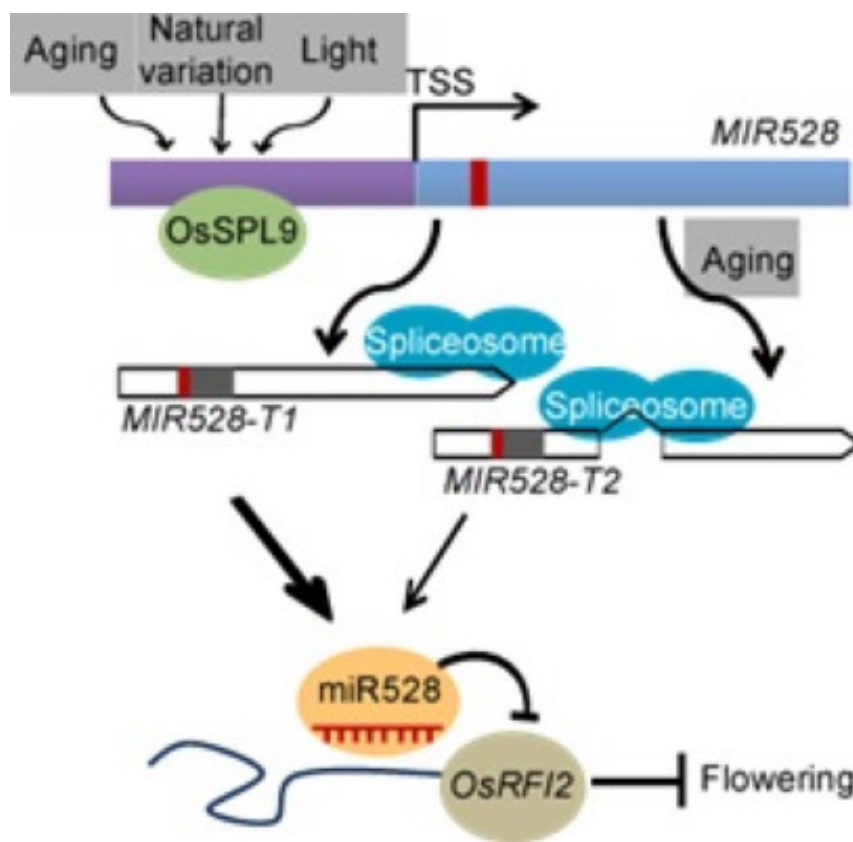


研究揭示水稻miR528积累的精细调控机制及其在水稻抽穗期和抗病反应中的调节作用

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/5015.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miR528积累的精细调控机制及其在水稻抽穗期和抗病反应中的调节作用。miRNA是调控植物生长、发育及环境适应性的一类重要转录后调节因子。中国科学院遗传与发育生物学研究所曹晓风研究组早期通过对水稻miRNA加工关键酶OsDCL1蛋白的研究，鉴定到了一系列重要的水稻miRNA成员(Liu et al., Plant Physiology, 2005)。其中，miR528被发现是单子叶植物所特有的miRNA成员，同时也是水稻中表达量最高的miRNA之一。通过水稻体内降解组(Degradome)数据分析，他们发现miR528在水稻中具有生物学功能完全不同的多个潜在靶mRNA位点(Zhou et al., Frontiers in Biology, 2010)。在随后生物学功能研究中，通过与北京大学李毅实验室的合作，他们共同阐明了miR528可以通过抑制靶mRNA

AO的表达，进而改变植物体内活性氧(ROS)积累水平而参与水稻抗病反应(Wu et al., Nature Plants, 2017)。但水稻体内如此大量积累的miR528自身如何被精细调控，miR528如何实现对多个功能各

异的靶mRNA进行协同调控仍有待进一步研究。

最近，曹晓风研究组的研究揭示了水稻中miR528积累的精细调控机制，以及OsSPL9-miR528-OsRFI2通路在水稻抽穗期控制中的调节作用(Yang et al., Molecular Plant, 2019)。研究者分别从转录水平和转录后水平对水稻miR528的表达调控机制进行了系统性的研究。他们发现昼夜节律和植物发育时序通过影响MIR528基因的转录或MIR528转录本的可变剪切，在转录和转录后层面对特定时期水稻体内成熟miR528的积累水平进行精细调控。研究者还发现MIR528启动子区在水稻籼、粳亚种和野生稻中存在典型的分化，其中MIR528-A1等位主要存在于野生稻和籼稻中，而MIR528-A2等位主要存在于粳稻中。进一步分析发现，转录因子OsSPL9可以直接结合MIR528基因启动子区的CuRE元件，并激活MIR528转录;而且OsSPL9对不同水稻品系MIR528启动子区结合能力的差异，是导致籼稻中miR528积累水平要高于粳稻的重要原因。最后，研究者还发现miR528是通过抑制靶mRNA OsRFI2的表达，从而影响水稻开花时间(如图1)。

与上述研究同期发表的还有曹晓风研究组与北京大学李毅实验室合作的另一项研究工作(Yao et al., Molecular Plant, 2019)。在这项研究工作中，研究者发现转录因子OsSPL9能够结合MIR528启动子区内的特定基序(CuRE元件)，并激活MIR528基因的转录，促进水稻体内miR528积累，进而抑制靶mRNA AO的表达，最终解除抗坏血酸氧化酶(AO)对病毒RSV的抑制作用(如图2)。

上述研究工作主要由曹晓风研究组和李毅实验室合作完成。此外，遗传发育所研究员储成才、中科院北京基因组研究所研究员胡松年、南昌大学教授王东和福建农林大学教授吴建国亦对上述研究做出了重要贡献。该研究由国家自然科学基金委、科技部、农业部、中科院和植物基因组国家重点实验室提供经费支持。

图1：受到多因素精细调控的miR528通过抑制OsRFI2表达促进水稻开花

图2：水稻SPL9-miR528-AO通路在抗RSV病毒中的作用模型

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