

[首页](#)[组织机构](#)[科学研究](#)[成果转化](#)[人才教育](#)[学部与](#)[首页 > 科研进展](#)

植物组蛋白去甲基化酶的招募机制

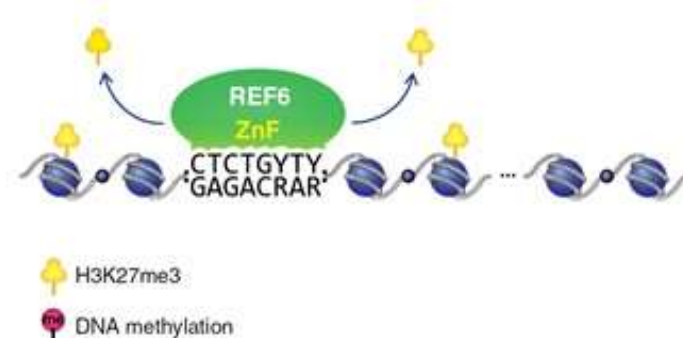
2019-05-09 来源：遗传与发育生物学研究所

核小体是真核生物染色质的基本单位，由DNA缠绕组蛋白八聚体构成。组蛋白翻译后共价修饰参与基因表达调控等过程。组蛋白H3第27位赖氨酸的三甲基化修饰(H3K27me3)通过维持基因的沉默和抑制基因表达发挥作用。基因组中特定位点的H3K27me3修饰水平由组蛋白甲基转移酶和去甲基化酶进行动态调控。拟南芥组蛋白H3K27me3去甲基化酶REF6/JMJ12能够通过其自身的锌指结构域特异性地识别H3K27me3修饰，调控基因的时空表达水平(Lu, et al. Nature Genetics, 2011; Cui, et al. Nature Communications, 2018)。REF6能够被REF6识别，REF6更倾向于结合在开放的染色质区域，而不结合异染色质区域，然而这种修饰广泛分布于异染色质区、常染色质区的转座子区和转录不活跃基因的启动子区，参与异染色质沉默和基因表达调控。然而，人们对于植物体内DNA甲基化如何影响组蛋白修饰酶的基因组靶向仍知之甚少。

曹晓风研究组与复旦大学麻锦彪研究组合作，结合染色质组学、结构生物学、生物化学等研究方法，通过生物信息分析REF6的基因组结合位点以及染色质免疫沉淀结合DNA甲基化检测的手段，进一步通过凝胶迁移实验(EMSA)、等温滴定量热法(ITC)以及锌指结构域晶体结构的解析研究REF6与DNA结合的亲和力。为了进一步研究植物体内DNA甲基化是否影响REF6与靶基因位点结合，在REF6甲基化缺失的drm1 drm2 cmt2 cmt3 四突变体中REF6在non-CG甲基化下降的染色质区域富集，且与靶基因位点之相邻。该研究揭示了DNA甲基化是调控组蛋白去甲基化酶REF6在基因组中靶向的重要因素，为理解DNA甲基化在植物发育和表观遗传中的作用提供了新思路。

该项研究成果于5月2日在《自然-通讯》(Nature Communications)在线发表(DOI:10.1038/s41467-019-0900-4)。曹晓风、博士后梅海亮、副研究员邓娴、博士研究生何凯璇和复旦大学麻锦彪组已毕业博士生吴柏星为

工作由国家自然科学基金委、中科院、科技部、中科院青年创新促进会、植物基因组学国家重



DNA甲基化抑制REF6结合CTCTGYTY

上一篇： 高效纳米药物研究取得进展

下一篇： 科学家阐明tRNAHis鸟苷转移酶参与调控水稻适应环境温度的新机制

© 1996 - 2019 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号

联系我们 地址：北京市三里河路52号 邮编：100864