
研究鉴定出控制小麦籽粒数目和大小的TaSPL17基因

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/24074.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！

小麦是重要的粮食作物。穗部性状是决定小麦产量的关键因素，增加籽粒同化物的分配对提高小麦产量具有重要的影响。籽粒和其他穗部结构（穗糠）之间遗传关系是决定籽粒同化物分配的重要因素。然而，同化物在小麦籽粒和其他穗部结构（穗糠）之间分配的遗传分子机理尚未被充分解析。因此，鉴定同化物在小麦籽粒和穗糠之间分配的调控因子，解析相关分子机理对提高小麦产量具有重要意义。

中国科学院植物研究所郭自峰研究组利用来自世界范围内的306份小麦约4千万的SNP，对穗长、穗重、籽粒重、千粒重、小穗数、芒重、糠重等27个穗部性状进行全基因组关联性分析，鉴定590个关联的区段。研究发现，穗子的间接性状具有更强的峰值，因此通过间接性状的方法来鉴定出强

关联信号

的方法是可行的。

进一步，科研人员利用同化物分配性

状的GWAS结果鉴定到TaSPL17

为调控相关性状的候选基因。分析发现，TaSPL17

通过调控小穗和小花分生组织的发育来控制籽粒的大小和数量，进而提高单株籽粒产量。生物信息学分析表明，TaSPL17

的单倍型具有明显的地理分布差异，且受到驯化和育种选择。该研究为小麦穗部性状的研究提供了高密度的遗传图谱，为穗部形态的遗传改良提供了宝贵资源，并为小麦候选基因检测和克隆提供了快速的遗传解决方案。

8月28日，相关研究成果在线发表在《基因组生物学》（Genome Biology

）上。该研究由植物所、中国农业科学院作物科学研究所、中国科学院遗传与发育生物学研究所合作完成。研究工作得到中国科学院战略性先导科技专项、农业科技创新工程、国家重点研发计划、国家自然科学基金和海南省崖州湾种子实验室的支持。

[论文链接](#)

