

不同气候区美洲黑杨生长性状环境适应性 分子调控机制研究

苑正赛[#], 张伟溪[#], 丁昌俊^{*}, 李政宏, 张静, 黄秦军, 苏晓华^{*}

(林木遗传育种全国重点实验室 国家林业和草原局林木培育重点实验室 中国林业科学研究院林业研究所 北京 100091)

[#]同等贡献; ^{*}通讯作者

摘 要:【目的】研究不同气候区美洲黑杨基因型 DNA 甲基化变化模式与基因表达和可变剪切的关系, 明确影响美洲黑杨生长的关键环境因子及环境适应性分子调控机制, 为美洲黑杨适应不同气候区环境变化机理研究提供参考。【方法】以分别栽植于热带季风气候区(海口定安, 年平均气温 25.9℃, 短日照)和温带季风气候区(山东宁阳, 年平均气温 15.8℃, 长日照)的 3 个美洲黑杨基因型为材料, 对其 3 年生叶片进行转录组、DNA 甲基化测序, 利用生物信息学方法及相关软件进行序列比对、差异分析、功能富集分析及相关性分析, 鉴定调控美洲黑杨气候适应性的关键 DNA 甲基化区域、可变剪切位点及功能基因, 构建美洲黑杨温带-热带的生长-防御权衡模型。【结果】1) 热带地区的 3 个美洲黑杨基因型生长量显著低于温带, 而其叶片 CHH 类型 mCs 平均甲基化水平 (2.79-4.30%) 明显高于温带 (2.19-2.82%); 3 个对比组 (HKPD1 vs. NYPD1、HKPD3 vs. NYPD3 和 HKPD4 vs. NYPD4) 的差异甲基化区域 (DMR) 主要表现为高甲基化 (87.79-95.98%), 其主要位于 CHH 类型的 Promoter 区; 此外, 3 个对比组共有 CHH 类型的 DMRs 较多 (1993), 表现为强烈的环境效应。2) 3 个对比组中, DMR 相关基因 (DMG) 差异达显著水平 (DMEG) 的比例较少 (8.74-19.02%), DMR 和其 DMEG 正相关 (1822) 和负相关 (1958) 的数量却无明显差别。3) 3 个对比组共有相同差异趋势的 DMEG 有 98 个, 这些基因中热胁迫和光周期响应相关基因 (*HSP90*、*HSE46b*、*LHCB5* 等) 表现为高甲基化高表达, 植物激素生长素、细胞分裂素相关基因 (*ARF6*、*NA CK2* 等) 主要表现为高甲基化低表达, 而脱落酸、乙烯相关基因 (*CYP707A4*、*ERF023* 等) 主要表现为高甲基化高表达, 同时还有大量参与抵御生物及非生物胁迫基因的甲基化水平和基因表达水平均表现出显著差异。4) 3 个对比组中, A3SS 和 A5SS 类型 DAS 事件占比 (19.35-27.35%; 8.87-10.31%) 明显高于 AS 事件 (8.36-8.92%; 2.39-2.47%), 仅有 20.61%、10.73% 和 19.91% 的 DAS 基因显著差异表达; 根据序列比对, 发现了 11 个基因组成的 17 个 DMR-DAS-DEG 关系对, 其主要表现为高甲基化 DMR 增加可变剪切丰度, 进而下调基因表达 (8/17)。【结论】不同气候区美洲黑杨 DNA 甲基化、可变剪切和基因表达存在显著差异, Promoter 区的 CHH 类型高甲基化 DMR、A3SS 和 A5SS 类型可变剪切可能通过调控部分基因表达, 影响美洲黑杨对不同气候区环境变化的适应性响应。杨树存在生长-防御权衡, 即热带杨树与温带杨树相比, 其体内感知到外界高温、短光照以及病原体胁迫, 调控细胞膜上 Ca^{2+} 、 K^{+} 等离子通道, 影响生长素、脱落酸、细胞分裂素、乙烯等植物激素的合成及信号转导, 进而影响细胞分裂、分化和凋亡, 最终抑制植物生长。研究结果可为杨树及林木对不同气候区环境适应性机理研究提供有益参考。