
科学家破解大豆发育“基因密码”助力精准分子育种

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/31877.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！

科学家破解大豆发育“基因密码”助力精准分子育种。

大豆是人类与家畜植物性蛋白质和油的重要来源。目前，利用分子设计育种策略加速大豆育种颇为重要，而揭示关键基因和大豆器官发育的调控网络则对分子设计育种至关重要。

中国科学院遗传与发育生物学研究所田志喜研究团队与合作者，开创性地构建了宏观-单细胞-空间三级转录解析体系。研究基于314份全器官样本的Bulk RNA-seq大数据，锁定器官发育阶段和关键器官的特征基因；继而运用snRNA-seq捕获根、根瘤、茎尖、叶、茎五大功能器官的细胞级表达图谱；最终通过Stereo-seq呈现基因表达的3D空间位置信息，实现大豆器官的3D基因表达可视化。

该研究整合了不同类型转录组数据，完整呈现了大豆基因表达的时空动态信息，为探讨大豆发育提供了新视角。研究鉴定出大豆各器官特异性表达的基因，并以根瘤特异基因为例，证实GmPMTs通过基因串联重复扩张，调控根瘤发育；构建器官发育全景图谱，以叶片发育为例，发现展开期叶片的转录特异性，并挖掘关键的长链脂肪酸共表达模块，为大豆叶片改良提供新线索；构建根尖空间3D转录图谱，揭示大豆根尖细胞分化的动态路径，为豆科根尖发育提供发育蓝图；通过根瘤空间3D单细胞图谱解析根瘤器官的细胞异质性，揭示根瘤共生基因的空间定位，为根系-微生物互作研究建立细胞级时空坐标系。同时，研究发现，维管束特异性GmHBs基因在根瘤早期发育中的决定性作用，为提升大豆共生固氮效率提供了新靶点。

该研究相关的转录组数据库SoyOmics Transcriptome Atlas (<https://ngdc.cncb.ac.cn/soyomics/index>)和SOTA (<https://db.cngb.org/stomics/soybean/>)已上线并开放访问，可以提供基因表达查询、比较、空间定位可视化等模块。用户可通过交互式界面检索目标基因在发育阶段、特定器官和细胞类型中的表达特征，以提升功能基因研究效率。

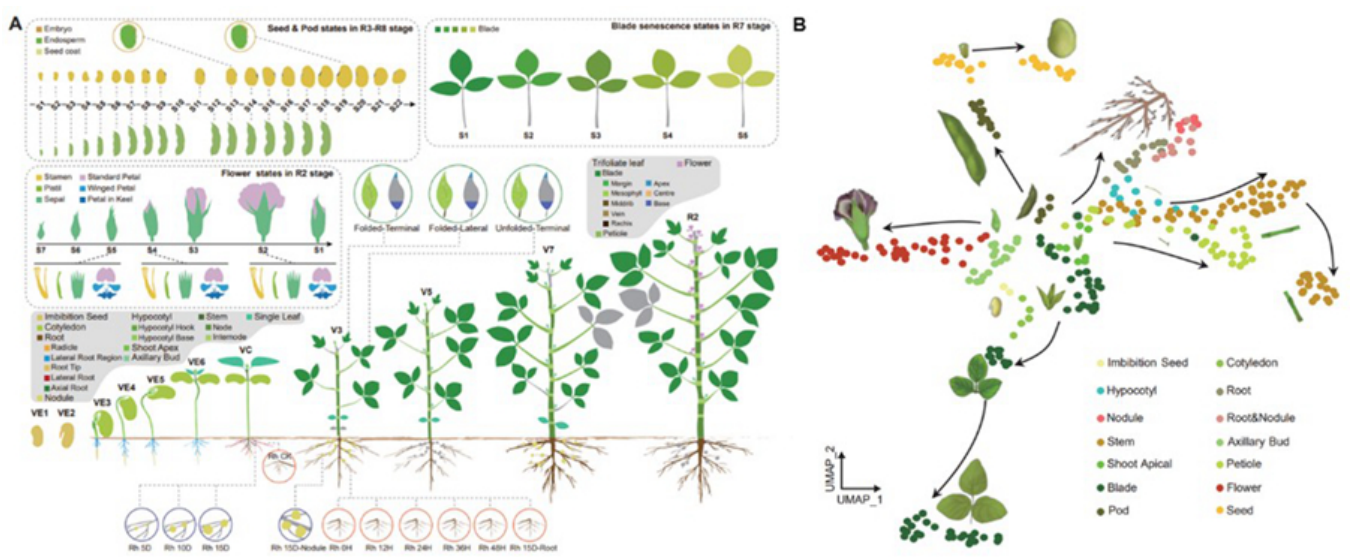
这一研究构建的“时空图谱”揭示了大豆生长发育过程中基因表达的动态轨迹，为解析大豆器官形成机制、挖掘关键发育调控基因提供了技术支撑。

2月18日，相关研究成果以*A large-scale integrated transcriptomic atlas for soybean organ development*为题，发表在《分子植物》（*Molecular Plant*

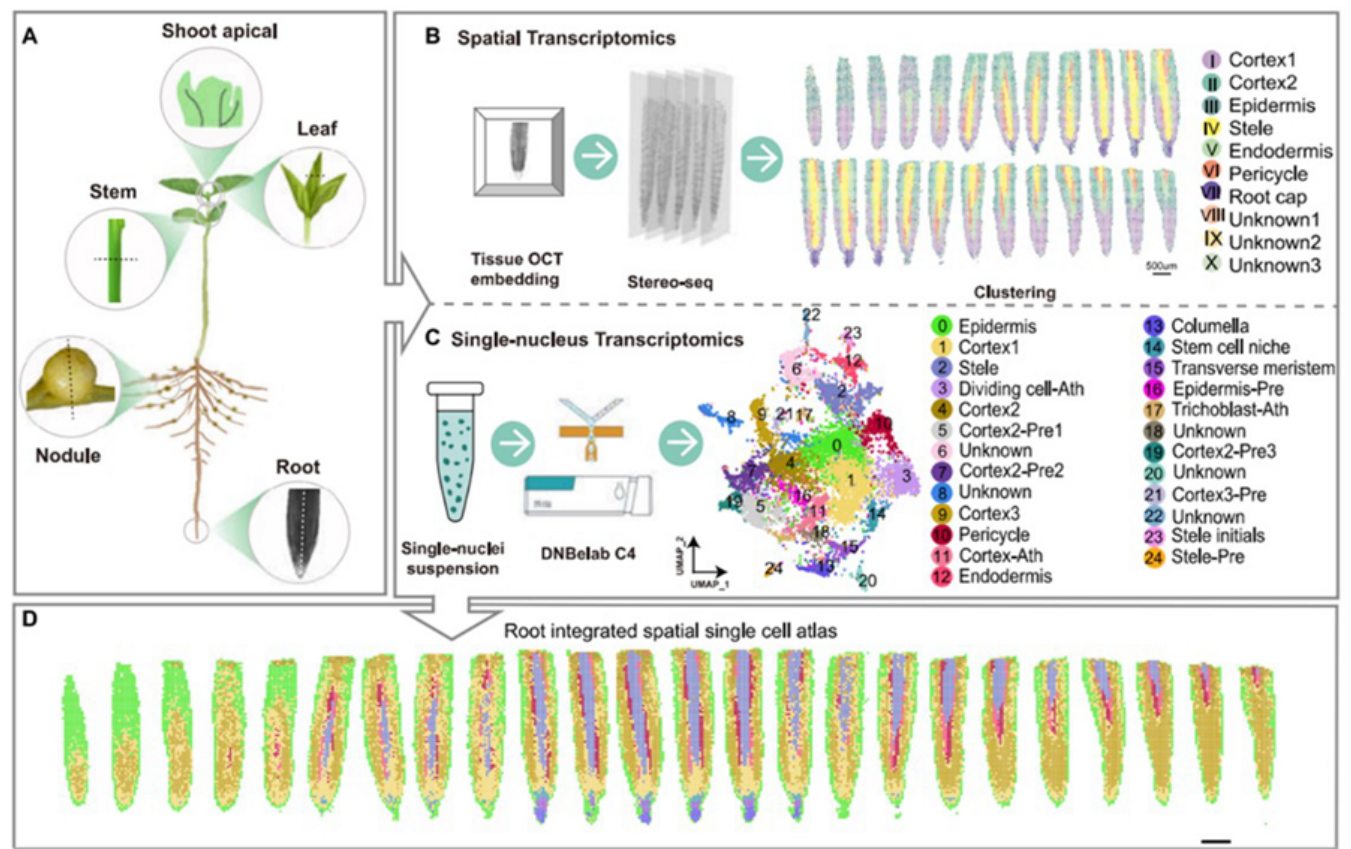
）上。研究工作得到国家自然科学基金和国家重点研发计划等的支持。该工作由遗传发育所、崖

州湾国家实验室、中国科学院北京基因组研究所等单位合作完成。

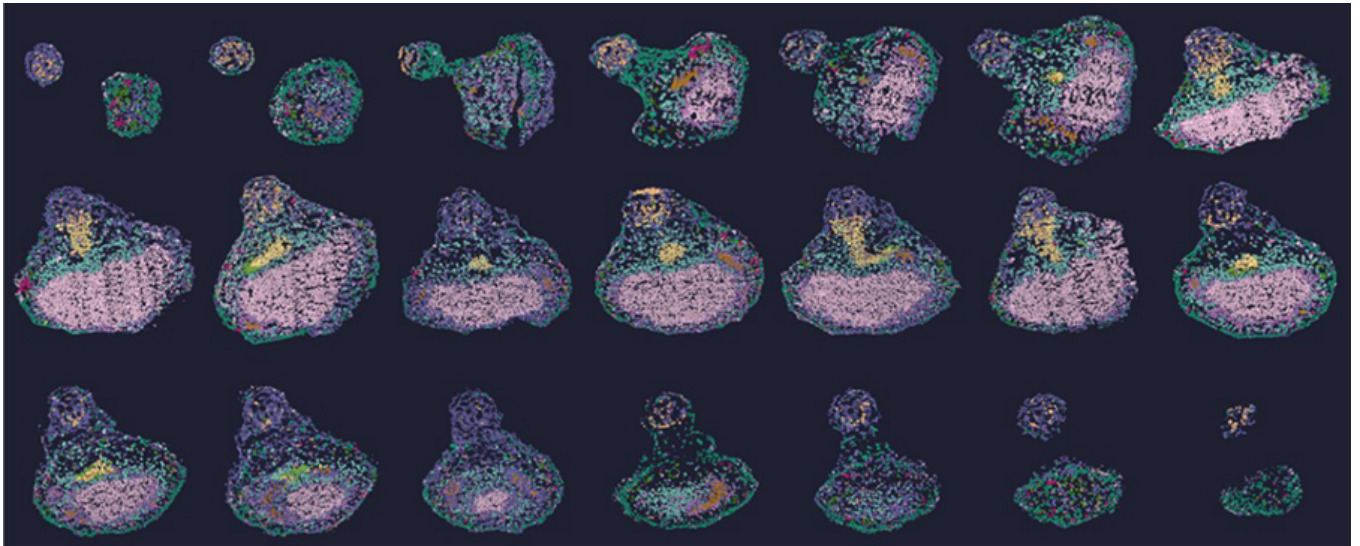
[论文链接](#)



大豆器官发育的转录组图谱



大豆根尖的3D空间单细胞图谱



大豆根瘤的3D空间单细胞图谱

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](https://www.iikx.com)转发