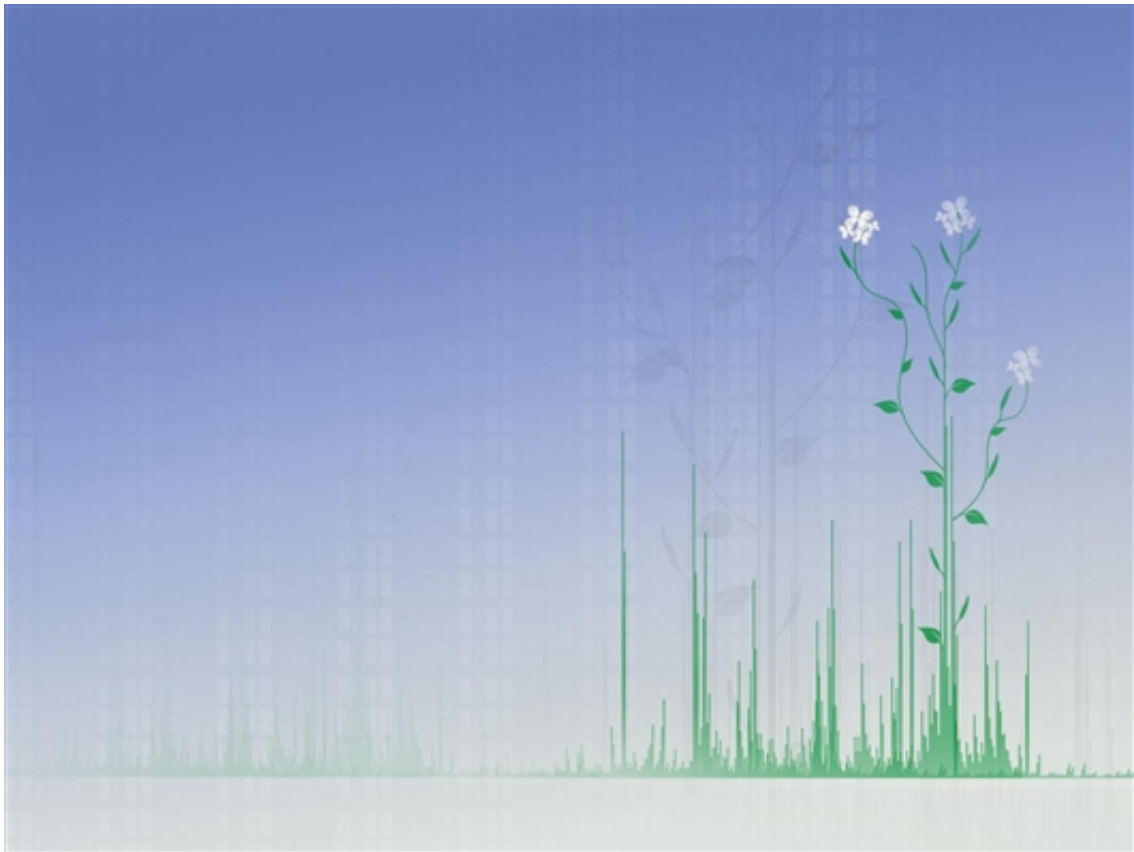

绘制植物科学的分子图

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/8889.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！

绘制植物科学的分子图。



科学家为模式植物拟南芥绘制蓝图。图片来源：Chair of Proteomics and Bioanalytics

任何生物体的每个细胞都包含完整的遗传信息，或者说是一个生物的蓝图，编码所谓的DNA核苷酸构建块序列。但是植物是如何创造出各种各样的组织的呢？比如将光能转化成化学能并产生氧气的叶子，或者从土壤中吸收养分的根？答案就在各自组织细胞的蛋白质模式。

蛋白质是每个细胞的主要分子。它们是生物催化剂，在细胞内部和细胞之间传递信号，形成细胞结构等等。德国慕尼黑工业大学的蛋白质组学和生物分析教授Bernhard Kuster解释说：要形成这

些蛋白质模式，不仅重要的是组织中存在哪些蛋白质，更重要的是数量。例如，与光合作用机制有关的蛋白质主要存在于树叶中，也存在于种子中，但含量要低1000倍。

研究小组利用生化和高通量分析方法对拟南芥模型进行了检测，以发现更多关于其分子组成的信息。相关论文近日刊登于《自然》。

40年来，这种开着白色小花的不起眼的杂草一直是植物生物学的实验室老鼠。它很小且容易种植，从对拟南芥的基础研究获得的见解往往可以转移到作物上，这一事实也使拟南芥成为植物育种研究的有趣对象。

研究人员表示，大部分数据都是使用液相色谱—串联质谱法生成的，这种方法可以在一个实验中同时分析数千种蛋白质，而生物信息学方法可以帮助分析大量数据。我们第一次全面绘制了拟南芥模型植物组织的所有蛋白质。这让我们对植物的复杂生物学有了新的认识。Kuster说。

所有研究工作的结果都总结在一个虚拟中，为以下问题提供了初步答案：2.7万个基因中有多少是蛋白质（> 18000）；它们在生物体中的位置（如花、叶或茎）；数量有多少。所有数据都可以在ProteomicsDB的在线数据库中免费获得。

在未来，研究人员将把注意力转向对农作物的分析，研究当植物受到害虫攻击时，蛋白质组是如何变化的，或者植物是如何适应气候变化的。（来源：中国科学报唐一尘）

相关论文信息：<http://dx.doi.org/10.1038/s41586-020-2094-2>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：Bernhard Kuster 来源：《自然》

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