
研究揭示麦类特异转座子重塑小麦环境适应的调控网络

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15779.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！

转座子（Transposable Element，TE）是基因组中可移动的DNA元件。小麦族物种的转座子呈现爆发性增长，基因组高达3-16Gb，85%以上由TE组成，而与之亲缘关系密切的二穗短柄草基因组只有272Mb。可以说小麦的基因是“散落”在TE的海洋中，那么这些TE群体仅仅是自我复制垃圾序列，还是会影响宿主的基因活性与适应性呢？

中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员薛勇彪研究组、复旦大学研究员张一婧研究组与中科院分子植物科学卓越创新中心/上海植物逆境生物研究中心研究员朗墨博研究组和南京农业大学教授张文利研究组利用DNA亲和纯化测序（DAP-seq）技术获得53个环境响应转录因子的全基因组高质量结合图谱（图A），发现高达85%转录因子结合位点（Transcription Factor Binding Sites，TFBS）位于TE内部（TE-embedded TFBS）。通过与TE内部TFBS比较，研究发现1/4非TE区TFBS（nonTE-TFBS）可能来源于TE-embedded TFBS，并且是小麦族特异出现的调控序列，进一步支持这些非TE调控区是伴随小麦族TE爆发起源的。TE-embedded TFBS和TE来源TFBS（TE-derived TFBS）主要由几个特定LTR反转录转座子亚家族贡献，说明这几类TE亚家族的复制和转座特异性参与了小麦的基因调控网络。随着TE-derived TFBS序列与TE序列分化时间越长，其活性越高，与基因的距离也越近，因而，TE有可能为TFBS演化提供了广泛的序列基础（图B）。此外，通过与水稻逆境响应基因比较发现，小麦特异性逆境响应基因显著富集在TE-derived TFBS的靶基因中，说明小麦特异性的TE亚家族参与了小麦转录调控网络的重塑及小麦的适应性进化（图C）。

相关研究成果于9月9日在线发表在[Genome Research](#)上。研究工作得到国家自然科学基金优秀青年科学基金项目和中科院战略性先导科技专项的资助。

