



中国科学院昆明植物研究所

Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences

王文韬 介绍

联系方式

姓 名： 王文韬（副研究员）
地 址： 中国科学院昆明植物研究所
云南省昆明市盘龙区蓝黑路132号
邮编： 650201
E-mail : wangwentao@mail.kib.ac.cn
ORCID : 0000-0003-4533-6870
(<https://orcid.org/0000-0003-4533-6870>)

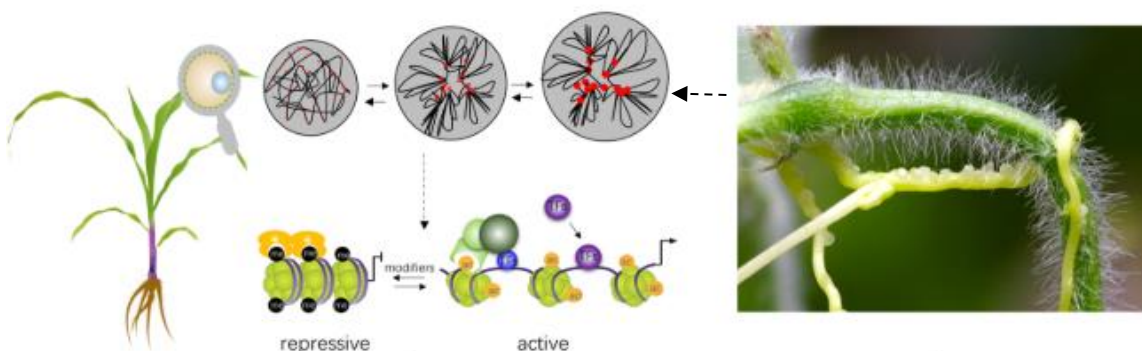


研究领域

植物表观基因组学与染色质生物学、植物与环境相互作用

Plant Epigenomics, Chromatin Biology and Plant-Environment Interactions

研究方向



(1) 以拟南芥—菟丝子互作系统为研究对象，利用表观基因组学等研究体系探究植物寄生适应性调节的分子机制(Epigenomic Insights into Adaptive Regulation of Plant Parasitism in the *Arabidopsis-Cuscuta* Interaction System): 植物寄生过程中涉及到众多物质的交换，包括糖类、蛋白、核酸以及其他小分子代谢物。这些分子通过跨物种间的传递，参与了复杂的寄生生理调节。以此为切入点，结合利用表观基因组学、细胞生物学等手段，系统厘清寄生植物与寄主植物间的互作逻辑，为解析植物寄生机制奠定重要基础；

(2) 以玉米为研究对象, 利用三维基因组学、相分离生物学等研究体系探究植物胁迫应答相关的基因表达重编程与染色质变构调节机制(**Mechanisms of Gene-Expression Reprogramming and Chromatin Remodeling in Plant Stress Responses**): 固着的生存模式使得植物经受各类逆境胁迫, 植物通过不同通路间的相互交叉、协调, 整体性、系统性的调控以应对环境变化。以探究复杂环境信号激活的染色质整体结构重塑以及与其关联的基因表达重编程过程为切入点, 系统阐释植物多重逆境重塑细胞功能与植物行为的分子逻辑意义重大;

(3) 开发和整合前沿的表观基因组学高通量测序手段(**Developing and Integrating Cutting-Edge Epigenomic High-Throughput Sequencing Approaches**)

工作与教育经历

2024.10—至今: 中国科学院昆明植物研究所, 副研究员 (“优秀人才”引进);

2022.01—2024.07: 华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室, 博士后 (合作导师: 周道绣教授、赵毓教授);

2012.09—2021.12: 华中农业大学, 生物化学与分子生物学, 硕博连读, 理学博士 (导师: 周道绣教授)。

代表性论文 (*通讯作者, #共同第一作者)

- (1) **Wentao Wang**; Yue Lu; Junjie Li; Xinran Zhang; Fangfang Hu; Yu Zhao; Dao-Xiu Zhou*; SnRK1 stimulates the histone H3K27me3 demethylase JMJ705 to regulate a transcriptional switch to control energy homeostasis, *The Plant Cell*, **2021**,33(12): 3721-3742 (Research Article, 解析组蛋白去甲基化酶参与能量平衡调控机制);
- (2) Feng-Quan Tan#; **Wentao Wang**#; Junjie Li; Yue Lu; Bo Zhu; Fangfang Hu; Qi Li; Yu Zhao*; Dao-Xiu Zhou*; A coiled-coil protein associates Polycomb Repressive Complex 2 with KNOX/BELL transcription factors to maintain silencing of cell differentiation-promoting genes in the shoot apex, *The Plant Cell*, **2022**,34(8):2969-2988. (#共同第一作者) (Research Article, 解析组蛋白甲基化酶参与顶端分生组织发育调控的机制);
- (3) Xinran Zhang#; Qingxiao Jia#; **Wentao Wang**#; Yu Chang; Qian Liu; Jingjing Tian; Meng Yuan; Yu Zhao; Dao-Xiu Zhou*; Microrchidia ATPases and DNA 6mAdemethylase ALKBH1 act antagonistically on PRC2 to control chromatin structure and stress tolerance, *Nature Plants*, **2025**. doi.org/10.1038/s41477-025-02048-z. (#共同第一作者) (Research Article, 解析染色质重塑因子MORC协同PRC2参与基因表达抑制的机制);
- (4) Junjie Li; Qi Li; **Wentao Wang**; Xinran Zhang; Chen Chu; Xintian Tang; Bo Zhu; Lizhong Xiong; Yu Zhao*; Dao-Xiu Zhou*; DELLA-mediated gene repression is maintained by chromatin modification in rice. *EMBO Journal*, **2023**. doi.org/10.15252/embj.2023114220 (Research Article, 解析赤霉素应答过程中的染色质修饰相关的基因表达调控机制);

主持项目（基金资助）

- (1) 国家自然科学基金-面上项目，2027.01—2031.01，在研、主持；
- (2) 云南省“兴滇英才”-青年人才专项，2026.01—2031.01，在研、主持；
- (3) 中国科学院昆明植物研究所-“引进人才”启动项目，2024.10—2030.10，在研、主持；
- (4) 国家自然科学基金-青年科学基金（C类）项目，2023.01—2025.12，结题、主持；
- (5) 中国博士后科学基金-第16批特别资助（站中）项目，2023.07—2025.07，结题、主持；
- (6) 中国博士后科学基金-第71批面上项目，2022.06—2024.06，结题、主持；
- (7) 湖北省自然科学基金-青年科学基金项目，2023.01—2025.01，结题、主持；
- (8) 湖北省博士后创新研究岗位资助项目，2022.07—2024.07，结题、主持；

早期工作

前期工作主要围绕H3K27me3以及PRC2相关的基因表达重编程机制展开。具体包括：1）系统性鉴定了水稻PRC2复合体组分(核心组分与附属组分)，完整创建了所有水稻PRC2核心组分基因相关遗传材料，解析了水稻PRC2复合体两类催化亚基之间的功能异同，揭示不同组分形成复合体的功能协同与分化是植物正常生长发育的重要保证的机制；2）解析了新型Coiled-Coil蛋白PACP通过介导PRC2与KNOX/BEL类转录因子的结合进而参与PRC2对水稻侧生器官发育相关基因基因座位的招募，时空特异抑制侧生器官相关基因在顶端分生组织的表达，以维持其组织特性的机制（相关研究结果以并列第一作者发表在*The Plant Cell* 杂志，2022）；3）解析了水稻能量调控核心因子OsSnRK1激酶通过磷酸化PRC2与JMJD5以调节二者的酶活，进而实现通过调节特定染色质区的H3K27me3修饰水平，参与水稻对环境适应应答调控的新机制。该研究结果揭示了植物将感知的外部环境信号与内源染色质修饰变化紧密关联的调控通路，对于理解植物生长发育与逆境应答中相关的能量稳态调节具有重要的意义（相关研究结果以独立第一作者发表在*The Plant Cell* 杂志，2021）；4）博士后阶段研究范畴从单基因表达调控延展到染色质结构调控，从整体染色质层面探究PRC2复合体以及H3K27me3参与逆境应答相关的染色质变构调节（三维基因组）以及其涉及到的基因表达重编程机制(部分研究结果以并列第一作者发表在*Nature Plants* 杂志，2025)。