

- » 活动预告
- » 学院动态
- » 科研动态
- » 友情链接
- » 系所链接
- » 各实验室链接

## 植物所周明课题组在Nature Commun. 发文合作揭示植物组织特异性DNA甲基化模式产生的遗传基础

时间：2022-01-13 访问次数:265

近日植物所周明课题组和美国Salk生物研究所Julie Law课题组合作完成的题为The CLASSY family controls tissue-specific DNA methylation patterns in Arabidopsis的研究论文，发表在Nature Communications。

一个成熟的个体拥有同一套基因组，却能发育成不同类型的细胞、组织和器官，表观遗传修饰模式被认为在其中发挥重要作用。DNA甲基化(DNA methylation)是一类发生在胞嘧啶5号位碳原子上、可稳定遗传的表观修饰，在动物、植物基因组中广泛存在。不同组织和细胞内的DNA甲基化的建立和模式(DNA methylation patterns)对基因调控、转座子沉默及基因印记至关重要。长时间以来，基因组上每个位点上以及不同组织或细胞内的DNA甲基化模式是如何被调控的，是表观遗传学领域的一个悬而未决的重要问题。

植物从头DNA甲基化(de novo methylation)是通过RNA指导的DNA甲基化途径(RNA-directed DNA methylation, RdDM)建立的。周明研究员发现由4个成员组成的染色质重塑因子基因家族CLASSY(CLSY1-CLSY4)在调控DNA甲基化从头建立的过程中发挥重要作用。缺失CLSY1-4单个成员导致RdDM途径的部分DNA甲基化丢失；4个成员完全缺失，则RdDM途径依赖的DNA甲基化完全丢失，表明CLSY1-4对de novo methylation建立至关重要。

这项研究进一步发现4个CLSY基因在拟南芥中呈现明显的组织表达特异性(图1.a)。研究人员选取花序(Fl)、胚珠(Ov)、第一、二片真叶(Lv)和莲座叶(Rs)研究发现：CLSY1主要在营养器官的维管束组织表达；CLSY3主要在胚珠里表达；而CLSY2和CLSY4的表达量较低(图1.b)。这一结果被RNAseq数据和GUS染色数据相互验证。

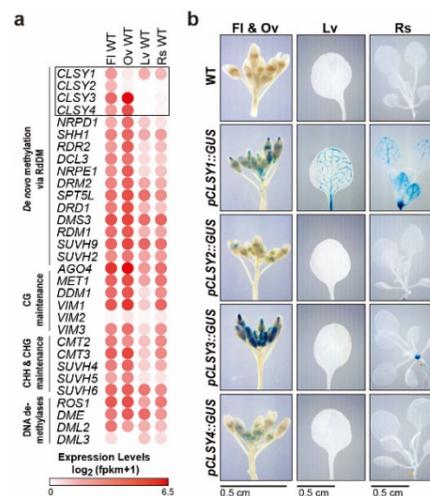


图1. CLSY1-4的表达具有组织特异性

通过smRNAseq、RNAseq和BSseq等多组学手段，研究人员进一步揭示了拟南芥花序、胚珠、第一、二片真叶和莲座叶等不同组织间的DNA甲基化模式的差异(图2.a)。进一步运用遗传学手段证明4个CLSY是调控拟南芥组织特异性DNA甲基化模式的主要因子。依赖于它们组织表达的特异性，4个CLSY基因在全基因组范围内控制不同组织间的DNA甲基化模式；甚至改变单个CLSY就可以改变组织间的DNA甲基化模式(图2.b)。

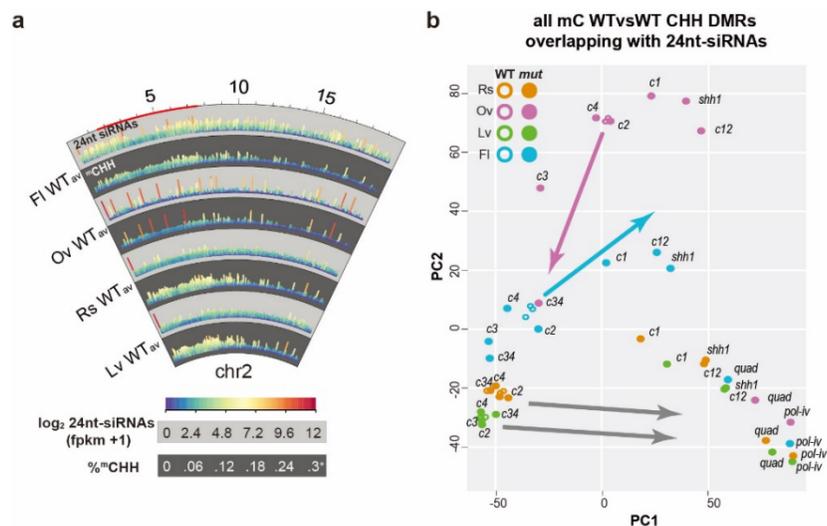


图2. CLSY蛋白调控组织特异性DNA甲基化模式

这项工作揭示了染色质重塑因子CLSY家族调控植物不同组织间DNA甲基化模式差异的遗传基础。鉴于DNA甲基化在动植物中的保守性，这项工作为进一步利用表观遗传机制改良作物的精确育种和精准医疗提供了可能性。

该工作由浙江大学生命科学学院、美国Salk生物研究所合作共同完成。浙江大学生命科学学院周明研究员为第一作者，工作得到了浙江大学百人计划，中央高校111计划支持。

论文链接: <https://www.nature.com/articles/s41467-021-27690-x>

上一篇

下一篇

版权所有©2016 浙江大学生命科学学院

您是第 访问者 管理登录