

# 科学家构建小麦籽粒发育中的转录调控图谱

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21955.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！

科学家构建小麦籽粒发育中的转录调控图谱。

近日，中国农业科学院作物科学研究所研究员路则府团队在《生物技术通报(英文)》(aBIOTECH)发表了文章，构建了小麦籽粒发育不同阶段的全基因组染色质开放图谱以及基因表达图谱，并对小麦籽粒发育中关键转录因子的调控网络进行了解析，揭示了小麦籽粒发育中亚基因组的分化调控，同时发掘了共调控淀粉与蛋白合成的转录因子，为小麦品质的改良提供理论基础。



小麦(*Triticum aestivum* L.)是全球粮食安全最重要的作物之一，提供了人类消耗热量和蛋白质的1/5以上。普通小麦是异源六倍体(AABBDD,  $2n=6x=42$ )，基因组大小约15G，其中90%以上为非编码区，蕴含丰富的调控元件。小麦三个亚基因组基因表达模式和水平的分化被认为是小麦多倍体优势形成的基础，但是基因表达分化产生的基础并不清楚。小麦籽粒主要由种皮、胚乳和胚组成，其中胚乳是储存器官，在籽粒发育过程中积累大量淀粉和蛋白质，是面粉的主要来源。因此，阐明小麦籽粒发育过程中的转录调控网络，挖掘影响小麦籽粒发育的关键调控因子，对解析小麦产量和品质形成的分子基础具有重要意义。

研究团队结合ATAC-seq和RNA-seq数据，分析了小麦籽粒不同发育阶段(授粉后5、9、15、20天)

的全基因组开放染色质区域以及基因表达模式，发现染色质可及性变化与基因的表达水平呈正相关关系，并且随着种子逐渐成熟，远端开放染色质的比例逐渐增加。

该团队进一步鉴定了不同阶段特异开放的染色质区域的转录因子结合位点，发现不同发育阶段参与的转录因子存在丰富的亚基因组偏好性。其中在小麦授粉后的5天和9天的胚乳中，NAC、bZIP和SPL等转录因子在A亚基因组上的开放染色质区域中显著富集；而在小麦授粉15天、20天的籽粒中，NAC、ARF和MYB等转录因子在B和D亚基因组上的开放染色质区域中显著富集。

作者同时预测了关键转录因子与淀粉和贮藏蛋白生物合成相关基因之间的潜在相互作用网络，并采用双荧光素酶报告基因实验对该网络进行了验证。结果表明，NAC100对淀粉合成通路和谷蛋白合成途径均具有转录激活活性，并且多个转录因子可以同时协同调节小麦淀粉和蛋白质合成途径。

该研究提供了小麦籽粒发育的顺式调控元件以及反式作用因子等大量资源，并构建了小麦籽粒发育过程中的转录调控网络，为小麦产量和品质调控的分子机制研究提供基础，相关数据可以在数据库(<http://43.138.109.113/WELab>)中查询使用。

该研究得到了国家自然科学基金优秀青年科学家基金(海外)、中央公益性科学机构基础研究基金、中国农业科学院作物科学研究所基础研究基金资助和中国农业科学院农业科技创新计划的支持。中国农业科学院作物科学研究所助理研究员裴洪翠和硕士研究生李雨珊为本文共同第一作者，路则府研究员为通讯作者。(来源：中国科学报 李晨)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1007/s42994-023-00095-8>

作者：路则府等 来源：《生物技术通报》

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](https://www.iikx.com)转发