

## 版纳植物园等揭示microRNA参与花发育调控网络 保守存在于有花植物中

文章来源：西双版纳热带植物园

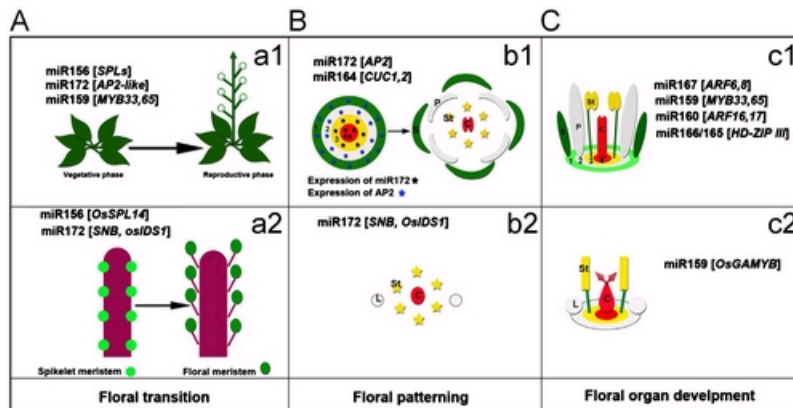
发布时间：2013-07-11

【字号：小 中 大】

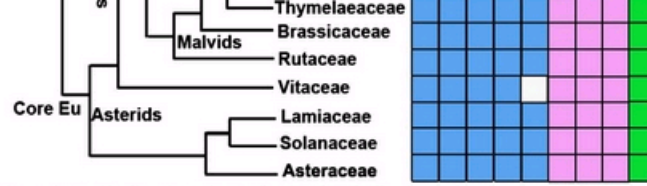
植物花的正常发育依赖于植物体内复杂的基因调控网络。目前已发现了多个基因参与植物花发育的过程，它们可以响应外界环境，配合生理应答，进而达到开花的目的。那么这些基因是如何有效地开启或关闭，从而有序地进行花原基的发生到花器官的发育呢？已经研究发现，一些长度仅约22个核苷酸的小分子RNA（microRNA）掌握着这些基因启动的钥匙。

中科院西双版纳热带植物园植物进化生态学研究组副研究员罗艳博士与昆明植物研究所以及西南林业大学的科研人员合作，对microRNA参与花发育的基因调控网络进行了综合概述。根据目前的研究进展，有9个microRNA家族可以特定地对花发育基因进行调控，例如miR156可调控SPL基因，从而控制植物由营养生长进入繁殖生长；miR172可调控AP2基因控制植物花瓣的发育。这项研究综述了这9个microRNA家族广泛存在于被子植物中。在双子叶植物和单子叶植物中，它们在发育时期的转变、花部结构建成和花部结构发育中均发挥着重要的作用。这9个microRNA家族在植物界中保守存在，它们调控的靶基因也很保守，表明由microRNA参与的花发育调控网络保守存在于有花植物中。

相关研究成果以 [Evolutionary conservation of microRNA regulatory programs in plant flower development](#) 为题发表在国际学术期刊 *Developmental Biology* 上。



拟南芥（上行）和水稻（下行）中，不同microRNA家族的调控程序控制花发育过程



Em: Embryophyta Tr: Tracheophyta Euphy: Euphylllophyta Sp: Spermatophyta  
 An: Angiosperms Core Eu: Core Eudicots Eu: Eudicots

9个microRNA家族在植物界中的系统分布情况。蓝色框表明有胚植物保守，紫色框代表维管植物保守，绿色框代表被子植物保守，白色框代表无。

打印本页

关闭本页