

# 核桃 *JrGA20ox1* 基因表达砧木对野生型接穗的能效性状调控

王凤敏

(1. 浙江农林大学 杭州 311300)

**摘要:** 目的: 本研究建立了基于核桃赤霉素氧化酶基因 *JrGA20ox1* 表达砧木的微型嫁接体系, 探究了 *JrGA20ox1* 基因表达砧木对野生型接穗的调控机理, 为果树砧穗信号调控机理研究提供技术平台。方法: 本研究建立了基于核桃赤霉素氧化酶基因 *JrGA20ox1* 表达砧木的微型嫁接体系, 分别以核桃 *JrGA20ox1*-OE、*JrGA20ox1*-RNAi 和野生型植株为砧木, 核桃野生型植株为接穗进行嫁接, 待嫁接单元愈合完全后对接穗进行株高、节间长、气孔形态等表型观察和转录组测序, 并利用荧光定量 PCR (qRT-PCR) 测定差异基因的表达量, 同时结合转录组信息进行验证。结果: 1) 砧木 *JrGA20ox1* 基因表达调控野生型接穗的气孔开度。WT/OE 野生型接穗气孔开度显著高于 WT/WT, WT/RNAi 野生型接穗气孔开度显著低于 WT/WT。2) 砧木 *JrGA20ox1* 基因表达调控野生型接穗的生长。在嫁接单元愈合后继续培养 90d, WT/OE 野生型接穗顶芽萌发时间、野生型接穗高度及节间长均显著高于 WT/WT, WT/RNAi 野生型接穗顶芽萌发时间、野生型接穗高度及节间长均显著低于 WT/WT。3) 砧木 *JrGA20ox1* 基因表达调控野生型接穗的基因表达。WT/WT、WT/OE、WT/RNAi 三种砧木野生型接穗转录组测序, 采用 DESeq2 对基因表达进行差异分析, 筛选出 WT/OE 与 WT/WT 显著差异表达基因共 2818 个, 其中显著上调基因 1285 个, 显著下调基因 1533 个; WT/RNAi 与 WT/WT 显著差异表达基因共 7012 个, 其中显著上调基因 4408 个, 显著下调基因 2604; KEGG 富集分析显示, WT/OE vs WT/WT 和 WT/RNAi vs WT/WT 均在苯丙烷生物合成、 $\alpha$ -亚麻酸代谢、氨基糖和核苷酸糖代谢和淀粉和蔗糖代谢等途径显著富集; 进一步分析发现在 WT/OE 野生型接穗下调, 而在 WT/RNAi 野生型接穗上调的基因共鉴定出 325 个; 在 WT/OE 野生型接穗上调, 而在 WT/RNAi 野生型接穗下调的基因共鉴定出 286 个。qRT-PCR 与转录组测序结果在基因表达量差异倍数上存在偏差, 但整体趋势一致, 可以证明转录组结果的可靠准确。结论: 砧木 *JrGA20ox1* 基因表达调控野生型接穗多条通路的基因表达, 进而影响野生型接穗的生长。

**关键词:** 赤霉素氧化酶; 微型嫁接; 干旱; 砧穗信号交流; 核桃