

DOI: 10.13332/j.1000-1522.20170425

## 不同 2n 雌配子来源的青杨杂种三倍体与其亲本 蛋白质组差异研究

王 溢 邱 彤 韩 强 康向阳

(林木分子设计育种高精尖创新中心, 林木育种国家工程实验室, 林木花卉遗传育种教育部重点实验室,  
北京林业大学生物科学与技术学院, 北京 100083)

**摘要** 【目的】研究两种 2n 雌配子来源的青杨杂种三倍体与亲本的蛋白质组表达差异, 从蛋白水平探讨异源三倍体杨树在生长、抗性等方面具有优势的分子基础, 为杨树多倍体选育和遗传改良提供科学依据。【方法】采用同位素标记相对和绝对定量(iTRAQ)技术对青杨三倍体与其亲本进行定量蛋白质组学研究, 所提取的杨树蛋白质样品经 FASP 酶解、iTRAQ 试剂标记、高 pH-RPLC 分离、RPLC-MS 分离分析, 获取的串联质谱数据通过软件 Proteome Discoverer 1.3 搜库进行蛋白质鉴定, 通过蛋白质相对定量的比较寻找差异表达蛋白, 再对差异蛋白质进行 GO、KEGG 代谢通路分析。【结果】本研究共鉴定出 1 472 个蛋白质, 差异蛋白 202 个。FDR 和 SDR 青杨杂种三倍体与母本‘哲引 3 号杨’、父本‘北京杨’的差异蛋白比率在 2.0% ~ 10.1% 之间。两种不同 2n 配子来源三倍体中 FDR 与亲本差异蛋白比率最高, 且两种三倍体与父本差异蛋白比率均比母本高。通路注释分析显示, 差异蛋白显著富集于代谢相关、核糖体组装、光合作用和胁迫响应等通路。【结论】杂交和加倍后促进了蛋白质的合成以及光合作用的增强, 并提高了多倍体的抗逆性和适应性, 这些变化促进了杨树异源多倍体营养生长优势的形成。

**关键词:** 2n 雌配子; 杨树异源三倍体; 蛋白质组学; iTRAQ

中图分类号: S792.113 文献标志码: A 文章编号: 1000-1522(2018)05-0001-09

引文格式: 王溢, 邱彤, 韩强, 等. 不同 2n 雌配子来源的青杨杂种三倍体与其亲本蛋白质组差异研究[J]. 北京林业大学学报, 2018, 40(5): 1-9. Wang Yi, Qiu Tong, Han Qiang, et al. Comparative proteomics of two *Populus* spp. (Section *Tacamahaca*) allotriploid derived by different types of 2n female gamete and their parents[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2018, 40(5): 1-9.

### Comparative proteomics of two *Populus* spp. (Section *Tacamahaca*) allotriploid derived by different types of 2n female gamete and their parents

Wang Yi Qiu Tong Han Qiang Kang Xiangyang

(Beijing Advanced Innovation Center for Tree Breeding by Molecular Design, National Engineering Laboratory for Tree Breeding, Key Laboratory of Genetics and Breeding in Forest Trees and Ornamental Plants of Ministry of Education, College of Biological Sciences and Biotechnology, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

**Abstract** [Objective] Although *Populus* allotriploid has a prominent vegetative growth advantages, the underlying molecular mechanisms have not yet been revealed and elucidated. This work was designed to investigate proteins differentially expressed in the two *Populus* allotriploid derived by different types of 2n female gamete and their parents. The results will provide the scientific foundation for *Populus* polyploidy selection and genetic improvement. [Method] The iTRAQ proteomics approach was used in this study. The extracted proteins were digested using FASP method and identified by iTRAQ coupled with LC-MS/

收稿日期: 2017-11-29 修回日期: 2018-01-14

基金项目: 国家自然科学基金项目(31530012)。

第一作者: 王溢, 博士生。主要研究方向: 林木倍性育种。Email: wangyibifu@sina.com 地址: 100083 北京市海淀区清华东路 35 号北京林业大学生物科学与技术学院。

责任作者: 康向阳, 教授, 博士生导师。主要研究方向: 林木倍性育种与细胞遗传学。Email: kangxy@bjfu.edu.cn 地址: 同上。

本刊网址: <http://j.bjfu.edu.cn>; <http://journal.bjfu.edu.cn>