

搜索

[首页](#) [学院概况](#) [院属机构](#) [师资队伍](#) [科学研究](#) [本科生](#) [研究生](#) [学生工作](#) [退管工作](#) [教工之家](#) [校友之窗](#) [信息服务](#) [捐赠基金](#)

## 新闻中心

[综合新闻](#)

[科研动态](#)

[学术报告](#)

[谈家桢生命科学讲坛](#)

[生命科学前沿论坛](#)

[▶ 首页](#) [▶ 新闻中心](#) [▶ 科研动态](#)

### 董爱武课题组和甘建华课题组合作揭示DNA5mC和6mA修饰 调节转录因子对目的基因识别的分子基础

发布时间: 2019-11-20 阅读次数: 529

2019年11月16日, 我院遗传工程国家重点实验室董爱武课题组和甘建华课题组合作, 在《核酸研究》(Nucleic Acids Research) 杂志发表了题为 “Structural insights into target DNA recognition by R2R3-MYB transcription factors” 的研究论文, 揭示了DNA 5mC和6mA修饰调节转录因子对目的基因识别的分子基础。

遗传工程国家重点实验室学术  
报告

---

其他讲座

---

通知公告

---

人事招聘

---

MYB 家族是动、植物中保守存在的一类转录因子，成员众多，分为1R， R2R3， 3R和4R四种类型。其中R2R3类型的MYB转录因子为植物所特有，在模式植物拟南芥中包含100多个成员，在初级代谢、次级代谢、细胞命运调控、生物与非生物胁迫以及生长发育等方面发挥重要作用。尽管在植物中对R2R3-MYB转录因子的功能进行了比较广泛的研究，其识别靶基因的分子基础仍所知甚少。

董爱武课题组和甘建华课题组的合作研究解析了R2R3-MYB类型转录因子WEREWOLF (WER) 与DNA复合物的晶体结构，突变及ITC实验表明R2R3-MYB转录因子特异识别的DNA顺式元件 (*cis*-elemnet) 为5' - AACNDN-3' (D: A/T/G)。通过结构分析和序列比对发现：植物与动物MYB 转录因子在R3结构域上拥有相同的DNA识别基序 (motif) ，具有较高的保守性；但R2结构域的DNA识别基序则在进化过程中产生了差异。全基因组序列分析发现AACNDN顺式元件在拟南芥基因组中广泛存在，在33322个基因的启动子区域共包含1467251个AACNDN元件，其中111984个AACNDN元件中存在5mC或6mA甲基化修饰。体外ITC实验证实DNA5mC或6mA修饰均会显著抑制WER与DNA的结合。该研究报道了第一个R2R3-MYB类型转录因子的晶体结构，也是首次证实DNA 6mA修饰直接影响转录因子与DNA的结合。董爱武课题组的硕士生王百慧和博士生罗强为该论文的第一作者，董爱武教授和甘建华教授为通讯作者。

## Article Contents

[Abstract](#)[INTRODUCTION](#)[MATERIALS AND METHODS](#)[RESULTS](#)[DISCUSSION](#)[DATA AVAILABILITY](#)[SUPPLEMENTARY DATA](#)[ACKNOWLEDGEMENTS](#)[FUNDING](#)[REFERENCES](#)

## Structural insights into target DNA recognition by R2R3-MYB transcription factors

Baihui Wang, Qiang Luo, Yingping Li, Liufan Yin, Nana Zhou, Xiangnan Li, Jianhua Gan, Aiwu Dong [Author Notes](#)

*Nucleic Acids Research*, gkz1081, <https://doi.org/10.1093/nar/gkz1081>

Published: 16 November 2019 [Article history](#) ▼

[PDF](#)[Split View](#)[Cite](#)[Permissions](#)[Share](#) ▼

### Abstract

As the largest group of MYB family transcription factors, R2R3-MYB proteins play essential roles during plant growth and development. However, the structural basis underlying how R2R3-MYBs recognize the target DNA remains elusive. Here, we report the crystal structure of Arabidopsis WEREWOLF (WER), an R2R3-MYB protein, in complex with its target DNA. Structural analysis showed that the third  $\alpha$ -helices in both the R2 and R3 repeats of WER fit in the major groove of the DNA, specifically recognizing the DNA motif 5' -AACNGC-3'. In combination with mutagenesis, *in vitro* binding and *in vivo* luciferase assays, we showed that K55, N106, K109 and N110 are critical for the function of WER. Although L59 of WER is not involved in DNA binding in the structure, ITC analysis suggested that L59 plays an important role in sensing DNA methylation at the fifth position of cytosine (5mC). Like 5mC, methylation at the sixth position of adenine (6mA) in the AAC element also inhibits the interaction between WER and its target DNA. Our study not only unravels the molecular basis of how WER recognizes its target DNA, but also suggests that 5mC and 6mA modifications may block the interaction between R2R3-MYB transcription factors and their target genes.

董爱武课题组于2017年发表在《The Plant Cell》上的研究证明WER可以与组蛋白分子伴侣NRP1形成蛋白复合体，WER识别靶基因 *GL2*，NRP1协助移除靶基因上的核小体，共同促进 *GL2* 的转录，调节植物根毛发育。

上述两个工作表明多种表观遗传机制如染色质组装及DNA甲基化修饰，可以共同参与转录因子对靶基因的调控过程，进而动态调节植物的生长发育以及对外界环境的适应。

<https://academic.oup.com/nar/advance-article/doi/10.1093/nar/gkz1081/5626523>

---友情链接--- ▼

Copyright © 2014 School of Life Sciences Fudan University All Rights Reserved

联系地址：上海市淞沪路2005号

