

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：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36193.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。

近日，中国科学院植物研究所研究员郭自峰团队与合作者，通过多组学整合系统揭示了小麦穗器官发育的关键遗传与代谢调控网络。相关研究成果发表于《植物细胞》（Plant Cell）。

小麦穗部的发育是决定籽粒大小和数目等产量性状，其发育调控机制涉及复杂的遗传与代谢过程。长期以来，穗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。

研究团队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个发育阶段进行了系统解析，共检测到1105种代谢物，包括穗、小穗及小花等233个组织样品。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，研究人员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。基因组水平的分析揭示，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。（来源：中国科学报 田瑞颖）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/plcell/koaf250>

作者：郭自峰等 来源：《植物细胞》

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