遗传发育所在小麦再生研究方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/23138.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！

遗传发育所在小麦再生研究方面取得进展。
植物的基因功能研究和遗传改良都离不开遗传转化，在模式植物拟南芥中可以使用“滴花转化”的方式轻松实现遗传转化，而大部分的作物中，例如小麦、水稻、玉米等都需要长时间的组织培养才能获得遗传转化植株，效率较低。在小麦中通常以未成熟的幼胚为外植体，首先将带有目的载体的农杆菌与幼胚共培养，随后诱导形成愈伤组织，然后分化长出新的植株。这其中的任何一环都会影响最终的遗传转化效率，例如外植体的取材窗口、农杆菌侵染后引起细胞免疫反应、愈伤组织的异质性、生根长芽的品种依赖性等等。

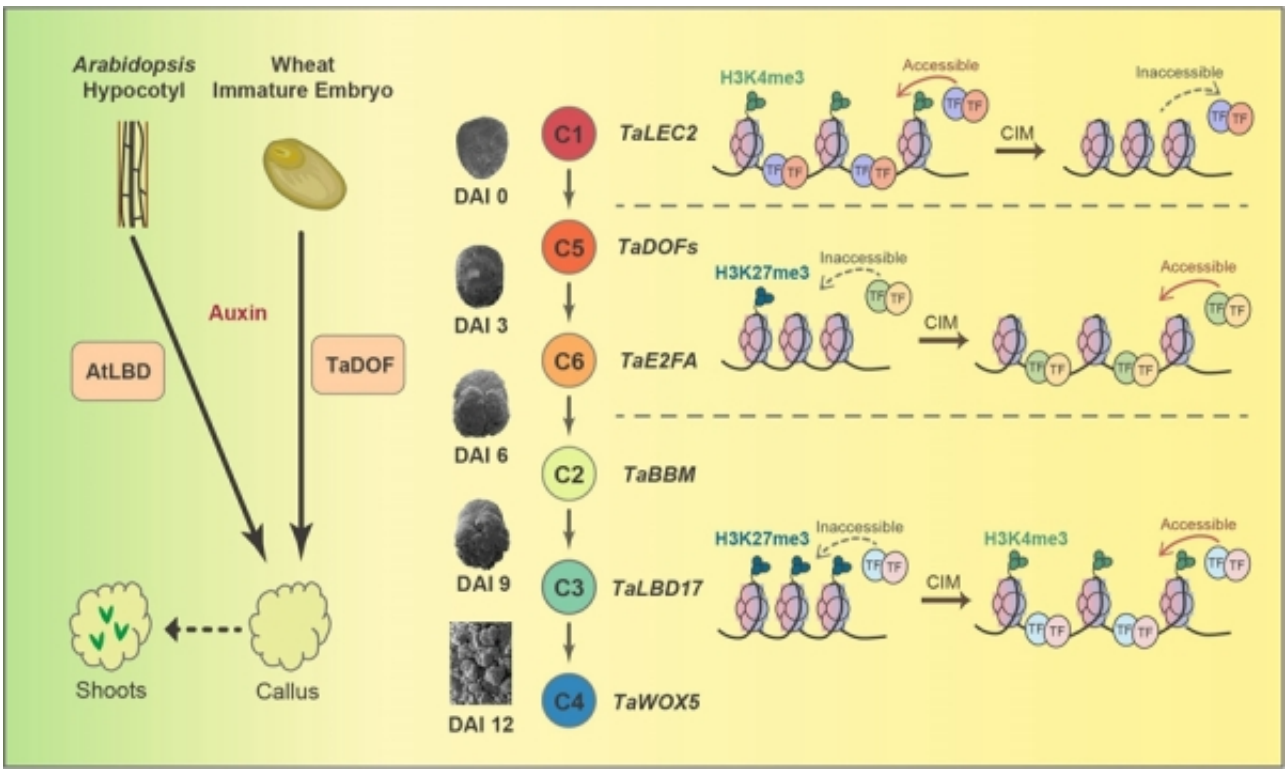
组织培养的过程是一个植株再生的过程，拟南芥中的研究表明，植物激素，特别是生长素和细胞分裂素能够直接影响植物再生。此外在拟南芥中还鉴定到很多关键的转录因子和表观调控因子参与再生过程。

为了更好地理解小麦的再生过程，探究其中的转录和染色质动态变化，以及鉴定提高小麦转化效率的新基因，中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员肖军团队联合山东农业大学教授张宪省团队利用RNA-seq、ATAC-seq、CUTTag等技术手段，通过多组学联合分析的方式绘制了小麦再生过程的转录及染色质动态图谱，并搭建了一个顺序的转录调控网络，最终通过与拟南芥再生过程的比较分析鉴定出2个能提高小麦遗传转化效率的新因子。

研究人员以遗传转化效率最高的小麦品种Fielder作为材料，对其诱导0天、3天、6天、9天和12天的材料进行RNA-seq、ATAC-seq以及CUTTag(H3K27me3, H3K27ac, H3K4me3)建库。通过聚类分析，研究发现小麦再生过程中存在着顺序的基因表达，并且这种顺序的基因表达与染色质可及性高度相关。此外，H3K27me3的减少和H3K4me3的增加对于某些再生的关键基因在愈伤组织诱导后期的激活息息相关。基于小麦再生过程中转录与染色质可及性的高度相关，研究人员利用RNA-seq和ATAC-seq数据搭建了一个转录调控网络，该网络中不同聚类的基因之间存在顺序的调控关系。研究从中鉴定到446个核心转录因子，并推测它们可能参与介导小麦遗传转化效率的品种差异。通过与拟南芥再生过程的比较分析，研究人员发现在愈伤组织早期被激活的转录因子家族存在差异。在小麦中最早被激活的为DOF和G2-like家族成员，而在拟南芥中最早被激活的为NAC和LBD家族成员。拟南芥中过表达NAC家族和LBD家族成员都能够促进再生，因此研究人员在小麦中测试了2个DOF家族的转录因子。结果显示，它们都能显著提高小麦多个品种的愈伤组织诱导率和遗传转化效率，可以在小麦遗传转化过程中应用。

相关研究成果以Uncovering the transcriptional regulatory network involved in boosting wheat regeneration and transformation为题于近日在线发表于《自然-植物》(Nature Plants)。研究工作得到中国科学院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、国家重点研发计划和山东省自然科学基金

重大基础研究项目的资助。
论文链接



小麦再生过程的转录和表观调控模型

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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