
牡丹花器官数量变异遗传调控网络研究取得新进展

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/23785.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！

牡丹花器官数量变异遗传调控网络研究取得新进展。

近日，中国科学院植物研究所研究员舒庆艳、刘政安等与合作者在《园艺研究》上发表了关于牡丹花器官数量变异遗传调控网络方面研究的新进展。

花器官作为有花植物的重要繁殖系统，是物种形成与多样化的关键，在人类对植物驯化栽培和育种过程中，花器官数量决定了其产量、品质及育种成败。牡丹属于芍药科芍药属植物，其花形态多样。出于对重瓣花的偏爱，人们在漫长的驯化栽培和选择过程中对花瓣数目进行了持续的选择，导致牡丹花瓣、雄蕊和心皮数量表现出丰富的变异，但其遗传调控网络仍是未解之谜。

中国科学院植物研究所芍药科多样性与种质创新研究团队针对牡丹栽培品种群体表型丰富的变异，基于全基因组关联研究(GWAS)和表达数量性状位点(eQTL)，重点解析了花器官数量多态性和遗传变异机制。科研人员以牡丹栽培品种群体为范式，在对271个广泛栽培的牡丹品种的24个表型性状进行调查基础上，筛选出花瓣数、雄蕊数和心皮数变异丰富的119个代表品种进行转录组测序，共检测到52280个基因，鉴定出407561个高置信度SNPs。

在此基础上，研究人员采用加权基因共表达网络分析(WGCNA)，鉴定出3066、721和96个顺式作用eQTL位点(cis-eQTLs)分别调控356、122和15个基因参与花瓣、雄蕊和心皮数量遗传调控网络。通过计算模块特征基因连通性值，共鉴定出19个hub基因并构建了共表达网络，其中有11个基因受GWAS相关cis-eQTLs调控。

通过进一步分析，他们发现AP3、AGL6和SEP3/AGL9的cis-eQTLs会导致花瓣数目显著差异;SEP2/AGL4、SEP3/AGL9和PI-1的cis-eQTLs会导致雄蕊数目显著差异;SEP2/AGL4和SEP3/AGL9的cis-eQTLs会导致心皮数目显著差异。研究团队通过不同发育时期花芽的转录组对上述结果进行了验证，并提出了牡丹花器官数量变异调控网络模型。

该研究为解析牡丹驯化过程中花器官数量变异的遗传基础和产量调控提供思路，并为牡丹高产优质育种奠定理论基础。(来源：中国科学报 田瑞颖)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/hr/uhad110>

作者：舒庆艳等 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](https://www.iikx.com)转发