
遗传发育所等揭示多倍体小麦亚基因组特异转座子介导穗发育可塑性

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/25069.html>

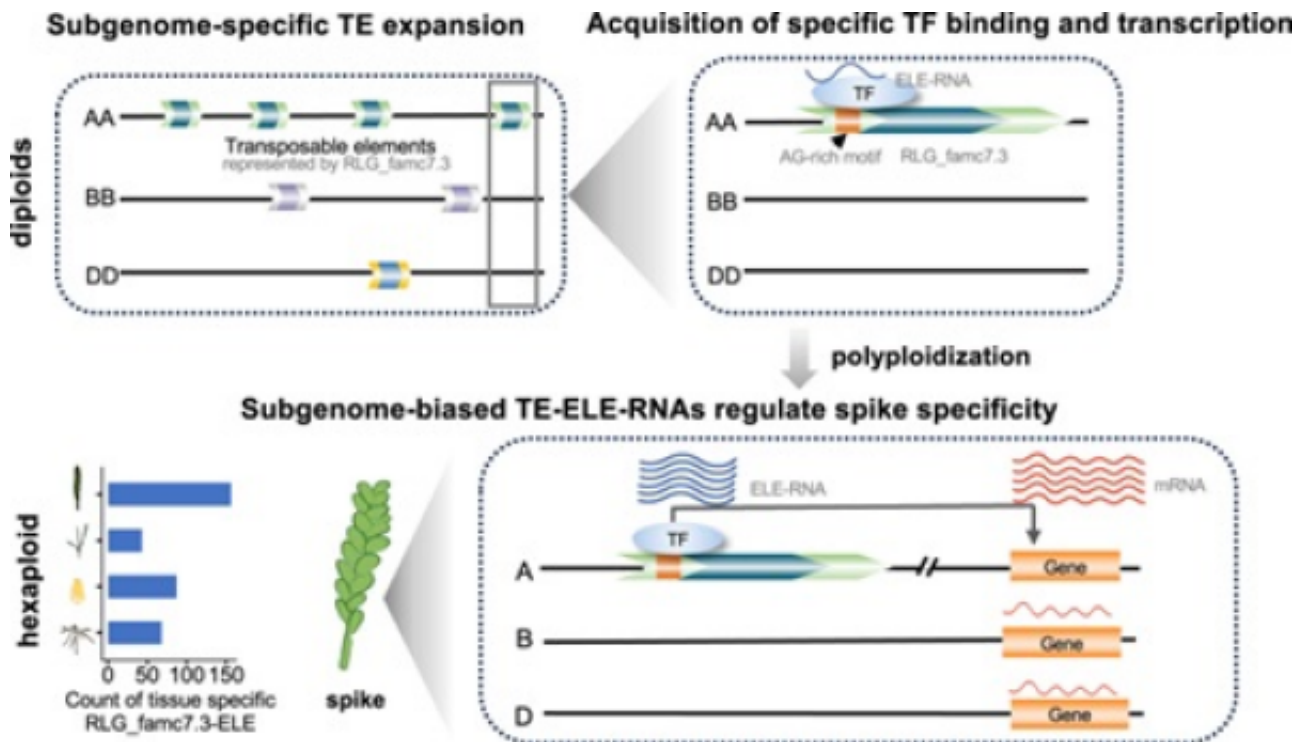
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

普通小麦（*Triticum aestivum*， AABBDD）是经过两次杂交事件形成的异源六倍体，融合了三个二倍体祖先不同的特性，具有强大的可塑性和环境适应能力，成为广泛种植的主粮作物。从进化角度讲，不同基因组的融合提供了丰富的原材料，促进多倍体的演化和表型可塑性，但具体分子机制尚不清楚。小麦亚基因组的分化，主要源于不同二倍体祖先种中发生特异的转座子（TE）扩增。科研团队前期结合高通量实验和计算策略，发现了大量TE来源的远端调控元件影响亚基因组转录调控的可塑性，但其对表型的影响并不清楚。

中国科学院遗传与发育生物学研究所薛勇彪研究组、复旦大学张一婧研究组、广州大学董志诚研究组与中国科学院分子植物科学卓越创新中心Jungnam Cho研究组合作，揭示了小麦增强子类似元件能够产生新生链RNA，且在预测增强子活性方面更加精确有效。该团队开发了一套计算流程，利用CAGE-seq和多维表观组数据检测编码和非编码转录本的起始位置，发现了大量TE来源的非编码新生链RNA主要位于LTR调控区，且具有活性调控元件的染色质特征。进一步通过亚基因组及多组织表达比较，该研究鉴定到一个亚基因组偏好扩增的TE家族具有明显的组织特异性新生链RNA的表达。该家族在亚基因组A的二倍体祖先中发生特异性扩张。通过RNA干扰及过表达技术，该研究揭示这一TE家族成员的新生链RNA的异常表达，会导致小麦穗型的变化，且可能与小麦穗型的驯化相关（如图）。由于TE来源的新生链RNA敲除，同时导致相应位置DNA甲基化，因此不能确定这一表型是TE调控元件的直接功能还是由新生链RNA介导，但该研究提示可以借助新生链RNA来预测调控元件的功能。这为庞大的小麦基因组中大量远端调控元件功能鉴定提供了新思路，并为研究小麦大量转座元件与多倍体功能演化之间的关系提供了新线索。

11月17日，相关研究成果在线发表在《自然-通讯》（Nature Communications

， DOI：10.1038/s41467-023-42771-9）上。研究工作得到国家自然科学基金创新研究群体项目和植物细胞与染色体工程国家重点实验室开放课题的支持。



多倍体小麦亚基因组特异转座子介导穗发育可塑性工作模型

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](http://www.iikx.com)转发