论文简介

论文《核苷酸转移酶与玉米非生物胁迫响应》通过生物信息学和 RT-PCR 分析的方法，首次揭示了核苷酸转移酶参与玉米植株抗逆的过程。核苷酸转移酶是一类包含有 poly(A) 聚合酶和末端核甘酸转移酶结构域的蛋白，在真核生物中负责催化 RNA 的非模板加尾，对 RNA 的稳定性有重要影响。近年来，陆续有植物核苷酸转移酶的相关研究报道，但核苷酸转移酶在植株里的生物学功能依然不清楚。在玉米中首次发现核苷酸转移酶与植株抗逆过程相关，这对玉米在胁迫下的耐受性的提高以及玉米的现代化育种具有重要的意义，并且也为进一步研究核苷酸转移酶的生物学功能提供了一个方向。

在同期的研究中，我们发现水稻中核苷酸转移酶同样参与了非生物胁迫的调节，详情见 SCI 论文《Identification and expression profiling of Oryza sativa nucleotidyl transferase protein (NTP) genes under various stress conditions》。后续对核苷酸转移酶的研究中，我们获得了一些重要的拟南芥核苷酸转移酶的突变体，帮助我们更进一步研究核苷酸转移酶的生物学功能以及在非生物胁迫下的分子机制。目前，我们发现核苷酸转移酶不仅参与植株抗逆的过程，还在植物生长的许多阶段发挥着重要功能，这些功能到底是什么，也就是我们接下来的主要研究内容。

团队介绍

研究团队隶属于广东省植物表观遗传学重点实验室、深圳市微生物基因工程重点实验室。以陈雪梅院士为学术带头人的研究团队，团队成员中包括院士 1 人、中组部千人计划人才 3 人、教授 17 人、副教授 7 人、讲师 8 人，团队成员全部具有博士学位。研究团队长期开展小分子 RNA 相关的基础理论和开发应用研究。在基础理论方面，主要研究小 RNA 的合成、代谢、运动和功能等机制的研究，在开发应用方面，主要利用我们根据所掌握的 miRNA 以及它们在植物发育过程中所起作用的知识和技术，对 5 种广东省重要的粮食及经济作物的关键性状进行改良。对于不同的农作物，我们根据其特点分别进行不同的性状改变，以达到增产增质的目的，如增加果实的大小从而增加产量等。通过在不同组织中或不同程度地升高或降低某些特定 miRNA 的表达，以及采用最新的 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术来改变 miRNA 或其靶基因的表达从而获得理想的农作物性状。本团队技术的优点是最终产品不含任何转基因成分。 团队先后承担广东省创新团队项目、国家自然科学基金重大研究项目、深圳市孔雀团队项目的研究任务，先后在 Science、PNAS、eLIFE、Genome Biology 等国际顶级期刊上发表研究论文几十篇，完成发明专利多项。目前研究团队实验室面积 2201 m^2，公共技术服务平台面积为 796 m^2。实验室拥有仪器设备 2 024 台套，总值 10 161 万元，其中 10 万元以上的大型仪器设备 125 台，总值为 7 573 万元。目前建有为科研服务的包括显微分析测试平台、色谱质谱分析测试平台、光谱生物学分析测试平台、分子生物学分析测试平台、蛋白质组学研究平台、海洋监测分析平台和生物发酵与培养平台等技术平台在内的大型仪器设备公共服务平台。

团队近几年论著发表情况:

[1] Li, J., Wang, Y., Zhang, Y., Wang, W., Irish, V. F., & Huang, T. (2016). Rabbit earsregulates the transcription oftcp4during petal development in arabidopsis:. *Journal of Experimental Botany, 67*(22), 6473-6480.

[2] Liu, L., & Chen, X. (2016). Rna quality control as a key to suppressing rna silencing of endogenous genes in plants. *Molecular Plant, 9*(6), 826-836.

[3] Li, S., Le, B., Ma, X., Li, S., You, C., & Yu, Y., et al. (2016). Biogenesis of phased sirnas on membrane-bound polysomes in arabidopsis. *eLife,5,(2016-12-11), 5*.

[4] Kim, Y. J., Wang, R., Gao, L., Li, D., Xu, C., & Mang, H., et al. (2016). Powerdress and hda9 interact and promote histone h3 deacetylation at specific genomic sites in arabidopsis. *Proceedings of the National Academy Ofences of the United States of America, 113*(2-20), 14858.

[5] Ma, X., Liu, C., Gu, L., Mo, B., Cao, X., & Chen, X. (2017). Tarhunter, a tool for predicting conserved microrna targets and target mimics in plants. *Bioinformatics, 34*(9).

[6] You C, Cui J, Wang H, et al. Conservation and divergence of small RNA pathways and microRNAs in land plants[J]. Genome Biology, 2017, 18(1):158.

[7] Li, D., Palanca, A. M. S., Won, S. Y., Gao, L., Feng, Y., & Vashisht, A. A., et al. (2017). The mbd7 complex promotes expression of methylated transgenes without significantly altering their methylation status. *eLife,6,(2017-04-24), 6*.

[8] Yu, Y., Ji, L., Le, B. H., Zhai, J., Chen, J., & Luscher, E., et al. (2017). Argonaute10 promotes the degradation of mir165/6 through the sdn1 and sdn2 exonucleases inarabidopsis:. *Plos Biology, 15*(2), e2001272.

[9] Song, J., Mo, X., Yang, H., Yue, L., Song, J., & Mo, B. (2017). The u-box family genes in medicago truncatula: key elements in response to salt, cold, and drought stresses. *Plos One, 12*(8), e0182402.

[10] Yang, H., Song, J., Yue, L., Mo, X., Song, J., & Mo, B. (2017). Identification and expression profiling of oryza sativa nucleotidyl transferase protein (ntp) genes under various stress conditions. *Gene,628*, 93-102.

[11] Wang, K. L., Wu, Z. H., Wang, Y., Wang, C. Y., & Xu, Y. (2017). Mini-review: antifouling natural products from marine microorganisms and their synthetic analogs. *Marine Drugs, 15*(9), 266.

[12] Jiang, Y., Xiao, P., Shao, Q., Qin, H., Hu, Z., & Lei, A., et al. (2017). Metabolic responses to ethanol and butanol in chlamydomonas reinhardtii. *Biotechnology for Biofuels, 10*(1), 239.

[13] Jie, C., You, C., & Chen, X. (2017). The evolution of micrornas in plants. *Current Opinion in Plant Biology, 35*, 61-67.

团队近几年科研项目情况:

序号	项目名称	项目负责人	项目性质	项目承担单位	资助金额/万元	项目实施期限
1	RNA 聚合酶 PolIV 转录产物的生合成及调控	陈雪梅	国家自然科学基金重大研究计划	深圳大学	300	2018/1/1 – 2021/12/31
2	广东省表观遗传学重点实验室	陈雪梅	省级重点项目	深圳大学	300	2016/1/1 – 2018/12/31
3	拟南芥中核苷酸转移酶活性及其在 RdDM 途径中的分子机理研究	莫蓓莘	国家自然科学基金项目	深圳大学	76	2016/1/1 – 2019/12/31
4	拟南芥转录因子 RBE、JAG 和 TCP5 时空特异调节花瓣生长过程的机理研究	黄腾波	国家自然科学基金面上项目	深圳大学	72	2016/1/1 – 2019/12/31
5	microRNA399 调控番茄缺磷胁迫响应的机理研究	黄腾波	国家自然科学基金面上项目	深圳大学	60	2018/1/1 – 2021/12/31
6	苔藓及蕨类植物 miRNA 的鉴定和进化研究	高雷	深圳市海外高层次人才启动经费（孔雀计划 C 类）	深圳大学	270	2017/1/1 – 2019/12/31
7	基于全基因组的植物 miRNA 及其相关蛋白的分子进化研究	高雷	深圳市科创委基础研究项目	深圳大学	46	2018/5/1-2020/4/30
8	主要粮食作物分子设计育种项目-玉米分子设计种子课题	刘琳	科技部国家重点研发计划	深圳大学	75	2016/7/1 – 2020/12/31
9	玉米高温胁迫响应相关 miRNA 及其靶基的鉴定与能研究	刘琳	国家自然科学青年基金	深圳大学	22.8	2017/1/1 – 2019/12/31
10	利用小 RNA 技术改良玉米的重要经济性状	刘琳	深圳市海外高层次人才启动经费（孔雀计划 C 类）	深圳大学	270	2017/1/1 – 2020/12/31
11	一种海洋柄涡虫共附生细菌的多样性及其次级代谢产物的研究	徐颖	国家自然科学基金面上项目	深圳大学	65	2016/1/1 – 2019/12/31
12	利用 CRISPR/Cas9 技术敲除花生主要过敏原基因的研究	于为常	国家自然科学基金面上项目	深圳大学	74	2016/1/1 – 2019/12/31

课题组部分成员合影