

利用 eQTL 联合分析挖掘杨树维管组织发育关键调控模块

张进^{1*}, 卢孟柱¹, Wellington Muchero², Jin-Gui Chen²

(1. 省部共建亚热带森林培育国家重点实验室, 浙江农林大学, 浙江杭州, 311300; 2. Biosciences Division, Oak Ridge National Laboratory, Oak Ridge, TN, USA; *通信作者: zhangj@zafu.edu.cn)

摘要: 植物维管系统是一种复杂而精密的系统, 在过去几亿年里对陆地植物的进化做出了重大贡献。维管组织的发育贯穿树木生长发育的整个过程, 同时也是对环境变化做出灵活响应的重要部分。维管组织发育受到各种激素及转录因子的复杂调控。然而, 对维管发育调控模块的挖掘仍较为缺乏。表达数量性状位点 eQTL (expression quantitative trait loci) 是将基因表达水平的变化和基因型连接起来, 研究遗传突变与基因表达的相关性的研究方法, 能有效发掘潜在的基因调控模块, 揭示基因型对基因表达调控的影响。本研究中利用毛果杨 917 个基因型的基因组重测序数据, 以及包含 390 个基因型叶片和 444 个基因型木质部的转录组数据, 进行基于叶片基因表达和木质部基因表达的 eQTL 分析, 并明确杨树维管组织发育的关键调控模块。在 eQTL hotspot 中, 发现 PtrXB38 作为 trans-eQTL hotspot, 与多个转录因子的表达相关。在杨树中过表达 PtrXB38, 导致愈伤组织和不定根的形成显著增加。通过组学研究发现, 控制生长素运输和信号传导的基因和蛋白质参与 PtrXB38 介导的不定根形成。利用免疫共沉淀-质谱测定 PtrXB38 可能的互作蛋白, 发现 PtrXB38 与内体蛋白分选转运装置 ESCRT 复合物相互作用, 这意味着 PtrXB38 调节根发育可能是通过调节内吞途径介导的。此外, 对次生维管系统中次生细胞壁中木聚糖乙酰化关键基因 RWA-C 研究发现, 毛果杨 PtRWA-C 基因的过度表达会增加木聚糖乙酰化水平, 增加木质素含量和 S/G 比, 最终导致其生物质能转化中糖化效率降低。通过 eQTL 分析发现 PtRWA-C 不仅受到次生细胞壁分级调控网络的调控, 而且还受到 AP2 家族转录因子 HARDY (HRD) 的调控。了解林木维管组织发育转录调控机制, 有助于深入理解林木的发育机制, 为提高木材品质、增强林木的抗逆性以及改良林木品种等方面提供科学依据。