

杨树维管组织发育关键调控模块的挖掘与利用

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

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。在 eQTL hotspot 中, 我们发现 *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。蛋白互作测定表明, *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。

关键词: 杨树, 维管组织, eQTL, 调控模块