
分子植物卓越中心揭示拟南芥EMMIR172EM基因家族成员功能冗余性和特异性

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12644.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

2月3日，中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员王佳伟研究组在PLOS Biology上，在线发表了题为Redundant and Specific Roles of individual MIR172 Genes in Plant Development的研究论文。

进化上保守的MIRNA

基

因家

族通常在

基因组中具有多个

拷贝，这些基因的功能冗余性和特异

性至今仍不清楚。由于MIRNA基因座位DNA序列短且不编码，因此通过EMS诱变和T-DNA随机插入难以获得功能完全缺失的突变体。前期研究表明，拟南芥中miR156-SPL-miR172信号级联通路是控制植物幼年期向成年期以及生殖生长期转变的决定因子。该研究利用CRISPR-

Cas9技术对拟南芥基因组中5个MIR172

基因进行突变，并通过杂交获得了

各种组合的多突变体。尽管MIR172

基因家族在维管植物中就已出现，但是完全缺失miR172未导致拟南芥出现致死表型。通过考察多突变体表型以及MIR172基因启动子活性，发现5个MIR172

基因具有不同的表达模式，它们在调控植物分生组织大小、叶片下表皮毛起始、茎的伸长、侧枝发生以及开花时间上具有冗余性，

并且存在功能特化。例如，MIR172D

在花序顶端分生组织中高表达，是家族成员中唯一一个控制分生组织大小的基因。进一步研究发现，miR156-SPL-miR172信号级联通路可以拆分为叶片和顶端分生组织两个模块，在这两个组织中具有不同的SPL和MIR172基因模块组合：在叶片中SPL9-MIR172B/C

模块通过调控

成花素基因FT的表达调控

植物开花时间，而在顶端分生组织中SPL15-MIR172D模块通过激活MADS-box

类基因的表达促进植物开花。此外，MIR172

基因的表达可以受到环境温度和光周期

的调节，且不同的MIR172

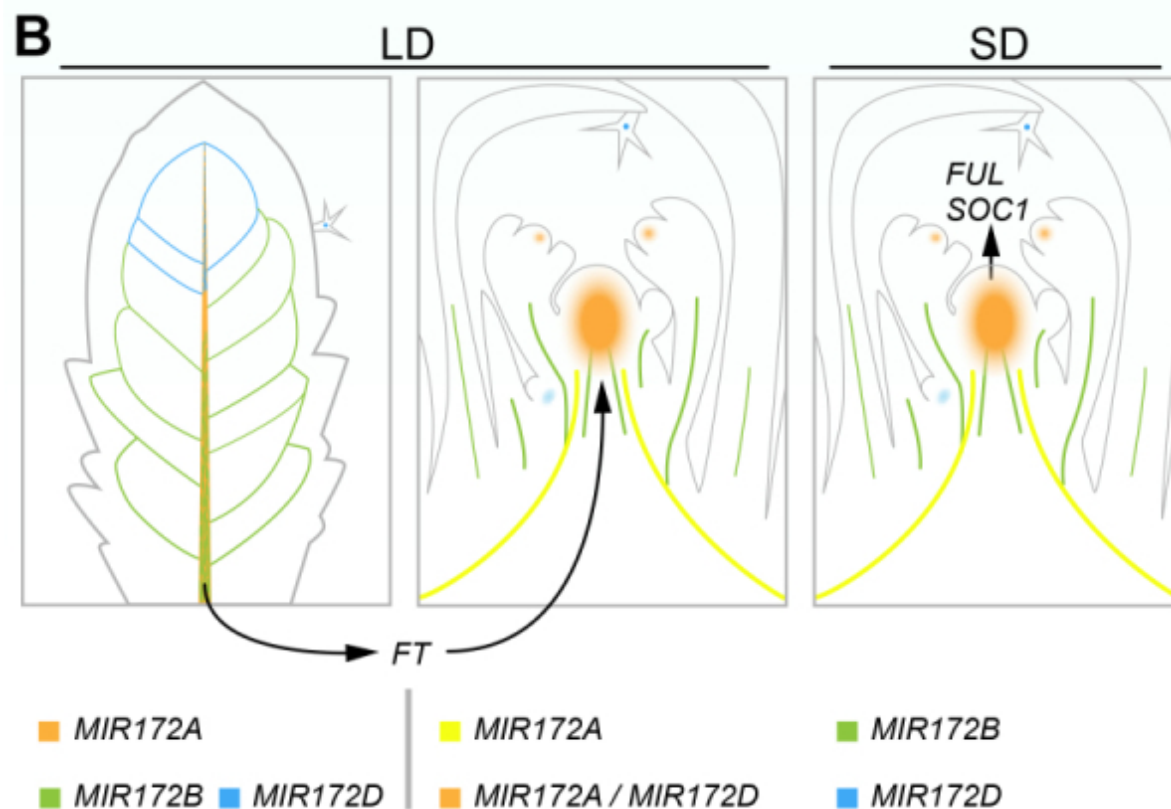
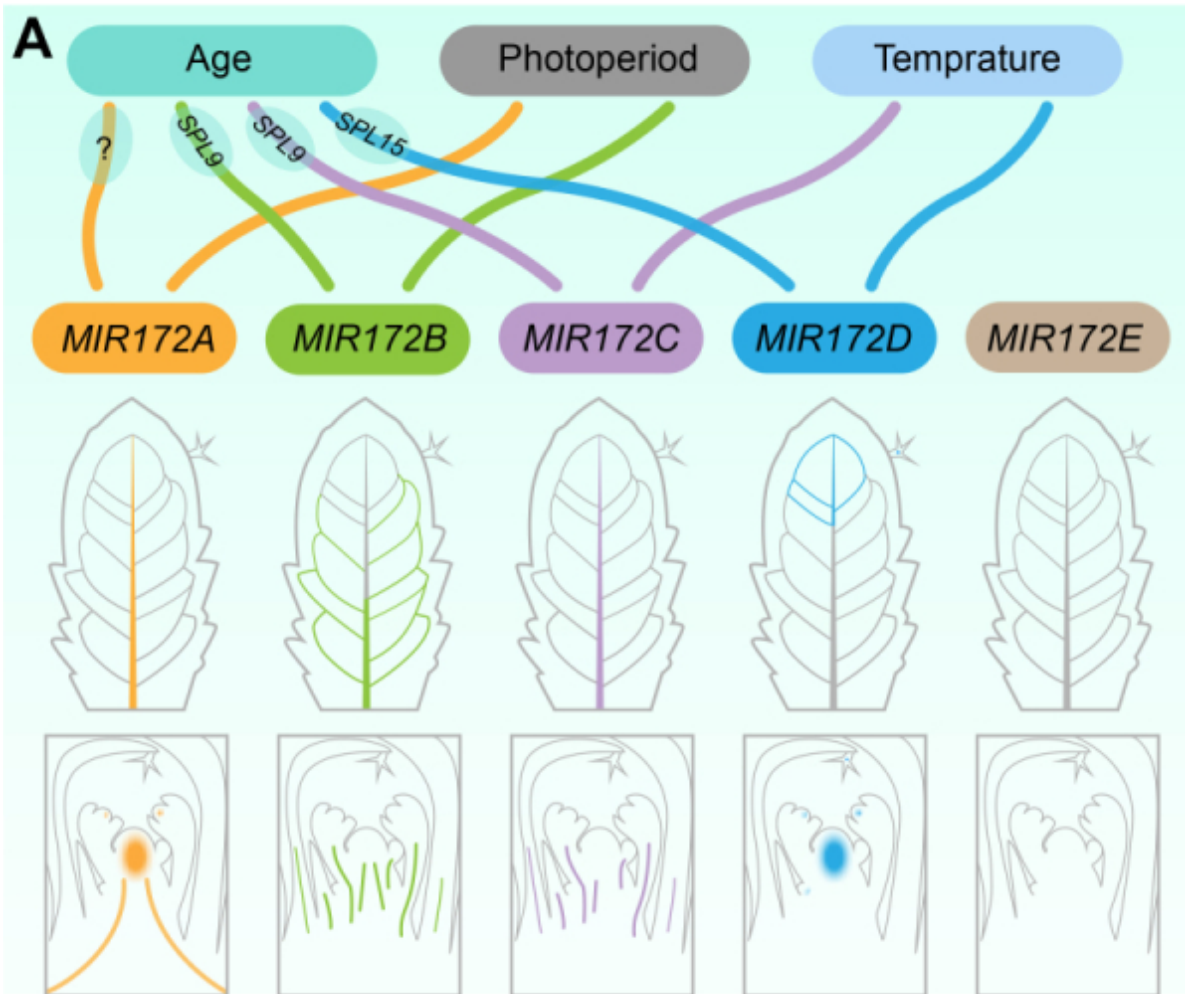
基因具有不同的响应模

式。研究结果表明，时空表达模式的多样化是

植物MIRNA基因家族进化的普遍规律。拟南芥MIR172
基因家族的扩增使得其可以整合不同的开花诱导因素，从而保证生殖发育的顺利完成。

分子植物卓越中心博士后练恒为论文第一作者，王佳伟为论文通讯作者。研究工作得到国家自然科学基金委基础科学中心项目、上海市科学技术委员会、中科院战略性科技先导专项（B类）和前沿科学重点研究项目的资助。

[论文链接](#)



MIR172基因不同的表达模式及其对植物年龄，环境温度，光周期的响应。

A. 不同MIR172基因表达模式图。每个MIR172基因用不同的颜色表示。两个SPL/MIR172对（SPL9-MIR172B/C和SPL15-MIR172D）分别在维管和顶端促进开花潜能的获得。

B. MIR172基因在长日照（LD）和短日照（SD）条件下调控开花的模式图。在长日照条件下，FT从叶片移动至顶端（黑色箭头所示）。FT, FLOWERING LOCUS T; FUL, FRUITFULL; LD, long days; SD, short days; SOC1, SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO 1.

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发