
科学家解析野生近缘种渗入在小麦遗传背景下的表达调控机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/37586.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！

科学家解析野生近缘种渗入在小麦遗传背景下的表达调控机制

。野生近缘种对于农作物遗传改良有重要作用。野生近缘种提升小麦农艺性状的遗传与分子机制是研究热点。

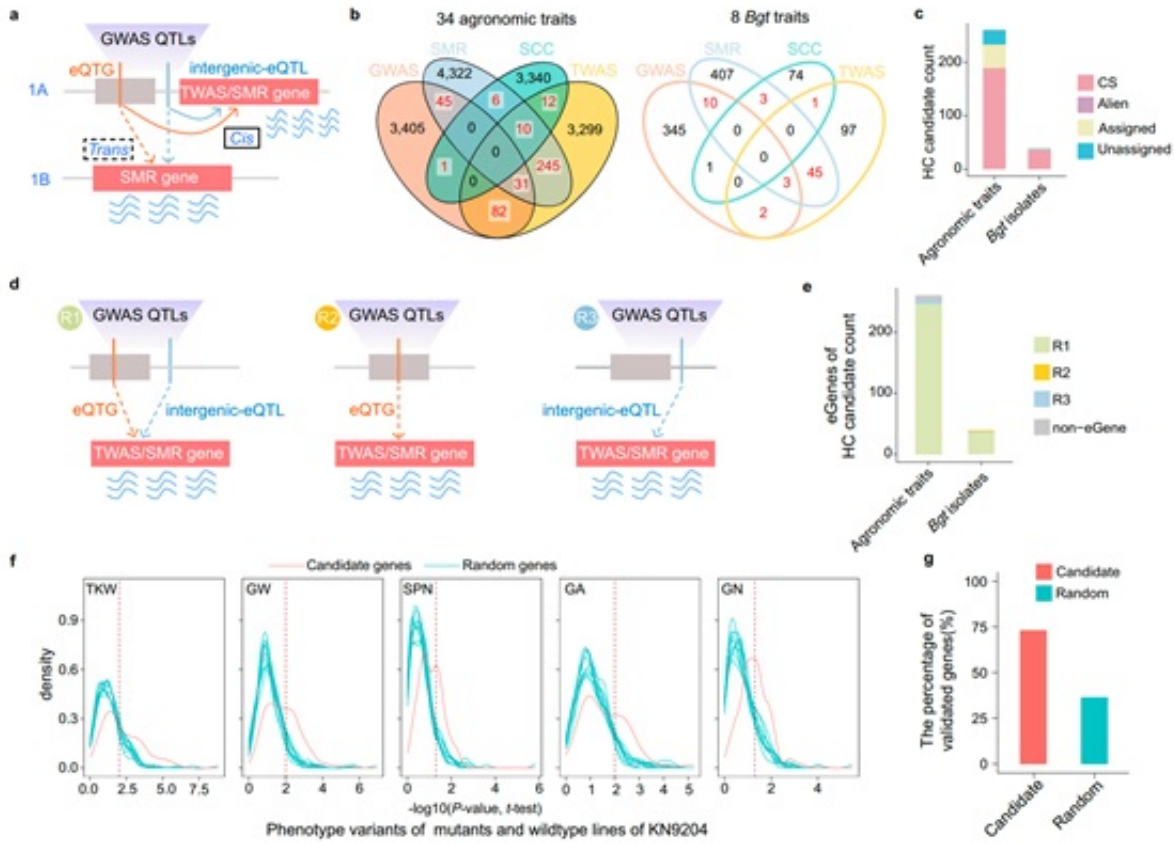
中国科学院遗传与发育生物学研究所等提出了定量渗入片段表达丰度的新策略——利用公共泛基因组资源构建囊括麦族近缘种基因序列信息的基因参考集合，从而最大限度地定量外源片段的转录本。团队使用小麦种质群体的苗期转录组测序数据，为麦族近缘种的基因构建了eQTL图谱。

研究发现近缘物种基因进入小麦基因组后，其表达调控整体受到抑制，但响应胁迫的基因倾向于更加活跃地表达。结合多年多点大田试验数据，团队利用eQTL预测了GWAS位点的农艺性状候选基因。这些候选基因不仅来自于标准的“中国春”参考基因组，也来自二倍体、四倍体等野生近缘物种，是开展基因克隆和功能解析的重要基础。

研究为理解野生近缘种提升小麦农艺性状的遗传机制提供了新角度。

相关研究成果在线发表在《自然-通讯》（Nature communications）上。研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金等的支持。

[论文链接](#)



利用eQTL评估野生近缘种基因渗入对小麦遗传改良的贡献

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/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发