

转录组分析为杨树营养生长的杂种优势研究提供了新思路

任宇昕¹, 王君^{1*}

(北京林业大学 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, 生物科学与技术学院, 北京 100083)

摘要: 杂种优势的利用是杨树遗传改良的重要途径。通过分析 2 个杨树杂种(Hyb1 和 Hyb2)及其 3 个亲本的转录组数据, 并结合表型数据, 探讨杨树杂种的基因遗传模式及杂种优势的分子机制。通过对亲本和杂种表型性状测定及中亲本值的计算, 发现杂种在株高和地径等方面均具有杂种优势, 并且杂种的表型性状与父本有较强的相关性, 而与母本无显著的相关性。杂种遗传模式显示, Hyb1 和 Hyb2 中非加性基因的比例分别为 83.33%和 93.15%, 其中, 65%和 73%的非加性基因为显性基因。值得注意的是, 杂种中父本显性表达水平(ELD_♂)占显性基因的多数。KEGG 富集分析表明, 较多非加性表达的差异基因在植物激素信号转导等与植物生长发育相关的途径中富集。进一步分析发现, 参与 GA 信号转导的 BRI1 在杂种中上调表达; JA 信号转导通路组成部分 COI1 促进次生长, 该基因在杂种及父本中均上调表达。TGMI 算法鉴定到一些转录因子, 如 SCL14、SVP、FCL 等, 是植物激素信号转导通路基因的调控因子。研究结果可为解释杂种优势分子机制提供理论依据。