
植物SE表达受精精确调控的分子机制获揭示

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/25652.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！

植物SE表达受精精确调控的分子机制获揭示。近日，南京大学生命科学学院教授孙博实验室解析了在植物生长发育不同时期及抗病过程中SERRATE（简称SE）表达受精精确调控的分子机制。该研究同时介绍了一种在植物体内整体性捕获关键基因上游直接调控因子的方法。相关研究成果在线发表于《自然—植物》。

SE是一个编码C2H2锌指蛋白的基因，在植物miRNA的形成中起关键作用。SE可调控植物的叶片发育、顶端分生组织的活性、花序结构和植物发育阶段的转换。SE的部分功能缺失突变体se-1表现出胚胎发生异常、叶片发生延迟、叶片锯齿、发育阶段转换加速、花序异常和花发育等缺陷。此外，SE还参与植物响应生物胁迫和非生物胁迫的过程。

然而，SE在植物生长发育不同时期及抗病抗逆时的作用方式及其表达受调控模式仍然未知。有研究表明，长非编码RNA SEAIR通过组蛋白修饰H3K27me3及H2Aub协同调控SE的表达，但负责招募SEAIR到SE启动子区域的关键因子仍有待阐明。

该研究通过CRISPR/dCas9系统在自然情况下拟南芥体内捕获与SE基因位点结合的调控因子，发现其中包括PAR2、WRKY19和MYB27三个转录因子。对这三个转录因子的系列实验表明，PAR2是SE的正调控因子，MYB27是SE的负调控因子，而WRKY19在拟南芥生长发育过程中不调控SE。病原菌侵染实验表明，PAR2及WRKY19通过正调控SE的表达抵御病原菌的侵害。

进一步研究表明，在拟南芥营养生长早期以及生殖生长过程中，MYB27通过与PRC2复合体的几个成员互作，招募SEAIR-PRC2复合体至SE位点，引起SE第一个外显子区域H3K27me3的富集，抑制SE的表达。在拟南芥营养生长后期，PAR2通过与MYB27互作，导致MYB27既不能招募SEAIR-PRC2复合体，也不能结合SE的启动子区域，从而降低SE第一个外显子区域H3K27me3的水平，促进SE的表达。（来源：中国科学报 温才妃 聂一丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-023-01575-x>

作者：孙博等 来源：《自然—植物》

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](http://iikx.com)转发