

主 编 评 述

2004 年中国植物科学若干领域研究进展

随着模式植物拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)和水稻(*Oryza sativa*)基因组测序工作的完成,国际植物科学的研究在近年来得到了极大的推动。我国植物科学领域也在整体上取得了重大进展,特别是水稻基因组框架图(Yu *et al.*, 2002)和4号染色体基因组精细图(Feng *et al.*, 2002)以及水稻控制分蘖的*MOC1*基因发现(Li *et al.*, 2003)等重大研究成果在Science和Nature等国际顶级科技刊物上的发表,使国际科学界对中国的科学研究水平刮目相看,亦使中国科学家为之振奋。据不完全统计,2004年中国科学家本土取得研究成果在植物科学专业顶级学术刊物The Plant Cell、The Plant Journal 和 Plant Physiology 上发表的论文有22篇,在其他重要综合性期刊Nature、Science、PNAS、Trends in Plant Science、Molecular Biology and Evolution、Ecology Letters和Conservation Biology等上也有论文发表,这反映了我国科研总体水平正在迅速提高。本文基于我国科学家发表在这些著名刊物上的成果对《植物学通报》的读者作一简单介绍,希望从一些侧面反映我国科学家在本土所做研究的主要进展,由于篇幅有限,不能对每个领域各项逐一介绍,收集文献不尽完善请同行和读者见谅。下面就不同研究领域举例作一介绍。

1 叶绿体光合膜蛋白复合体结构解析

光合作用是绿色植物、藻类和蓝细菌利用太阳能将水和二氧化碳转变为有机化合物并放出氧气的过程。光合作用机理一直是国际上长盛不衰的研究热点。LHC- 是由蛋白

质分子、叶绿素分子、类胡萝卜素分子和脂类分子组成,是位于光合膜中的一个复杂分子体系,在光合作用光反应过程中起重要作用。由中国科学院生物物理研究所和植物研究所合作完成的“菠菜主要捕光复合物LHC-II 2.72 Å 分辨率的晶体结构”不但是中国生物化学研究领域,也是中国生命科学领域在2004年取得的最重要的科学成果(Liu *et al.*, 2004c)。这项成果于2004年3月18日发表在世界最具权威性的学术杂志Nature上。其晶体结构彩图被选作杂志的封面。这项成果还被评选为振邦杯2004年中国十大科技进展新闻。中国科学院植物研究所匡廷云院士领导的实验室,经过多年的艰苦努力,分离、纯化了这一重要的光合膜蛋白(LHC-)。在此基础上,中国科学院生物物理所常文瑞研究员领导的实验室纯化了LHC- 结晶,并完成了这一重要复合体三维结构的测定工作,从而破解了这一国际公认的、具有高度挑战性的前沿难题。

2 植物生殖生物学分子机制

植物授粉新机制 授粉是植物生殖过程中非常重要的一环,可以通过自花授粉、风媒和虫媒等方式来完成。自花授粉往往是通过雌、雄蕊的协调生长,花瓣或花萼的特殊结构来实现的。继中国科学院西双版纳植物园科学家在Nature上发表他们关于姜科植物*Alpinia kwangsiensis*一种精巧的传粉机制后(Li *et al.*, 2001),中国科学院华南植物园张奠湘研究组王英强等发现黄花大苞姜(*Caulokaempferia coenobialis*)的授粉过程也非常独特,其花的结构与兰花相似,但其不借

助于风媒和虫媒传粉,而是在花药开裂的同时分泌油状液体,油质液浆状的花粉从花粉囊溢出成球形,很快铺满于花药面,并慢慢流向柱头的喇叭口,从而实现自花传粉(Wang *et al.*, 2004c)。这种花粉滑动自花授粉的方式在自然界还是首次被发现,这对研究有花植物有性生殖系统的演化及其对高湿度、无风和少昆虫环境的适应机制具有重要的科学价值。

自交不亲和反应新机制 自交不亲和性是广泛存在于显花植物的一种抑制自花受精、保持遗传多样性的一种遗传机制。主要包括孢子体和配子体自交不亲和两种类型。它们往往受一个由复等位基因构成的单位点即 *S*-locus 控制。在孢子体型中,花柱和花粉亲和与否取决于母体和父本而不是配子体的基因型,代表植物有油菜等十字花科植物。这些植物中,雌蕊表达的*S*位点受体类激酶(*S*-locus receptor kinase, SRK)和花粉表达的半胱氨酸富集蛋白SCR(*S*-locus cysteine-rich)可能通过受体-配体相互作用和下游的信号转导途径决定自交不亲和反应。相反,在配子体型中,花柱和花粉是否亲和决定于雄配子体花粉的*S*基因型与雌配子体基因型。这类自交不亲和植物分布十分广泛,主要以茄科、玄参科和蔷薇科等为代表。1984年,澳大利亚的Adrian Clarke实验室首次克隆到了茄科植物花烟草(*Nicotiana glauca*)花柱*S*位点的产物,并随后证明其为一类核酸酶,即*S*-核酸酶(*S*-RNase)(McClure *et al.*, 1989)。1994年,美国Te-Hui Kao和Bruce McClure实验室同时证明在以茄科为代表的配子体型自交不亲和植物中,母体的*S*决定因子就是*S*-RNase,但其作用机理和花粉*S*决定因子并不清楚(Lee *et al.*, 1994; Murfett *et al.*, 1994)。

中国科学院遗传与发育生物学研究所薛勇彪领导的研究组经多年研究,利用玄参科植物金鱼草(*Antirrhinum hispanicum*)为材料,克隆到了一个与花粉*S*决定因子相关的基因

AhSLF-S₂ (Lai *et al.*, 2002; Zhou *et al.*, 2003),该基因编码一个含F-box结构域的功能未知蛋白。该研究组的乔红将金鱼草*AhSLF-S₂*基因转到自交不亲和的茄科植物矮牵牛(*Petunia hybrida*)中,发现它可以把自交不亲和的矮牵牛转变成自交亲和的,证明了*AhSLF-S₂*确实是自交不亲和的花粉*S*决定因子(Qiao *et al.*, 2004b)。几乎与此同时,美国宾州大学Te-Hui Kao实验室也在茄科植物膨大矮牵牛(*P. inflata*)中发现类似的*SLF*基因并证明它也编码花粉因子(Sijacic *et al.*, 2004)。随后Plant Cell发表了题为“*S*-RNase and *SLF* determine *S*-haplotype-specific pollen recognition and rejection”的综述文章(McClure, 2004)。到此植物配子体自交不亲和的花粉因子得到了确定,这为研究自交不亲和和调控的分子机理打开了大门,但*S*-RNase与*SLF*之间的作用机制仍然不清楚。

薛勇彪研究组利用免疫共沉淀和酵母双杂交等技术,发现*AhSLF-S₂*能与*S*-RNase和SCF(Skp1/Cullin/F-box)蛋白降解复合体中的ASK1、CULLIN相互作用。并通过26S蛋白小体特异抑制剂和生化试验,进一步证明*S*-RNase在亲和组合中被泛素化和降解。该研究不仅首次证明了*AhSLF-S₂*在自交不亲和中的关键作用,而且证明*S*-RNase的降解是通过*AhSLF-S₂*介导的泛素/26S蛋白小体降解途径来完成的(Qiao *et al.*, 2004a)。薛勇彪研究组的工作不仅发现并证明*AhSLF*就是近20年来悬而未决的花粉*S*决定因子,并且首次把自交不亲和与泛素蛋白降解途径联系起来,其意义是不言而喻的(Eckardt, 2004; Yang, 2004)。这些结果说明配子体型自交不亲和与孢子体型具有完全不同的分子遗传调控和进化途径。自交不亲和分子机理的阐述,为了解自交不亲和的遗传、进化和作物遗传育种提供了重要基础。

棉花纤维发育分子机理 棉花(*Gossy-*

pium arboreum)是重要的经济作物,棉纤维是胚珠表皮细胞分化形成的单细胞表皮毛,其长度可达3~6 cm。目前我们对棉纤维分化发育分子机理的了解非常有限。中国科学院上海植物生理生态研究所陈晓亚研究组通过cDNA微阵列技术分离到一个纤维细胞表达的基因*RD22-like 1 (RDL1)*(Li *et al.*, 2002)。*RDL1*基因在开花当天不表达,在开花3~9天的纤维细胞中表达很高,随后表达水平下降,表明*RDL1*可能与纤维细胞的发育有关,而不太可能参与纤维细胞命运的决定。拟南芥转基因研究表明*RDL1*的302 bp启动子包含拟南芥表皮毛特异表达的*cis*调控元件,分析发现该区域有一个L1 box (TGCAATTTA)和一个MYB结合的*cis* (CAGTTG)元件。L1 box是控制表皮毛发育的MYB转录因子(如GL2)的识别元件。陈晓亚研究组利用酵母单杂系统和转拟南芥发现*GaMYB2*和*GaHOX3*两个基因能够分别和协同作用激活*RDL1::GUS*报告基因。有意思的是在转基因拟南芥中*GaMYB2*具有调控表皮毛发育的能力,且这种调控能力与基因的内含子有关(Wang *et al.*, 2004b)。*GaMYB2*、GL1与GhMYB109有较高的同源性(Suo *et al.*, 2003),这3个MYB转录因子可能协同作用调控纤维的发育。这些研究结果表明,棉纤维可能与拟南芥表皮毛有相似的发育调控机理。

3 Ca^{2+} 介导的信号转导

花粉萌发与花粉管生长 花粉萌发和花粉管极性生长是有性生殖中极其重要的一环,也是研究细胞极性和信号转导非常有用的模式材料。早期的研究发现改变胞内钙离子的浓度或梯度会抑制花粉管的生长,表明钙信号转导途径参与了花粉管生长的调节,但对钙离子进出花粉管的机制及钙信号如何影响花粉管生长并不是很清楚。中国农业大学生物学院武维华研究组发现花粉管细胞膜上钙通道参与了调控花粉管的生长(Wang *et al.*,

2004d)。钙通道抑制剂 La^{3+} 和 Gd^{3+} 处理明显抑制花粉萌发和花粉管的生长;用膜片钳技术发现花粉细胞膜上有受超极化激活的内向型钙通道的存在。同样,细胞松弛素等肌动蛋白解聚剂处理也影响花粉萌发和花粉管的生长。通过肌动蛋白解聚剂处理和钙离子浓度的测定,研究组发现肌动蛋白解聚剂处理可以增加花粉胞内钙离子浓度,深入研究发现肌动蛋白细胞骨架调节细胞膜上钙通道活性,进而调控花粉细胞内钙离子浓度,这些研究结果为了解花粉管生长与肌动蛋白细胞骨架和钙信号调控提供了新的思路和证据。

气孔调节 气孔开闭是植物感受环境因子信号最敏感的应答之一,其调控分子机制一直是生理学的研究热点。中国农业大学王学臣研究组利用*Vicia faba*气孔证明胞外钙调素(extracellular calmodulin, ExtCaM)能诱导气孔保卫细胞积累 H_2O_2 和 $[\text{Ca}^{2+}]_{\text{cyt}}$,进而导致气孔关闭。进一步利用拟南芥Ga缺失突变或过量表达突变体的实验证明,ExtCaM可能通过G蛋白介导的信号途径调节 H_2O_2 的产生与 $[\text{Ca}^{2+}]_{\text{cyt}}$ 变化(Chen *et al.*, 2004b)。

钙调节的蛋白激酶 武汉大学的吕应堂研究组从烟草中分离并鉴定到了一个编码CaMK(NtCaMK1)的cDNA,证明了NtCaMK1的底物磷酸化和自身磷酸化活性是依赖于 $\text{Ca}^{2+}/\text{CaM}$ 型的,其磷酸化发生在Thr残基位点。进一步实验证明,NtCaMK1通过其CaM-结合结构域特异性地、高亲和性地结合CaM。而且NtCaMK1的激酶活性可通过一系列异构酶来调节,如NtCaM1和NtCaM13可以激活NtCaMK1的活性,而NtCaM3不能激活其活性。这些证据表明,NtCaMK1是一种受 $\text{Ca}^{2+}/\text{CaM}$ 调节的新的苏氨酸激酶(Ma *et al.*, 2004)。

4 代谢的分子调控机理与代谢工程

糖运输与淀粉代谢 糖运输与淀粉代谢

是目前植物科学研究的另一热点问题。中国农业大学张大鹏研究组利用同位素标记和单糖运输载体免疫定位实验分析证实发育的苹果(*Malus domestica*)中存在韧皮部卸出的质外体途径,可能是通过质膜单糖转运蛋白偶联质膜 H^+ -ATPase 来实现的(Zhang *et al.*, 2004a)。该研究的意义在于解释了果实作为库如何积累高浓度的可溶性糖分。提出了果实中韧皮部卸载的可能的分子机制,单糖转运蛋白的亚细胞定位为进一步研究韧皮部后运输打下基础。Chen 等(2004a)在水稻中通过 Loss-of-function 和 gain-of-function 分析证明 aAmy3 的信号肽是其导入质体、淀粉体或细胞外空间必需的,该信号肽与其他蛋白融合后也能转运此蛋白。Yang 等(2004)在小麦中详细分析了水分亏缺对籽粒充实率的影响。从开花后9天开始至种子成熟,缺水能提高籽粒中蔗糖向淀粉转化相关酶类的活性,增强库活性,因而促进碳水化合物向籽粒的运输,缩短灌浆期并增加淀粉积累速率,证明 ABA 在这一过程中发挥着重要作用。

代谢关键酶的克隆 我国台湾学者 Hung 等(2004)利用图位克隆法克隆了 Atase2 (Gln phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 2)的编码基因 *CIA1*。Atase2 是催化嘌呤合成的关键酶。该基因的缺失突变显著降低叶片的细胞数、但对细胞大小影响不明显,同时导致蛋白质输入叶绿体的效率降低。这些研究结果证明嘌呤合成对于正常的细胞分裂与叶绿体生物发生均是重要的。

香港中文大学的林汉明研究组首次报道拟南芥中天冬酰氨合成酶基因 *ASN2* 的表达与氮代谢密切相关,证明天冬酰氨是植物体内氮元素的主要载体。天冬酰氨合成酶基因 *ASN1* 和 *ASN2* 在氮同化和氮代谢中有重要作用,同时 *ASN2* 与氮代谢在低温、盐胁迫下氮元素的回收和解除高氨毒害和光呼吸途径中的作用都密切相关。本研究还在体内从

mRNA 水平上揭示了该酶可能的生理作用(Wong *et al.*, 2004)。

中国科学院上海植物生理生态研究所的陈晓亚研究组证明,棉花转录因子 *GaWRKY1* 调控倍半萜合酶基因 *CAD1-A*(Xu *et al.*, 2004)。采用悬浮细胞培养体系进行研究表明, *GaWRKY1* 和 *CAD1-A* 的表达受到真菌激发子和茉莉酸甲酯的强烈刺激。转基因拟南芥中超表达 *GaWRKY1* 以及酵母杂交等实验证实, *GaWRKY1* 参与倍半萜生物合成途径的调控,它的下游靶蛋白是 *CAD1-A*, *GaWRKY1* 基因的 W-box 作用重要。这些研究结果在其他植物中研究倍半萜合成提供了依据;同时本研究中的证据支持了 WRKY 类转录因子的亮氨酸拉链介导蛋白二聚体化并促进与 DNA 结合的结论。

代谢的基因工程 复旦大学唐克轩实验室以天仙子(*Hyoscyamus niger*)毛状根为转基因系统,将编码东莨菪碱生物合成途径上游限速酶 putrescine *N*-methyltransferase (PMT)和下游的 hyoscyamine 6b-hydroxylase (H6H) 的基因同时转入并超表达,获得了迄今为止转基因植株代谢产物东莨菪碱含量最高的转基因株,含量高达 $411 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,是未转基因对照的 9 倍多。研究表明,两个基因同时转化比单个基因的转化效率更高,而且下游途径的 H6H 对生物合成的贡献更大(Zhang *et al.*, 2004b)。此项研究为利用毛状根作为生物反应器大规模生产东莨菪碱奠定了基础。

5 细胞遗传机理

细胞结构与遗传机制 所有真核生物都有裂解区室,哺乳动物细胞中为溶酶体,酵母和植物细胞中为液泡,且内有水解酶。这些酸性水解酶的运输是从高尔基体开始的,由一种称为 BP-80 的整合膜蛋白介导。香港中文大学的姜里文研究组通过免疫荧光共聚焦技术在转基因烟草中证明多小泡体(multivesi-

cular bodies, MVB)是一种从分泌和内吞途径到裂解区室的前叶泡区室(pre vacuolar compartments, PVC)(Tse *et al.*, 2004)。

目前在被子植物中,约85%的物种表现出质体的母系遗传,其余表现为双亲遗传。人们发现绿藻(*Chlorophytum comosum*)表现出一种低频率(约2%~8%)的双亲质体遗传,这种低频率是那些母系质体遗传物种中随机出现双亲质体传递的概率的十倍。北京大学的苏都莫日根实验室研究表明,绿藻的生殖细胞是杂合的,是一种介于天竺葵属(*Pelargonium*)植物型双亲遗传模式和茄科植物母系质体遗传模式之间的过渡类型(Liu *et al.*, 2004b)。该实验室用落射荧光显微技术(epifluorescence microscopy)检测了丁香属(*Syringa*)多数物种花粉发育中的线粒体和质体数目的变化,并用电镜和免疫电镜定量的检测细胞器基因组DNA的相应变化,发现丁香属线粒体可能的遗传方式都是母系遗传,而质体的遗传方式则不尽相同,并据此将丁香属分为两个类群(Liu *et al.*, 2004a)。该项研究的意义在于同属内的植物存在质体遗传方式上的差异十分罕见。胞质遗传机制在被子植物的线粒体中可能是保守的,而在质体中则存在差异,起源较晚。

细胞分化与格式形成的分子机制 细胞分化方向和格式形成过程的分子调控机制是发育生物学研究的基础问题之一。不论是在真核生物还是原核生物中,人们都发现细胞间的沟通及相互作用在调控发育的过程中起着至关重要的作用。蓝细菌作为简单的多细胞有机体,其异型胞分化与格式形成的过程可以看成最简单的一维空间上排列的细胞分化模式, *hetR* 是蓝细菌异型胞分化与格式形成过程中基因调控的主开关基因(Zhou *et al.*, 1998)。北京大学的赵进东研究组的黄旭等发现, *HetR* 蛋白是一种新型的DNA结合蛋白,它必须通过唯一的第48位半胱氨酸共

价形成的蛋白同源二聚体才可以特异的结合在自身基因上游启动子区域,调控自身的正反馈过程。通过继续测试 *HetR* 可能结合的DNA片段,实验表明, *HetR* 蛋白同源二聚体可以结合在 *patS* 的启动子区域,启动和维持它的上调表达。而位于 *PatS* 羧基端的RGSGR五肽可以抑制 *HetR* 的DNA结合活性,从而阻止 *HetR* 蛋白对自身基因的诱导表达和对 *patS* 的调控作用,甚至是 *patS* 基因的表达。*HetR* 与 *PatS* 的这种直接相互作用参与了蓝细菌异型胞分化与格式形成,是不可缺少的关键调控过程(Huang *et al.*, 2004)。这些结论充实了人们对于异型胞发育分化与格式形成分子机理的认识,并为今后的深入研究提供了重要线索。

6 水稻基因组进化与功能基因

水稻基因组分子进化 中国科学院遗传与发育生物学研究所的朱立煌研究组从全基因组鸟枪法得到的水稻基因组序列中重新组装出叶绿体的基因组序列,并分析比较了水稻的不同亚种——粳稻(*O. sativa ssp. japonica*)日本晴(*Nipponbare*)超级杂交稻“两优培九”(LYP-9)的亲本籼稻(*O. sativa ssp. indica*)93-11和PA64S(母本为粳稻)的叶绿体基因组序列,由序列多态性显示出的来源与育种历史记录相吻合。亚种间多态性包括了单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphisms, SNPs)和插入缺失位点(InDels),并用实验进行了验证。这些多态性所占的比例远远小于相应核基因组中的比例,显示出进化速率的差异。由核苷酸替换数估计了籼稻和粳稻的叶绿体在进化上分开的时间,这个时间远小于由核基因组序列估计的分开时间(Tang *et al.*, 2004)。这一研究结果为进一步研究叶绿体基因组和核基因组的分子进化奠定了基础。上海师范大学的杨仲南研究组基于已公布的水稻基因组序列信息,构建了一个日本晴和93-11

的全基因组DNA多态性数据库,并对数据库中的SNP和InDel频率和分布进行了比较,确认了一些InDel的多态性,找出了一些InDel标记,分析了它们应用于作图的可能性(Shen *et al.*, 2004)。DNA多态性数据库和InDel标记将会为水稻的分子生物学研究作出贡献。

水稻根发育分子调控机理 植物生长素调控植物器官发生和发育机理是人们一直关注的基本生物学问题。根器官的发生和发育的分子机理在拟南芥研究中取得了长足的进展。而单子叶模式植物水稻根发育基因及其调控机制的报道相对欠缺。中国科学院植物研究所种康研究组从水稻中克隆出一个新的控制植物根发育的基因*OsRAA1*,证明该基因特异的受生长素诱导,表达于根和穗的快速生长区域,具有促进不定根发生和抑制种子根生长的功能,这些过程可能与细胞伸长和细胞数目增加有关(Ge *et al.*, 2004)。这一研究不仅揭示了RAA1基因功能,而且提出了生长素介导的控制根发育新的信号转导途径。

7 植物抗性及其信号转导

抗病基因克隆 水稻白叶枯病是威胁水稻生产的主要病害之一。克隆其抗性基因不仅在理论上具有重要意义,而且在实践上具有潜在的应用价值。华中农业大学张启发院士和王石平研究组通过图位克隆的方法从水稻中克隆到了一个抗性基因*Xa26*,证明该基因编码一个受体激酶,可介导对细菌*Xoo* (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*)引起的白叶枯病的抗性(Sun *et al.*, 2004)。南京农业大学的董汉松研究组证明,在拟南芥中乙烯信号途径可控制诱激因子Harpin蛋白引起的促进植物生长和抗虫害反应(Dong *et al.*, 2004)。该研究揭示了乙烯信号途径通过下游分工控制植物的不同表型,同时也为研究各种激素如何在不同的生理反应中的协同调节或拮抗打下了基础。

环境胁迫和适应 兰州大学的张立新研究组首次报道在芦苇(*Phragmites communis*)中,NO可作为第二信使诱导质膜H⁺-ATPase表达,参与盐胁迫的应答。该研究组以两个不同生态型的芦苇愈伤组织为材料,研究植物对盐胁迫的影响。研究结果表明在抗盐反应中,NO作为信号分子,通过增加质膜H⁺-ATPase活性来增加钾钠比率,从而调节愈伤组织的抗盐害作用。该项研究还指出了用不同芦苇生态型来研究植物适应多种环境条件的价值(Zhang *et al.*, 2004a)。香港浸会大学的张建华与扬州大学的朱庆森等人合作对小麦灌浆期4种关键酶(ADP Glc pyrophosphorylase、蔗糖合酶(SuSase)、可溶性淀粉合酶(SSS)和淀粉分支酶(SBE))进行活性分析并研究它们与ABA的关系,证明适当地缺水可以提高小麦的灌浆速度,而这主要是通过调节蔗糖到淀粉途径中的关键酶(SuSase, SSS, and SBE),使库的活性增强来实现的。ABA在此过程的调节中起关键性作用(Yang *et al.*, 2004)。

中国科学院生态环境研究中心朱永官研究员对细胞液泡分隔化研究进展进行了综述(Tong *et al.*, 2004)。在通过植物修复对土壤有害金属如镉、铅、砷、铜和镍等进行去除时,获得高效积累有害金属并具有高金属耐性的工程植物是关键。细胞耐金属毒害的机理有多种,其一是通过将离子保持在细胞壁,改变离子通道或将离子泵出细胞来维持细胞质的低有害离子浓度;其二是将细胞质中的有毒离子通过螯合、分隔化作用降低毒性或去毒。至今为止,多数转基因植物都是通过超表达金属结合蛋白或多肽,或者转入使毒性变小的基因获得的。酵母液泡转运体YCF1蛋白基因在拟南芥中超表达的研究表明,尽管转基因植株的YCF1表达量不高,但植株对铅和镉的耐性和茎积累离子的水平明显提高。这项研究与转金属结合蛋白或多肽相比,转基因植物只需少量液泡转运体蛋白的表达就可以

通过有毒金属在细胞质的区域化作用减少毒性,从而获得高质量的工程植株。

乙烯信号转导 中国科学院遗传与发育生物学研究所陈受宜课题组从烟草中克隆得到了一个乙烯受体的同源基因 *NTHK2*, 证明该基因受脱水和氯化钙诱导, 其编码的蛋白在不同离子作用下既可以有丝氨酸/苏氨酸激酶活性, 也可以有组氨酸激酶活性(Zhang *et al.*, 2004c)。该成果为研究乙烯信号转导的复杂性以及植物体内乙烯的功能提供了新的线索。

8 功能基因组学研究平台

转录因子在高等植物生活周期的各个方面发挥着重要的作用。据估计, 拟南芥中至少含有 1 600 个转录因子基因。北京大学的邓兴旺、朱玉贤、顾红雅等 5 个课题组与中国科学院的李家洋、左健儒等课题组合作克隆了 1 282 个单独的拟南芥转录因子基因, 完成了序列测定, 并对其中一些基因以前的注释错误进行了修正。这些基因均转入酵母表达载体中进行表达分析, 证明了它们的完整性。同时, 应用基因芯片技术, 对这些转录因子基因在拟南芥整个生活周期中的表达情况进行了全面的分析(Gong *et al.*, 2004)。这些研究结果为更深入地进行拟南芥转录因子基因的功能鉴定研究打下了良好的基础。中国科学院上海植物生理生态研究所的薛红卫研究组在酵母单杂交的基础上发展了一种高通量分离和分析水稻胚胎发育过程中对基因转录起重要作用的因子的方法(Ye *et al.*, 2004)。浙江大学的周雪平等利用番茄黄化曲叶中国病毒(tomato yellow leaf curl China virus)(一种菜豆金黄花叶病毒)建立了一个病毒卫星 DNA 介导的基因沉默(virus-induced gene silencing, VIGS)系统(Tao and Zhou, 2004)。这些成果为功能基因组研究提供了新的有力的技术平台。

9 植物生态学与系统进化植物学

中国科学院植物研究所白永飞等通过对中国科学院草原生态系统定位研究站连续 24 年的观测数据分析, 得出了 3 个主要发现: 1~7 月的降水量是导致群落生物量波动的重要环境因子; 生态系统稳定性(与群落生物量生产的可变性负相关)随机体水平等级(即从物种到功能群到整个生物群落)而逐渐增加; 群落水平的稳定性可能是由物种和功能群水平上的主要成分的互补作用引起的(Bai *et al.*, 2004)。其研究结果可为更好地管理和恢复迅速退化的内蒙古草原提供理论依据。

横跨长江的三峡大坝是世界上最大的水电发电站, 三峡大坝的建造将形成很多不同大小的岛屿, 大坝的建造也将给三峡库区的生态系统带来巨大的挑战。围绕上述问题, 申国珍和谢宗强(2004)提出了开展生境破碎试验研究的具体措施。某一特定地区生物多样性清单是资源保护和管理的必要信息。王金秀等(Wang *et al.*, 2004a)认为, 在生物多样性的快速评价中, 应当重视并应用当地居民传统的民间植物分类系统。

甲烷是主要温室气体中的一种, 目前人们认为 20% 的全球变暖是由甲烷引起的(Houghton *et al.*, 1992)。自工业革命以来, 甲烷浓度急剧上升。湿地是全球大气甲烷形成的主要源泉。影响湿地甲烷产生、吸收与排放的因素很多。丁维新等(2004)估测了已排水并用作农田后的沼泽地上耕作、氮肥和搁置等过程对甲烷吸收的影响。他们发现耕作和施用氮肥显著降低沼泽地对甲烷的吸收速率; 在机械耕地上甲烷通量和土壤容重呈显著负相关, 表明耕作压实和由此引起的甲烷和氧气的扩散阻力增加是导致甲烷吸收降低的主要原因; 长期施用氮肥可以缓慢降低土壤对甲烷的吸收。吕要斌等(2004)应用外源茉莉酸对两个近源白菜种 *Brassica campestris* 和

B. oleracea 处理研究了它们对 *Plutella xylostella* (一种蛾) 宿主寻找和产卵选择的影响。结果表明在易感植物中, 诱导抗性易发生, 而诱发易感性在原来抗性高的植物中发生, 意味着植物对于专一性食草动物的构成型和诱发性防御间存在着可能的平衡机制。

2004年, 在系统与进化植物学领域, 中国植物学家作出了卓著成绩。经过几代人的努力, 完成了《中国植物志》80卷126分册的编研, 在2005年4月向全世界宣布了这一消息。这一成果不仅对我国植物资源基本情况进行了评述, 而且建立和完善了植物分类系统。英文版《Flora of China》截至2004年底也已出版了11卷。中国科学院植物研究所

孔宏智与美国Penn State University马红教授合作对植物中SKP1类和cyclin类基因的结构、功能和进化式样进行了深入研究(Kong *et al.*, 2004)。

种 康 (中国科学院植物研究所)
杨维才 (中国科学院遗传与发育生物学研究所)
王 台 (中国科学院植物研究所)
瞿礼嘉 (北京大学生命科学学院)
蒋高明 (中国科学院植物研究所)
王小菁 (华南师范大学生命科学学院)
许亦农 (中国科学院植物研究所)
陈之端 (中国科学院植物研究所)
于 昕 (中国科学院植物研究所)

参 考 文 献

- Bai Y, Han X, Wu J, Chen Z, Li L (2004) Ecosystem stability and compensatory effects in the Inner Mongolia grassland. *Nature*, **431**: 181-184
- Chen MH, Huang LF, Li HM, Chen YR, Yu SM (2004a) Signal peptide-dependent targeting of a rice α -amylase and cargo proteins to plastids and extracellular compartments of plant cells. *Plant Physiology*, **135**: 1367-1377
- Chen YL, Huang R, Xiao YM, Lu P, Chen J, Wang XC (2004b) Extracellular calmodulin-induced stomatal closure is mediated by heterotrimeric G protein and H_2O_2 . *Plant Physiology*, **136**: 4096-4103
- Ding W, Cai Z, Tsuruta H (2004) Cultivation, nitrogen fertilization, and set-aside effects on methane uptake in a drained marsh soil in Northeast China. *Global Change Biology*, **10**: 1801-1809
- Dong HP, Peng J, Bao Z, Meng X, Bonasera JM, Chen G, Beer SV, Dong H (2004) Downstream divergence of the ethylene signaling pathway for harpin-stimulated arabidopsis growth and insect defense. *Plant Physiology*, **136**: 3628-3638
- Eckardt NA (2004) F-Box proteins take center stage. *The Plant Cell*, **16**: 558-561
- Feng Q, Zhang Y, Hao P, Wang S, Fu G, Huang Y, Li Y, Zhu J, Liu Y, Hu X, Jia P, Zhang Y, Zhao Q, Ying K, Yu S, Tang Y, Weng Q, Zhang L, Lu Y, Mu J, Lu Y, Zhang LS, Yu Z, Fan D, Liu X, Lu T, Li C, Wu Y, Sun T, Lei H, Li T, Hu H, Guan J, Wu M, Zhang R, Zhou B, Chen Z, Chen L, Jin Z, Wang R, Yin H, Cai Z, Ren S, Lv G, Gu W, Zhu G, Tu Y, Jia J, Zhang Y, Chen J, Kang H, Chen X, Shao C, Sun Y, Hu Q, Zhang X, Zhang W, Wang L, Ding C, Sheng H, Gu J, Chen S, Ni L, Zhu F, Chen W, Lan L, Lai Y, Cheng Z, Gu M, Jiang J, Li J, Hong G, Xue Y, Han B (2002) Sequence and analysis of rice chromosome 4. *Nature*, **420**: 316-320
- Ge L, Chen H, Jiang JF, Zhao Y, Xu ML, Xu YY, Tan KH, Xu ZH, Chong K (2004) Overexpression of *OsRAA1* causes pleiotropic phenotypes in transgenic rice plants, including altered leaf, flower, and root development and root response to gravity. *Plant Physiology*, **135**: 1502-1513

- Gong W, Shen YP, Ma LG, Pan Y, Du YL, Wang DH, Yang JY, Hu LD, Liu XF, Dong CX, Ma L, Chen YH, Yang XY, Gao Y, Zhu D, Tan X, Mu JY, Zhang DB, Liu YL, Dinesh-Kumar SP, Li Y, Wang XP, Gu H-Y, Qu LJ, Bai SN, Lu YT, Li JY, Zhao JD, Zuo J, Huang H, Deng XW, Zhu YX (2004) Genome-wide ORFeome cloning and analysis of Arabidopsis transcription factor genes. *Plant Physiology*, **135**: 773-782
- Houghton JT, Callander BA and Varney SK (1992) Climate change 1992 - the supplementary report to the IPCC scientific assessment. Cambridge University Press, Cambridge, pp 205
- Huang X, Dong Y, Zhao J (2004) HetR homodimer is a DNA-binding protein required for heterocyst differentiation, and the DNA-binding activity is inhibited by PatS. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **101**: 4848-4853
- Hung WF, Chen LJ, Boldt R, Sun CW, Li HM (2004) Characterization of arabidopsis glutamine phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase-deficient mutants. *Plant Physiology*, **135**: 1314-1323
- Kong H, Leebens-Mack J, Ni W, dePamphilis CW, Ma H (2004) Highly heterogeneous rates of evolution in the *SKPI* gene family in plants and animals: functional and evolutionary implications. *Molecular Biology and Evolution*, **21**: 117-128
- Lai Z, Ma W, Han B, Liang L, Zhang Y, Hong G, Xue Y (2002) An F-box gene linked to the self-incompatibility (S) locus of *Antirrhinum* is expressed specifically in pollen and tapetum. *Plant Molecular Biology*, **50**: 29-42
- Lee HS, Huang S, Kao T (1994) S proteins control rejection of incompatible pollen in *Petunia inflata*. *Nature*, **367**: 560-563
- Li CH, Zhu YQ, Meng YL, Wang JW, Xu KX, Zhang TZ, Chen XY (2002) Isolation of genes preferentially expressed in cotton fibers by cDNA filter arrays and RT-PCR. *Plant Science*, **163**: 1113-1120
- Li QJ, Xu ZF, Kress WJ, Xia YM, Zhang L, Deng XB, Gao JY, Bai ZL (2001) Pollination: flexible style that encourages outcrossing. *Nature*, **410**: 432
- Li X, Qian Q, Fu Z, Wang Y, Xiong G, Zeng D, Wang X, Liu X, Teng S, Hiroshi F, Yuan M, Luo D, Han B, Li J (2003) Control of tillering in rice. *Nature*, **422**: 618-621
- Liu Y, Cui H, Zhang Q, Sodmergen (2004a) Divergent Potentials for cytoplasmic inheritance within the genus *Syringa*. A new trait associated with speciation. *Plant Physiology*, **136**: 2762-2770
- Liu Y, Zhang Q, Hu Y, Sodmergen (2004b) Heterogeneous pollen in *chlorophytum comosum*, a species with a unique mode of plastid inheritance intermediate between the maternal and biparental modes. *Plant Physiology*, **135**: 193-200
- Liu Z, Yan H, Wang K, Kuang T, Zhang J, Gui L, An X, Chang W (2004c) Crystal structure of spinach major light-harvesting complex at 2.72 Å resolution. *Nature*, **428**: 287-292
- Lu YB, Liu SS, Liu YQ, Furlong MJ, Zalucki MP (2004) Contrary effects of jasmonate treatment of two closely related plant species on attraction of and oviposition by a specialist herbivore. *Ecology Letters*, **7**: 337-345
- Ma L, Liang S, Jones RL, Lu YT (2004) Characterization of a novel calcium/calmodulin-dependent protein kinase from tobacco. *Plant Physiology*, **135**: 1280-1293
- McClure B (2004) S-RNase and SLF determine S-haplotype-specific pollen recognition and rejection. *The Plant Cell*, **16**: 2840-2847
- McClure BA, Haring V, Ebert PR, Anderson MA, Simpson RJ, Sakiyama F, Clarke AE (1989) Style self-incompatibility gene products of *Nicotiana glauca* are ribonucleases. *Nature*, **342**: 955-957

- Murfett J, Atherton TL, Mou B, Gasser CS, McClure BA (1994) S-RNase expressed in transgenic *Nicotiana* causes S-allele-specific pollen rejection. *Nature*, **367**: 563-566
- Qiao H, Wang F, Zhao L, Zhou J, Lai Z, Zhang Y, Robbins TP, Xue Y (2004a) The F-Box Protein AhSLF-S2 Controls the Pollen Function of S-RNase-Based Self-Incompatibility. *The Plant Cell*, **16**: 2307-2322
- Qiao H, Wang H, Zhao L, Zhou J, Huang J, Zhang Y, Xue Y (2004b) The f-box protein AhSLF-S2 physically interacts with S-RNases that may be inhibited by the ubiquitin/26S proteasome pathway of protein degradation during compatible pollination in *Antirrhinum*. *The Plant Cell*, **16**: 582-595
- Shen G, Xie Z (2004) Three Gorges project: chance and challenge. *Science*, 304: 681
- Shen YJ, Jiang H, Jin JP, Zhang ZB, Xi B, He YY, Wang G, Wang C, Qian L, Li X, Yu QB, Liu HJ, Chen DH, Gao JH, Huang H, Shi TL, Yang ZN (2004) Development of Genome-Wide DNA Polymorphism Database for Map-Based Cloning of Rice Genes. *Plant Physiology*, **135**: 1198-1205
- Sijacic P, Wang X, Skirpan AL, Wang Y, Dowd PE, McCubbin AG, Huang S, Kao TH (2004) Identification of the pollen determinant of S-RNase-mediated self-incompatibility. *Nature*, **429**: 302-305
- Sun X, Cao Y, Yang Z, Xu C, Li X, Wang S, Zhang Q (2004) *Xa26*, a gene conferring resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in rice, encodes an LRR receptor kinase-like protein. *Plant Journal*, **37**: 517-527
- Suo J, Liang X, Pu L, Zhang Y, Xue Y (2003) Identification of GhMYB109 encoding a R2R3 MYB transcription factor that expressed specifically in fiber initials and elongating fibers of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Biochimica et Biophysica Acta*, **1630**: 25-34
- Tang J, Xia Ha, Cao M, Zhang X, Zeng W, Hu S, Tong W, Wang J, Wang J, Yu J, Yang H, Zhu L (2004) A comparison of rice chloroplast genomes. *Plant Physiology*, **135**: 412-420
- Tao X, Zhou X (2004) A modified viral satellite DNA that suppresses gene expression in plants. *The Plant Journal*, **38**: 850-860
- Tong YP, Kneer R, Zhu YG (2004) Vacuolar compartmentalization: a second-generation approach to engineering plants for phytoremediation. *Trends in Plant Science*, **9**: 7-9
- Tse YC, Mo B, Hillmer S, Zhao M, Lo SW, Robinson DG, Jiang L (2004) Identification of multivesicular bodies as prevacuolar compartments in *Nicotiana tabacum* BY-2 cells. *The Plant Cell*, **16**: 672-693
- Wang J, Liu H, Hu H, Gao L (2004a) Participatory approach for rapid assessment of plant diversity through a folk classification system in a tropical rainforest: case study in Xishuangba, China. *Conservation Biology*, **18**: 1139-1142
- Wang S, Wang JW, Yu N, Li CH, Luo B, Gou JY, Wang LJ, Chen XY (2004b) Control of plant trichome development by a cotton fiber MYB gene. *The Plant Cell*, **16**: 2323-2334
- Wang Y, Zhang D, Renner SS, Chen Z (2004c) Botany: a new self-pollination mechanism. *Nature*, **431**: 39-40
- Wang YF, Fan LM, Zhang WZ, Zhang W, Wu WH (2004d) Ca²⁺-permeable channels in the plasma membrane of Arabidopsis pollen are regulated by actin microfilaments. *Plant Physiology*, **136**: 3892-3904
- Wong HK, Chan HK, Coruzzi GM, Lam HM (2004) Correlation of *ASN2* Gene Expression with Ammonium Metabolism in Arabidopsis. *Plant Physiology*, **134**: 332-338
- Xu YH, Wang JW, Wang S, Wang JY, Chen XY (2004) Characterization of GaWRKY1, a Cotton Tran-

- scription Factor That Regulates the Sesquiterpene Synthase Gene (+)- δ -Cadinene Synthase-A. *Plant Physiology*, **135**: 507-515
- Yang J, Zhang J, Wang Z, Xu G, Zhu Q (2004) Activities of key enzymes in sucrose-to-starch conversion in wheat grains subjected to water deficit during grain filling. *Plant Physiology*, **135**: 1621-1629
- Yang WC (2004) Self-incompatibility and ubiquitination/26S proteasome pathway: A sexual link revealed. *Chinese Academy of Sciences*, **18**: 188-189
- Ye R, Yao QH, Xu ZH, Xue HW (2004) Development of an efficient method for the isolation of factors involved in gene transcription during rice embryo development. *The Plant Journal*, **38**: 348-357
- Yu J, Hu S, Wang J, Wong GK, Li S, Liu B, Deng Y, Dai L, Zhou Y, Zhang X, Cao M, Liu J, Sun J, Tang J, Chen Y, Huang X, Lin W, Ye C, Tong W, Cong L, Geng J, Han Y, Li L, Li W, Hu G, Huang X, Li W, Li J, Liu Z, Li L, Liu J, Qi Q, Liu J, Li L, Li T, Wang X, Lu H, Wu T, Zhu M, Ni P, Han H, Dong W, Ren X, Feng X, Cui P, Li X, Wang H, Xu X, Zhai W, Xu Z, Zhang J, He S, Zhang J, Xu J, Zhang K, Zheng X, Dong J, Zeng W, Tao L, Ye J, Tan J, Ren X, Chen X, He J, Liu D, Tian W, Tian C, Xia H, Bao Q, Li G, Gao H, Cao T, Wang J, Zhao W, Li P, Chen W, Wang X, Zhang Y, Hu J, Wang J, Liu S, Yang J, Zhang G, Xiong Y, Li Z, Mao L, Zhou C, Zhu Z, Chen R, Hao B, Zheng W, Chen S, Guo W, Li G, Liu S, Tao M, Wang J, Zhu L, Yuan L, Yang H (2002) A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). *Science*, **296**: 79-92
- Zhang LY, Peng YB, Pelleschi-Travier S, Fan Y, Lu YF, Lu YM, Gao XP, Shen YY, Delrot S, Zhang DP (2004a) Evidence for apoplasmic phloem unloading in developing apple fruit. *Plant Physiology*, **135**: 574-586
- Zhang L, Ding R, Chai Y, Bonfill M, Moyano E, Oksman-Caldentey KM, Xu T, Pi Y, Wang Z, Zhang H, Kai G, Liao Z, Sun X, Tang K (2004b) Engineering tropane biosynthetic pathway in *Hyoscyamus niger* hairy root cultures. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **101**: 6786-6791
- Zhang ZG, Zhou HL, Chen T, Gong Y, Cao WH, Wang YJ, Zhang JS, Chen SY (2004c) Evidence for serine/threonine and histidine kinase activity in the tobacco ethylene receptor protein NTHK2. *Plant Physiology*, **136**: 2971-2981
- Zhou J, Wang F, Ma W, Zhang Y, Han B, Xue Y (2003) Structural and transcriptional analysis of S-locus F-box genes in *Antirrhinum*. *Sexual Plant Reproduction*, **16**: 165-178
- Zhou R, Wei X, Jiang N, Li H, Dong Y, Hsi KL, Zhao J (1998) Evidence that HetR protein is an unusual serine-type protease. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **95**: 4959-4963

