



综合分析菲律宾蛤仔壳色调控中差异表达的 mRNA、lncRNA 和 miRNA 及其 ceRNA 网络

陈思彤·聂鸿涛*·霍忠明·闫喜武

¹大连海洋大学水产与生命学院, 大连 116023

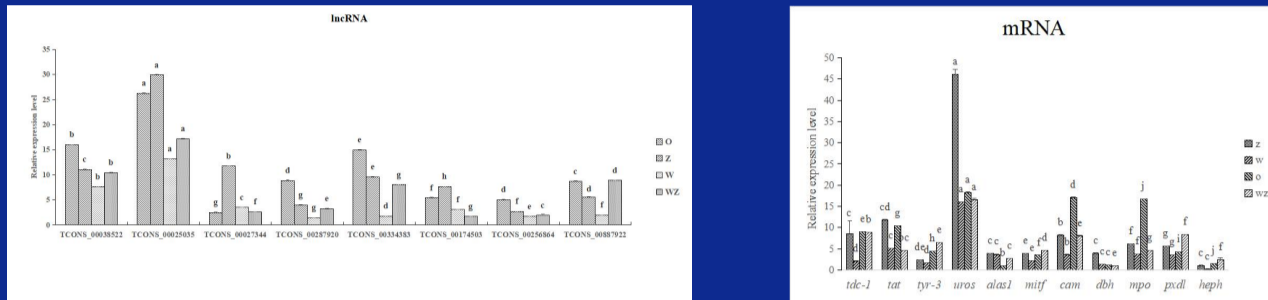
²辽宁省贝类良种繁育工程技术研究中心, 大连 116023

背景意义

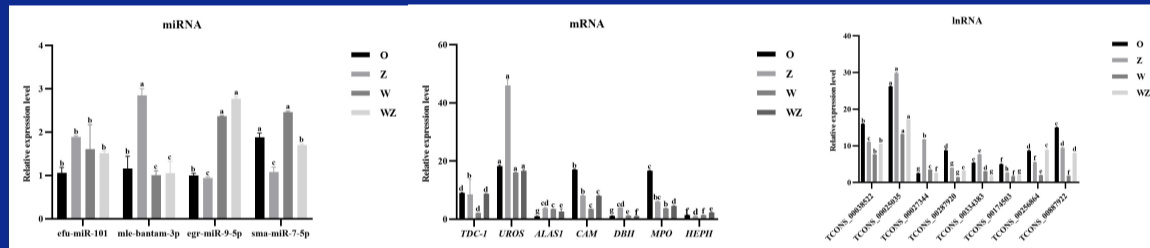
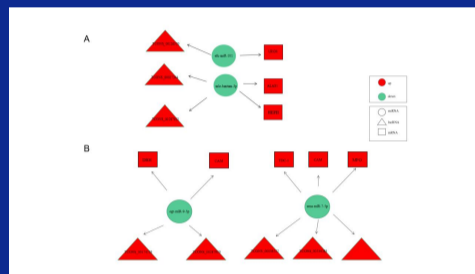
ceRNA 网络的调控机制在菲律宾蛤仔的分子功能和生物学过程中发挥着重要作用, 但在菲律宾蛤仔壳色中的分子机制尚未见报道。在本研究中, 我们对不同壳色的菲律宾蛤仔的外套膜进行转录组测序, 筛选部分 mRNA、miRNA 和 lncRNA。从所有壳色对照组共获得 61 个 mRNA、3725 个 lncRNAs 和 90 个 miRNAs, 其中筛选叶啉途径和黑色素途径的 7 个 mRNAs、8 个 lncRNAs 和 4 个 miRNAs 用于竞争性内源 RNA (ceRNA) 网络构建。结果表明, 以 *efu-miR-101*、*mel-banam-3p*、*egr-miR-9-5p* 和 *sma-miR-75p* 为中心的由 mRNA 和 lncRNA 组成的 ceRNA 网络可能在外壳颜色形成中发挥重要的调节作用。对以 TCONS_00025035, *efu-miR-101* 和 *UROS* 构成的 ceRNA 网络进行研究分析, 发现 *efu-miR-101* 负调控 TCONS_00025035 和 *UROS*, 表明 TCONS_00025035, *efu-miR-101* 和 *UROS* 构成的 ceRNA 网络参与蛤仔叶啉色素的形成, 也证明了构建的 ceRNA 网络可能参与蛤仔贝壳色素的沉着。本研究首次揭示了菲律宾蛤仔壳颜色的 ceRNA 调控网络机制, 为菲律宾蛤仔贝壳颜色的分子育种提供了重要的参考数据。

结果

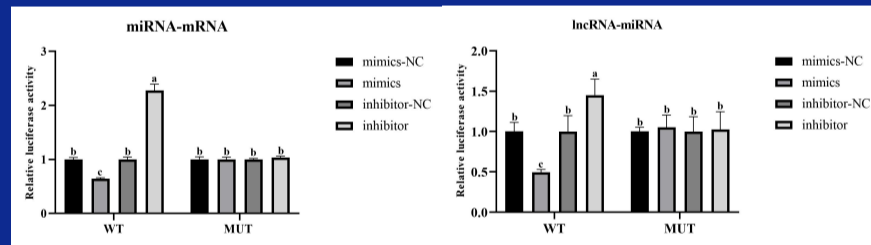
lncRNA 对 mRNA 转录组测序分析



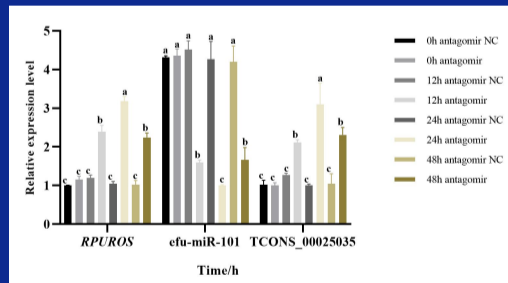
壳色相关 lncRNA, miRNA 和 mRNA 进行 ceRNA 网络分析



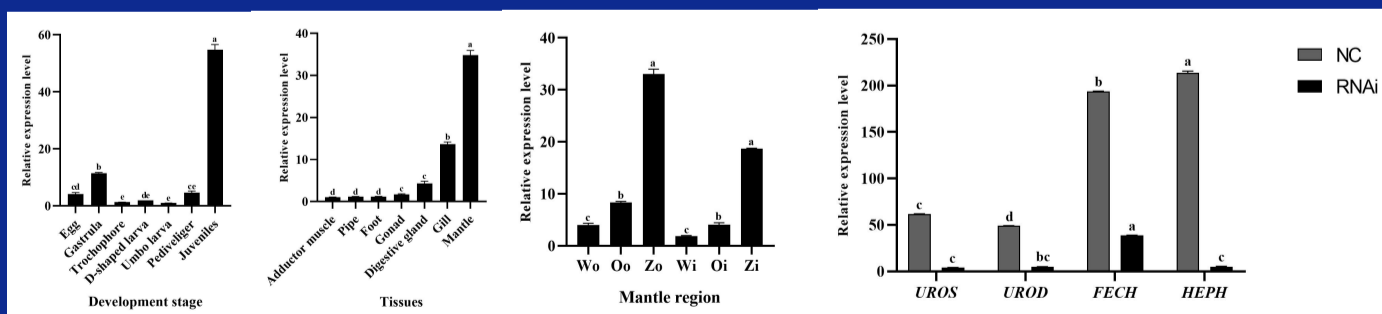
miRNA, lncRNA, mRNA 间调控关系探究



关键 miRNA 拮抗后相应 lncRNA, mRNA 变化情况探究



UROS 功能验证



结论

本研究对四种壳色蛤仔首先对 lncRNA 进行转录组分析, Q-PCR 验证发现 TCONS_00025035 和 *UROS* 差异表达, 且正调控; 构建 ceRNA 网络分析, 发现 TCONS_00025035, *efu-miR-101* 和 *UROS* 构成的 ceRNA 网络可能参与蛤仔叶啉色素的形成; 双荧光素酶实验表明, *efu-miR-101* 负调控 TCONS_00025035 和 *UROS*, 拮抗剂注射实验也证明了 *efu-miR-101* 负调控 TCONS_00025035 和 *UROS*; *UROS* 功能验证发现其参与蛤仔叶啉色素合成, 并是叶啉色素合成的关键基因之一, 这表明 TCONS_00025035, *efu-miR-101* 和 *UROS* 构成的 ceRNA 网络参与蛤仔贝壳色素的沉着。本研究首次揭示了 ceRNA 网络调控对菲律宾蛤仔壳色机制的影响, 为菲律宾蛤仔壳色育种提供了分子基础和有价值的参考。