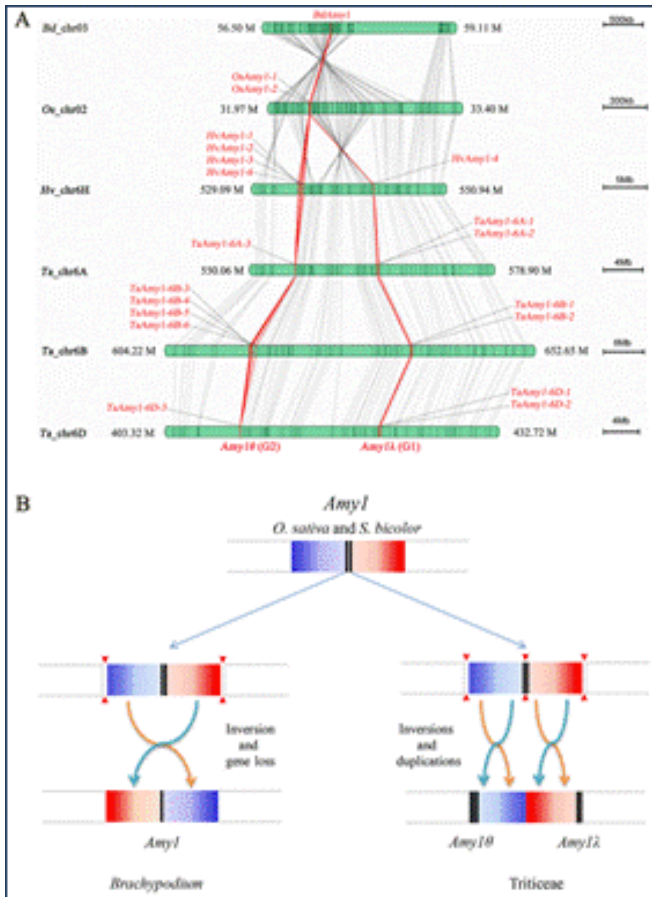
为更好理解禾本科植物AMY基因的潜在分化，中国科学院成都生物研究所余懋群课题组博士研究生琚亮亮对从低等藻类到高等开花植物的78个物种基因组AMY基因进行了系统分析，将其划分为6个亚家族，建议将其命名为AMY1-AMY6。其中，高等电点AMY1与低等电点AMY2是禾本科植物特有的两个亚家族，共同起源于单一拷贝的AMY3结构位点，该位点可能来自植物界最古老的亚家族AMY4的复制。系统分枝AMY1+AMY2+AMY3和AMY4+AMY5+AMY6存在显著的表面静电势差异，但催化活性位点和SBS1底物表面结合位点在不同亚家族间构象稳定。此外，参与活性位点、SBS1和SBS2底物结合氢键形成的氨基酸残基显示出一定多态性。

研究人员进一步对等电点 -淀粉酶(AMY1)家族进行了深入研究。AMY1是籽粒发芽期间丰度最高的淀粉水解酶，穗发芽和小麦迟熟 -淀粉酶均与AMY1的差异积累有关。通过利用已公布的禾本科基因组数据，系统评估了小麦、大麦等13种禾本科植物AMY1基因拷贝数，鉴定到小麦族分枝特有的一次基因复制事件，发现染色体片段倒位与重排将该结构位点分割为物理上相对独立的两个基因座位(AMY1 和AMY1 )。其中，AMY1 中氨基酸残基Asn233受到强烈的选择，可能会影响重要功能性结构域SBS1与底物分子的识别与结合。在籽粒发芽和发育期间，AMY1 和AMY1 基因表达分化显著，存在剂量效应。重要的是，鉴定到小麦中与迟熟籽粒高残留 -淀粉酶活性紧密关联的3个AMY1拷贝，为下一步发掘优良等位变异，解析影响籽粒 -淀粉酶活性的遗传因子和调控机制奠定理论基础。

该研究由国家重点基础研究发展计划(973计划，2014CB138104)、国家转基因重大专项(2016ZX08009-003-004-005)和四川省科技支撑计划((2016NZ0103)资助。



(a)AMY1 ~ AMY6进化关系及3D结构比较。红、白、蓝色分别表示负、中性、正静电势区域;(b)底物结合位点结构比较(Active site,活性部位;SBS1 , 表面结合位点1;SBS2 , 表面结合位点2).金、橙、黄、绿、紫和浅灰分别表示AMY1 ~ AMY6。)



左图A：水稻、小麦、大麦、短柄草AMY1位点共线性分析(红线表示AMY1基因);B：AMY1位点结构变异示意图。右图A：种子发育过程中 $\alpha$ -淀粉酶活性动态变化;B：种子发育中、后期AMY1基因相对表达量;C:开花后28天AMY1各亚组相对表达量(Guinong19, Mianmai43, Jinan17为成熟籽粒中高残留 $\alpha$ -淀粉酶活性小麦品种，Honghuamai, Siqiangxiaomai, Guangguangtou为极低残留 $\alpha$ -淀粉酶活性小麦地方品种)。

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](http://www.iikx.com)转发