

DAP-seq助力胡杨耐盐机制的研究

产品名称	DAP-seq助力胡杨耐盐机制的研究
公司名称	蓝景科信（北京）技术有限公司
价格	.00/个
规格参数	
公司地址	北京市海淀区高里掌路3号院15号楼2单元1层101
联系电话	400-6187099 15632249798

产品详情

2019年9月，北京林业大学和蓝景科信合作，在植物学主流学术期刊Journal of Experimental Botany上（IF=5.36），发表了题为“Populus euphratica WRKY1 binds the promoter of H⁺-ATPase gene to enhance gene expression and salt tolerance”的研究成果。该研究借助DNA亲和纯化测序技术（DNA Affinity Purification Sequencing，DAP-seq），深入揭示了胡杨耐盐的分子机制。

研究背景

胡杨（*Populus euphratica* Oliv.）是西北盐碱荒漠地区，唯一可以形成森林的高大乔木，是研究木本植物耐盐分子和生理机制的模式树种。但是胡杨的基因组相对复杂，高度杂合；而且，胡杨不容易建立遗传转化体系，研究难度大，亟需使用创新技术研究胡杨耐盐的分子机制。

胡杨的耐盐性高于其它种类的杨树，盐胁迫下，胡杨将Na⁺和Cl⁻区隔化到细胞的液泡中，限制NaCl向木质部导管的装载。胡杨能促进Na⁺的外排、减少K⁺流失，维持离子平衡以降低盐害。胡杨在长期盐胁迫下，能够保持质膜H⁺-ATPase的活性，从而具有较强的Na⁺/H⁺逆向转运能力。然而，胡杨质膜H⁺-ATPase的转录与酶活调节机制并不清楚。本研究借助DAP-seq技术，深入研究了PeWRKY1通过调控质膜H⁺-ATPase PeHA1的表达，参与胡杨耐盐性形成的过程。

研究成果

图1. 使用DAP-seq技术获得PeWRKY1结合的motif。

图2. 使用酵母单杂交技术验证PeWRKY1与PeHA1启动子的互作。

图3. 使用凝胶阻滞技术 (Electrophoretic Mobility Shift Assay, EMSA) 验证PeWRKY1与PeHA1启动子中W-box的相互作用。

图4. 使用荧光素酶检测系统验证PeWRKY1与PeHA1启动子的互动。

研究结论

本研究使用DAP-seq技术，在基因组水平上，鉴定了PeWRKY1转录因子与胡杨基因组DNA的结合位点信息。并通过酵母单杂交、EMSA、荧光素酶检测系统验证了这一结果。盐胁迫促进了PeWRKY1与PeHA1启动子区W-box的结合，从而提高了PeHA1的表达。PeWRKY1与PeHA1的相互作用，有助于增加质膜H⁺-ATPase的活性、促进Na⁺的排出，使胡杨在盐胁迫下保持离子平衡。

关于DAP-seq

在基因组水平上，鉴定转录因子的结合位点 (transcription factor binding sites, TFBS) 非常重要。ChIP-seq是进行体内检测TFBS的主要方法。然而，ChIP-seq依赖于抗体质量，这对低表达的蛋白质具有很大的挑战性。所以，ChIP-seq通常在规模上受到限制，难以进行高通量扩展。因此，只有少数转录因子可以获得结合位点信息，大量TFBS的覆盖范围仅适用于人类和一些模式生物。

DAP-seq具有与ChIP-seq同样的功能。通过体外蛋白表达技术，表达出带有标签的转录因子，和基因组DNA文库在体外进行结合，然后分离出所有与转录因子结合的DNA，再使用高通量测序，找到转录因子的结合位点。

DAP-seq的优势

与ChIP-seq相比，DAP-seq不需要针对每个转录因子制备特异性抗体。具有快速、高通量、节约时间成本的优势，并且适用于所有的真核生物。

蓝景科信提供DAP-seq全流程技术服务+个性化数据分析，与中国科学院、中国农业科学院、中国林业科学研究院、浙江大学、中国农业大学、华中农业大学、北京林业大学、河北农业大学等多个科研院所合作，具有丰富的技术服务经验。已经做过的材料包括：拟南芥，水稻，小麦，玉米，大豆，苜蓿，百脉根，菜心，枣，荔枝，香蕉，毛果杨，胡杨，油松。

我们的地址：北京市海淀区翠湖科技园高里掌路1号院4号楼电话：400-6187099联系手机：15632249798
期待您的咨询