

尋找 開啓基因表現的推手

■ 郭朝禎

近年來全球氣候變化劇烈，植物因無法像動物般可自由遷徙到安全的避風港，無可避免地會面臨寒害、高溫、乾旱、淹水、強光照、營養缺乏、土壤酸鹼值變化、病毒或細菌性感染等生存環境造成的威脅。又因全球人口不斷增加，可耕地面積卻有限的情況下，氣候異常的影響導致糧食危機的嚴重性尤烈。輕則使社會動盪及經濟恐慌，例如錫蘭的咖啡銹病、巴拿馬的香蕉黃葉病（鐮刀菌枯萎病），重則造成當地及鄰近國家的大飢荒，例如早期愛爾蘭地區的馬鈴薯晚疫病及孟加拉地區的水稻胡麻葉枯病，死亡人數就高達二百萬以上。

自然環境發生災害時，通常植物自身都會發展出獨特的抗逆境生理機制，以度過險惡的時機。例如在氣溫常會遽降的高山上，高麗菜為防止水分結凍形成冰晶使細胞死亡，在莖葉中會累積較多的蔗糖，造成消費者在食用時有較甜的口感。

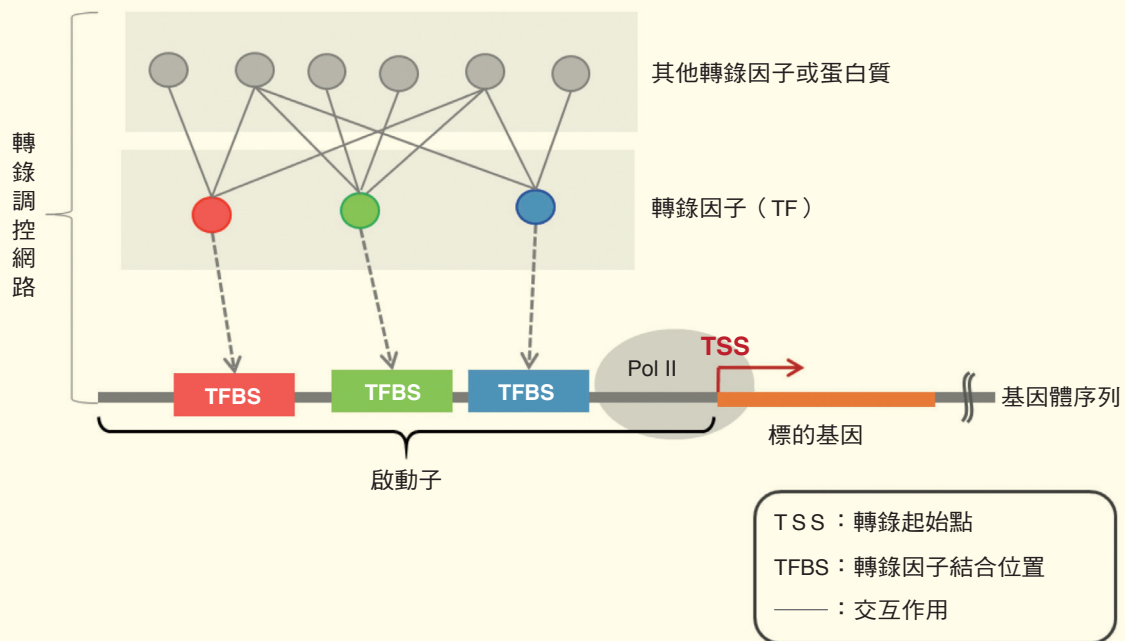
植物具備抵抗逆境的能力，主要來自本身的基因開啟後產生作用蛋白，以發揮應有的效用。但不同的逆境肇因就需要不同的作用蛋白，對應的基因也就不同，而且基因並非隨時隨地都處於開啟的狀態，它只在特定的條件下有調控訊號出現，基因

才能夠適時打開，否則植物體會產生災難性的後果。那麼基因是如何調控的呢？

一般而言，植物細胞核內構成染色體的 DNA 具有各式各樣的基因以應付生命機能所需，而每個基因的前端都有一段稱為啟動子的 DNA 序列，這啟動子會與適合的轉錄因子結合形成有效的調控訊號以開啟基因的功能。因此為因應糧食危機並以改良糧食作物的目標，若能在作物中植入其缺乏的抗逆境基因或與抗逆境基因調控有關的轉錄因子，理論上便能幫助這作物度過危機，維持其應有的產量與品質。

但以目前了解較多的模式植物例如阿拉伯芥，其轉錄因子就多達 2,000 個以上，而這些轉錄因子會結合在哪些啟動子上並調控哪些基因的表現，到目前為止也還無法全盤了解。

為了解決基因轉錄調控資訊不足的問題，成功大學熱帶植物科學研究所張文綺教授以生物資訊學方法，整合目前轉錄因子和轉錄因子結合區的註解資料庫及實驗數據，建立了轉錄調控分析的 PlantPAN2.0 資料庫，其中涵蓋了 76 個物種、16,960 個轉錄因子及 1,143 個轉錄因子結合位置。這個資料庫系統更視覺化成為符合實驗前



利用 PlantPAN2.0 資料庫進行實驗前篩選與分析，可精確判讀每個基因啟動子上轉錄因子的結合位置及所需要的轉錄因子種類與數量，有助於提升目標基因在轉殖作物的效用。

篩選與分析的介面平台，可同時輸入多筆基因序列及欲轉殖的作物種類，精確判讀出每個基因啟動子上轉錄因子的結合位置及所需要的轉錄因子種類與數量，使用上甚為方便。

張教授強調，不同基因的啟動子所需結合的轉錄因子數目並非全然是一對一的規則，也有些啟動子需結合一個以上的轉錄因子才能開啟基因的功能。另一方面也可能一個轉錄因子會辨認多種啟動子上的序列進而調控多種基因的表現，其運作甚為複雜。

因此利用 PlantPAN2.0 介面平台的高通量分析速度，研究人員可把各種目標基因例如抗病毒、抗殺草劑或促進生長分化等，導入資料庫中以搜尋欲轉殖的作物中是否有適合的轉錄因子，同時預測目標基因在不同組織間的表現量，以及目標基因的轉錄調控網路。依這結果，可在實驗前就排除

可信度不高的轉錄因子，顯著降低實驗所需耗費的人力與材料成本。

這項研究把生物資訊的大數據分析技術導入植物科學，開啟了系統化預測轉錄因子在基因調控上的新契機。張教授所建立的資料庫也是目前研究植物轉錄調控機制最完整的，且其整合了高通量基因表現數據，更有助於快速描繪出基因轉錄調控的網路，節省了實驗設計者的心力。張教授期望透過了解更多轉錄因子與啟動子間的交互作用，能讓這個系統更全面性地作為基因分析及轉錄因子的篩選平台，不僅能增加實驗結果評估的準確度，對於開啟目標基因在轉殖作物的效用及提升作物的經濟效益也有莫大的助益。

郭朝禎

本刊特約文字編輯