植物所揭示穗发育的关键调控因子及网络

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/25025.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！

大麦（*Hordeum vulgare*
L.
）是重要的谷物，也是最古老的作物之一，属禾本科大麦属。大麦的花序为穗状花序，着生于茎秆顶部，由中央的花序轴和两侧的小穗所组成。大麦穗发育复杂，且不同位置的小穗发育不均等，中间部位发育较
快，两端较慢。在穗发育过程中，单
个穗子顶端和底部约30%-50%的小穗/
小穗原基会发生退化，导致潜在籽粒数的损失。因此，研究大麦穗部的发育过程对于揭示花器官发育的生物学问题和提高大麦产量具有重要意义。

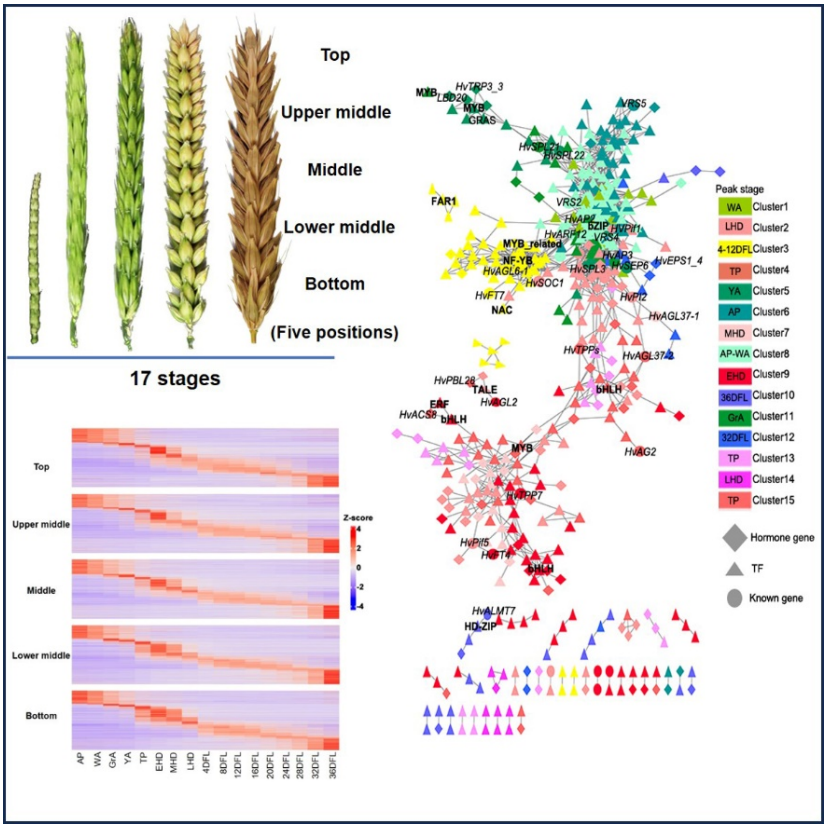
中国科学院植物研究所郭自峰
研究组利用六棱大麦测序品种Morex
绘制了穗部发育的时空转录组
图谱。该图谱覆盖大麦穗部发育的17
个阶段。各阶段的小穗从上到下分为5
个部位——顶部、中上部、中
部、中下部和底部。每个部位设置3个重复，共255
个样本。科研人员分析这些样本的转录
组数据发现，在5个部位共同表达的基因9228
个，且根据表达模式分为15个cluster。不同cluster
的表
达峰值分
布在不同的发育时
期，调控小穗不同的发育过程。同时
，该研究对所有cluster
中的转录因子、激素相关基因和已知功能基因的进行相关性分析，发现了重要的节点基因，如编码海藻糖-6-磷酸磷酸酶（TPP）的*HvTPP7*基因、SHI家族转录因子*VRS2*及MADS
家族转录因子*HvAGL6*
基因等。这些基因可能在表达峰值时期参与重要的调控功能。研究对不同部位的差异表达分析发现，顶部位置的差异基因高达1043
个，包含衰老相关蛋白、生长素和BR途径、植物特有的LOB转录因子家族等基因。

基于这一表达谱，科研人员鉴定到一个编码GD
SL脂肪酶的*HvGELP96*

基因。它在黄色花药期特异高表达，是大麦小穗育性和粒数的重要调控因子。转录图谱的发布，为研究大麦的穗部发育提供了丰富的信息资源。

11月15日，相关研究成果在线发表在《细胞报告》（*Cell Reports*）上。

论文链接



六棱大麦“ Morex ”穗部时空转录组

研究团队单位：植物研究所

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转发