
杏果实性状遗传和QTL定位方面研究取得新进展

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/17383.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！

杏果实性状遗传和QTL定位方面研究取得新进展。

近日，辽宁果树所李杏团队在国际植物学前沿期刊《植物科学前沿》（Frontiers in Plant Science）上发表研究论文。该研究对杏果实大小、可溶性固形物和果肉硬度进行了QTL定位，对培育优质耐贮新品种提供了理论基础。

杏主要种植在我国西北、华北、东北地区的干旱丘陵山区地带，近年来其经济与生态效益逐渐受到各地政府和种植者的青睐。但是，杏果实存在硬度低、不耐长途贮运等问题，因此，开展杏果实硬度性状等相关的研究，对于培育优质耐贮运杏品种具有重要的意义。

为了研究杏果实硬度、大小以及可溶性固形物等性状的遗传特性，该团队利用大果较耐贮运的华北地方品种串枝红与高糖低酸小果的新疆主栽品种赛买提为双亲设计了一个人工杂交遗传群体。本研究，首先，对杏果实大小、可溶性固形物和果肉硬度等性状的遗传特性进行了分析；然后，对双亲和169个F1子代进行了SLAF简化基因组测序，共获得6,006个高质量的SNP标记，并进一步构建了包含8条染色体的高密度遗传连锁图谱，串枝红和赛买提的总连锁群长度分别为809.6 cM和1076.4 cM，平均遗传距离分别为0.62 cM和0.95 cM。接着，利用这2张遗传图谱对杏果实大小、可溶性固形物和果肉硬度等性状进行了QTL定位，其中果实硬度被定位在串枝红的第1、2，果实可溶性固形物含量在串枝红和赛买提染色体上各定位到1个相关QTLs，果实重量、纵径、横径和侧径等果实大小性状分别在2个亲本的多条染色体上检测到多个显著的QTL位点。最后，基于QTL的定位区间与参考基因组信息分析，在杏基因组上检测到16个调控果实品质性状的候选基因区域，其中调控果实大小的11个候选区域包含648相关基因、果实可溶性固形物含量的3个候选区域包含372相关基因、果实硬度的2个区域包含117个候选基因。以上研究丰富了杏果实品质相关性状的遗传育种理论基础。

果树所李杏团队章秋平研究员为该论文第一作者。该成果得到国家重点研发计划与国家自然科学基金项目的资助。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.3389/fpls.2022.798700>

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：李杏等 来源：《植物科学前沿》

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