

基于 DNA 甲基化和转录组测序解析青钱柳雌雄异型异熟开花机制

王倩 洪香香*

(南京林业大学 林草学院、水土保持学院, 南京, 210037)

摘要:【目的】青钱柳是典型的雌雄异型异熟植物,可分为两种交配类型:雌先型和雄先型。其开花特性导致雌雄功能分离,影响了种子的饱满度,不利于人工林的开发和利用。DNA 甲基化作为一种重要的表观遗传修饰,在植物成花调控和生长发育等方面具有重要作用。因此,本研究利用高通量测序对不同交配类型青钱柳的雌雄花进行甲基化组和转录组的联合分析,探究 DNA 甲基化对青钱柳开花的调控作用,筛选出与雌雄异熟相关的差异基因,以期调控青钱柳花期和提高种子质量奠定理论基础。【方法】以不同交配类型的青钱柳为试验材料,定株观测花期物候,收集伸长期的雌雄花,分别命名为 dipA_F(雌先型雌花), dipA_M(雌先型雄花), dipG_F(雄先型雌花), dipG_M(雄先型雄花)。利用全基因组 DNA 甲基化和转录组测序技术获得 DNA 甲基化图谱和转录丰度,比较分析不同样本之间的差异甲基化区域(DMR)和差异表达基因(DEG)。【结果】青钱柳花内的 DNA 甲基化模式主要有 mCG、mCHG 和 mCHH 三种类型,CG 位点的平均甲基化水平最高,约 48.69%。不同交配类型青钱柳雌雄花的总体甲基化水平表现为 dipA_M(10.6%)>dipG_F(10.3%)>dipG_M(10.2%)>dipA_F(10.1%),早开花样本的甲基化水平高于晚开花样本。其中,启动子区域的 CHH 型甲基化差异较为明显,其 DNA 甲基化水平的升高可能和 DNA 去甲基化酶基因表达的降低或甲基转移酶基因表达的升高有关,包括 CpDME-D2 和 CpDRM-D2。与 dipG_F 相比, dipA_F 中有 11556 和 11135 个区域分别发生高甲基化和低甲基化表达,但只有 1397 个 DEG。然而,在不同交配类型的雄花比较组中有 23000 个 DRM 和 7777 个 DEG。联合分析表明,大多数 DEGs 与 DNA 甲基化的变化没有直接关系。在不同交配类型的同性花比较组合中,既发生差异表达又发生差异甲基化的基因共 1066 个,主要富集在磷酸化、蛋白质修饰、催化活性、甲基化酶活性等过程。其中,我们筛选到一些和开花时间、花发育密切相关的基因,如 CpaM1st39038, CpaM1st43736, CpaM1st02670, CpaM1st45229 和 CpaM1st39020 等。【结论】青钱柳的 DNA 甲基化具有组织特异性,随着青钱柳雌花或雄花的发育, DNA 甲基化水平逐渐升高。青钱柳雌雄开花不同步的现象不仅与花发育相关基因的差异表达有关,还与差异甲基化有关。

关键词:雌雄异型异熟; 甲基化; 花发育; 差异表达基因