研究提出梅花垂枝性状调控模型

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14137.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！

研究提出梅花垂枝性状调控模型。梅花是我国特有早春木本观赏植物。垂枝梅因其枝条自然下垂、花开如瀑，深受人们喜爱。然而，垂枝梅花品种资源稀缺，垂枝性状遗传机理仍不清晰，极大限制了垂枝梅花新品种选育进程及其在园林景观中的广泛应用，垂枝性状分子标记辅助选择育种和遗传机制的解析迫在眉睫。

近日，北京林业大学教授张启翔团队在梅花垂枝性状遗传调控研究中取得新进展。相关论文在线发表于《园艺研究》。

该研究通过引入巢式表型测量法，提取7个梅花垂枝相关亚性状，完成342个F1遗传群体QTL mapping和214个品种全基因组关联分析（GWAS），共获得8个与垂枝性状紧密关联QTLs。其中，位于7号连锁群的主效QTL被7个亚性状同时定位，综合GWAS、选择性清除分析以及候选区间标记验证，最终将主效QTL缩小至0.29 Mb，筛选出可用于垂枝梅花分子辅助选择育种的核心SNP标记，准确率达95%以上。主效QTL区间包含39个候选基因，结合转录组差异表达基因分析，只有Pm024213基因在垂枝梅花嫩枝和芽中特异表达，且该基因与核心SNP标记相距仅10 Kb。功能注释表明，Pm024213基因包含硫氧还蛋白thioredoxin（Trx）结构域，前期研究表明含有Trx结构域的基因参与应拉木形成、生长素介导的激素信号转导以及淀粉体形成等生物学过程。

基因共表达网络分析表明，85个差异表达基因与Pm024213共表达。基于基因位置和上位性互作分析，发现35个共表达基因位于上位性互作位点，进一步利用STRING数据库对35个基因的互作关系进行预测，发现22个基因存在显著互作关系，其中两条通路与生长素水平相关。

基于此，该研究提出了与生长素合成与木质素合成通路相关的梅花垂枝性状调控模型，为揭示梅花垂枝性状形成的分子机制提供理论基础。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41438-021-00573-4

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：张启翔等 来源：《园艺研究》

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转发