

转录组和代谢组联合分析揭示了毛竹冷胁迫关键生物途径

李善莹, 赵韩生*

(国际竹藤中心 北京 100102)

摘要:【目的】构建毛竹冷响应网络, 揭示毛竹在冷胁迫反应中的分子基础和调控机制。【方法】以一年生毛竹实生苗为研究对象, 分别在 25 摄氏度和 4 摄氏度恒温培养箱中培养, 然后对毛竹苗进行适当取样, 每组样品 3 个生物学重复。对一部分样品用 RNA 纯化试剂盒提取 RNA, 并在 Illumina 平台上构建 RNA 文库进行测序。对得到的 RNA-seq 数据进行转录组分析, 包括差异分析、聚类分析、GO/KEGG 富集分析以及 WGCNA 分析等, 以解析毛竹的冷响应转录谱和基因表达变化。此外, 利用植物转录因子数据库对差异基因进行转录因子预测以探索毛竹冷胁迫反应转录调控机制。另一部分样品用于代谢物检测。对于所得的代谢物数据进行差异代谢物筛选以及 KEGG 富集分析, 以确定毛竹在冷响应期间特异性表达的代谢物。最后, 对转录组数据和代谢组数据进行相关性分析以进一步解析差异基因与差异代谢物之间的关系。【结果】样本相关性分析显示样本重复性较好。差异表达基因(DEGs)功能注释和富集分析表明, 大多数差异表达基因主要与热激转录因子、活性氧降解、应激反应、植物激素信号转导和植物次级代谢物生物合成相关。转录因子(TFs)包括 WRKY、MYB 和 bHLH 家族等, 在冷胁迫下显著差异表达。通过代谢组分析, 我们发现差异积累代谢物(DAMs), 主要为黄酮类化合物、脂质和类脂质分子、氨基酸及其衍生物、酚酸类化合物。转录本和代谢物谱之间存在重叠。综合代谢组和转录组分析构建的基因-代谢物网络表明, 在冷胁迫下, 代谢物与基因之间存在复杂的相互调控。【结论】通过对毛竹低温胁迫下的转录组学和代谢组学综合分析, 鉴定出重要的冷反应基因、转录因子和代谢物。我们的研究表明转录因子包括 bHLH、ERF、NAC、MYB 和 WRKY, 可能在调控冷胁迫相关基因以提高毛竹的抗寒性方面发挥关键作用。植物激素信号转导以及黄酮类代谢物在毛竹对冷胁迫的响应中也起着重要作用。毛竹中存在植物界保守和物种特异性的冷响应途径, 本研究结果将进一步加深我们对毛竹和其他植物抗寒分子调控机制的认识, 为研究竹子抗寒胁迫的调控机制奠定了基础, 并为今后通过基因工程构建耐寒竹子提供了有用的基因资源。

33

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。