
遗传发育所在植物激素分析技术研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9315.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！

4月21日，Plant Communications

在线发表中国科学院遗传与发育生物学研究所植物激素分析平台褚金芳团队题为A Tailored High-efficiency Sample Pretreatment Method for Simultaneous Quantification of 10 Classes of Known Endogenous Phytohormones

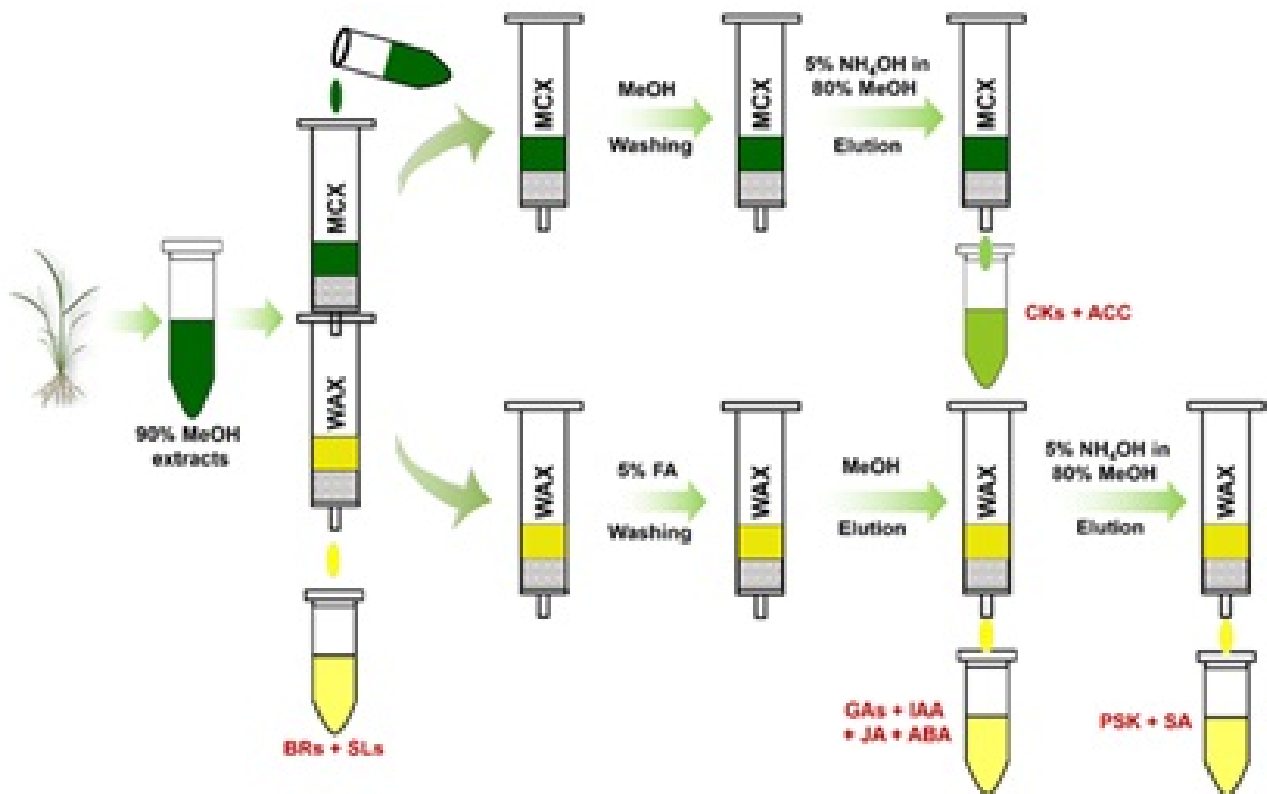
的文章，报道了一种高效的植物激素分析新方法，通过1份样品，能够同时定量分析现有已知10大类植物激素。

植物激素是存在于植物体内的天然有机小分子化合物，在调节植物生长发育和应对外界胁迫的过程中发挥着重要作用。根据结构特征和生理作用的不同，植物激素被划分为不同的种类，各类植物激素之间存在相互协同、对抗和因果等关系，通过复杂的相互作用形成调控网络。随着植物激素网络互作及新型植物激素功能研究的深入，植物学家们亟需更加可靠高效的分析技术，以期能够同时获取更多种类植物激素在植物体内的分布变化，从而更加清晰地阐明植物激素网络的调控机理。

植物激素分析平台长期致力于高效、高灵敏度植物激素分析方法研究和技术开发，平台所建立的方法被广泛应用于植物激素研究中，极大地促进了国内相关领域高水平原创性成果的完成。在前期方法研究的基础上，技术研究人员从所有已知种类植物激素的化学结构与理化性质入手，精心设计了能够覆盖所有经典植物激素以及新型多肽激素的样品前处理技术，结合LC-MS/MS，仅需1份100毫克植物样品即可实现对现有已知植物激素（生长素、脱落酸、水杨酸、茉莉酸、乙烯、细胞分裂素、赤霉素、油菜素甾醇、独脚金内酯以及多肽类植物激素PSK）44种化合物的准确定量分析。

该方法的检测范围涵盖了已知10大类植物激素，尤其是把新型植物激素独脚金内酯和PSK加入多种激素分析中，是目前所见报道的植物激素种类最全面的分析方法，成功地解决了全植物激素组同时绝对定量分析的难题，该方法的应用将为植物激素网络互作研究提供更加有力的技术支撑。

遗传发育所博士辛培勇和硕士研究生郭秋换为论文的共同第一作者，褚金芳和辛培勇为共同通讯作者。该研究得到中科院先导专项、国家自然科学基金委、中科院关键技术人才项目的资助。



图：全植物激素组定量分析样品前处理总体策略

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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