
科学家利用多组学解析小麦穗器官发育调控网络

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36144.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！

科学家利用多组学解析小麦穗器官发育调控网络。

小麦穗部发育决定籽粒大小和数目等产量性状。在穗部发育过程中，基因表达动态、代谢变化及其相互作用机制尚不明确。

中国科学院植

物研究所通过整合代谢组学

与转录组学数据，对小麦穗器官发育的12个发育阶段进行系统解析

。研究发现，与植物激素相关的代谢物在穗部不同组织间分布极不均衡。进一步的外源激素处理实验证实，植物激素在穗形态建成过程中发挥重要调控作用。

基于子房的高分辨率时空组学数据，研究团队构建了小麦子房发育的调控网络，鉴定出一批关键基因，包括*TaOPR3*、*GL1*和*GL2*

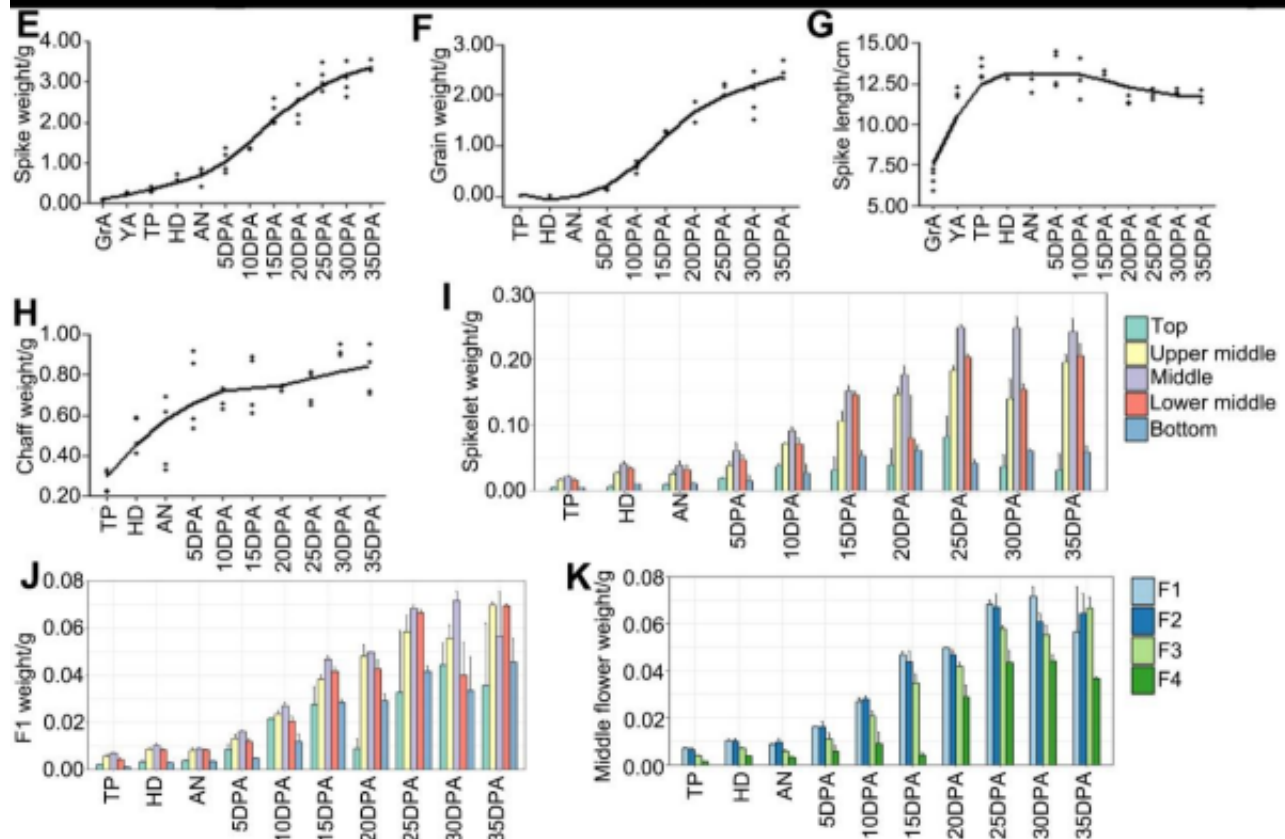
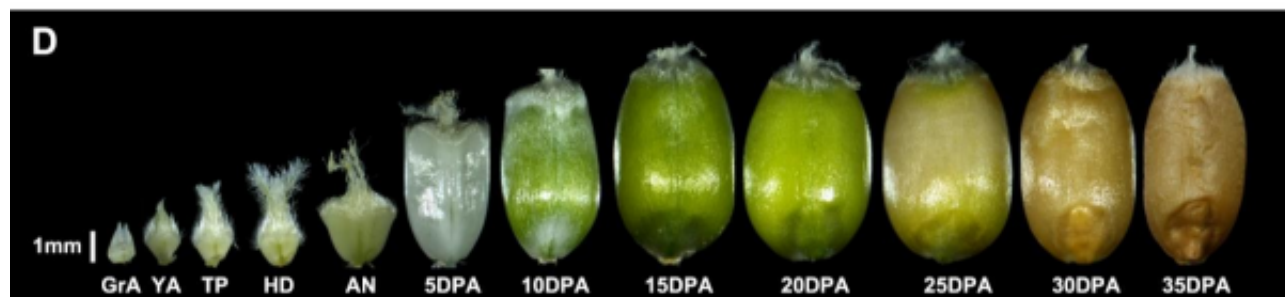
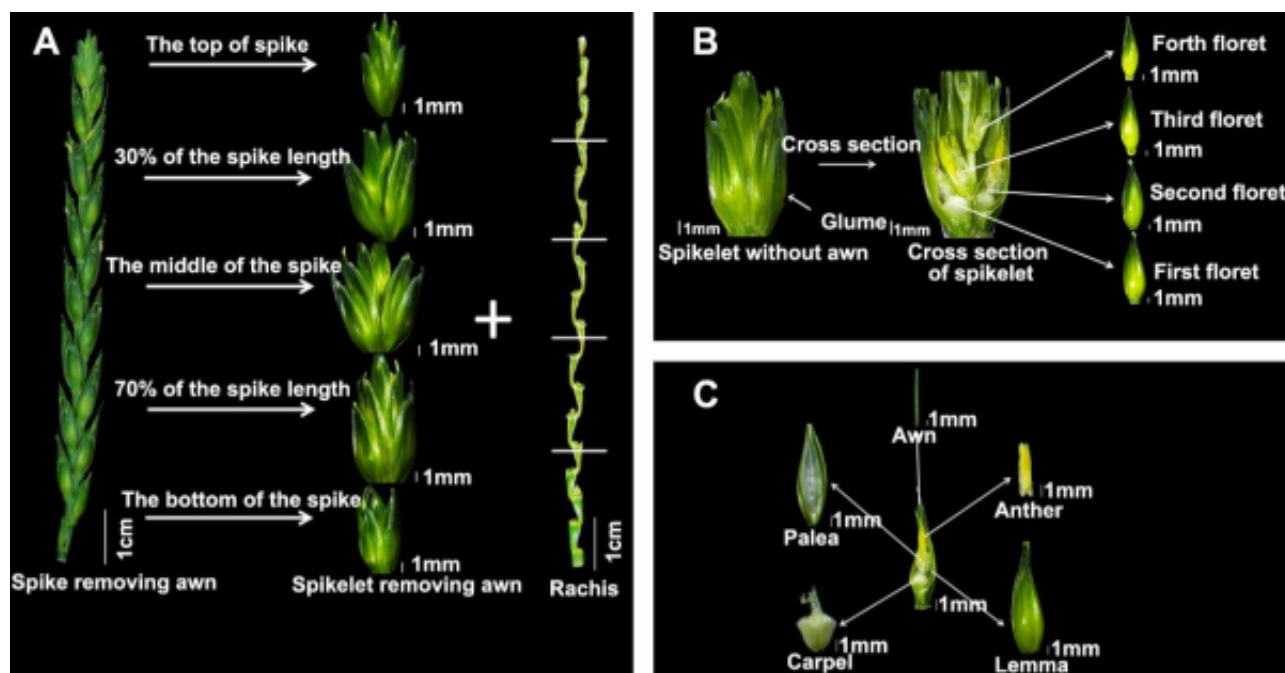
等。这些基因在籽粒大小调控中发挥重要作用。基因组水平分析揭示，这些关键基因的单倍型存在明显的地理分化，并在育种过程中受到选择性保留，其中优良等位基因与籽粒增大显著相关。

该研究揭示了小麦穗器官发育的关键遗传与代谢调控网络，为深入理解小麦产量形成的分子基础提供了重要科学资源，并为小麦高产优质育种提供了潜在分子靶点。

相关成果在线发表在《植物细胞》（*The Plant Cell*）上。

研究工作得到国家重点研发计划、中国博士后科学基金、国家自然科学基金、中国科学院战略性先导科技专项等的支持。

[论文链接](#)



小麦穗部组分的高时空分辨解析

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](https://www.iikx.com)转发