

基于转录组解析两种砧木嫁接灵武长枣果实品质形成的遗传特性

李敬祖¹ 宋丽华^{2,*}

(1. 宁夏大学葡萄酒与园艺学院, 宁夏 银川 750021; 2. 宁夏大学林业与草业学院, 宁夏 银川 750021)

摘要:【目的】探究不同砧木嫁接灵武长枣果实品质形成的遗传特性。【方法】以酸枣和青枣为砧木的3年生嫁接灵武长枣为试验对象,测定2种嫁接灵武长枣的生长和果实品质指标,利用转录组联合WG CNA分析果实品质,构建与果实纵横径和可溶性糖相关的基因模块,筛选调控果实品质的关键基因。【结果】青枣嫁接灵武长枣在冠幅、枣吊长、枣吊粗和叶片厚分别显著高出了酸枣嫁接灵武长枣12.97%、93.47%、59.19%和26.45%;果实纵径、单果重、可溶性糖和Vc含量方面酸枣嫁接灵武长枣分别比青枣嫁接灵武长枣显著高出10.06%、24.99%、16.86%和10.75%。转录组测序共获得48.24 Gb Clean Data,各样本Clean reads在21 439 444和29 915 556之间,GC含量为43.70%~44.35%,Q20在98.38%到98.51%之间,与冬枣参考基因组序列比对效率为87.25%~88.51%。采用WGCNA分析方法鉴定出21个共表达基因模块。基因模块与果实性状相关性分析表明,‘honeydew1’模块与纵横径、单果重、可溶性糖和Vc含量均为显著相关性($P<0.05$)。获得‘honeydew1’模块中差异表达基因1004个,其中上调基因512个,下调基因492个;KEGG分析表明植物激素信号转导途径、淀粉和蔗糖代谢途径、苯丙素的生物合成途径分别富集到52,32,29个差异表达基因。淀粉和蔗糖代谢通路注释到显著上调基因4个,分别为BAM、INV、HK2、FRK5,显著下调基因6个,分别为SPS、TPS1、 β -1,3-GLU;牛胆素和亚牛磺酸代谢通路注释到1个显著上调基因GAD;苯丙素生物合成代谢通路中注释到显著上调基因7个,分别为4CL、COMT、CCR1、BBE、ALDH2和F6’H1,显著下调基因3个,均为CCoAOMT。最终筛选到调控糖及有机酸代谢、木质素代谢的关键基因FRK5、HK2、4CL、COMT、BBE。【结论】本研究结合生理学、转录组测序和WGCNA构建了与嫁接灵武长枣果实纵横径和可溶性糖相关基因的共表达网络,获得了关键基因调控模块‘honeydew1’;筛选到可能引起两种砧木嫁接灵武长枣果实糖代谢和有机酸、木质素代谢差异的关键基因SPS、HK2、FRK5和4CL、COMT、BBE,解释了青枣嫁接灵武长枣与酸枣嫁接灵武长枣相比,果实可溶性糖含量低、有机酸含量高、果形小的调控机理,为改良灵武长枣的生长发育状况与果实品质提供理论依据。

作者简介:李敬祖,男,硕士研究生,主要从事果树生理与栽培方面研究。E-mail:lijingzu2000@163.com

*通讯作者:宋丽华,女,教授,主要从事林木良种繁育和经济林栽培生理方面研究。E-mail:slh382@nxu.edu.cn