

杨树抗病性遗传调控——从基因到代谢

杨晓倩, 付田田, 肖丹丹, 于茹恩, 张立春, 王延伟*

(1 林木遗传育种全国重点实验室, 林木育种与生态修复国家工程研究中心, 林木花卉遗传育种教育部重点实验室, 北京林业大学生物科学与技术学院, 北京 100083)

摘 要: 欧美杨细菌性溃疡病作为一种枝干病害严重影响杨树的生长和存活。从基因到代谢水平研究杨树对欧美杨细菌性溃疡病菌 (*Lonsdalea populi*) 的遗传调控及关键调控因子的功能对林木抗病育种实践具有重要意义。研究基于田间试验及室内试验筛选的三种不同抗性杨树品种包括 *Populus deltoides* cv. 'Zhonglin 2025' (2025), *Populus* × *Euramericana* cv. '74/76' (107) 和 *Populus tomentosa* cv. 'henan' (*P. tomentosa*), 开展了杨树受病菌感染过程中 DNA 甲基化的动态变化, 抗病防御相关基因、次生代谢物和 miRNA 的系统比较, 以及关键调控因子 miRNA 的转基因功能验证。结果表明: (1) 抗性毛白杨的基础 DNA 甲基化率远低于 107 杨, 两种杨树接种后 CHH 均发生了低甲基化, 但毛白杨的 mC 和 mCHH 比例显著降低。在病原菌侵染过程中, 编码甲基化相关酶的基因转录水平发生了变化, 抗性基因、致病相关基因和植物激素基因均发生了 DNA 甲基化。(2) 免疫响应的分子调控分析揭示了杨树防御相关基因包括 *CNGCs*, *CDPKs*, *Rboh*, *CaM/CML* 和 *NBS-LRR* 等在转录水平发生了显著变化, 从而重塑了 PTI 和 ETI 过程。感病 2025 杨和中抗 107 杨 SA 和 JA 相关基因被同时诱导, 以协同 SA 和 JA 通路调控免疫响应。(3) 结合三种杨树在溃疡病菌胁迫下代谢组分析, 揭示了苯丙烷和类黄酮生物合成途径中抗菌物质含量的差异, 感病品种中儿茶素的推迟诱导是引起杨树抗性差异的重要原因之一。(4) 结合不同抗性杨树的非编码 RNA 测序筛选出引起抗性差异的关键 miRNA-靶基因模块, 如 miR828-MYB, miR159-MYB, miR172-ERF。通过开展 miR159a 的转基因功能验证试验发现过表达 miR159a 的转基因杨树减弱了对细菌性溃疡病菌的抗病性, 而增强对烂皮病菌抗性。(5) 107 杨不同侵染时期的全转录组分析揭示了差异表达 miRNA、lncRNA 及 mRNA 的动态表达模式, 通过构建 107 杨响应溃疡病菌的 ceRNA 调控网络, 鉴定出关键调控因子 miR482a 及其靶基因 *PHA7*。(6) miR482a 的过表达杨树减弱了对溃疡病菌的抗病性, 而 STTM 抑制表达杨树增强了对溃疡病菌的抗病性。上述结果为林木抗病遗传调控及抗病分子育种提供了一定的理论参考和重要的候选基因。