遗传发育所鉴定出小麦穗发育的转录调控因子

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/26043.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！

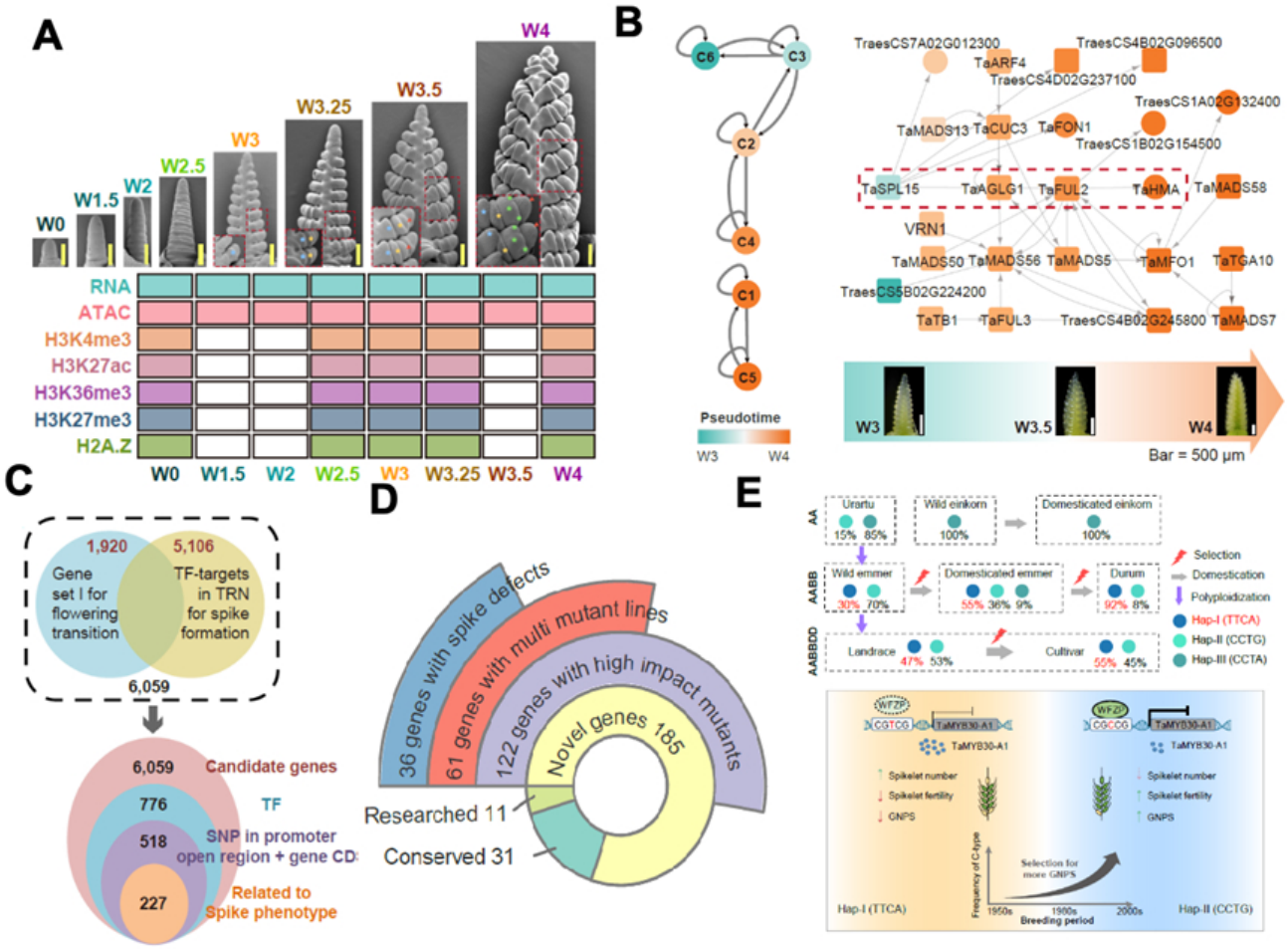
小麦是重要的粮食作物之一。
小麦的产量主要由亩穗数、千粒重和穗粒数决定。穗型结构影响小麦的小穗数、穗粒数和产量，是育种改良地重要的选择性状。挖掘小麦穗发育重要调控因子与解析分子调控机制，对小麦穗型的分子设计与精准改良、突破产量瓶颈具有重要意义。由于小麦功能基因组学发展较晚，穗发育关键基因挖掘及作用机制的研究处于初步阶段。

近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所
研究员肖军团队通过结合多维组学、群体遗传学和基因功能解析等研究手段，提出了系统高效鉴定关键调控因子的策略。该研究通过8个穗发育关键时期的转录组、染色质可及性和多种组蛋白修饰测序，绘制了小麦穗发育过程的动态转录和表观修饰图谱，搭建了小麦穗发育过程的转录调控网络（TRN）。TRN鉴定了一个TaSPL15-TaAGLG1-TaFUL2调控模块，并通过之间实验验证了其层级调控关系。结合多维组学数据与群体遗传学，研究鉴定到227个潜在的穗发育调控因子。其中，42个基因在小麦或水稻中已被证明参与穗发育过程。研究利用KN9204突变体库对61个新基因进行通量表型鉴定，发现其中36个基因突变导致开花时间或穗型的改变，如TaMYC2-A1、TaMYB30-A1和TaWRKY37-A1。科研人员对一个新基因TaMYB30-A1进行功能研究和机制解析，发现启动子区域的自然变异影响WFZP对其的转录抑制。TaMYB30-A1优异单倍型具有较高的表达量，增加穗长、可育小穗数和穗粒数，在小麦驯化和育种过程中受到选择，可能在中国小麦品种改良过程中发挥了重要作用。

为促进小麦穗发育研究和分子设计育种，该团队与合作者搭建了小麦穗发育多组学数据库，提供了包括基因信息查询、共表达分析、TRN预测、表观图谱绘制及突变体库检索等模块在内的“一站式”服务。

2月2日，相关研究成果以*Systemic identification of wheat spike development regulators by integrated multiomics, transcriptional network, GWAS and genetic analyses*为题，在线发表在《分子植物》（*Molecular Plant*）上。
研究工作得到国家自然科学基金创新研究群体项目、中国科学院战略性先导科技专项、国家重点研发计划青年科学家项目和山东省自然科学基金重大基础研究项目的支持。

论文链接



多维组学数据系统鉴定小麦穗发育关键调控因子

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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