

毛红椿根萌克隆繁殖的 miRNA 挖掘

马际凯¹, 张露^{1*}

(1. 江西农业大学林学院森林培育重点实验室 南昌 330045)

摘要: 毛红椿(*Toona ciliata* Roem. var. *pubescens* (Franch.) Hand.-Mazz.)是香椿属珍贵的用材树种,同时也是国家二级保护树种。经过前期的观察发现毛红椿在小群落中主要通过根萌的方式进行克隆繁殖,我们认为这种方式可能是造成其遗传多样性降低进而引发濒危的原因,前期我们已对根萌组织进行了转录组测序。有基于此,我们对毛红椿根萌组织进行 miRNA 建库并测序,试图找到与转录组筛选出的候选基因相对应 miRNA 进行分析,挖掘发生遗传调控机制。对毛红椿根萌现象进行动态观察,确定根部采集样本;通过建立有根萌实验组和无根萌对照组;构建 miRNA 测序文库,对测序得到的基因进行注释;使用高通量测序技术获得了毛红椿根部的 miRNA 表达谱;通过对比分析,筛选出与根部萌发相关的差异表达 miRNA;进一步通过生物信息学分析,我们预测了差异表达 miRNA 的候选基因,并进行了功能注释和富集分析。发现毛红椿根萌现象主要发生在裸露在土壤外的根部,我们根据观察结果进行了采样;测序前准备分析得到同组样品间的系数不低于 0.6 且测序质量 Q30 均高于 96%,建库数据符合测序要求;测序共得到 3.32G 数据,将测序数据比对到参考基因组上,结果基本高于 50%;经分析得到了一系列与根部萌发过程密切相关的 miRNA,其中包括 39 个差异表达 miRNA,16 个上调的 miRNA 和 23 个下调的 miRNA,其中 miRNA156 显著上调,分析可能与 SPL 基因形成调控通路参与根萌的发生;差异基因富集分析结果显示,miRNA 可能参与了多个信号传导途径和生物学过程,如植物次生代谢、细胞分裂以及有机合成过程等。此外,经过比对挖掘我们还得到了一些新的 miRNA,这些未被注释的 miRNA 在毛红椿根萌过程中也可能发挥重要的调控作用。通过本研究,我们进一步挖掘了毛红椿根部萌发现象的调控机制,结果发现 miRNA156 类基因可能参与了根萌的发生,结合前人的研究推测其与 SPL 基因形成了部分调控通路。这些结果为进一步研究植物根部发育和调控提供了重要的参考,并为毛红椿的无性繁殖方式提供了理论依据。此外,我们的研究还为其他植物根部萌发现象的研究提供了思路和方法。