

利用单细胞多组学技术解析林麝麝香腺发育及麝香分泌调控机制

刘晨苗, 董响贵*, 任战军*

(西北农林科技大学动物科技学院, 陕西杨凌 712100)

摘要: 林麝是一种极为重要的濒危野生动物, 具有重要的生态、科学和社会价值。雄性林麝分泌的麝香具有药用特性和独特的香气, 因此常被用作医药和香料的原料。几十年前, 由于生态环境被破坏和人为过度猎杀取香, 林麝野生资源已近枯竭。为了更好地保护野生林麝资源, 我国进行了林麝人工驯养繁育, 取得了较好的成果。然而, 麝香产量依然供不应求。因此, 迫切需要研究麝香分泌机制, 寻找提高麝香产量和质量的方法。另一方面, 林麝是濒危物种, 是国家重点保护的野生动物, 不能够进行伤害性取样, 致使难以获取新鲜的麝香腺组织, 对于麝香腺发育过程中的内在分子调控机制和麝香分泌过程中的基因调控网络的研究还相对滞后。单细胞组学技术的快速发展使得能够分析同一细胞的多种分子模式, 从而可以并行测量基因组、表观基因组、转录组和蛋白质组中的细胞间异质性, 将这些层的测量结果联系起来, 能够揭示生理活动的调控和功能机制。同时, 单细胞组学技术为在细胞水平挖掘分子调控机制, 构建基因调控网络提供了新思路。基于此, 本研究选用非泌香期的幼年雄麝和成年雄麝以及泌香期的幼年雄麝和成年雄麝为研究对象, 利用单细胞多组学基因表达和染色质可及性, 阐明了麝香腺细胞类型的多样性和转录组成以及细胞类型特异性染色质可及性对基因表达的影响, 研究了麝香腺发育的动态转录细胞图谱以及腺泡细胞发育过程中的分子调控机制, 解析了麝香分泌与泌香周期和年龄有关的基因和转录因子以及麝香分泌过程中腺泡细胞的基因调控网络。本研究利用单细胞多组学基因表达和染色质可及性, 成功鉴定了麝香腺的13种细胞类型, 在单细胞分辨率水平, 构建了麝香腺发育的动态转录细胞图谱并确定了影响腺泡细胞发育的基因和转录因子。通过对非泌香期和泌香期成年雄麝的麝香腺进行单细胞多组学基因表达和染色质可及性分析, 探索了麝香分泌与泌香周期有关的特异性基因和转录因子。关联分析表明, 4个与麝香分泌有关的上调基因 (Map3k2、Hsd17b12、Jun 和 Ehhadh) 潜在的受到转录因子的调控。并根据泌香期幼年雄麝和成年雄麝麝香腺的单细胞多组学基因表达和染色质可及性数据筛选出麝香分泌与年龄有关的特异性基因和转录因子。该研究结果为提高麝香产量与质量, 满足市场需求奠定了基础。同时也为减少野生林麝的捕杀和偷猎, 保护野生林麝资源和维持生态平衡做出了贡献。