
武汉植物园等在莲的单瓣重瓣等性状遗传定位研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20196.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！

莲（荷花）作为我国传统名花之一，已有几千年栽培历史，其花器官中表现出广泛的多样性，如花色、花瓣数等方面的变化。然而，莲花各种形态特征的遗传变异规律仍不清楚。

针对这一问题，中国科学院武汉植物园研究员陈进明研究团队联合武汉市园林科学研究院，对栽培花莲12个花器官为主的性状进行全基因组关联研究（GWAS）。基于约32.9 kb的中等水平连锁不平衡，该研究定位到性状显著关联的149个候选基因。这些基因参与了七个花性状和植株大小的变异，其中多为同时影响多

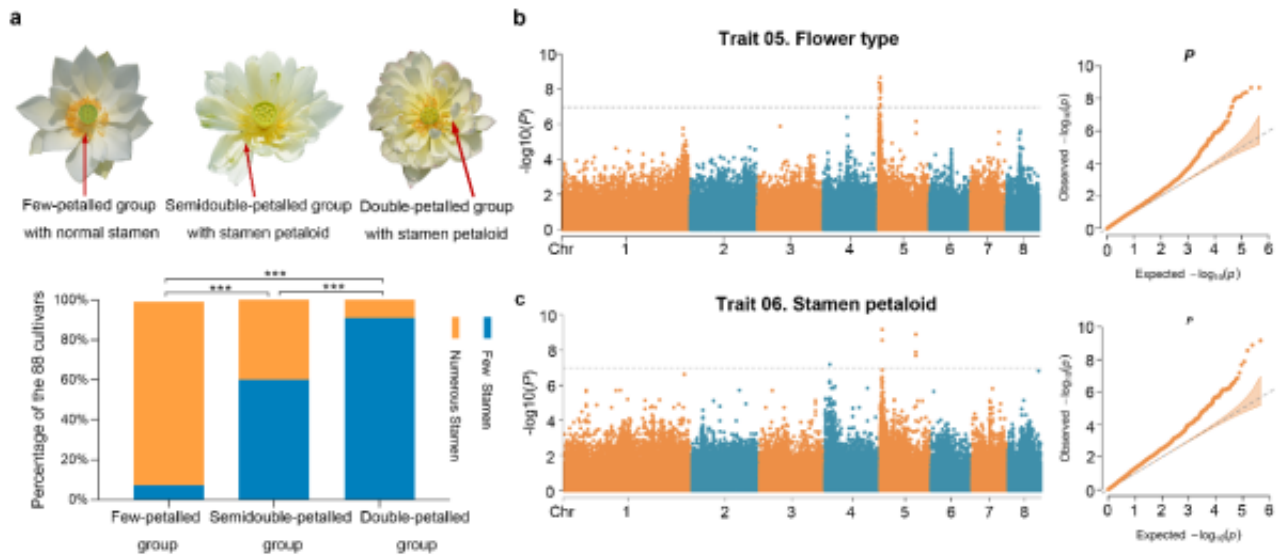
个花器官相关性状的多效基因，例如NnKUP2

。该研究发现了一个2.75-kb存在、丢失变异的基因组片段。该片段变异与雄蕊花瓣状和花瓣数变化显著相关。研究通过考察另一组具有花瓣数记录的独立重测序数据集进一步证实了该遗传变异确实显著与单瓣、重瓣性状关联。进一步分析表明，该片段携带可与siRN结合的MITE转座子，并影响邻近候选基因在少瓣和重瓣组织之间的表达差异。

相关研究成果以Genome-wide association study of traits in sacred lotus uncovers MITE-associated variants underlying stamen petaloid and petal number variations为题，发表在《植物科学前沿》（Frontiers in Plant Science

）上。研究工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、中科院青年创新促进会等的支持。

[论文链接](#)



单瓣重瓣（雄蕊瓣化）的全基因组关联分析遗传定位

研究团队单位：武汉植物园

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