
研究揭示拟南芥组蛋白去甲基化酶JMJ13的结构功能

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/4384.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！

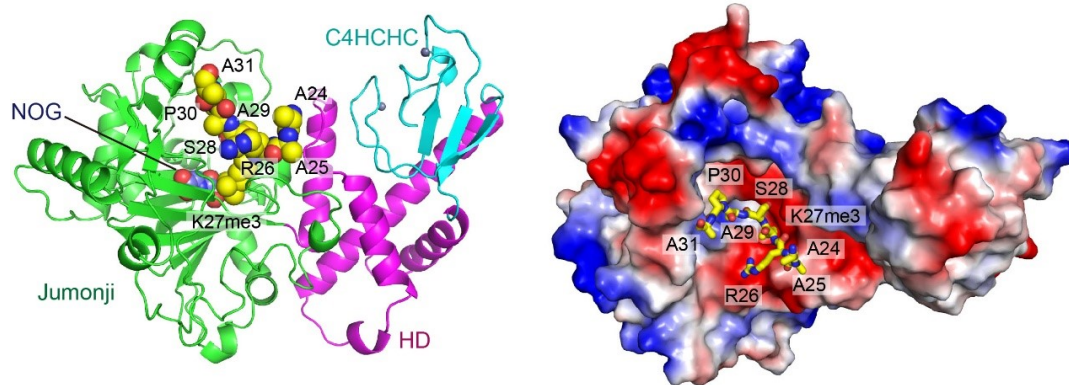
研究揭示拟南芥组蛋白去甲基化酶JMJ13的结构功能。3月21日，《自然-通讯》(Nature Communications)杂志在线发表了中国科学院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所上海植物逆境生物研究中心杜嘉木研究组、中科院遗传与发育生物学研究所曹晓风研究组和河北师范大学孙大业研究组合作完成的题为The Arabidopsis H3K27me3 demethylase JUMONJI 13 is a temperature and photoperiod dependent flowering repressor 的研究论文。

组蛋白修饰在植物生长发育过程中发挥着至关重要的作用，它与基因沉默、基因激活、染色体形态建成以及遗传物质修复等生物学问题密切相关。组蛋白去甲基化酶在组蛋白修饰的动态调控中起着重要作用。之前杜嘉木课题组和曹晓风课题组合作完成了拟南芥H3K4me3去甲基化酶JMJ14的复合物结构和功能，该研究于2018年发表在Plant Cell杂志上。该研究中，杜嘉木课题组和曹晓风课题组及孙大业课题组继续合作，首先，通过体内和体外实验分别证明了JMJ13是H3K27me3位点特异性的组蛋白去甲基化酶。接着通过结构生物学的手段分别解析了JMJ13-AKG复合物和JMJ13-NOG-H3K27me3复合物的晶体结构。

JMJ13整体结构包括Jumonji, helical, zinc finger三个结构域，其中zinc finger结构域并非之前预测的C5HC2型锌指，而是新型的C4HCHC型锌指结构域。在JMJ13和H3多肽的复合物结构中，N402、E295和Y282通过氢键参与识别H3K27me3。D236和D296分别与组蛋白H3的R26和S28形成氢键。F179通过堆积作用识别P30，决定了JMJ13识别组蛋白修饰的序列特异性。突变参与多肽识别的关键氨基酸，能显著降低JMJ13的酶活。

有趣的是，在序列上JMJ13是KDM4亚家族的成员，而在结构域上JMJ13与KDM5亚家族类似(Jumonji-helical-zinc finger)，在功能上JMJ13特异性地识别H3K27me3，与UTX等KDM6亚家族成员类似。接下来，研究人员开展了JMJ13的功能研究。JMJ13突变体在长日照条件下呈早花表型。有趣的是，在短日照条件下，22℃培养JMJ13突变体无开花表型，而28℃培养突变体有早花表型。进一步遗传分析表明，JMJ13在FLM/SVP和CO/GI上游发挥功能。因此，H3K27me3去甲基化酶JMJ13通过温度和光周期途径抑制开花。

河北师范大学教授郑术芝和逆境中心博士生胡泓淼为论文的共同第一作者。杜嘉木、孙大业和曹晓风是该论文的共同通讯作者。逆境中心质谱平台为该研究提供了帮助。上海同步辐射光源国家蛋白质设施BL19U1(SSRF)为数据收集处理提供了及时有效的支持。该研究工作得到国家自然科学基金委、中科院及植物分子遗传国家重点实验室相关经费的资助。



JM13和底物H3K27me3小肽复合物的晶体结构

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