东北地理所等在DNA甲基化参与调控大豆与大豆胞囊线虫互作的表观遗传研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

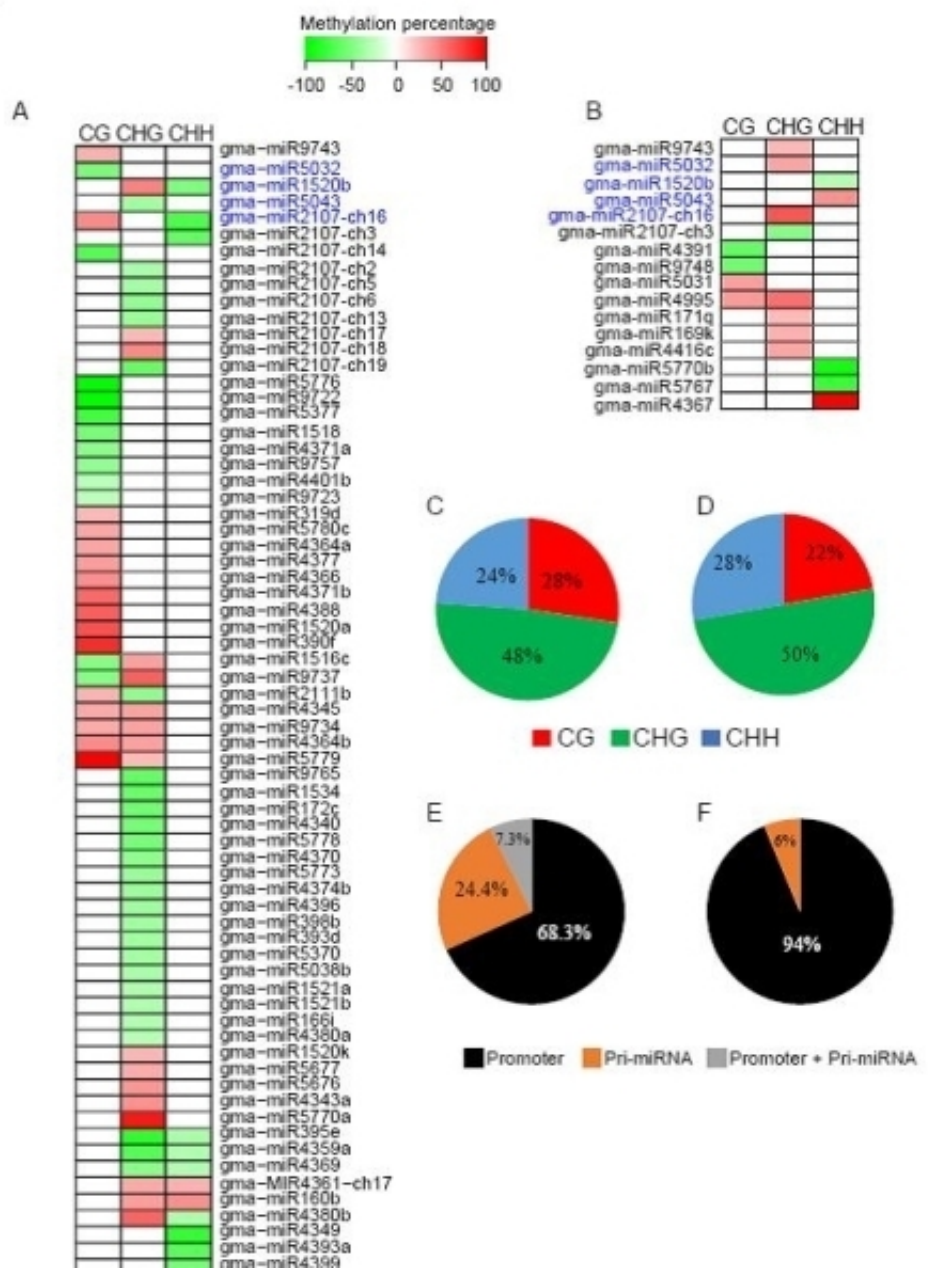
本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/11260.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

大豆胞囊线虫（Soybean cyst nematode, SCN; Heteroderaglycines）病是引起大豆减产的病害之一，研究大豆-线虫互作机制对提出新的病害防控策略、培育抗胞囊线虫病的大豆新品种具有重要意义。DNA甲基化（DNA methlation）是一种表观遗传标记，在植物生长发育及响应各种生物或非生物胁迫过程中发挥调控作用。研究表明，胞囊线虫侵染会引起寄主植物基因组DNA甲基化的改变（Rambani et al., 2015; Hewezi et al., 2017;Rambani et al., 2020），基因功能研究揭示，某些特定基因的DNA甲基化状态变化直接参与植物与胞囊线虫互作的调控（Hewezi et al., 2017;Rambani et al., 2020）。因此，寄主植物DNA甲基化模式的改变可能在线虫寄生和调控植物适应性响应中均发挥作用。然而，在SCN与寄主大豆互作中是否也存在DNA甲基化对于miRNA基因表达的调控作用尚未研究。

该研究以对SCN有显著抗、感差异的大豆近等基因系（NIL-S和NIL-R）为材料，在全基因组水平鉴定并分析SCN侵染过程中NIL-S、NIL-R根内受DNA甲基化调控的miRNA基因的差异表达变化。在感病系NIL-S中共鉴定出82个甲基化的miRNA基因，而在抗病系NIL-R中仅有16个miRNA基因受到DNA甲基化修饰。其中，miR5032、miR5043、miR1520b和miR2107-ch16在NIL-S、NIL-R中表现出相反的DNA甲基化状态。此外，两个miR5770家族成员miR5770a和miR5770b在NIL-S中被高度甲基化，而在NIL-R中DNA甲基化水平则显著降低，表明这些miRNA基因在SCN与寄主的兼容性、非兼容性反应中发挥生理作用可能与DNA甲基化相关。基因表达分析证实，SCN侵染时，miR5032、miR5043、miR1520b、miR5770a/b的甲基化状态变化会改变它们在抗、感品系内的基因表达水平，引起靶标基因受到进一步的转录调控。利用大豆发根转化系统在NIL-S中异源表达miR5032、miR5043、miR1520b、miR5770b，可不同程度提高大豆对SCN的抗性。该研究揭示miRNA基因的DNA甲基化动态修饰在大豆与胞囊线虫互作过程中具有重要调控作用。

相关研究成果以*Identification of differentially methylated miRNA genes during compatible and incompatible interactions between soybean and soybean cyst nematode*为题，发表在*Molecular plant-microbe interactions*上（DOI:10.1094/MPMI-07-20-0196-R）。中国科学院东北地理与农业生态研究所副研究员胡岩峰为论文的共同第一作者，美国田纳西大学博士TarekHewezi为论文通讯作者。



大豆胞囊线虫侵染后大豆近等系中发生DNA甲基化的miRNAs热图

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发