
昆明植物所在DNA甲基化调控竹笋快速生长研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19609.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！

竹类植物作为一种特殊的禾草，其笋期的快速生长这一特殊性状备受关注，但以往研究集中在细胞微观结构、转录组、代谢组、蛋白质组、小RNA以及新基因等方面。DNA甲基化作为重要的表观遗传修饰，主要参与转座子沉默和基因的表达调控，在植物生长发育中发挥重要的调控作用。然而，目前尚不清楚DNA甲基化是否影响竹笋的快速生长。

中国科学院昆明植物研究所李德铎与郭振华攻关团队依托国家重大科技基础设施“中国西南野生生物种质资源库”，以热带木本竹类分支代表竹种芸香竹（*Bonia amplexicaulis*

）为研究对象，在前期基因组测序研究的基础上，开展了DNA甲基化在竹笋快速生长过程中潜在功能的研究。科研人员通过野外观察和对组织样品的解剖学研究，将笋期生长分为5个阶段（ST1至ST5）。ST1为生长潜伏期，ST2-ST4为茎秆快速生长的三个阶段即快速生长的早期、中期和后期，ST5为生长平台期。据此研究对芸香竹进行全基因组DNA甲基化测序和转录组测序，获得了其笋期各发育时期的全基因组DNA甲基化谱与基因表达谱。研究发现：（1）芸香竹茎秆快速生长期（ST2-ST4）的CG和CHG甲基化水平显著低于潜伏期（ST1）和平台期（ST5），这可能是DNA去甲基化酶ROS1和DML3高表达造成的；（2）DNA甲基化水平的变化主要发生在基因体区域和基因上下游区域，在ST1和茎秆快速生长阶段（ST2-ST4）之间鉴定出23647个差异甲基化区域（DMRs）。这些DMRs中主要是CG和CHG类型，位于基因间区和外显子区；（3）结合转录组分析发现，DMR相关基因富集于生长素和JA信号转导等与植物生长密切相关的通路；（4）CHH甲基化与茎秆的快速生长无关，而是通过在TE区域逐渐积累与茎秆的发育时间密切相关，这种CHH甲基化的逐渐积累与RNA介导的DNA甲基化途径相关基因高表达相关，并鉴定到约100000个随着发育时间甲基化水平逐渐增加的TEs。该研究揭示了DNA甲基化在调节竹笋快速生长中的重要性，并表明DNA甲基化与木本竹的发育时间或年龄有关，为解析竹类植物笋期快速生长的生物学机制提供了新视角。

近日，相关研究成果以Single-base methylome analysis reveals dynamic changes of genome-wide DNA methylation associated with rapid stem growth of woody

bamboos为题，在线发表在Planta

上。研究工作得到中科院战略性先导科技专项（B类）、云南省科技领军人才计划、国家自然科学基金和中科院青年创新促进会的支持。

[论文链接](#)

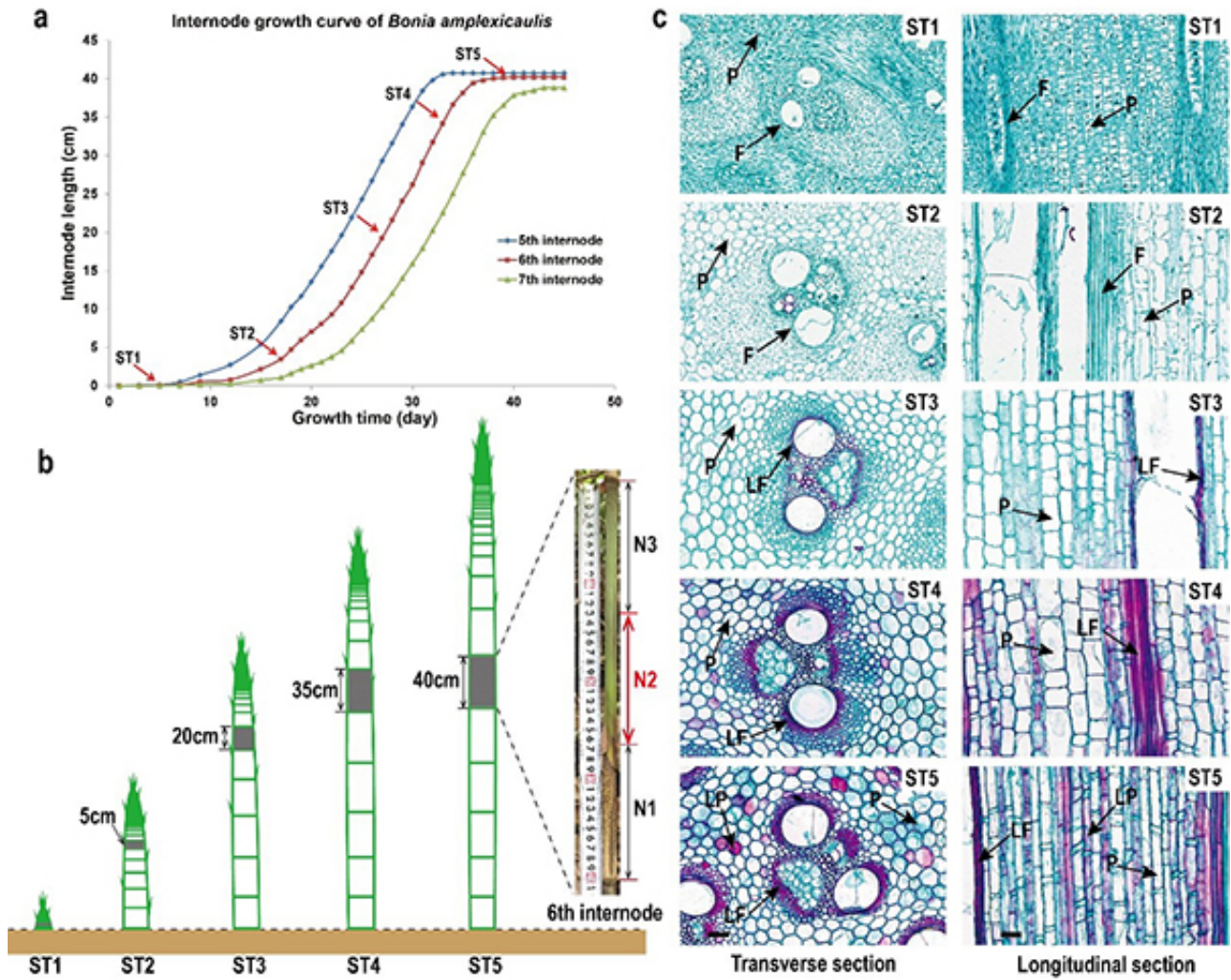


图1.芸香竹笋期生长不同阶段解剖观察及取样策略。(a)芸香竹的节间生长曲线；(b)第6节间的采样策略；(c)ST1-ST5组织的横切面和纵切面。

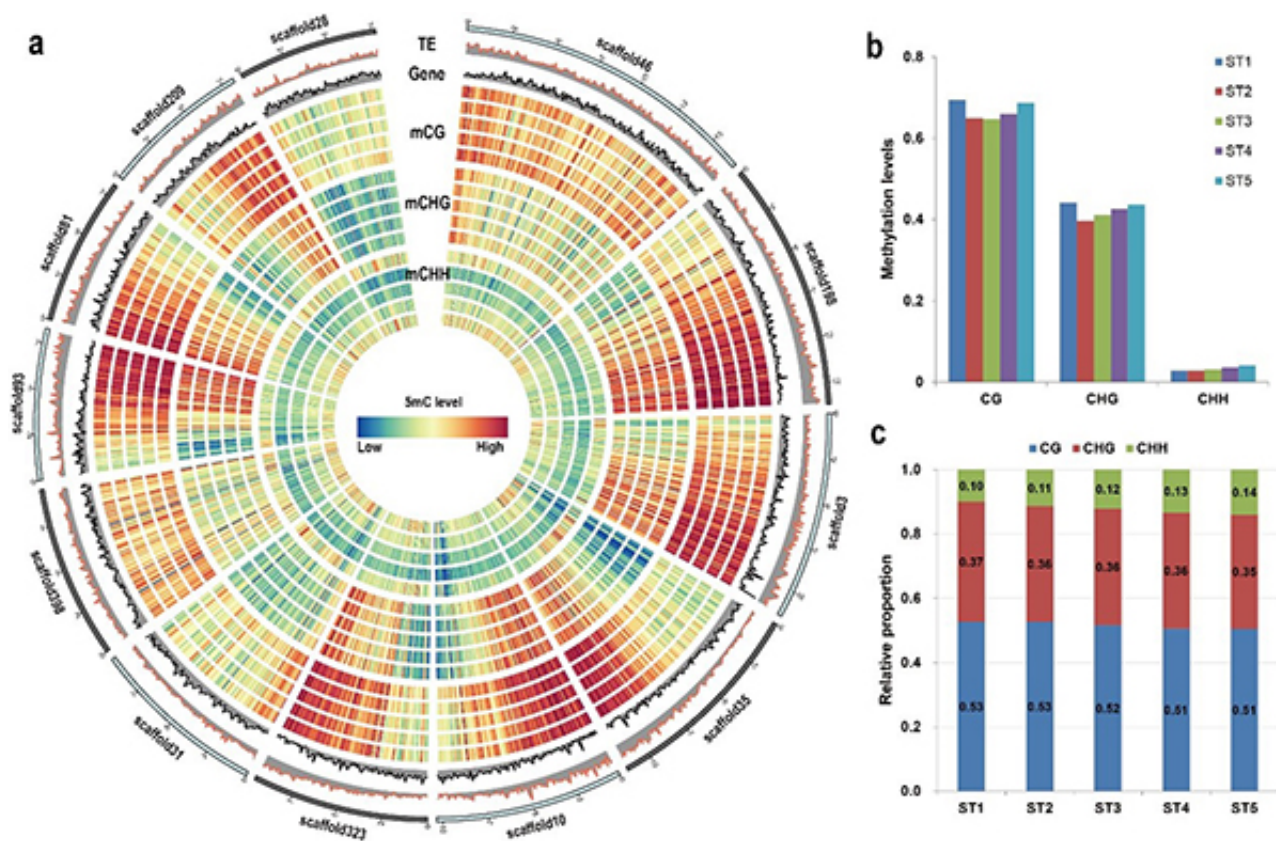


图2.芸香竹基因组DNA甲基化图谱。(a) 芸香竹基因组中长度前12的scaffolds的CG、CHG和CHH甲基化谱及TE和基因的密度，从外环到内环表示不同发育阶段 (ST1-ST5)；(b) ST1-ST5的CG、CHG和CHH序列的平均甲基化水平；(c) ST1-ST5的CG、CHG和CHH序列的相对比例。

研究团队单位：昆明植物研究所

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](http://www.iikx.com)转发