

编者按:我国是农业大国,植物激素的基础生物学研究将为实现我国粮食安全和农业提质、增产、高效、抗逆等奠定基础。2007年,国家自然科学基金委员会启动了重大研究计划项目“植物激素作用的分子机理”。经过八年发展,在该计划支持下,我国植物激素

研究取得一系列突破性进展,实现了从跟踪到超越的跨越式发展。近日,该重大计划通过验收,并获得“优秀”评估成绩。本期基金版通过总结该计划取得的经验及三项代表性的科研成果,以期充分展现这一重大项目。

植物激素重大研究计划八年:从跟踪到超越

■本报记者 陈欢欢

植物激素调控着植物生长的方方面面。目前,全球植物生长调节剂市场达几十亿美元,2015年我国使用植物生长调节剂的农田面积超过2亿亩。

然而,作为粮食大国,在十年前,我国却并不是植物激素研究大国。2007年,国家自然科学基金委员会(简称基金委)启动了重大研究计划项目“植物激素作用的分子机理”,目标瞄准促进我国植物激素研究的跨越式发展。

近日,该重大计划通过验收。经过八年发展,在该计划支持下,我国植物激素研究取得一系列突破性进展,实现了从跟踪到超越的跨越式发展。

应运而生

植物激素是植物体内合成的微量有机物质,控制着植物生长发育的方方面面。通过研究其结构和作用机制,可以人工合成类似效应的生长调节剂,提高农作物产量、品质和抗性。

项目总体负责人、指导专家组组长、中国科学院院士李家洋告诉《中国科学报》记者,植物激素是植物科学中的前沿和热点,涉及植物生长、发育、适应、抗逆等所有环节,除了具有基础研究的意义,还同农业生产直接相关。近年来随着植物分子生物学和基因组学的飞速发展,植物激素研究进入快速发展阶段。

自上世纪30年代发现植物激素以来直至本世纪初,国际上植物激素研究形成了美国、欧洲和日本三足鼎立的格局。然而,2008年金融危机之后,这些国家大幅削减研究经费,相应的研究受到较大影响。

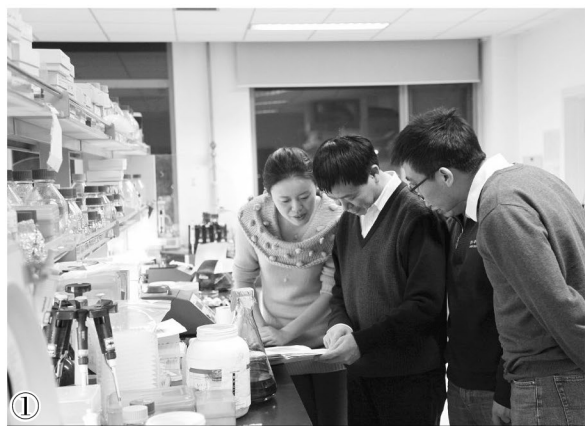
而在我国,对农业生产安全高效的需求日益强烈,“植物激素研究是国家有重大需求的基础性科学问题,恰逢从国外回来了一批从事相关研究的年轻科学家,加上基金委的远见卓识,这个重大项目应运而生。”李家洋告诉记者。

2007年,基金委启动了重大研究计划“植物激素作用的分子机理”(以下简称“计划”),成为生命科学学部支持的第一个重大研究计划。

资料显示,该“计划”在2011年国家自然科学基金委组织的重大研究计划中期评估中被评为优秀并获得超过5000万元追加经费;在2016年国家自然科学基金委组织的重大研究计划结束评估中被评为优秀。指导专家组和管理工作组对该计划的顶层设计和有效管理体现了基金委“有限目标、稳定支持、集成升华、跨越发展”的项目组织原则,围绕核心科学目标组织重大科学项目提供了成功范例。

“这就给国外回来的人才提供了施展才华的机会。”项目组成员之一、中科院遗传与发育生物学研究所研究员李传友回忆道。

在国内外大幅削减研究经费之时,我国大力度



的支持令国际同行羡慕不已。李家洋表示,在我国,确保粮食安全、发展农业生产仍是重中之重。

突破瓶颈

项目启动前,我国的相关研究跟国际前沿差距较大。李家洋表示,这同植物激素研究的“门槛”有关。

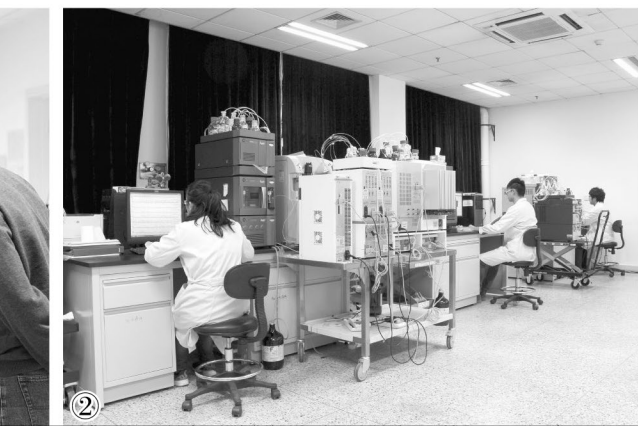
当时,植物激素测定被美国、欧洲和日本的一些实验室所垄断,我国由于缺乏相关的人才、仪器设备和技术手段,不能独立地进行超微精准定量分析。

“当时只有两种办法。”李家洋回忆说:“一是用没有达到国际认可的方法做,成果无法刊登在影响力大的杂志上;二是去国外测定,受到很多限制,比如半年才测,要求共同第一作者等,有竞争关系的研究也不利于保密。”

针对这一瓶颈问题,项目一启动,指导专家组加强顶层设计,迅速促成了与化学学科的交叉合作,有针对性地在北京、武汉、长沙、大连等地布局了多个激素测定分析平台,快速建立了具有国际先进水平的激素常规测定技术体系,能够对所有已知激素进行精准超微量定量分析,具备了为国内外科学家提供国际一流激素检测分析服务的能力。据不完全统计,激素平台为国内外科学家提供测定数据2.4万~2.7万份,合作发表高水平论文80余篇。

这一突破实现了我国植物激素检测分析“从无到有”和“从有到强”的跨越式发展,也奠定了全面提升我国植物激素研究总体水平的基础,确保“计划”取得了一系列重大突破。

不过,李家洋指出,未来还需要探索原位、实时、单细胞水平的激素测定和跟踪检测技术体系,“计划”结束后,如何对这些激素测定平台进行后续支持,实现更高层次的可持续发展是一个



亟待解决的问题。

学科交叉出创新

值得一提的是,自“计划”组织实施以来,指导专家组和管理工作组围绕激素生物学与化学、信息科学、物理学等交叉领域的科学前沿,加强顶层设计,开展了一系列原始创新性研究。

“计划”的科学目标是:以模式植物为材料,综合运用多学科交叉的手段,从激素代谢、信号转导、激素间信号互作等不同的层面研究激素发挥其生物学效应的分子基础,阐明激素调控植物器官形成和对非生物环境适应性的分子机理,达到全面深入认识植物生长发育基本规律。

据李传友介绍,“计划”实施过程中,植物学研究实现了与化学、物理学、信息科学等学科之间的交叉。上述超微精准定量分析平台的建立就是同有机化学、无机化学、分析化学等相关学科的有效交叉。其次,与物理学交叉,通过引入结构生物学的手段,促进了激素受体的确定及受体蛋白空间结构的解析,有效推动了茉莉酸、独脚金内酯及脱落酸受体的鉴定及作用机理的阐明,使我国跃升为该领域的强国。第三,引入计算生物学的手段,有效推动了激素信号互作关键节点的分析,系统揭示了植物生长发育的分子机理。

此外,指导专家组充分发挥作用,紧密把握学科前沿,及时资助新的生长点。如在项目实施第三年,增加数据整合平台;2010年鼓励结构生物学家加盟植物激素研究,促进生物学家和结构生物学家的合作;2010年适时资助植物激素标准品的合成与提取纯化研究项目等。

从跟踪到超越

“计划”最初部署了6个研究方向,4年后又凝



①李家洋(左二)院士指导实验。
②国内首个专业性植物激素分析平台。
③研究人员在实验室工作。

练整合为四大集成方向:植物激素代谢及修饰的生物学效应、植物器官发生的激素调控、植物对非生物逆境适应性的激素调控、植物激素检测分析。

李传友表示,“计划”启动之前,我国植物激素研究基本上处于跟踪国际先进水平的状态。通过努力,这四个方向都经历了从“跟踪”到“并行”到“总体水平上全面跻身世界先进水平”的跨越式发展。

计划启动前,我国对激素代谢及信号转导新途径、特别是激素受体的研究几乎是空白。计划结束时,发现了多条新的激素代谢、修饰新途径;发现并阐明了茉莉酸、独脚金内酯、脱落酸的受体及作用机理,在多数激素的代谢、信号转导机理研究中起引领或主导作用。

在激素调控植物生长发育的分子机理方面,计划启动前,我国在本领域的工作多为跟踪性研究。结束时,建立了独脚金内酯调控株型建成的基本框架模型;发现了棉纤维发育的激素调控新机理;发现了激素调控植物年龄和再生的新机理,在本领域的研究达到国际领先水平。

计划启动前,我国在激素调控植物对环境适应性的分子机理的工作多为跟踪性研究。计划结束时,在乙烯信号转导研究中取得一系列重大突破;发现了茉莉酸通过改变干细胞活性调控根系可塑性发育的新机制;发现了多种激素互作调控植物对逆境适应性的新机制;在本领域的研究与国际先进水平并行,在某些方面起主导和引领作用。

李家洋指出,与国外相比,我国有两个方面的优势,一是人才优势;二是研究材料以农作物为主,基础研究与应用研究紧密结合,有利于创新性成果的转移转化。

后来居上

由于中国在植物激素研究领域的崛起,目前

独脚金内酯:改良水稻株型“利器”

■本报记者 甘晓

独脚金内酯是一种新型植物激素。2008年,科学家才认识到其生理学功能是调控植物分枝,作物上称为“分蘖”。

中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员王永红向《中国科学报》记者介绍:“像水稻一样的农作物的分蘖数直接决定了单位面积产量,因此,与调控分蘖相关的独脚金内酯是一种在农业生产上具有重要应用价值的激素。”

围绕独脚金内酯的合成及信号转导等科学问题,科学家们在“植物激素作用的分子机理”重大研究计划(以下简称“重大计划”)的资助下,取得了诸多突破性的进展,推动我国在独脚金内酯作用机理的研究领域走向世界前列。

在该重大研究计划的支持下,激素生物学家和农学家密切合作,利用育种家提供的一系列水稻矮秆多分蘖突变体等为材料开展研究,包括d27、d14、d53等。例如,李家洋院士课题组通过对

水稻矮秆多分蘖突变体d27的研究,发现了调控独脚金内酯合成的重要基因D27。他们还与化学家合作,在我国建立起了独脚金内酯及其代谢中间产物的检测技术体系,成为国际上极少数几个可以准确测定独脚金内酯的机构之一。

激素受体的鉴定也是激素生物学研究热点中的热点。为鉴定独脚金内酯的受体,本重大计划大力推动了与物理学的交叉,吸引结构生物学家的加盟。清华大学生命科学学院谢道昕课题组初步从结构生物学的角度证明D14是独脚金内酯的受体蛋白,并通过与结构生物学家的深入交叉合作,阐明了独脚金内酯信号转导的“酶-底物-一活性分子-受体”新型识别规律。

为了进一步阐明独脚金内酯的信号转导途径及其调控植物生长发育的机理,2013年,李家洋院士课题组与中科院上海药物所徐华强课题组、中国水稻研究所钱前课题组合作通过分析水

稻矮秆多分蘖突变体d53,鉴定了独脚金内酯信号转导的新元件D53。据介绍,D53编码了一种酶,这种酶与其他蛋白相互作用,能够抑制独脚金内酯信号通路下游靶基因的表达,从而抑制该信号通路。

国际同行们对这项成果予以高度评价,认为这项突破性的研究成果确立了独脚金内酯信号转导途径的基本框架。

最近,研究人员还发现独脚金内酯不仅可以调控分蘖数目,还能通过抑制生长素合成调控水稻地上部分重力反应及分蘖角度。该研究结果不仅揭示了独脚金内酯新的生物学功能,而且阐明了一个新的水稻分蘖调控机制,表明独脚金内酯可以用于改良水稻株型的有效工具。

中国科学家相信,未来,我国在新激素独脚金内酯的代谢和信号转导研究领域将在国际学术界继续发挥开创和引领作用。



谢道昕课题组人员在实验中

在长期的演化过程中,植物获得了复杂而精巧的机制调控可塑性生长能力,以增强其对多变复杂环境的适应性。激素对于植物的新陈代谢、生长发育和繁衍息等各种生命活动起重要调节作用。阐明植物激素的感知及其调控植物生长发育和防御反应的机制,是植物生物学的前沿领域。

“植物激素作用的分子机理”重大研究计划(以下简称“重大计划”)对这一领域进行了重点部署。通过该重大计划的实施,我国科学家取得了多项重大成果。在重大计划的资助下,清华大学生命科学学院教授谢道昕课题组在植物科学领域率先阐明了茉莉酸和独脚金内酯这两类重要植物激素的受体感知机制,系统地阐述了茉莉酸调控植物生长发育和防御反应的信号转导机制;在生命科学领域首次揭示了新型的“配体-受体”不可逆识别规律。

茉莉酸对于植物的生命活动起重要的调控作用,不仅调控植物对病虫害和非生物逆境的防御反应,还调控植物育性和衰老等多种生长发育过程。植物如何感知茉莉酸是半个多世纪以来一直悬而未决的重大科学问题。谢道昕课题组发现了一种被命名为“COI1”的蛋白是茉莉酸的受体,这对茉莉酸信号转导的研究具有深远影响。

对于茉莉酸信号转导过程,谢道昕课题组阐明了一系列关键转录因子所组合产生的各种

蛋白复合体在茉莉酸途径中的

重要作用,从而揭示了茉莉酸调控植物抗病抗虫反应、雄性不育、叶片衰老、花色素苷积累和表皮毛形成的分子机制。中国科学院遗传与发育生物学研究所发现,茉莉酸途径的核心转录因子MYC2通过与转录中介体亚基MED25的互作实现与RNA聚合酶的“沟通交流”,从而特异性地调控茉莉酸响应基因的表达。他们还揭示了转录因子利用“降解促进激活”调控防御反应这一在生物界保守的新机制。

作为一种适应性生长机制,茉莉酸在激活防御反应的同时也调控诸多生长发育过程,然而,植物抗性和生长发育之间常存在负相关。谢道昕课题组发现了茉莉酸介导植物防御反应的重要调控因子JAV1。遗传操作JAV1可以显著提高植物抗虫抗病性,但不影响植物生长发育,揭示了一种新的植物体平衡生长发育与防御过程的分子机制。李传友课题组对番茄基因Sp8进行遗传操作也可以打破植物抗性和生长发育之间的负相关,揭示了植物-病原菌互作的新机理。这些研究成果在植物保护方面具有重要应用前景,为开辟病虫害治理提供了新的策略。

茉莉酸与其他植物激素之间还具有协同又拮抗的相互作用。李传友课题组发现茉莉酸通过差异性地调控生长素合成和极性运输促进侧根发生,同时抑制主根生长,这一过程还改变了根尖细胞的结构和功能。茉莉酸与赤霉素互作调节植物表皮毛形成和植物育性。研究人员还发现,茉莉酸途径转录因子MYC2与乙烯途径转录因子EIN3的互作介导了茉莉酸与乙烯拮抗反应的分子机制。这些研究阐述了茉莉酸与其它激素互作调控植物抗性反应和生长发育的分子机制。

上述系列成果受到国际同行的高度关注。2014年,《植物细胞报告》杂志(Plant Cell Report)发表长篇综述文总结谢道昕和李传友团队的工作,指出“这些杰出的研究既加深了人们对茉莉酸调控植物发育和适应性机理的认识,又具有重要的应用前景”。

茉莉素:激活植物防御反应

■本报记者 甘晓

完整植物激素分析平台建成

■本报记者 甘晓

植物激素为结构多样的微量小分子化合物,其分析检测充满挑战,且长期制约着植物激素生物学功能的精确诠释。

在“植物激素作用的分子机理”重大研究计划(以下简称“重大计划”)启动前,我国植物激素的超微量定量分析主要委托国外实验室进行,这严重影响了研究的深度和进度。武汉大学化学与分子科学学院教授冯钰锜告诉《中国科学报》记者:“该重大计划促成了我国分析化学家与植物学家的紧密合作,跨学科协作攻关大幅度提升了我国植物激素分析研究的水平。”

项目科学家们建立了包括油菜素内酯、赤霉素、细胞分裂素、生长素、独脚金内酯、茉莉酸、脱落酸、水杨酸等植物激素的超微量定量分析方法,实现了我国植物激素分析“从弱到强”的快速发展。

研究人员用“一测多评”“双‘超’分析”“原位分析”及“精准分离”等来总结激素分析检测研究工作取得的突破。

不同激素之间存在着协同、拮抗或因果的复杂的关系,共同构成了某种复杂的信号转导网络系统,从一份样品中同时获取多种植物激素乃至整个植物激素组的全面信息,是植物激素分析领

域国际公认的技术难题。在该重大计划支持下,我国植物激素分析工作者已成功开发出对多种植物激素同时精准定量的分析体系,被称为“一测多评”。例如,武汉大学激素分析平台发展了多种植物激素同时测定技术体系,实现了一次进样可以同时检测57种激素类化合物;中国科学院遗传与发育生物学研究所激素分析平台建立了可同时检测多种酸性植物激素定量分析方法,已为国内外课题组提供近万份数据。

植物学家在研究中,往往希望获取“超微量”样本中植物激素的信息,这种“超微量”样品中的“超痕量”成分分析被称为“双‘超’分析”。例如,中国科学院遗传与发育生物学研究所激素分析平台率先建立了单株水稻材料中检测新型植物激素独脚金内酯的方法;该平台还建立了超微量生长素的分析方法,可定量分析一粒拟南芥种子或者拟南芥胚珠中生长素的含量。中国科学院化学所开发出超痕量化学衍生、快速样品提取方法,实现了拟南芥单个花朵和一根雄蕊中赤霉素含量的测定。武汉大学激素分析平台将微萃取与化学衍生技术相结合,建立了一种油菜素内酯的快速高灵敏分析方法,满足了微量植物样品测定的要求。

原位分析是深入阐明植物激素动态时空分布

和作用分子机理的重要手段,如今传统分析方法已经无法满足当今植物激素前沿领域的研究要求。为此,武汉大学黄卫华教授通过研制新型纳米纤维阵列电极,基于电化学传感技术实现了单个原生质体中生长素胞吐释放的实时检测。据冯钰锜介绍,该研究工作引起了国际关注,生长素研究领域著名科学家、欧洲科学院院士Klaus Palme教授主动提出合作请求,目前已经为合作方提供了相关测定数据。

最后,植物激素异构体的精准分离和精确定量分析对深入探索植物激素的分子作用机理具有重要的意义。北京大学研究了正相色谱与DART-MS或Q-TOF联用技术,实现了对茉莉酸手性映体的拆分和定量。中科院大连化物所发展了“二维在线微固相萃取-在柱衍生联用”分析方法,极大地提高了油菜素内酯分析的选择性,相对误差小于10%,并研制了自动样品前处理装置。这一装置已在中科院植物所长期应用示范。

研究人员在激素测定方面的突破性进展极大地促进了整个重大计划的全面开展。“重大计划”通过促进学科交叉实现我国植物激素检测分析的跨越式发展,体现了学科交叉的巨大优势,也是通过学科交叉促进学科发展的成功范例。”冯钰锜表示。