

毛竹快速生长期纤维细胞壁加厚的转录调控网络构建

甘俊维, 赵韩生*

(国际竹藤中心 北京 100102)

摘要: 【目的】竹类植物分布于热带和亚热带地区, 在推动经济发展和建设生态文明等诸多方面发挥着重要作用。毛竹的快速生长机制一直是竹子领域的研究热点, 在形态结构、生物学特性和基因表达调控等方面已经取得了初步的进展。毛竹快速生长期状态变化迅速, 因此需要选择合理的采样方案。而纤维细胞壁的加厚涉及复杂的基因表达和表观遗传调控, 目前对这一过程的转录调控研究仍然不够全面。【方法】本研究基于高质量的染色体级别毛竹基因组, 通过开发 RNA-seq 自动化分析流程并分析大量毛竹样本的转录组数据, 详细比较了不同采样方案数据集之间的差异, 进一步整合 RNA-seq 和 ATAC-Seq 数据, 构建了毛竹快速生长期纤维细胞壁加厚的复杂调控网络, 挖掘了在毛竹快速生长期起关键作用的核心基因, 为利用竹子遗传改良技术提高竹产业的生产效率和竹材品质提供了坚实的理论基础。【结果】: (1) 基于 Nextflow 框架构建转录组分析流程 LuckyRNA, 为毛竹快速生长时期的转录组数据分析提供技术支持。该流程包括数据质控、数据比对与定量、比对后的质控与处理、差异表达分析、富集分析等步骤, 支持差异分析时批量使用不同软件及自定义参数运行, 并实现不同分析结果的可视化。(2) 基于 181 个 RNA-seq 数据, 比较了不同采样方案对毛竹快速生长研究的影响。通过主成分分析与层次聚类分析等, 发现快速生长期样本中, 特异性表达的基因较少, 整体表达模式较为相似。针对毛竹快速生长不同特性的采样方案之间的差异小于样本间不同生长阶段产生的差异, 因此, 我们推测不同采样方案对快速生长研究的影响要小于样本所处不同发育状态对数据的影响。(3) 基于染色体级别的毛竹参考基因组, 鉴定了毛竹快速生长特性相关的核心基因集合。通过对快速生长时期的转录组数据进行差异表达分析, 时序分析和共表达网络分析, 最终得到 733 个持续上调和 48 个持续下调的核心基因集。其中, 鉴定到 MYB61、bZIP53 等与毛竹纤维细胞壁生物合成相关的转录因子。(4) 利用 ATAC-seq 技术, 成功构建毛竹笋快速生长时期的染色质可及性图谱。结合 RNA-seq 分析结果, 对核心基因的启动子区域进行转录因子的结合位点预测, 构建了一个木质素生物合成相关的转录调控网络。利用 qRT-PCR 技术对转录调控网络中的关键基因进行表达定量分析, 验证了生物信息学结果的可靠性。

基金项目: “十四五”国家重点研发计划(青年科学家项目): 毛竹纤维细胞壁加厚的遗传及表观遗传调控机制研究(2021YFD2201000)

*作者 2 为通讯作者。