
新研究解析调控大豆粒重遗传位点和驯化基因

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26655.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！

新研究解析调控大豆粒重遗传位点和驯化基因。近日，广东省科学院南繁种业研究所教授王振宇团队联合南京农业大学国家大豆改良中心教授赵团结团队，研究解析调控大豆粒重遗传位点和驯化基因。相关成果发表于《理论与应用遗传学》。

俗语说：宁可食无肉，不可食无豆。大豆是优质的植物蛋白资源，也是健康的食用植物油源。我国是大豆的原产地，种植和消费历史悠久。然而，我国大豆需求长期依赖进口满足。2020-2023年，我国年均大豆进口量超9000万吨，对外依存度超80%，卡脖子问题十分突出。

论文第一作者、广东省科学院南繁种业研究所博士李阳表示，大豆百粒重是影响大豆产量的重要农艺性状，野生大豆百粒重只有5克左右，但人类选择和培育的栽培豆百粒重可达20克。解析大豆百粒重分子遗传基础、发掘主效遗传位点和关键候选基因，对大豆高产优质育种和改良具有重要意义。

该研究通过对两个大豆群体开展百粒重性状调查，结合群体测序发掘的SNP数据，利用全基因组关联分析（GWAS）等方法，发掘调控大豆百粒重的遗传位点（QTL）和目标基因。在第一个群体中共发掘6个QTL与大豆百粒重显著关联。其中4号染色体上的大豆百粒重主效QTL同时被上述两个群体同时定位到，暗示其稳定性和可靠性。

为进一步发掘此QTL中目标候选基因，结合其候选区域连锁不平衡分析，基因功能分析以及表达模式分析，筛选出细胞色素P450（Cytochrome P450）基因GmCYP82C4为最终候选基因，且其启动子中的序列变异与大豆百粒重显著关联。

因此，基于GmCYP82C4内部的序列变异，在第二个群体中（包含野生豆、地方品种、育成品种共345份材料）进行了单倍型分析。研究发现，共有8种GmCYP82C4单倍型（Hap1-8）被发现，其中优异单倍型Hap2（平均百粒重18.27）在地方品种（92.4%）和栽培品种（74.1%）中的占比远远高于其在野生豆中的占比（33.3%），表明GmCYP82C4基因在大豆驯化改良过程中可能也被选择了。进一步基于基因组数据对GmCYP82C4及上下游区间进行遗传多样性与分子进化分析，再次证明GmCYP82C4在大豆驯化改良过程被强烈选择。

该研究发掘的调控大豆百粒重的QTL和驯化基因GmCYP82C4，可为大豆高产育种提供遗传资源和基因资源。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1007/s00122-024-04571-7>

作者：王振宇等 来源：《理论与应用遗传学》

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](http://www.iikx.com)转发