



# IAA研究文献专辑 非损伤微测技术

## 获取更多分类文献专辑

神经研究、毒理（斑马鱼）研究、重金属胁迫、盐胁迫、IAA 研究、极性生长、温度胁迫、水旱胁迫、植物免疫、植物-微生物互动、植物营养 [>>点击获取](#)

中关村 NMT 产业联盟

[nmtia.org.cn](http://nmtia.org.cn)

扫码获取 2021 最新文献



# 目 录

PP 林金星: NRT1.1 磷酸化调节侧根发育的机制 .....	- 1 -
PBJ 农科院棉花所、浙江农科院: AKR2A 协调 IAA 和 H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> 积累调控棉纤维伸长.....	- 3 -
PP: 硼通过极性生长素运输促进过渡区根部碱化缓解铝毒 .....	- 5 -
Environ Exp Bot 河南农业大学: 水稻根部响应缺氧的分子机制研究.....	- 7 -
山东农科院孔令安: 激素信号在低氮胁迫小麦侧根发生及氮同化中的作用 .....	- 9 -
北林沈应柏: 虫食致植物生长迟缓与 IAA 滞留分生区相关 .....	- 12 -
Plant Commun 余玲/徐国华: NMT 监测活体根系 IAA 流动证实 OsHAK5 调节生长素运输调控水稻株型.....	- 14 -

# PP 林金星：NRT1.1 磷酸化调节侧根发育的机制

## 1. 基本信息

期刊：Plant Physiology

主题：NRT1.1 磷酸化调节侧根发育的机制

标题：Phosphorylation-mediated dynamics of nitrate transceptor NRT1.1 regulate auxin flux and nitrate signaling in lateral root growth

影响因子：6.305

作者：北京林业大学单晓昉、林金星、张曦

## 2. 中文摘要（谷歌机翻）

双亲和硝酸盐转运蛋白NITRATE TRANSPORTER 1.1 (NRT1.1) 具有两种运输和信号传导模式，由苏氨酸101 (T101) 磷酸化控制。NRT1.1通过调节硝酸盐依赖性碱基生长素输出和硝酸盐介导的信号转导来调节侧根 (LR) 发育。在这里，使用拟南芥NRT1.1<sup>T101D</sup>磷酸化和NRT1.1<sup>T101A</sup>非磷酸化突变体，研究发现NRT1.1的磷酸化状态在LR发育期间在NRT1.1功能中起关键作用。单粒子追踪显示磷酸化影响NRT1.1时空动态。磷酸化模拟NRT1.1<sup>T101D</sup>形式显示出快速的侧向移动性和膜分配，其促进了在低硝酸盐条件下的生长素流速。相比之下，不可磷酸化的NRT1.1<sup>T101A</sup>显示出低的侧向迁移率并且在质膜 (PM) 处寡聚化，其在高硝酸盐条件下通过网格蛋白介导的内吞作用和微区介导的胞吞作用途径诱导内吞作用。这些行为通过抑制PM上的NRT1.1控制的生长素转运并刺激来自内体的Ca<sup>2+</sup>-ARABIDOPSIS硝酸盐调节1 (ANR1) 信号传导来促进LR发展。

## 3. 检测离子/分子指标

IAA

## 4. 样品信息

酵母细胞

## 5. 离子/分子流实验处理方法

转化酵母细胞在SD-URA培养基长到对数期，转至SG-URA培养基[SD-URA培养基中的dextrose替换为2%(m/v)galactose]上，培养24~48 h，诱导NRT1.1, T101A, T101D, mRuby表达。离心收集并制成SG-URA悬液。

## 6. 离子/分子流实验结果

为了确定NRT1.1的磷酸化状态是否影响IAA运输，研究生成了酵母菌株YPH499表达空载体（CK, pESC-mRuby-URA）、NRT1.1、T101A或T101D的转化子。通过NMT技术分析，T101D酵母细胞显示出明显大于T101A酵母细胞的IAA内流速率（图1C, D）。

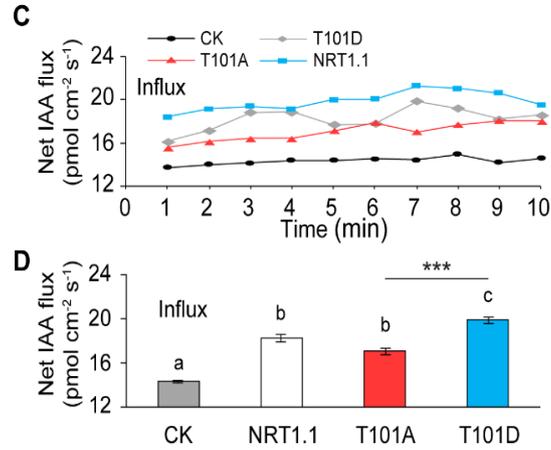


图1. 酵母菌株IAA流速的变化情况

## 7.测试液

0.5  $\mu$ M IAA, 2% (m/v) galactose, 0.3 mM MES, pH 5.8

# PBJ 农科院棉花所、浙江农科院：AKR2A 协调 IAA 和 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 积累调控棉纤维伸长

## 1. 基本信息

期刊：Plant Biotechnology Journal

主题：AKR2A 协调 IAA 和 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 积累调控棉纤维伸长

标题：AKR2A participates in the regulation of cotton fibre development by modulating biosynthesis of very long-chain fatty acids

影响因子：6.840

作者：中国农科院棉花所李付广、浙江省农科院沈国新

## 2. 中文摘要（谷歌机翻）

超长链脂肪酸（VLCFA）的生物合成及其运输是纤维发展所必需的。但是，此过程是否涉及其他监管因素尚不清楚。研究报告，棉花中拟南芥基因锚蛋白重复序列蛋白 2A（AKR2A）的过表达促进了纤维的伸长。RNA-Seq 分析用于阐明 AKR2A 调节棉纤维发育的机制。在 AKR2A 转基因品系中，VLCFA 含量和 VLCFA 与短链脂肪酸的比率增加。另外，AKR2A 通过调节乙烯并与植物生长素和过氧化氢的积累协同作用来促进纤维伸长。RNA-Seq 数据分析表明，AKR2A 上调参与 VLCFAs 生物合成，乙烯生物合成，生长素和过氧化氢信号，细胞壁和细胞骨架组织的基因的转录水平。此外，在体外和体内，AKR2A 与拟南芥中的 KCS1 相互作用。此外，AKR2A 过表达品系和 AKR2A/KCS1 共过表达品系的种子中 VLCFA 含量和 VLCFA 与短链脂肪酸的比率显著增加，而 AKR2A 突变体则相反。本研究的结果揭示了一种新颖的棉纤维生长机制，关键调节剂 AKR2A 通过介导 VLCFA 生物合成，通过激活激素信号传导级联来促进纤维发育。这项研究为通过基因工程提高纤维产量和质量提供了潜在的候选基因。

## 3. 检测离子/分子指标

IAA, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>

## 4. 样品信息

棉纤维尖端

## 5. 离子/分子流实验处理方法

开花后 15 d 的棉花纤维

## 6. 离子/分子流实验结果

WT 中 IAA 的平均外排速率为  $4262.30 \text{ fmol cm}^{-2}\text{s}^{-1}$ ；而 AKR2A-2 和 AKR2A-57 的外排速率平均值分别是  $14298.01 \text{ fmol cm}^{-2}\text{s}^{-1}$  和  $13685.83 \text{ fmol cm}^{-2}\text{s}^{-1}$ ，显然 AKR2A-OE 的 IAA 外排速率明显高于 WT。WT 中  $\text{H}_2\text{O}_2$  的平均外排速率为  $0.02 \text{ pmol cm}^{-2}\text{s}^{-1}$ ；而 AKR2A-2 和 AKR2A-57 的吸收速率平均值分别是  $0.49 \text{ pmol cm}^{-2}\text{s}^{-1}$  和  $0.80 \text{ pmol cm}^{-2}\text{s}^{-1}$ 。相比于 WT，AKR2A-OE 的 IAA 外排速率和  $\text{H}_2\text{O}_2$  吸收速率在纤维伸长过程中明显增加。

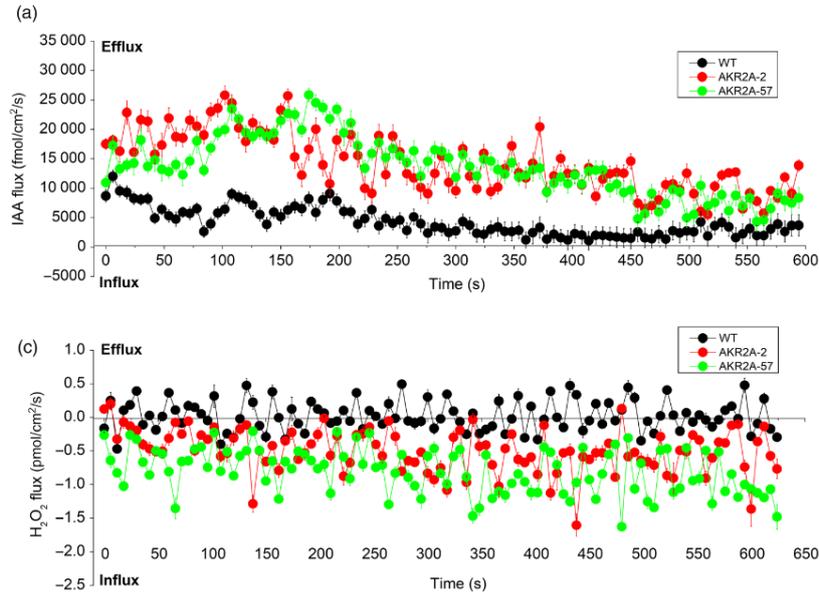


图 1. 过表达 AKR2A 和野生型棉花的开花后 15 天纤维中的 IAA 和  $\text{H}_2\text{O}_2$  流速

## 7.测试液

0.1 mM KCl, 0.1 mM  $\text{CaCl}_2$ , 0.3 mM MES, 0.2 mM  $\text{Na}_2\text{SO}_4$ , 0.1% sucrose, pH 6.0

# PP: 硼通过极性生长素运输促进过渡区根部碱化缓解铝毒

## 1. 基本信息

期刊: Plant Physiology

主题: 硼通过极性生长素运输促进过渡区根部碱化缓解铝毒

标题: Boron Alleviates Aluminum Toxicity by Promoting Root Alkalinization in Transition Zone via Polar Auxin Transport

影响因子: 5.949

作者: 佛山科学技术学院喻敏、李学文、Sergey Shabala

## 2. 中文摘要 (谷歌机翻)

硼 (B) 减轻高等植物中的铝 (Al) 毒性, 然而, 这种现象背后的潜在机制仍然未知。本研究使用溴甲酚绿 pH 值指示剂, 非损伤微测技术 (NMT) 来证明 B 促进豌豆 (*Pisum sativum*) 根的根表面 pH 梯度, 导致根过渡区的碱化和伸长区的酸化, 而 Al 抑制这些 pH 梯度。B 显著降低了侧根的过渡区 (距离顶点约 1.0-2.5 mm) 的 Al 积累, 从而减轻了 Al 诱导的根伸长抑制。通过 IAA 敏感的铂流速微传感器检测到的净吲哚乙酸 (IAA) 外排显示极性生长素转运在根过渡区达到峰值, 受到 Al 毒性的抑制, 而部分回收则是 B。使用拟南芥的电生理实验拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*) 生长素转运蛋白 (生长素抗性 1-7; 针形成 2 [pin2]) 和特异性极性生长素转运蛋白抑制剂 1-萘基酞酸表明, 基于 PIN2 的极性生长素转运参与过渡区的根表面碱化。本研究结果表明, B 促进由生长素外排转运蛋白 PIN2 驱动的极性生长素转运, 并导致质膜-H<sup>+</sup>-ATPase 的下游调节, 导致根表面 pH 升高, 这对于减少这种铝靶向中的 Al 积累是必不可少的。这些发现为外源 B 在减轻植物中铝积累和毒性中的作用提供了机制解释。

## 3. 检测离子/分子指标

H<sup>+</sup>, IAA

## 4. 样品信息

豌豆根, 距根尖 0、300、600、900、1200、1500、1800、2100、2400、2700 μm 根表上的点。

## 5. 离子/分子流实验处理方法

4 日龄豌豆幼苗, 0 或 25 μM H<sub>3</sub>BO<sub>3</sub> 处理 2 d, 之后 0 或 15 μM AlCl<sub>3</sub> 溶液 (pH 4.0) 中处理 3 h。

## 6.离子/分子流实验结果

为了研究极性生长素运输是否参与了豌豆根过渡区表面碱化的调控,使用 NMT 技术测定了豌豆根尖中 IAA 的净流速。IAA 净外排速率的曲线与沿根轴的 pH 曲线相似。净 IAA 外排速率在距离根冠交界处 600~1500  $\mu\text{m}$  之间达到峰值,在+B 植物中 900  $\mu\text{m}$  处检测到最高的外排速率,在-B 植物中 1200  $\mu\text{m}$  处检测到最高的外排速率(图 1A)。B 缺乏显著抑制了分生组织和根过渡区 IAA 的净外排。Al 胁迫 3 h 对-B 和+B 植株的 IAA 净外排也有明显的抑制作用,这种抑制作用主要发生在根部过渡区(图 1A)。Al 胁迫后,在分生组织和过渡区,-B 植物的 IAA 净外排速率低于+B 植物。这表明 Al 毒抑制了根过渡区 IAA 的外排,而 B 缺乏则抑制了分生组织和过渡区 IAA 的外排。B 缓解了 Al 毒作用下 Al 诱导的过渡带 IAA 外排减少。

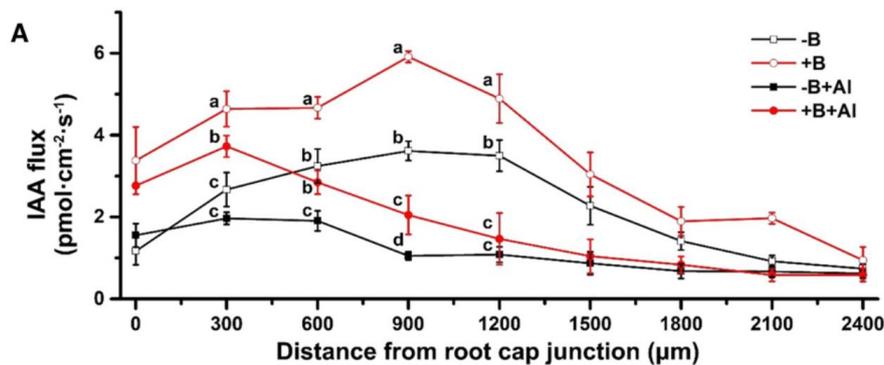


图1. B和Al对豌豆侧根根尖IAA转运的影响

## 7.测试液

IAA: 0.1 mM KCl, 0.1 mM CaCl<sub>2</sub>, 0.2 mM Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 0.3 mM MES, pH 4.0

H<sup>+</sup>: 0.1 mM CaCl<sub>2</sub>, 0.5mM KCl, pH 4.5

# Environ Exp Bot 河南农业大学：水稻根部响应缺氧的分子机制研究

## 1. 基本信息

期刊：Environmental and Experimental Botany

主题：水稻根部响应缺氧的分子机制研究

标题：Comparative morphological and transcriptomic responses of lowland and upland rice to root-zone hypoxia

影响因子：3.712

作者：河南农业大学赵全志、辛泽毓、刘娟

## 2. 中文摘要（谷歌机翻）

就两种生态型而言，低陆和旱稻在低氧条件下表现出不同的耐受水平。然而，它们之间的水稻根缺氧耐受性的分子机制尚不完全清楚。这项研究的目的是评估一种低陆稻悦富（YF）和一种陆稻IRAT109（IR）基因型的根的形态，生理和转录变化。形态生理学分析表明，与IR相比，YF在低氧条件下显示的根长，根和茎生物量减少，在根中形成更多的气孔，并保持更多的氧流入。吲哚-3-乙酸（IAA）流速模式在YF和IR中显示出对缺氧的不同响应。在低氧条件下，IAA，乙烯和过氧化氢的含量在YF和IR中显著增加，而一氧化氮仅在YF中显著增加。随后，转录组分析显示，与IR相比，鉴定出更多的差异表达基因（DEG）对YF缺氧有反应。基因本体论（GO）和《京都基因与基因组百科全书》（KEGG）分析表明，两种基因型的DEG均富含能量代谢，通气组织形成，活性氧种类和细胞壁修饰，而YF中更多相关的DEG则显著丰富了这些途径比红外线YF中的特定DEGs尤其富含植物激素代谢和信号传导，例如生长素，茉莉酸和乙烯，而IR中的特定DEGs尤其富含光合作用。所有这些结果表明，YF比IR更耐缺氧，并阐明了低陆稻和旱稻差异耐缺氧性的某些特定机制。该研究为水稻遗传适应低氧胁迫提供了有价值的候选基因。

## 3. 检测离子/分子指标

IAA, O<sub>2</sub>

## 4. 样品信息

水稻（低地和高地两种）距根尖0、200、300、600、900、1200、1500、2500 μm根表上的点。

## 5. 离子/分子流实验处理方法

10日龄幼苗分别在充足氧（4.5~6.0 mg L<sup>-1</sup>）和缺氧（0.9~2.1 mg L<sup>-1</sup>）条件下培养5 d

## 6. 离子/分子流实验结果

在氧气充足 (Aer) 的条件下, 分生区吸收  $O_2$  比较剧烈。YF (低地品种) 和 IR (高地品种) 在 300  $\mu\text{m}$  处吸收的  $O_2$  最多, 其流速值分别达到  $79.14 \text{ pmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$  和  $83.72 \text{ pmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$ , 而在缺氧 (Hyp) 条件下分别为  $44.77 \text{ pmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$  和  $40.08 \text{ pmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$  (图 1a); IR 明显降低的更多一些。这说明, 分生区是水稻根部感受氧的关键区域, IR 对缺氧条件更加敏感。

根分生区同时也是 IAA 较为敏感的区域。缺氧条件下, 除 IR 的 300  $\mu\text{m}$  处之外, 两种水稻均表现为吸收 IAA。氧气充足时, YF 和 IR 在 600  $\mu\text{m}$  处的 IAA 吸收速率分别为  $29740 \text{ fmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$  和  $35092 \text{ fmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$ ; 而在缺氧条件下分别为  $8864 \text{ fmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$  和  $5441 \text{ fmol cm}^{-2} \text{ s}^{-1}$  (图 1b)。结合 IAA 含量测定结果, 发现缺氧促使根部积累 IAA。这说明生长素参与了缺氧条件下根系发育的调控过程。

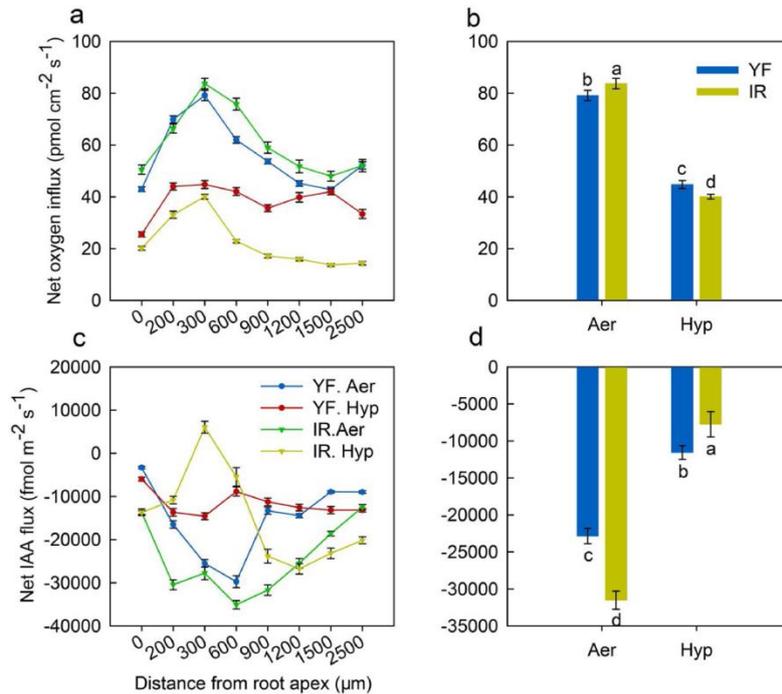


图1.沿水稻根尖 $O_2$ 和IAA流速的变化

## 7. 测试液

0.1 mM KCl, 0.1 mM  $\text{CaCl}_2$ , pH 5.5

# 山东农科院孔令安：激素信号在低氮胁迫小麦侧根发生及氮同化中的作用

## 1. 基本信息

期刊: Journal of Plant Growth Regulation

主题: 激素信号在低氮胁迫小麦侧根发生及氮同化中的作用

标题: Low-Nitrogen Stress Stimulates Lateral Root Initiation and Nitrogen Assimilation in Wheat: Roles of Phytohormone Signaling

影响因子: 2.672

作者: 山东农业科学院孔令安、吕雪梅

## 2. 中文摘要 (谷歌机翻)

氮缺乏是限制全球农作物生产力的因素之一。作为氮的主要形式，硝酸盐 ( $\text{NO}_3^-$ ) 和铵盐 ( $\text{NH}_4^+$ ) 作为信号调节植物的生长。尽管对许多植物对氮胁迫的响应已有大量研究，但尚未完全阐明小麦 (*Triticum aestivum* L.) 根系适应低氮 (特别是低  $\text{NH}_4^+$  胁迫) 的机制。在这项研究中，将小麦幼苗种植在含有 5 mM  $\text{NO}_3^-$ ，0.1 mM  $\text{NO}_3^-$  或 0.1 mM  $\text{NH}_4^+$  的 1/2 强度 Hoagland 溶液中，以表征根系对氮缺乏的生理反应。与对照相比，低氮胁迫下根鲜重，侧根数增加。此外，在低氮胁迫下，吲哚-3-乙酸 (IAA)，细胞分裂素 (CKs)，赤霉素 (GA3) 和茉莉酸 (JA) 的浓度增加，而水杨酸 (SA) 的浓度降低。在低氮胁迫下，酶联免疫吸附试验 (ELISA) 和非损伤微测技术 (NMT) 检测结果表明， $\text{H}^+$ -ATPase 活性， $\text{H}^+$  外排和 IAA 流入增加，而 N 流入减少。进一步的研究表明，低  $\text{NO}_3^-$  胁迫会增加硝酸还原酶和谷氨酰胺合成酶的活性，而低  $\text{NH}_4^+$  胁迫会增加谷氨酰胺合成酶和谷氨酸合酶的活性和 SA 浓度；增加  $\text{H}^+$ -ATPase 活性和  $\text{H}^+$  外排；促进了侧根数的增加，从而促进了氮的吸收面积。此外，低氮胁迫增加了与氮吸收相关的关键酶的活性，促进了蛋白质的生物合成，并最终促进了根的生长。

## 3. 检测离子/分子指标

IAA,  $\text{H}^+$ ,  $\text{NH}_4^+$ ,  $\text{NO}_3^-$

## 4. 样品信息

小麦根尖

## 5. 离子/分子流实验处理方法

10 日龄小麦 5 mM  $\text{NO}_3^-$  (对照)，0.1 mM  $\text{NO}_3^-$  (LN) 或 0.1 mM  $\text{NH}_4^+$  (LA) 处理 6 h 和 48 h

## 6. 离子/分子流实验结果

利用 NMT 技术进一步分析了适应低氮条件的小麦细根净流速。在 6 和 48 h 处理后(HAT)观察到 IAA 外排, 在对照组中, 根的 IAA 外排速率保持不变。在两种低氮胁迫下, IAA 在 6 HAT 时内流, 而在 48 HAT 时外排(图 1a)。

在三种处理中, 均观察到  $H^+$  在根系中的外排。在低  $NO_3^-$  和低  $NH_4^+$  胁迫下, 与对照相比,  $H^+$  沿根部的外排显著增加, 且在低  $NO_3^-$  和低  $NH_4^+$  条件下,  $H^+$  流速没有明显差异(图 1b)。在 48 h 低氮处理下, 根表面的  $NO_3^-$  和  $NH_4^+$  净内流速率与对照相比显著降低, 低  $NO_3^-$  处理下  $NO_3^-$  的内流速率明显低于低  $NH_4^+$  处理下  $NH_4^+$  的内流速率。与对照相比, 0.1 mM  $NO_3^-$  处理下的净内流减少了 92.92% ( $P < 0.05$ ), 在 0.1 mM  $NH_4^+$  处理下减少了 76.12% ( $P < 0.05$ )(图 1c)。

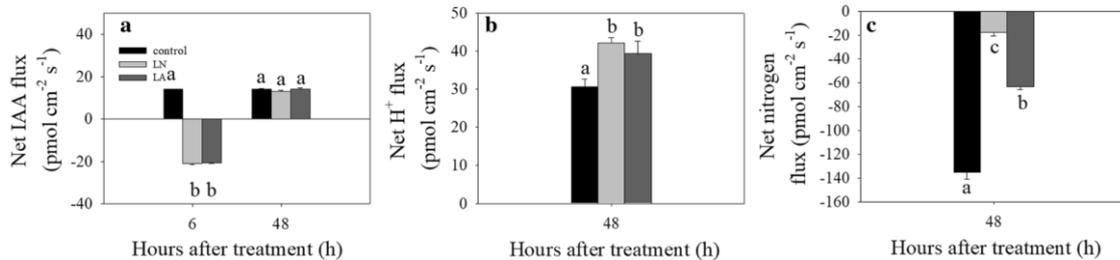


图 1. 低氮胁迫对小麦根系 IAA,  $H^+$  和 N 净流速的影响

## 7. 其他实验结果

- 48 HAT 时, 低氮胁迫下的根鲜重显著增加。低  $NO_3^-$  条件下的根鲜重略高于低  $NH_4^+$  条件下的根鲜重。但在 96 HAT 时, 低氮处理的嫩芽鲜重和根鲜重与对照条件下相似。
- 与对照相比, 在低氮胁迫下, 48 HAT 时比 96 HAT 时根系构型的参数有更显著的差异。
- 与对照相比, 低氮胁迫下侧根数增加。
- 在低氮胁迫下, IAA、CKs、GA3 和 JA 的浓度增加, 而 SA 的浓度降低。
- 与对照相比, 在 6 HAT 时, PM  $H^+$ -ATPase 活性在低  $NO_3^-$  条件下显著增加, 而在低  $NH_4^+$  条件下无显著性差异。在 48 HAT 时, 低氮胁迫下 PM  $H^+$ -ATPase 的活性与对照显著不同。
- 使用抑制剂的三种处理在 48 HAT 时的根鲜重、总根长、根尖数、根表面积显著降低。抑制剂处理还会显著降低  $H^+$ -ATPase 活性。
- 在 48 HAT 时, 与对照相比, 两种低氮条件下的总氮含量均显著降低, 而在 0.1 mM  $NO_3^-$  中的总氮含量则略低于在 0.1 mM  $NH_4^+$  中的。
- 低氮胁迫增加了 NR、GS、GOGAT 的活性。
- 在 6 HAT 时, 低  $NO_3^-$  胁迫、低  $NH_4^+$  胁迫和对照之间未观察到小麦根蛋白质含量的显著差异。在 48 HAT 时, 与对照相比, 低  $NO_3^-$  或低  $NH_4^+$  处理显著增加了蛋白质含量。

## 8. 结论

低氮胁迫改变了包括 IAA, CKs, GA3, JA 和 SA 的激素水平, 并增加了根系 PM  $H^+$ -ATPase 活性和  $H^+$  外排。这些变化以及这些激素之间可能发生的串扰可能会刺激侧根的发生和形成, 从而增加根氮吸收的总面积。此外, 低氮条件通过增加根部 NR, GS 和 GOGAT 的活性来促进 N 同化和蛋白质生物合成, 这一过程很可能受到激素信号的调节。因此, 氮

素吸收面积的增加和氮素同化活性的提高最终促进了小麦幼苗的根系生长。

## 9. 测试液

IAA（对照）：2.5 mM  $\text{Ca}(\text{NO}_3)_2$ , 0.1 mM  $\text{NH}_4\text{Cl}$ , 0.3 mM MES, pH 6.0

IAA（LN 和 LA 处理）：0.05 mM  $\text{Ca}(\text{NO}_3)_2$ , 0.1 mM  $\text{NH}_4\text{Cl}$ , 0.3 mM MES, pH 6.0

$\text{H}^+$ 、 $\text{NO}_3^-$ 、 $\text{NH}_4^+$ ：0.1 mM  $\text{KCl}$ , 0.1 mM  $\text{CaCl}_2$ , 0.3 mM MES, 0.2 mM  $\text{Na}_2\text{SO}_4$ , pH 6.0

# 北林沈应柏：虫食致植物生长迟缓与 IAA 滞留分生区相关

## 1. 基本信息

期刊：Journal of Plant Growth Regulation

主题：虫食致植物生长迟缓与 IAA 滞留分生区相关

标题：Insect Herbivory of Leaves Affects the Auxin Flux Along Root Apices in *Arabidopsis thaliana*

影响因子：2.672

作者：北京林业大学沈应柏、闫素丽

## 2. 中文摘要（谷歌机翻）

植物在受到昆虫侵袭时会降低其生长速度，进而将资源从生长中重新定向以增强对草食动物的抵抗力。在这项研究中，研究了一种可能的信号级联，以建立昆虫食草后观察到的缓慢生长的潜在机制。本研究结果表明，小菜蛾（*Plutella xylostella*）侵袭后，叶片和根中的游离茉莉酸酯（JA）和植物生长素水平均升高，同时植物生长素生物合成的 *YUCCA3* 和 *YUCCA8* 基因转录增加。使用生理学微传感器分析对内源性生长素流速进行进一步检查表明，在根部过渡区的表面附近，昆虫攻击后净生长素流速下降。相反，昆虫食草导致根表面净  $H^+$  流速增加，最明显的反应发生在过渡带。昆虫攻击后，生长素转运蛋白基因 *PIN1*, *PIN2*, *PIN3*, *PIN7* 和 *AUX1* 的转录水平也降低了。生长素和  $H^+$  流速的结果共同表明，昆虫攻击后生长的减少可能与沿根尖的生长素流速和质子分泌的减少有关。

## 3. 检测离子/分子指标

IAA,  $H^+$

## 4. 样品信息

拟南芥根，距根尖0、100、200、300、400、600、700、800、900、1000、1100、1200  $\mu\text{m}$  根表上的点。

## 5. 离子/分子流实验处理方法

小菜蛾取食或不取食10日龄拟南芥幼苗

## 6. 离子/分子流实验结果

为了研究根部发育的生理变化，在小菜蛾取食后，用 NMT 技术检测了沿 15 日龄幼苗

根尖的 IAA 流速。在对照苗根中,分生区(距根尖 0~100  $\mu\text{m}$ )和过渡区(距根尖 100~400  $\mu\text{m}$ )的 IAA 流速为正,表明 IAA 外排很强(图 1c)。在距离根冠交界处 200  $\mu\text{m}$  处观察到的 IAA 外排速率最大,而伸长区和成熟区呈现负值,说明 IAA 净内流。在小菜蛾取食后,在分生区和过渡区(距根尖 0~400  $\mu\text{m}$ ), IAA 的外排被显著抑制;但在伸长区和过渡区,小菜蛾取食没有诱导 IAA 内流,如对照所示。

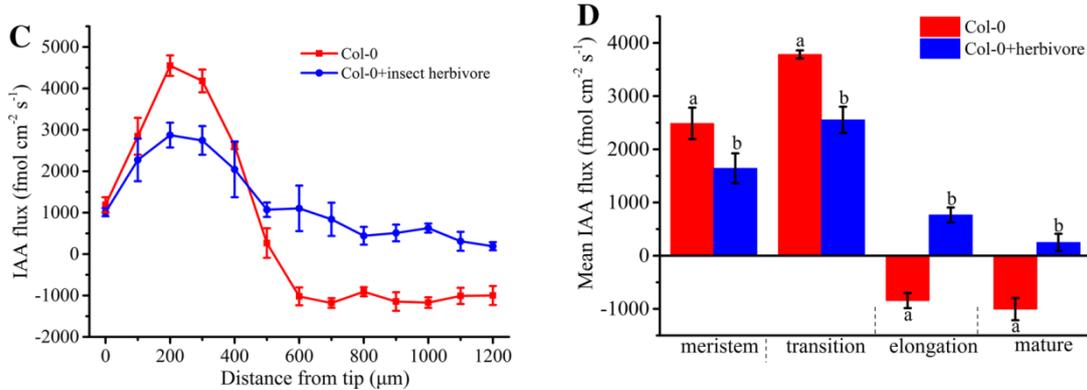


图1. 昆虫取食对拟南芥根中IAA流速的影响

以前的研究表明, IAA运输伴随着 $\text{H}^+$ 运输。因此,也用NMT测量了小菜蛾取食后根尖的 $\text{H}^+$ 流速。在对照组中,幼苗根部在分生区(0~100  $\mu\text{m}$ )和过渡区(100~400  $\mu\text{m}$ )表现出强烈的 $\text{H}^+$ 内流,在300  $\mu\text{m}$ 处达到最大值。在伸长区和成熟区, $\text{H}^+$ 流速呈现略微负值,表明 $\text{H}^+$ 的净吸收。昆虫取食后,分生区和过渡区的 $\text{H}^+$ 净内流速率均减少(图2)。然而,在伸长区和成熟区,与对照组相比, $\text{H}^+$ 流速没有显著变化。

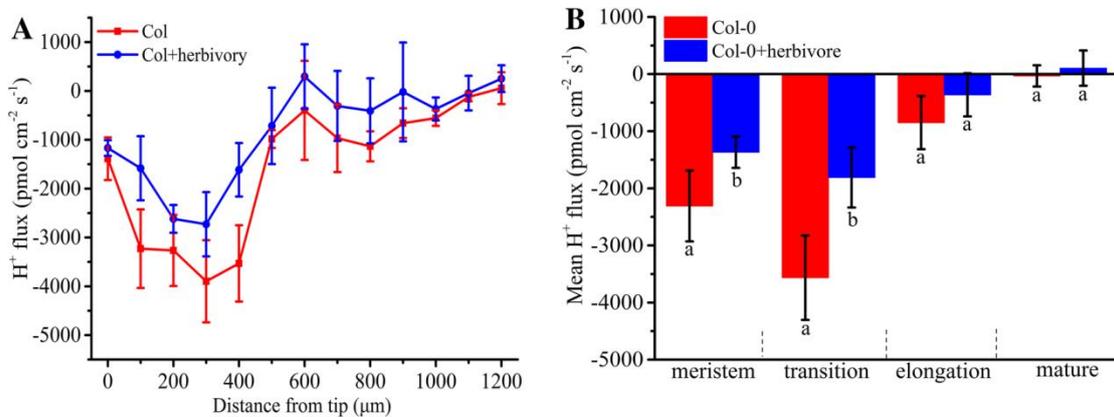


图2. 昆虫取食对拟南芥根中 $\text{H}^+$ 流速的影响

## 7.测试液

0.1 mM KCl, 0.1 mM CaCl<sub>2</sub>, 0.3 mM MES, 0.2 mM Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, pH 6.0

# Plant Commun 余玲/徐国华: NMT 监测活体根系 IAA 流动证实 OsHAK5 调节生长素运输调控水稻株型

## 1. 基本信息

期刊: Plant Communications

主题: NMT 监测活体根系 IAA 流动证实 OsHAK5 调节生长素运输调控水稻株型

标题: Potassium transporter OsHAK5 alters rice architecture via ATP-dependent transmembrane auxin fluxes

影响因子: 0.767

作者: 南京农业大学余玲、徐国华、杨天元

## 2. 中文摘要 (谷歌机翻)

植物 HAK/KUP/KT 家族成员起质膜 (PM)  $H^+K^+$  同向转运蛋白的作用, 并可能调节化学驱动的极性植物生长素转运 (PAT)。本研究显示了水稻  $K^+$  转运蛋白基因 OsHAK5 的失活, 降低了向根和向芽的 PAT, 侧根和根毛的分数数和长度, 而 OsHAK5 过表达增加了 PAT, 根毛和分生器数, 而与  $K^+$  供应无关。ATP 结合盒式 B 型转运蛋白 NPA 和 BUM 的抑制剂消除了 OsHAK5 对 PAT 的过表达作用。这些变化的机制基础包括 OsHAK5 跨膜电位的降低 (去极化), 细胞外 pH 的升高和 PM-ATPase 活性的增强。这些发现突出了 OsHAK5 在改变细胞化学渗透梯度 (由 PM  $H^+$ -ATPase 连续产生) 和调节 ATP 依赖性植物生长素转运中的双重作用。这两种功能可能是 OsHAK5 对水稻结构的突出影响的基础。在将来的操作中可能会利用该法规来增加田间作物的产量。

## 3. 检测离子/分子指标

IAA

## 4. 样品信息

水稻幼苗

## 5. 离子/分子流实验处理方法

- ① 7日龄的水稻幼苗分别在0/10  $\mu$ M IAA环境下检测
- ② 7日龄的水稻幼苗分别在4.5、5.5、6.5 pH值环境下检测

## 6. 离子/分子流实验结果

研究观察到生长素稳态水平的变化与根表皮细胞内外跨膜生长素流速的变化一致。在保持细胞活力的条件下，用NMT技术检测IAA的流速。在*OsHAK5*-KO株系中流速较小，在*OsHAK5*-OX株系中流速较强（图1B, C）。由于WT和*oshak5*的根直径相似，因此IAA流速的差异源于*OsHAK5*表达水平的不同。

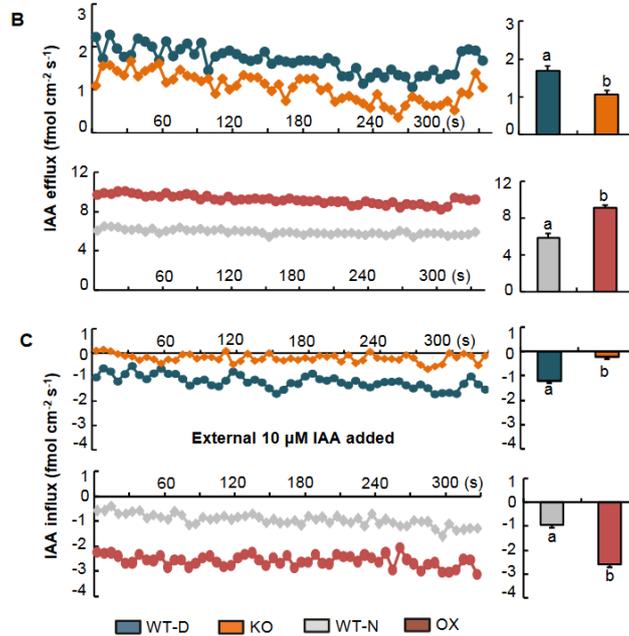


图 1. *OsHAK5* 表达水平对根中游离 IAA 流速的影响

如果由于*OsHAK5*水平的改变而引起的H<sup>+</sup>浓度的改变，那对PM-ATPase的丰度/活性进行负调控，如果PM-ATPase的活性是IAA流速所必需的，那么人为地提高WT植株的外部pH会增加IAA流速，降低外部pH会降低IAA流速。与WT植株的这种预期pH效应相反，IAA外排速率在pH为4.5时相对于pH为5.5时有所增加，这与豌豆植株根尖在酸性介质（pH4.0）下检测到的较高净IAA外排速率类似。然而，为了支持*OsHAK5*正向调节IAA流速的观点，*Oshak5*突变体在pH4.5和pH5.5（根系正常）时，IAA外排被完全抑制（图2A, B）。同样，与野生型相比，*Oshak5*突变体的IAA内流速率至少减少了一半（图2A, B），而只有在中性pH7.5以上才能监测到可靠的IAA内流。

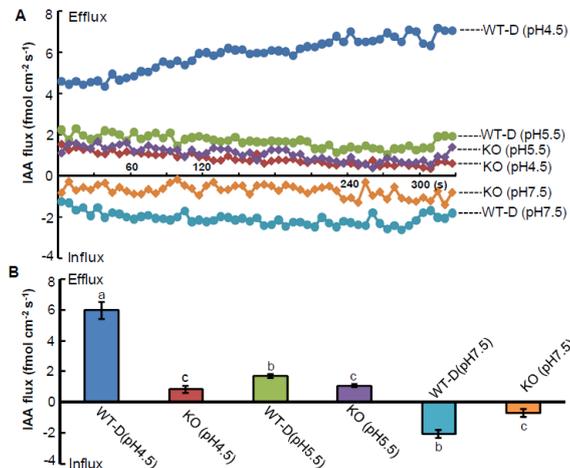


图2. *OsHAK5*表达水平对生长在不同pH培养基下的根分生组织内源性IAA胞外pH依赖性流速的影响

### 7.测试液:

0.1 mM CaCl<sub>2</sub>, pH 6.0