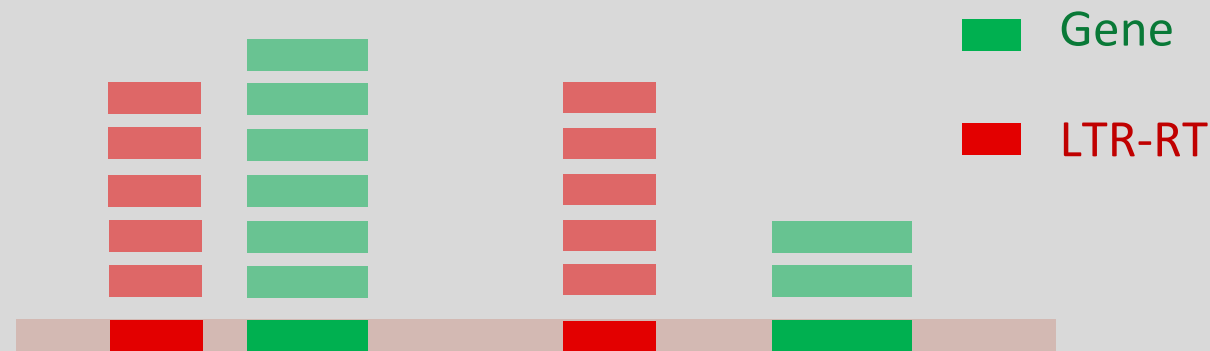


長末端重複反轉錄轉座子於 毛果楊引張材形成之表達分析



LTR-retrotransposons and their expression
during tension wood formation
in *Populus trichocarpa*





預備知識

- 引張材：樹木生長過程遭受機械應力產生之**特殊木材**
- 植物基因組：指此植物物種之所有基因
- 轉座子：一種基因型態（植物基因組重要**組成**）
 - > 被激活會**改變基因組結構**
- 長末端重複反轉錄轉座子 (LTR-RT)：最豐富的一種**轉座子**
- LTR-RT 種類：
 - 完整元件 (I)：具有Gag-Pol蛋白結構域
 - 截短元件 (T)：僅有LTR和側翼之部分蛋白序列
 - 單獨LTR (S)：僅保有兩端/其中一側LTR
- 基因表達：用基因中的資訊來**合成基因產物**的過程

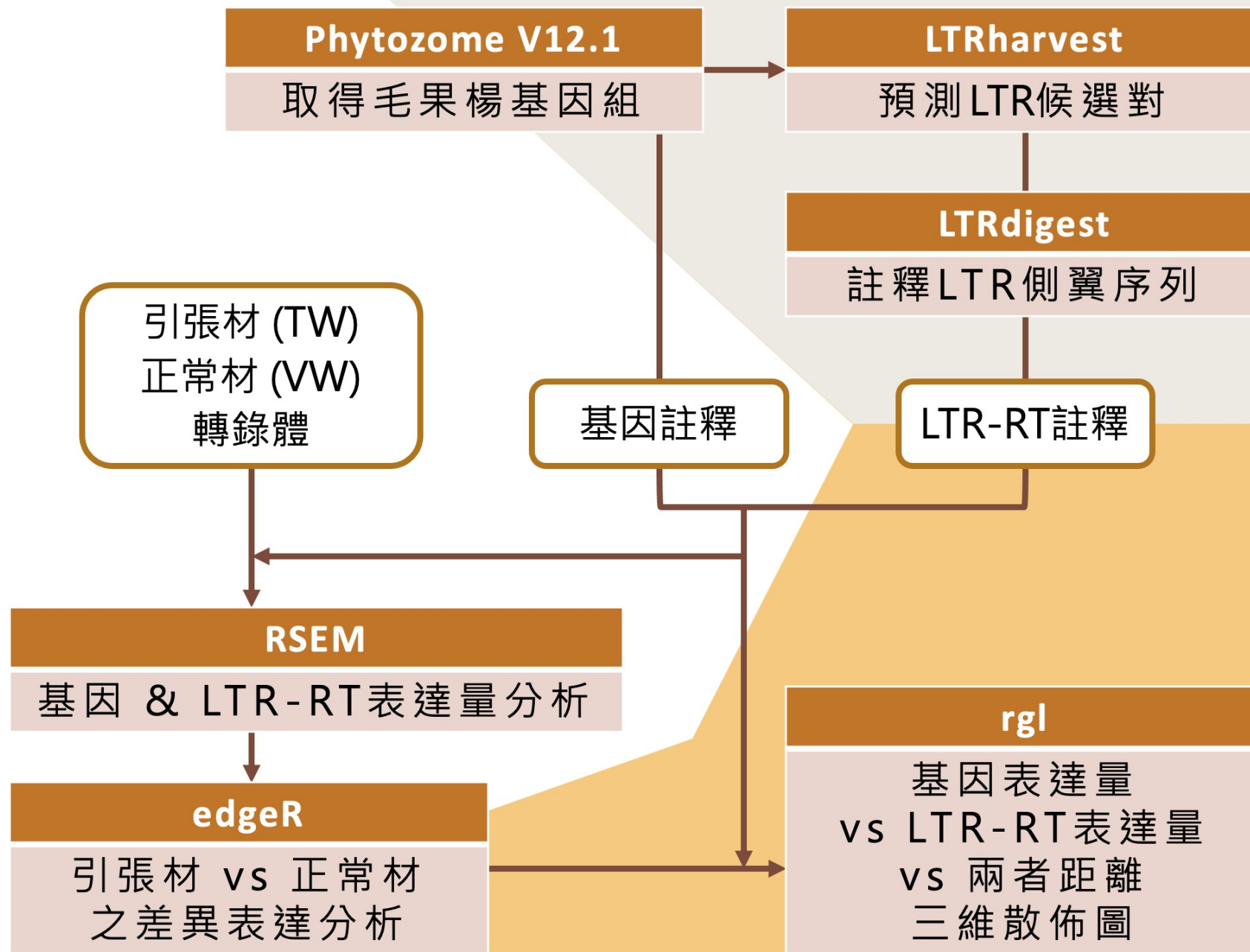


摘要說明

- 研究對象：毛果楊 (*P. trichocarpa*)
(楊柳科 *Salicaceae* 楊屬 *Populus*)
- 研究目的：
以多種生物資訊工具、R套件分析毛果楊全基因組，預測出LTR-RTs位置與表達狀況，同時檢測相關基因表達狀況，以討論LTR-RTs於毛果楊引張材對基因的影響。
- 研究假說：
「LTR-RT導致基因表達狀況改變而誘發產生引張材」
- 研究結論：
LTR-RT於毛果楊引張材產生差異表達
> 影響其最近的基因轉錄或轉譯 (這些基因參與引張材形成)



方法與步驟





程式工具說明

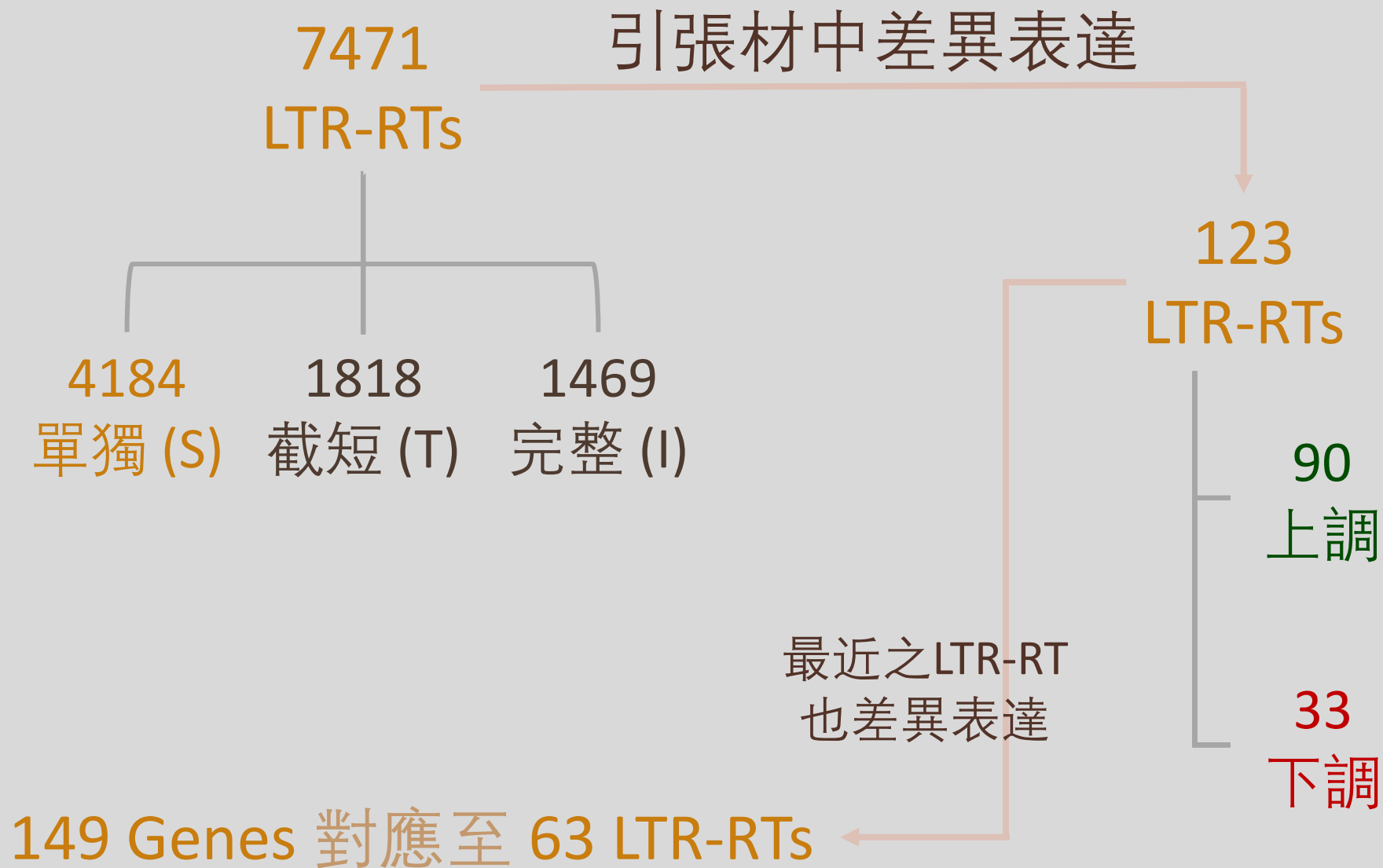


DNA 序列表達分析

- 表達量計算: **RSEM** 工具
 - 演算法: 最大期望演算法 (Expectation-maximization algorithm, EM)
 - 表達量: 最大概似估計表達水平 (Maximum Likelihood Estimation, MLE)
- 表達情況分析: **edgeR** 套件
 - 原理: 標準化 > 負二項分布 (negative binomial distribution) 估算離散值
 - 顯著性差異判定: 顯著水準 $q < 0.05$



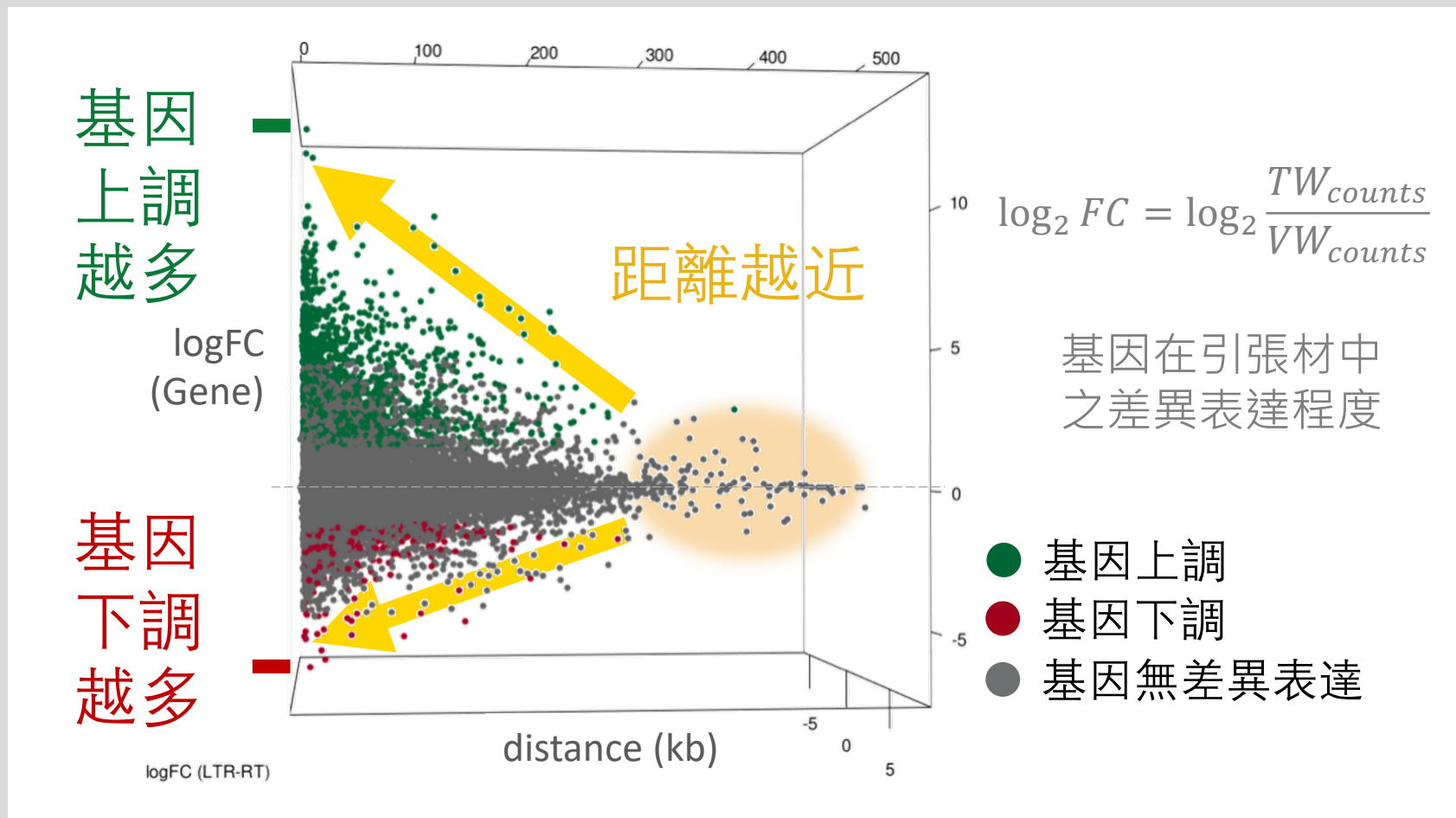
分析結果





研究結論

與LTR-RT越近 > 基因差異表達程度越廣



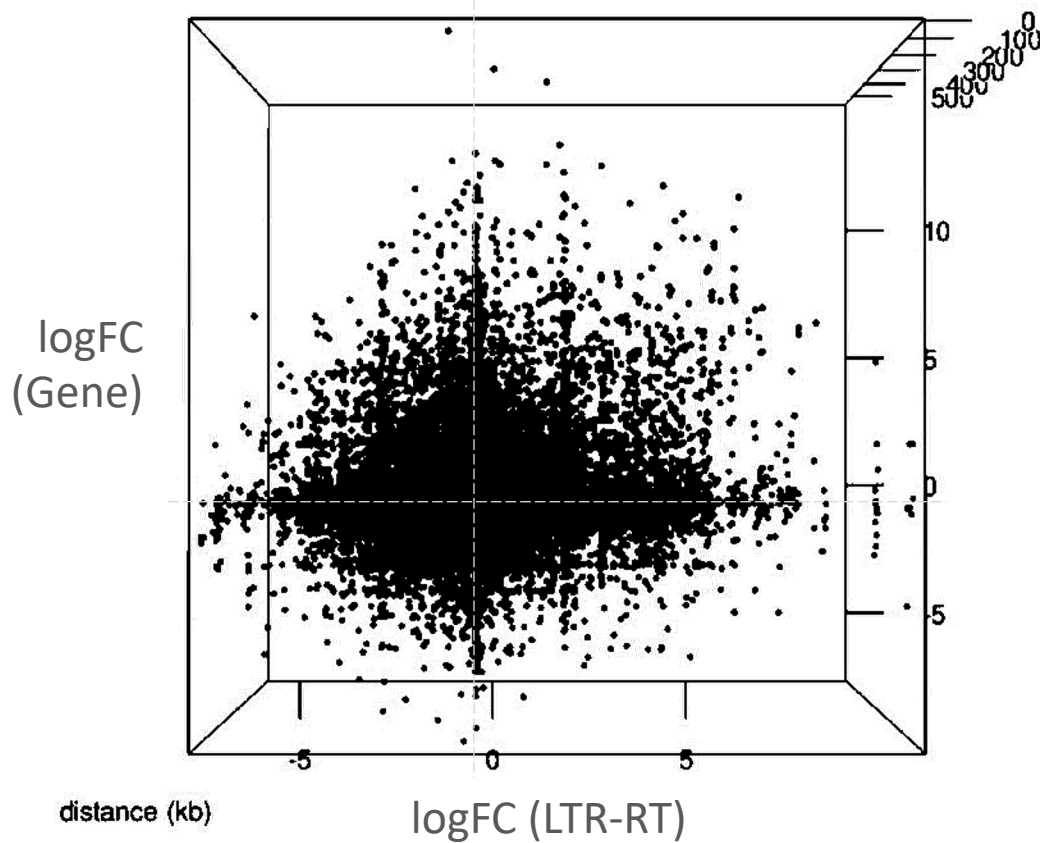


研究結論

基因與LTR-RT差異表達量具顯著相關

$$r = 0.0634$$

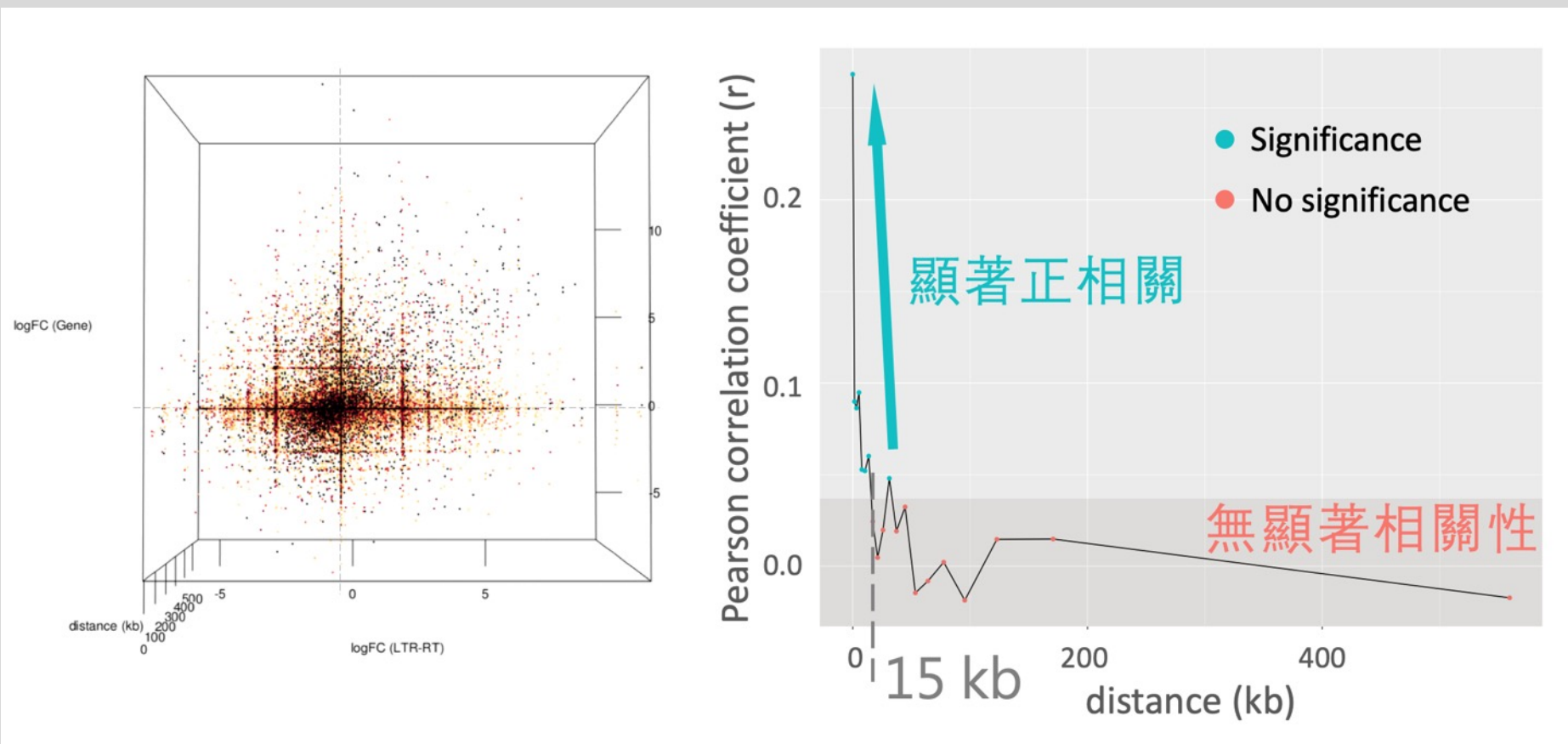
$$p\text{-value} < 2.2e-16$$





研究結論

基因與LTR-RT越近
> 兩者差異表達量正相關程度越高





總結

1. 應力刺激使123個轉座子具**差異表達**現象
2. 距LTR-RT**越近**基因表達量高/低程度**越大**
3. 並且基因與LTR-RT表達量**正**相關性越高
4. 132個**基因**受其對應58個LTR-RT**影響表達**

- THE END -

製作 / 陳奕晴