

APETALA3/DEFICIENS 和 PISTILLATA/ GLOBOSA 基因与植物花发育

秦巧平^{1,2,3} 尹涛² 陈俊伟¹ 谢鸣^{1*} 张上隆²

(¹浙江省农业科学院园艺研究所, 杭州 310021; ²浙江大学农业与生物技术学院园艺系, 杭州 310029;

³浙江林学院林业与生物技术学院, 临安 311300)

摘要 *APETALA3(AP3)/DEFICIENS(DEF)*和 *PISTILLATA(PI)/GLOBOSA(GLO)*为植物花器官发育 B 类基因, 控制双子叶植物花瓣和雄蕊的发育, 它们属于 MADS-box 基因家族, 编码转录因子, 这些基因的突变能导致花瓣转变为萼片, 雄蕊转变为心皮。近年来已经在多种植物中克隆到了 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因, *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因在拟南芥中只在花器官中表达, 而在玉米等植物维管束、叶片等组织中也有表达。现对有关 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因表达及其在植物系统发育学研究方面的进展进行综述。

关键词 *APETALA3/DEFICIENS*; *PISTILLATA/GLOBOSA*; 基因表达; 花发育

植物花器官的发育是从花序分生组织转变成花分生组织开始, 参与这一转变的基因有 *LEAFY (LFY)*、*APETALA2 (AP2)*、*APETALA1(API)*、*CAULIFLOWER (CAL)*和 *FRUITFULL (FUL)*等^[1], 这些基因的调控表达可以提早或推迟植物花期^[2,3]。之后花分生组织开始花器官的发育, 花器官发育比较经典的模型是 Coen 等^[4]提出的 ABC 模型, 即 ABC 三类基因的表达共同控制花器官: A 类基因 *APETALA1 (API)*控制萼片形成; *API* 和两个 B 类基因 *APETALA3 (AP3)*、*PISTILLATA (PI)*共同控制花瓣形成; B 类基因 *AP3* 和 *PI* 以及 C 类基因 *AGAMOUS (AG)*共同控制雄蕊形成; *AG* 基因控制心皮形成。这三类基因均包含一个高度保守的 MADS 结构域, 属于 MADS-box 基因家族, 编码转录因子。在拟南芥和矮牵牛等植物中又发现了 D 和 E 功能基因^[5]。拟南芥等植物中花瓣和雄蕊的控制基因是 *APETALA3 (AP3)*和 *PISTILLATA (PI)*, 而在金鱼草(*Antirrhinum majus*)、大丁草(*Gerbera hybrid*)等植物中是 *DEFICIENS (DEF)*和 *GLOBOSA (GLO)*^[6]。本文综述了近年来有关植物花发育 B 类基因 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因克隆、基因表达、转基因研究及其在植物系统发育学研究方面的国内外研究进展。

到目前为止, 已经从拟南芥、向日葵、玉米、水稻等多种植物中克隆到了花器官 B 类基因(表 1, 表 2)。这些 B 类功能基因中任何一个基因的突变均可导致花器官第二轮和第三轮发生改变——花瓣转变为萼片、雄蕊转变为心皮^[7]。植物 B 类基因结构如图 1 所示^[8], N 端包含高度保守的 MADS 结构域(约 60 个氨基酸), 具有与 DNA 结合、核定位及二聚功能; 第二个保守区是 K 结构域(约 65~70 个氨基酸), K 结构域具有类似于角蛋白的卷曲螺旋结构域(coiled-coil segment of keratin), 这一区域调节蛋白质间的相互作用, 同时也具有二聚功能^[6]; I 结构域(约 35 个氨基酸)位于 MADS 结构域和 K 结构域之间, 它和 K 结构域都是蛋白质二聚化的调节域; MADS 的下游 C 端区域为 C 结构域, 由约 30 个氨基酸组成的富含疏水残基的非保守区域, 为转录激活区, 也在 MADS 复合体形成中起作用, 拟南芥 *AP3* 的 C 端也在 MADS 蛋白功能中起作用^[9]。包含有这 4 个高度保守区域的植物 MADS-box 基因称为 MIKC-type MADS-box 基因, 是 MADS-box 基因家族 II 型基因^[10]。

系统发生分析表明, *DEF*、*GLO* 是 *AP3*、*PI*

收稿日期: 2005-11-28 接受日期: 2006-04-05

浙江省自然科学基金(No.Y305222), 中国博士后科学基金项目(No.2005038283)资助项目

* 通讯作者。Tel: 0571-86401007, E-mail: xiem@zaas.org

1 植物 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因

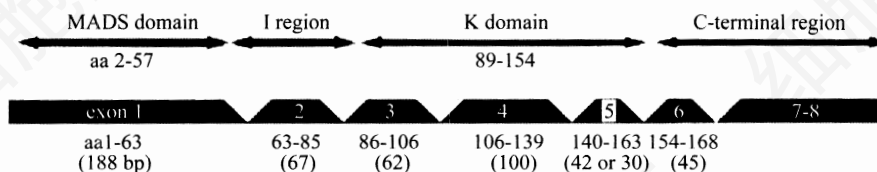


Fig.1 Diagram of the exon/intron organization of the B-class genes^[8]

The MADS, K, I, and C domain regions are indicated above the diagram. Intron positions are indicated by triangular cutouts.

Table 1 *APETALA3(AP3)/DEFICIENS(DEF)* genes from plants

Species	Name	Base pairs	Accession No.	Note
<i>Akebia trifoliata</i>	AP3-2	958 bp	AY627631	complete cds
<i>Akebia trifoliata</i>	AP3-1	896 bp	AY627630	complete cds
<i>Amborella trichopoda</i>	AmAP3	667 bp	AB154845	complete cds
<i>Arabidopsis thaliana</i>	AP3	989 bp	NM_115294	complete cds
<i>Brasenia schreberi</i>	BsAP3	669 bp	AB158355	complete cds
<i>Brassica juncea</i>	AP3	675 bp	DQ060332	complete cds
<i>Brassica rapa subsp. chinensis</i>	AP3	675 bp	AY623003	complete cds
<i>Cabomba caroliniana</i>	CcAP3	693 bp	AB158353	complete cds
<i>Crocus sativus</i>	AP3	928 bp	AY948339	complete cds
<i>Crocus sativus</i>	AP3	896 bp	AY948340	complete cds
<i>Eupomatia bennettii</i>	AP3-1	651 bp	AY337750	complete cds
<i>Eupomatia bennettii</i>	AP3-2	651 bp	AY337751	complete cds
<i>Euryale ferox</i>	EfAP3	669 bp	AB158349	complete cds
<i>Euryale ferox</i>	EfAP3	669 bp	AB158349	complete cds
<i>Fragaria x ananassa</i>	FavAP31	730 bp	AY429427	complete cds
<i>Nuphar japonica</i>	NjAP3-1	666 bp	AB158357	complete cds
<i>Nuphar japonica</i>	NjAP3-2	663 bp	AB158358	complete cds
<i>Nymphaea tetragona</i>	NtAP3-1	666 bp	AB158351	complete cds
<i>Thalictrum dioicum</i>	AP3-1	905 bp	AY867875	complete cds
<i>Thalictrum dioicum</i>	AP3-2a	985 bp	AY867876	complete cds
<i>Thalictrum dioicum</i>	AP3-2b	978 bp	AY867877	complete cds
<i>Triticum aestivum</i>	TaMADS#82	1 083 bp	AB107993	complete cds

Table 2 *PISTILLATA(PI)/DEFICIENS(DEF)* genes from plants

Species	Name	Base pairs	Accession No.	Note
<i>Akebia trifoliata</i>	PI-1	944 bp	AY627634	complete cds
<i>Amborella trichopoda</i>	AmPI	1 802 bp	AB154842	complete cds
<i>Arabidopsis lyrata</i>	PI	2 102 bp	AF143382	complete cds
<i>Arabidopsis thaliana</i>	PI	955 bp	NM_122031	complete cds
<i>Arabidopsis thaliana</i>	PI	319 bp	AK118036	complete cds
<i>Arabidopsis thaliana</i>	PI	896 bp	D30807	complete cds
<i>Arabidopsis thaliana</i>	PI	2 023 bp	AF115830	complete cds
<i>Arabidopsis thaliana</i>	PI	2 023 bp	AF115829	complete cds
<i>Brasenia schreberi</i>	BsPI	669 bp	AB158356	complete cds
<i>Cabomba caroliniana</i>	CcPI	645 bp	AB158354	complete cds
<i>Euryale ferox</i>	EfPI	654 bp	AB158350	complete cds.
<i>Helianthus annuus</i>	PI	697 bp	AY157725	complete cds
<i>Nuphar japonica</i>	NjPI-1	654 bp	AB158359	complete cds
<i>Nuphar japonica</i>	NjPI-2	654 bp	AB158360	complete cds
<i>Nymphaea tetragona</i>	NtPI	654 bp	AB158352	complete cds
<i>Orchis italica</i>	OrcPI	907 bp	AB094985	complete cds
<i>Phalaenopsis equestris</i>	PeMADS6	919 bp	AY678299	complete cds
<i>Spinacia oleracea</i>	SoPI	848 bp	AY604515	complete cds
<i>Triticum aestivum WPI1</i>	PI	928 bp	AB107991	complete cds
<i>Triticum aestivum WPI2</i>	PI	1 025 bp	AB107992	complete cds

的差异较大的垂直同源基因(orthologs), *DEF* 和 *GLO*、*AP3* 和 *PI* 是比较接近的水平同源基因(paralogs), 即它们是由一个共同的祖先基因复制而来的。*AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因编码的蛋白质形成异二聚体, 为多种植物花瓣和雄蕊发育所必需。

2 植物 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因表达及其调节

2.1 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因表达的启动及调节

AP3 和 *PI* 基因表达的调节分两步, 最初的表达是响应于感应信号, 然后通过各自的基因产物自动调节维持其基因表达。*AP3* 和 *PI* 的最初表达是由花分生组织基因[*AP1*、*LFY*、*UNUSUAL FLORAL ORGANS (UFO)*]诱导的。*AP3* 和 *PI* 的表达起始后, 这些基因编码蛋白质可以维持其在花瓣和雄蕊中的表达。早期的 *PI* 表达是由启动子末梢(distal region)区域调节的, 后期表达是由近侧(proximal region)区域调节的, *AP3* 启动子能够由 *AP3* 类固醇诱导形式激活, 这种激活可能是由 *AP3* 启动子中的两个 *CAR*G box 调节的^[11,12]。拟南芥中, 当 *B* 类和 *C* 类基因功能缺失时, 可由其他基因(如 *SEPALLATA*)取代, 表明这些基因之间具有协同作用^[13]。

AP3/PI 直接调节 *NAP(NAC-LIKE, ACTIVATED BY AP3/PI)* 基因, *NAP* 在花发育后期表达, 在发育中的花瓣和雄蕊中表达, 其表达与花瓣和雄蕊组织由细胞分裂到细胞膨大的转变有关^[14]。另外, *SUPERMAN* 的表达在 *ap3* 和 *pi* 突变体中减少, 推测 *SUPERMAN* 基因可能也由 *AP3/PI* 调节^[15]。微阵列技术研究表明, *AP3/PI* 直接调节负责花瓣和雄蕊细胞形成过程中的基因^[16]。

2.2 植物 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因表达

在拟南芥中, *B* 类基因 *AP3* 和 *PI* 主要在花的第二轮和第三轮中表达, 调控花瓣和雄蕊的发育。*AP3* 或 *PI* 基因突变均可导致花瓣转变为萼片, 雄蕊转变为心皮, 这表明, *AP3* 和 *PI* 基因的活性都是为 *B* 类功能所必需的, 但是, 拟南芥 *AP3* 和 *PI* 基因的空间表达模式有一定差异: *AP3* 和 *PI* 在花第二轮和第三轮中均表达, 但是 *PI* 也在花发育早期的第四轮中表达, 而 *AP3* 在每一轮生体的小部分细胞中均表达。*AP3* 和 *PI* 在拟南芥花瓣和雄蕊整个发育过程中均表达, 但是在非花组织中不表达^[17]。另外, *AP3* 和 *PI* 基因编码区序列相对保守, 但是这两类基因的非编码区基因组序列并未表现出任何相似性。

因此尽管拟南芥中 *AP3* 和 *PI* 基因表达域和功能相似, 但是其转录本可能是由不同机制调节的。

甘蓝型油菜(*Brassica napus* L.)中, *AP3* 和 *PI* 在发育中的花瓣和雄蕊中均表达, 但是, *PI* 在这两轮中表达水平相似, 而 *AP3* 在雄蕊中的表达要比在花瓣中的低^[18]。由于一个转座子插入苹果(*Malus domestica*)*PI* 基因而获得的突变体 *Rae Ime* 中, 该基因在花中不转录, 花瓣被萼片取代, 花粉囊被花柱取代, 最终导致单性结实(即无籽果实)^[19]。向日葵(*Helianthus annuus*)*HaPI* 和 *HaAP3* 在不育花中优先表达, 在可育花(fertile)花瓣和雄蕊中表达较弱^[20]。

在拟南芥中 *AP3* 和 *PI* 基因只在花组织中表达, 而在玉米中 *AP3* 和 *PI* 基因在种子、叶片和根中均表达^[21-23]。*Skipper*^[24]利用原位 PCR 技术发现冬乌头(*Eranthis hyemalis*)中 *B* 类基因在发育中的块茎组织的维管束、花梗、胚原基中均有表达, 在茎和叶片中也发现有 *AP3* 和 *PI* 基因的表达。桉树(*Eucalyptus*)、挪威云杉(*Picea abies*)等几个植物中也有 *MADS-box* 基因在维管组织中表达的报道^[25,26]。到目前为止, 在已经研究过的大多数被子植物中 *DEF/GLO* 亚基因家族基因在发育中的花瓣和雄蕊中表达。但是, 在一些被子植物中, *DEF* 和 *GLO* 有时在花的第一轮和第四轮以及非花组织中也能观察到其表达, 这表明, 它们除了控制花瓣和雄蕊形成外, 还有其他更为复杂的功能^[27]。

蝴蝶兰(*Phalaenopsis equestris*)*GLO/PI* 基因 *PeMADS6*, 在蝴蝶兰基因组中为单拷贝基因。*PeMADS6* 在萼片、花瓣、唇瓣、雌蕊和雄蕊柱中均表达, 可能参与这些器官的发育。原位杂交表明, *PeMADS6* 对子房的发育起抑制作用, 而生长素则可以抑制子房中 *PeMADS6* 的表达^[28]。水稻 *PI/GLO* 基因 *OsMADS2* 为第二轮(浆片)发育所必需, 但是对第三轮是可有可无的, 而 *OsMADS4* 则为雄蕊发育所必需^[29]。

DEF/AP3 和 *GLO/PI* 的蛋白质功能存在多样化。矮牵牛 *DEF/AP3* 和 *GLO/PI* 突变体 *phglo1*、*phglo2*、*phdef*、*phglo2* 的花中, 花瓣转变为萼片, 雄蕊转变为心皮, 同时第二轮和第三轮分裂组织质量和数量上也产生变化。*PHDEF/PHGLO1* 异二聚体控制雄蕊丝和花瓣管的融合。而第四个 *B* 类 *MADS-box* 成员, *PhTM6* 基因, 与 *AP3* 明显不同, *PhTM6* 主要在野生型花的雄蕊和子房中表达, 但是它的表

达在 A 功能突变体的第一轮和第二轮中是上调的, *PhTM6* 可能并不参与花瓣的发育^[30]。

综上所述, 双子叶植物中 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因的表达模式有一定差异, 这可能表明不同植物中这些 B 类基因功能并不完全保守, 而是存在一定差异。

3 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因与被子植物花发育的系统学

被子植物(angiosperm)是现存陆生植物中最大的类群, 其起源和进化一直是植物系统学研究中的热点问题。被子植物区别于其他植物类群最显著的特征就是其生殖器官——花, 因此, 花器官的起源及系统发育是研究关键之一。模式植物中调节形态形成的发育遗传途径的阐明为研究植物系统发育的多样化提供了基础。通过识别导致物种变化的基因, 可以分析进化的发育遗传机制及形态学特征改变模式的分子基础。典型被子植物花由花萼、花瓣、雄蕊和心皮组成, 花的发育直接受控于三类基因, 每一部分由单基因控制或几个基因共同控制, 如果某个基因缺失, 由该基因控制的花器官就会缺失, 如果这些基因都缺失, 花分生组织将产生叶状结构。尽管拟南芥和金鱼草的亲缘关系很远, 但控制花发育的基本机制是相同的, 即两种植物花发育的机制可以用同一模型来解释, 而且控制相似表型的基因在 DNA 水平上是同源的。这表明花器官发生的调控过程在进化上是古老的, 而不同类群花部式样的分化为后来所发生的^[31]。

Whipple 等^[32]通过比较分析拟南芥和玉米体外蛋白质活性, 认为单子叶植物和双子叶植物的 B 类基因功能是保守的。*AP3* 和 *PI* 同源基因的功能在低等被子植物中相对保守, 而在高等被子植物中并不严格保守^[33]。了解植物花器官 B 类基因功能是如何及何时发展而来的是阐明花进化、尤其是具有花瓣的花被器官出现的一个重要组成部分。被子植物 B 类基因进化枝由两个系组成: *AP3* 和 *PI*。*AP3* 和 *PI* 的分离大约是在被子植物和裸子植物分离 3 400~3 500 百万年后发生的。B 类 MADS-box 的蛋白质序列和功能影响被子植物花形态学发育^[9]。比较 *AP3* 和 *PI* 同源基因的基因组结构表明, 12 个核苷酸(即 4 个氨基酸)的缺失是整个 *PI* 世系的共源性状^[31]。目前对被子植物基部类群的确切尚存争议, 而通过被子植物 *AP3* 和 *PI* 同源基因结构分析支持互叶

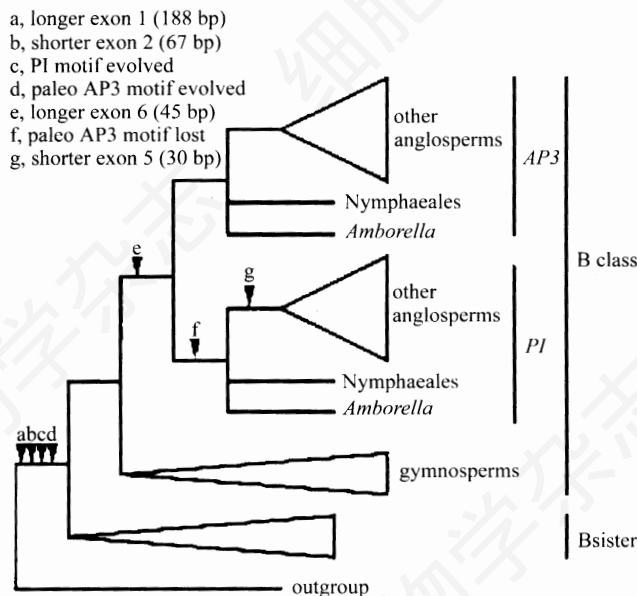


Fig.2 Phylogeny of B-class genes^[8]

Arrows with letters at nodes define putative apomorphies.

梅(*Amborella*)和睡莲(*Nymphaeales*)是基部类群(图 2)^[8]。

4 转基因研究

油菜没有花瓣或有少量花瓣的基因型在光合活性方面具有优势, 减小花瓣的体积和 / 或者去除反射光将促进光合作用活性辐射(photosynthetically active radiation, PAR)向叶片的传播, 能够增加作物的生产力。Byzova 等^[34]通过 hpRNA 基因沉默技术, 在拟南芥 *AP1* 启动子控制下表达 *BAP3* 或 *BPI* 同源自身互补 hpRNA 结构, 使拟南芥和油菜 MADS-box B 类花器官基因在第二轮生体中沉默, 转基因拟南芥和油菜植株产生了雄性可育花, 转基因拟南芥中花瓣转变为萼片, 转基因油菜中花瓣转变为萼片状花瓣(sepaloid petals)。在这两种转基因植物中, 异常的花表型是稳定的、可遗传的。

在拟南芥中过量表达蝴蝶兰 *PeMADS6*, 拟南芥花瓣转变为花瓣状萼片, 花寿命增加 3~4 倍, 果实成熟延迟。因此, 在兰花中 *PeMADS6* 基因不仅控制花器官形成, 同时在花寿命及子房发育中也起作用^[28]。

玉米 *AP3* 同源基因 *Silky1* 活性丧失导致雄蕊转变为心皮, 浆片转变为内稃或内稃状组织(palea/lemma-like organs)^[35]。水稻 *AP3* 同源基因 *SUPERWOMAN1* (*SPW1*)剔除也导致相似的表型^[36]。在转

基因水稻中通过反义抑制 *OsMADS4* 的转录水平, 导致了与 *Si1* 和 *spw1* 相同的表型, 即一部分雄蕊转变为心皮, 浆片转变为内稃或内稃状组织^[37]。

利用基因工程技术使 B 类基因异常表达(35S:AP3, 35S:PI), 尽管花器官结构发生改变, 但是不改变叶片的营养生长^[38], 相似的是, 35S:AG、35S:SEP1、35S:SEP2 和 35S:SEP3 异常表达也不改变叶片的营养生长, 但是, 当 *SEP3* 与 *AP3* 和 *PI* 同时异常表达时, 叶丛和茎叶片均转变为类似于花瓣的器官^[12,39], 当 *AG* 与 *AP3*、*PI* 和 *SEP3* 同时异常表达时, 叶丛和茎叶片均转变为类似于雄蕊的器官^[10]。

5 展望

虽然目前已经分离到多种植物的 *AP3/DEF* 和 *PI/GLO* 基因, 并且在体外和酵母中也得到了 AP3 和 PI 异二聚体, 但是尚未从植物细胞中分离到 AP3/PI 异二聚体, 蛋白质性质也不清楚, 因而分离植物细胞 AP3/PI 的蛋白质, 并探明其生化特性是下一步研究工作的重点。拟南芥 *AP3* 基因可能参与细胞信号传递, 调节细胞分化和器官形态发生^[40], 阐明 B 类功能基因介导的信号机制可为调控作物生长进而调控其产量提供依据, 然而目前除了在拟南芥中有报道外, 其他植物尚未见报告。转基因油菜中花瓣转变为萼片状花瓣, 使花瓣体积减小, 促进光合作用, 增加了其生产力, 虽然目前这一研究尚未应用于生产实践, 但这为通过基因工程手段提高作物产量提供了广阔前景, 也为其他作物同类研究提供了依据。

随着研究的深入, 越来越多的植物花器官发育相关基因被不断分离, 了解 *AP3* 和 *PI* 基因序列的改变可以为明确植物形态学的多样化提供基础, 研究 *AP3* 和 *PI* 基因的分子进化和氨基酸缺失对其功能的影响具有重要意义。进一步对 *AP3* 和 *PI* 基因的研究不仅可以明确被子植物系统发生关系, 而且可

以为有花植物形态分化研究打下基础。

参考文献 (References)

- [1] Ferrándiz C *et al.* *Development*, 2000, **127**: 725
- [2] 雍伟东等. *科学通报*, 2000, **45**: 455
- [3] 王利琳等. *遗传*, 2004, **26**: 137
- [4] Coen ES *et al.* *Nature*, 1991, **353**: 31
- [5] Eckardt NA. *Plant Cell*, 2003, **15**: 1053
- [6] Yang Y *et al.* *The Plant J*, 2003, **33**: 47
- [7] Lohmann JU *et al.* *Dev Cell*, 2002, **2**: 135
- [8] Aoki S *et al.* *J Plant Res*, 2004, **117**: 229
- [9] Jack T. *Plant Cell*, 2004, **16**: S1
- [10] Lamb RS *et al.* *Proc Natl Acad Sci USA*, 2003, **100**: 6558
- [11] Honma T *et al.* *Development*, 2000, **127**: 2021
- [12] Honma T *et al.* *Nature*, 2001, **409**: 525
- [13] Lee JY *et al.* *Plant Cell*, 2005, **17**: 25
- [14] Sablowski RW *et al.* *Cell*, 1998, **92**: 93
- [15] Sakai H *et al.* *Plant Cell*, 2000, **12**: 1607
- [16] Zik M *et al.* *Plant Cell*, 2003, **15**: 207
- [17] Serrano-Cartagena J *et al.* *Genetics*, 2000, **156**: 1363
- [18] Zhou Y *et al.* *Planta*, 2002, **215**: 248
- [19] Yao J *et al.* *Proc Natl Acad Sci USA*, 2001, **98**: 1306
- [20] Dezar CA *et al.* *J Exp Bot*, 2003, **54**: 1637
- [21] Southerton SG *et al.* *Plant Physiol*, 1998, **118**: 365
- [22] Yu D *et al.* *Plant J*, 1999, **17**: 51
- [23] Munster T *et al.* *Gene*, 2001, **262**: 1
- [24] Skipper M. *Ann Bot (London)*, 2002, **89**: 83
- [25] Decroocq V *et al.* *Gene*, 1999, **228**: 155
- [26] Sundstrom J *et al.* *Dev Genet*, 1999, **25**: 253
- [27] Zahn LM *et al.* *J Hered*, 2005, **96**: 225
- [28] Tsai WC *et al.* *Plant Cell Physiol*, 2005, **46**: 1125
- [29] Prasad K *et al.* *Genetics*, 2003, **165**: 2301
- [30] Vandenbussche M *et al.* *Plant Cell*, 2004, **16**: 741
- [31] Stellari GM *et al.* *Mol Biol Evol*, 2004, **21**: 506
- [32] Whipple CJ *et al.* *Development*, 2004, **131**: 6083
- [33] Kramer EM *et al.* *Nature*, 1999, **399**: 144
- [34] Byzova M *et al.* *Planta*, 2004, **218**: 379
- [35] Ambrose BA *et al.* *Mol Cell*, 2000, **5**: 569
- [36] Nagasawa N *et al.* *Development*, 2003, **130**: 705
- [37] Kang HG *et al.* *Plant Mol Biol*, 1998, **38**: 1021
- [38] Krizek BA *et al.* *Development*, 1996, **122**: 11
- [39] Pelaz S *et al.* *Curr Biol*, 2001, **11**: 182
- [40] Jenik P *et al.* *Development*, 2001, **128**: 13

***APETALA3/DEFICIENS* and *PISTILLATA/GLOBOSA* Genes with Floral Development of Plant**

Qiao-Ping Qin^{1,2,3}, Tao Yin², Jun-Wei Chen¹, Ming Xie^{1*}, Shang-Long Zhang²

⁽¹⁾*Institute of Horticulture, Zhejiang Academy of Agriculture Sciences, Hangzhou 310021, China;*

⁽²⁾*Department of Horticulture, College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China;*

⁽³⁾*School of Forestry and Biotechnology, Zhejiang Forestry University, Linan 311300, China)*

Abstract *APETALA3(AP3)/DEFICIENS(DEF)* and *PISTILLATA (PI)/GLOBOSA(GLO)* genes encode MADS domain-containing transcription factors and are required to specify petal and stamen identities in the flower. Mutations in these genes exhibit similar phenotypes in which the second whorl petals are transformed into sepals and the third-whorl stamens are transformed into carpels. Many *AP3/DEF* and *PI/GLO* genes have been isolated from a lot of species recently. *AP3/DEF* and *PI/GLO* are expressed only in flower tissues in *Arabidopsis*. However, *AP3/DEF* or *PI/GLO* genes are also transcribed in vascular bundles and leaves in other dicots, e.g. maize. Studies on the *AP3/DEF* and *PI/GLO* genes expression and evolution of phylogenetics are summarized in this article.

Key words *APETALA3/DEFICIENS; PISTILLATA/GLOBOSA*; gene expression; flower development

Received: November 28, 2005 Accepted: April 5, 2006

This work was supported by the Natural Science Foundation of Zhejiang Province (No.Y305222) and the China Postdoctoral Science Foundation (No.2005038283)

*Corresponding author. Tel: 86-571-86401007, E-mail: xiem@zaac.org