

伴胞细胞中表达的组蛋白脱甲基化酶感受发育信号调控开花时间*

王振杰¹⁾ 杨红春¹⁾ 曹颖¹⁾ 马力耕^{1, 2)**}

(¹⁾ 河北师范大学生命科学学院河北省分子细胞生物学重点实验室, 石家庄 050016; (²⁾ 首都师范大学生命科学学院, 北京 100048)

DOI: 10.3724/SP.J.1206.2012.00122

开花是高等植物发育过程中一个非常重要的转化过程, 它能够保证植物的正常发育和后代的延续, 并且有重要的农业价值和观赏价值^[1]. 开花时间的调控是一个非常复杂的过程, 受到自身发育信号和外部环境因素的共同影响^[2-3]. *FLC* 是拟南芥开花调节过程中的中心抑制因子, 其在拟南芥顶端分生组织和叶片维管束的伴胞细胞中均有表达, 并且这两个部位的 *FLC* 对开花时间都有重要的调节作用^[4]. 目前已知的多数影响开花的通路都通过调节顶端 *FLC* 的表达来调控植物开花时间, 关于伴胞细胞中的 *FLC* 如何被调控的研究还非常少^[1, 3].

在动植物中都存在一类具有 JmjC 结构域的蛋白质, 是一类保守的组蛋白脱甲基化酶^[5]. 我们实验室最近的工作表明, *JMJ18* 是一个受植物自身发育调节的 H3K4 脱甲基化酶, *JMJ18* 主要在伴胞细胞中表达, 通过特异调节伴胞细胞中的 *FLC* 调控植物开花时间^[6].

Yang 等^[6]实验证实体外全长的 *JMJ18* 可以特异性地以 H3K4m3 的多肽为底物, 脱掉其上一个甲基生成 H3K4m2. 在拟南芥中, *JMJ18* 主要在伴胞细胞中表达, 并且表达水平受到植物自身发育进程的调控^[4]. *JMJ18* 功能缺失突变体呈现弱的晚花表型, 而 *JMJ18* 的超表达植株呈现明显的早花表型, 说明 *JMJ18* 参与了拟南芥开花时间的调控^[4]. 尽管多个具有 JmjC 结构域的组蛋白脱甲基化酶, 如 *JMJ14*、*ELF6/JMJ11*、*REF6/JMJ12* 等都参与了拟南芥开花时间的调节, 但是机制都不太清楚^[5, 7], 并且目前没有发现可以直接调控 *FLC* 的 JmjC 蛋白. Yang 等的实验证实 *JMJ18* 可以结合到 *FLC* 的染色质上, 通过降低 *FLC* 的染色质 H3K4m3 和 H3K4m2 修饰抑制 *FLC* 表达. *FLC* 表达水平的降

低导致 *FT* 表达的释放, 促进 *FT* 在伴胞细胞中积累. 积累的 *FT* 从伴胞细胞进入筛管组织, 进而运输到顶端分生组织, 与顶端分生组织特异性表达的 bZIP 转录因子 *FD* 直接相互作用, 通过调节下游基因 *SOC1* 和 *API* 调控植物开花进程(图 1).

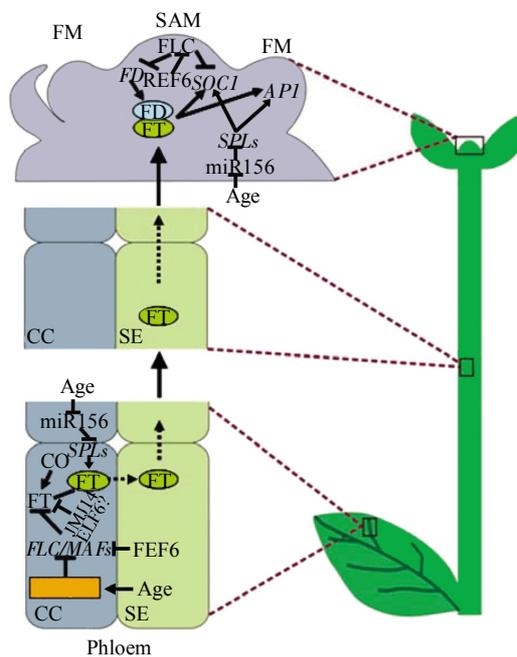


Fig. 1 JMJ18 promotes floral transition through the repression of *FLC* expression in phloem companion cells

图 1 JMJ18 通过抑制韧皮部伴胞细胞中 *FLC* 的表达促进开花

CC: 伴胞细胞; FM: 花分生组织; SE: 筛管; SAM: 基顶端分生组织.

* 国家重点基础研究发展计划(973)资助项目(2012CB910900, 2012CB114200).

** 通讯联系人. 现在地址: 首都师范大学生命科学学院.

Tel: 010-62980387, E-mail: ligeng.ma@mail.hebtu.edu.cn

收稿日期: 2012-05-30, 接受日期: 2012-06-29

最近的研究发现,植物开花时间除了受到春化作用、自主途径、光周期途径、GA途径等调控以外,还可以通过自身年龄衡量因子 miR156 和其靶基因 *SQUAMOSA PROMOTER BINDING-LIKE (SPLs)* 调节开花进程^[8]. Yang 等实验证实: JMJ18 主要在韧皮部的伴胞细胞表达. 并且同 miR156 类似,在植物营养生长期, JMJ18 随着发育进程的深入表达水平逐渐升高. *SUC2* 启动子驱动 JMJ18 在维管伴胞细胞中表达时也出现早花表型并且依赖于 FT. 这些研究结果表明,同 miR156 类似, JMJ18 受植物自身发育调节,也可能作为自身年龄衡量因子调控植物开花时间,不同点是 JMJ18 是通过组蛋白修饰直接调节 *FLC* 表达调控开花时间的自身年龄衡量因子. 即可能有条感受自身年龄的途径: miR156-*SPLs* 和 JMJ18-*FLC/MAFs* 途径,让人感兴趣的是两个因子都是表观遗传调控因子,而且在每个途径中均是前者负调控后者,而且后者均为一个转录因子基因家族,这两个途径最后都调控 *FT* 表达. 这两个途径之间的关系也是一个有待于研究的科学问题,这可能会对于我们理解自身年龄衡量因子在植物开花进程中的作用有一定的启示.

参 考 文 献

- [1] 张素芝, 左建儒. 拟南芥开花时间调控的研究进展. 生物化学与生物物理进展, 2006, **33**(4): 301-309
Zhang S Z, Zuo J R. Prog Biochem Biophys, 2006, **33**(4): 301-309
- [2] Searle I, Coupland G. Induction of flowering by seasonal changes in photoperiod. EMBO J, 2004, **23**(6): 1217-1222
- [3] Crevillen P, Dean C. Regulation of the floral repressor gene *FLC*: the complexity of transcription in a chromatin context. Curr Opin Plant Biol, 2011, **14**(1): 38-44
- [4] Michaels S D, Amasino R M. *FLOWERING LOCUS C* encodes a novel MADS domain protein that acts as a repressor of flowering. Plant Cell, 1999, **11**(5): 949-956
- [5] Liu F L, Li G L, Cui X, et al. Comparative analysis of JmjC domain-containing proteins reveals the potential histone demethylases in *Arabidopsis* and rice. J Int Plant Biol, 2008, **50**(7): 886-896
- [6] Yang H C, Han Z F, Cao Y, et al. A companion cell-dominant and developmentally-regulated H3K4 demethylase controls flowering time in *Arabidopsis* via the repression of *FLC* expression. PLoS Genet, 2012, **8**(4): e1002664
- [7] Noh B, Lee S H, Kim H J, et al. Divergent roles of a pair of homologous jumonji/zinc-finger-class transcription factor proteins in the regulation of *Arabidopsis* flowering time. Plant Cell, 2004, **16**(10): 2601-2613
- [8] Wang J W, Czech B, Weigel D. miR156-regulated SPL transcription factors define an endogenous flowering pathway in *Arabidopsis thaliana*. Cell, 2009, **138**(4): 738-749