

# 小麦育种多性状协同改良的遗传基础获解析

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/17309.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！

小麦育种多性状协同改良的遗传基础获解析。



微核心种质群体特征和以赤霉素路径为核心的多路径协同小麦株型与籽粒产量改良模式。  
中国农科院供图

近日，中国农业科学院作物科学研究所生物信息学及应用创新团队协同小麦资源与利用创新团队，深入研究了小麦育种过程中多性状协同改良的分子遗传基础，为小麦复杂性状遗传基础解析提供了切实可行的研究方法，进一步推动了小麦优异基因以及优异变异位点的挖掘和利用，对中国小麦高产育种具有指导意义。相关研究成果发表在《分子植物》（Molecular Plant）上。

据毛龙研究员介绍，作物种质资源多样性调查对于深入了解作物株型和产量构成的遗传基础具有重要意义，但小麦这方面的研究较少。

该团队通过梳理过去近百年的中国小麦育种历史，结合分子标记收集，筛选到287份具有广泛遗传多样性的微核心种质材料。研究人员以这287份国内微核心种质为材料，结合11个重要农艺性状，从育种选择、农艺性状遗传基础、多性状协同改良、优异位点聚合、后绿色革命中赤霉素路径的育种选择修饰等方面，对国内小麦育种改良工作的分子遗传基础进行了全面解析。

通过对育种过程中主要农艺性状的协同改良研究，获得一批降低株高-增加粒重降低株高-缩短开花期以及缩短开花期-增加粒重的协同位点。其中，降低株高-增加粒重降低株高-缩短开花期的协同优异位点在栽培种中的比例逐渐增加，且在育种年代中呈现逐渐累积的过程。

研究结果表明，现代育种改良通过G蛋白路径和生长素路径等多通路协调互作的模式对赤霉素路径进行选择修饰与精细调控，可实现后绿色革命时代新的高产目标。

该研究不仅为小麦复杂性状遗传基础解析提供了切实可行的研究方法，而且进一步推动了小麦优异基因以及优异变异位点的挖掘和利用，对中国小麦高产育种具有指导意义。

该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金和中国农科院科技创新工程等项目的资助。（来源：中国科学报李晨 卫斐）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.01.004>

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：毛龙等 来源：《分子植物》

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](https://www.iikx.com)转发