

---

# 大豆开花时间研究获新进展

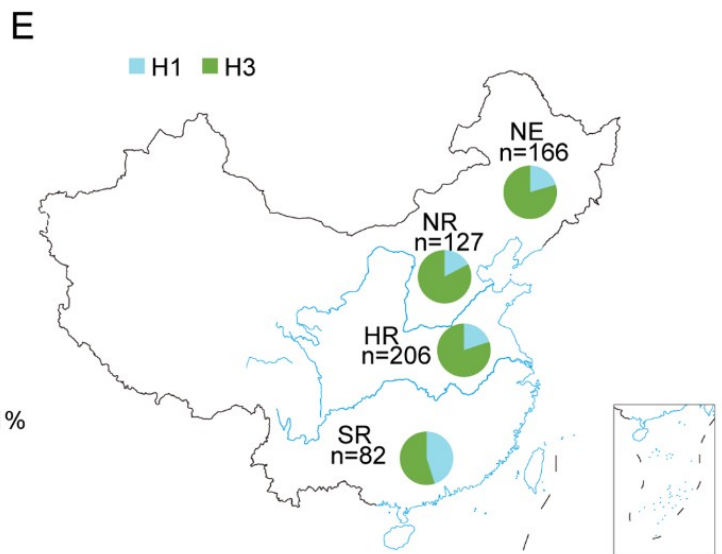
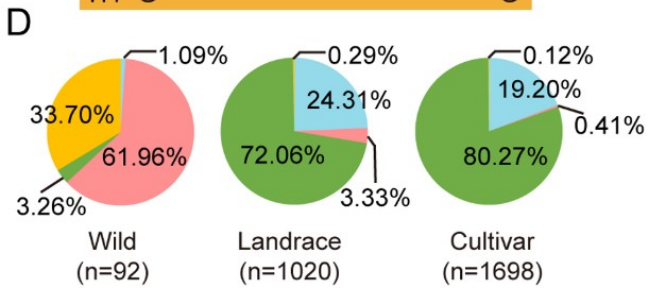
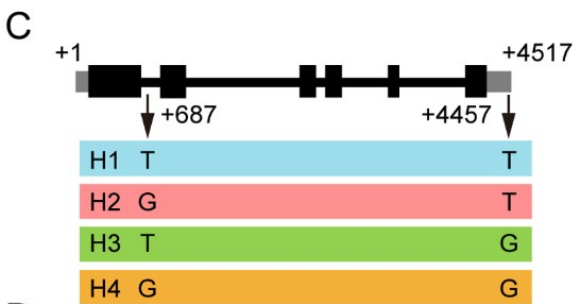
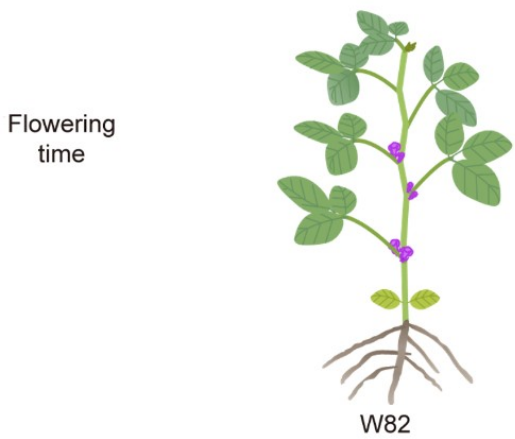
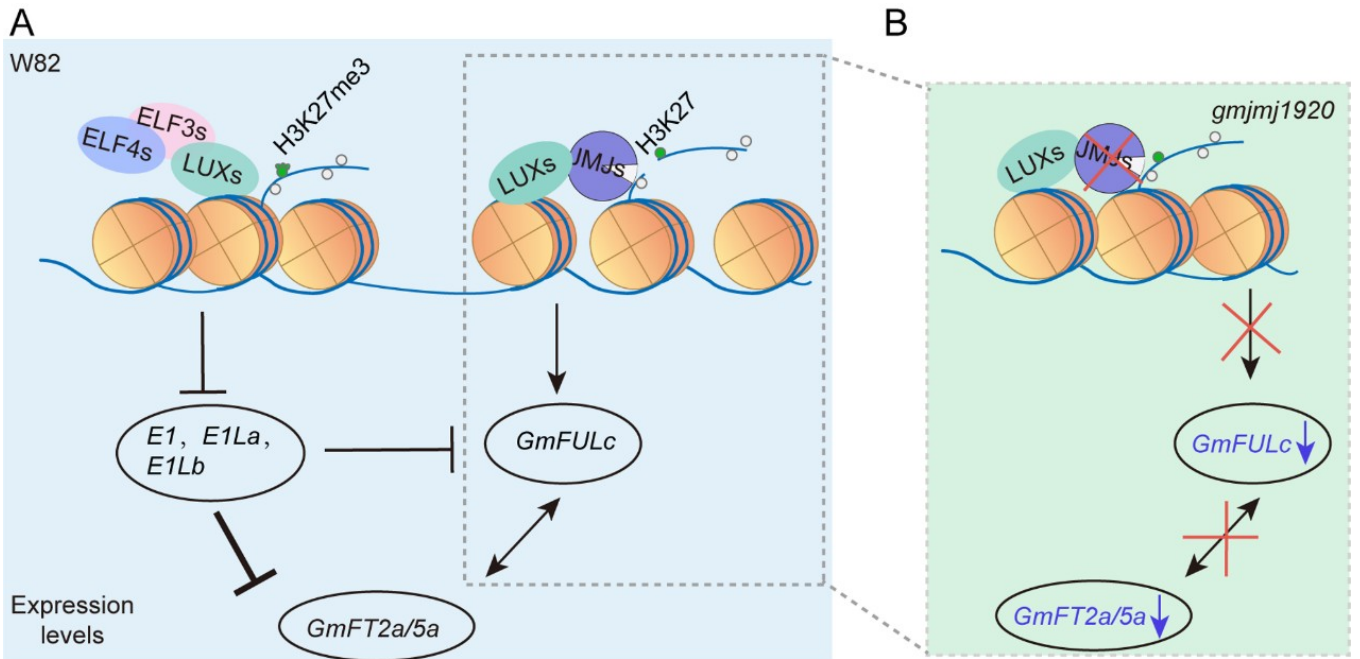
作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/38603.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！*

大豆开花时间研究获新进展。大豆是典型的短日照作物，其开花与成熟对光周期变化高度敏感，这种敏感性决定了不同品种的适宜种植范围。因此，开花时间不仅是决定大豆地域适应性的关键农艺性状，也是品种改良和种质创新的重要突破口。

近日，华南农业大学生命科学学院教授王应祥团队首次在植物中揭示了两个编码组蛋白去甲基化酶GmJM19和GmJM20并不具有去甲基化活性，而是在组蛋白未修饰的H3K27位点发挥水解切割的功能，并通过与生物钟夜晚复合体成员GmLUX2相互作用，促进下游基因GmFULc的表达，进而调控大豆的开花时间。相关成果发表于《核酸研究》。



GmJM19/20调控大豆开花时间模型图及GmJM19参与大豆向我国南方的适应性扩张。研究团队供图，下同

---

组蛋白切割作为一种关键的表观遗传调控方式，在动物系统中已得到广泛研究与报道，但在植物领域，此前尚未有组蛋白切割酶的相关报道。王应祥团队发现，大豆中两个被注释为Jumonji C结构域的组蛋白去甲基化酶GmJMJ19/20，缺乏去甲基化酶活，而是能够对未修饰的组蛋白H3K27位点进行特异性水解切割。这是植物领域中组蛋白切割酶的首次报道，也是第一次证明植物中编码的组蛋白去甲基化酶具有组蛋白切割酶的活性，为理解植物组蛋白的修饰机制提供了新的视角。

研究进一步表明，GmJMJ19/20与夜间复合物（EC）成员GmLUX2共表达，并在体内、外发生特异性互作，而不与EC的其他成员互作。通过CRISPR/Cas9构建的GmJMJ19/20大豆突变体表现出显著的晚花表型，暗示GmJMJ19/20与GmLUX2在同一通路中发挥作用。进一步的转录组和ChIP-seq分析表明，GmJMJ19/20与GmLUX2在基因组上共定位，且共同调控一系列基因表达。在开花时间调控中，它们通过促进下游基因如GmFULc来促进开花。研究还发现，GmLUX2能够特异地结合在GmFULc启动子区域的LBS位点上，与GmJMJ19/20协同激活基因表达。揭示了LUX2介导独立于EC复合体之外调控开花时间的新机制。

GmJMJ19具有组蛋白H3的内肽酶的活性，且不依赖于Fe<sup>2+</sup>和 -KG。

自然变异单倍型分析表明，GmLUX2-GmJMJ19/20这条新通路，很可能正是大豆适应不同日照长度的关键微调旋钮之一。GmJMJ19的H1和H3单倍型在农家种和改良品种中的占比显著高于野生

---

大豆，表明其在驯化与改良过程中可能受到选择。其中，表达水平相对较低的H1单倍型，其开花时间晚于表达水平较高的H3单倍型。

尤为重要，在我国大豆产区，随着纬度降低，适应短日照、开花较晚的H1单倍型占比呈现逐步升高的趋势。这一发现不仅直观体现了相关基因在自然变异与人工选择下的微调作用，更从地理分布上印证了其生态适应性，为面向不同纬度地区的分子设计育种提供了可操作的遗传靶点，有望推动我国大豆育种取得新的突破。

据介绍，解析大豆开花时间的调控机制，不仅有助于拓展大豆的种植区域，为实现北豆南移策略提供理论支撑，也对提升我国大豆产量与品质，保障粮食安全具有重要的意义。（来源：中国科学报 朱汉斌 陈亦林）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/nar/gkag134>

作者：王应祥等 来源：《核酸研究》

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