
研究解析节节麦遗传渗入规律及小麦抗逆关键基因

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/41114.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！

研究解析节节麦遗传渗入规律及小麦抗逆关键基因

。节节麦作为普通小麦D基因组的二倍体祖先种，蕴藏丰富的抗逆和品质改良基因资源，是拓展小麦遗传多样性的重要基因库。由于不同节节麦谱系之间存在显著的基因组结构差异，且多数参考基因组来源于未直接参与育种利用的野生材料，导致育种过程中实际利用的优异供体片段难以精准追踪，限制了节节麦遗传资源的有效挖掘。

近日，中国科学院西北高原生物研究所研究团队利用长读长测序和Hi-C技术，对节节麦材料AS60进行了染色体水平基因组组装。研究获得了大小约3.94Gb的AS60参考基因组，共锚定7条D基因组染色体，注释获得45,645个蛋白编码基因，BUSCO完整性达到96.4%。

研究发现，不同育种材料保留的AS60来源片段存在显著差异，其中SM969保留了最多的AS60遗传片段，总长度达到约1.73Gb，而不同品种之间的渗入区域表现出明显的染色体偏向性。特别是在3D和5D染色体区域，多个育种材料均表现出较高频率的AS60片段保留，形成潜在的优异基因富集区域。

通过QTL定位、根系转录组分析、加权基因共表达网络分析以及候选基因功能筛选，研究锁定了位于AS60来源片段中的乙烯响应因子基因*ERF8-1D*。

研究利用EMS突变材料进行功能验证发现，*erf8*

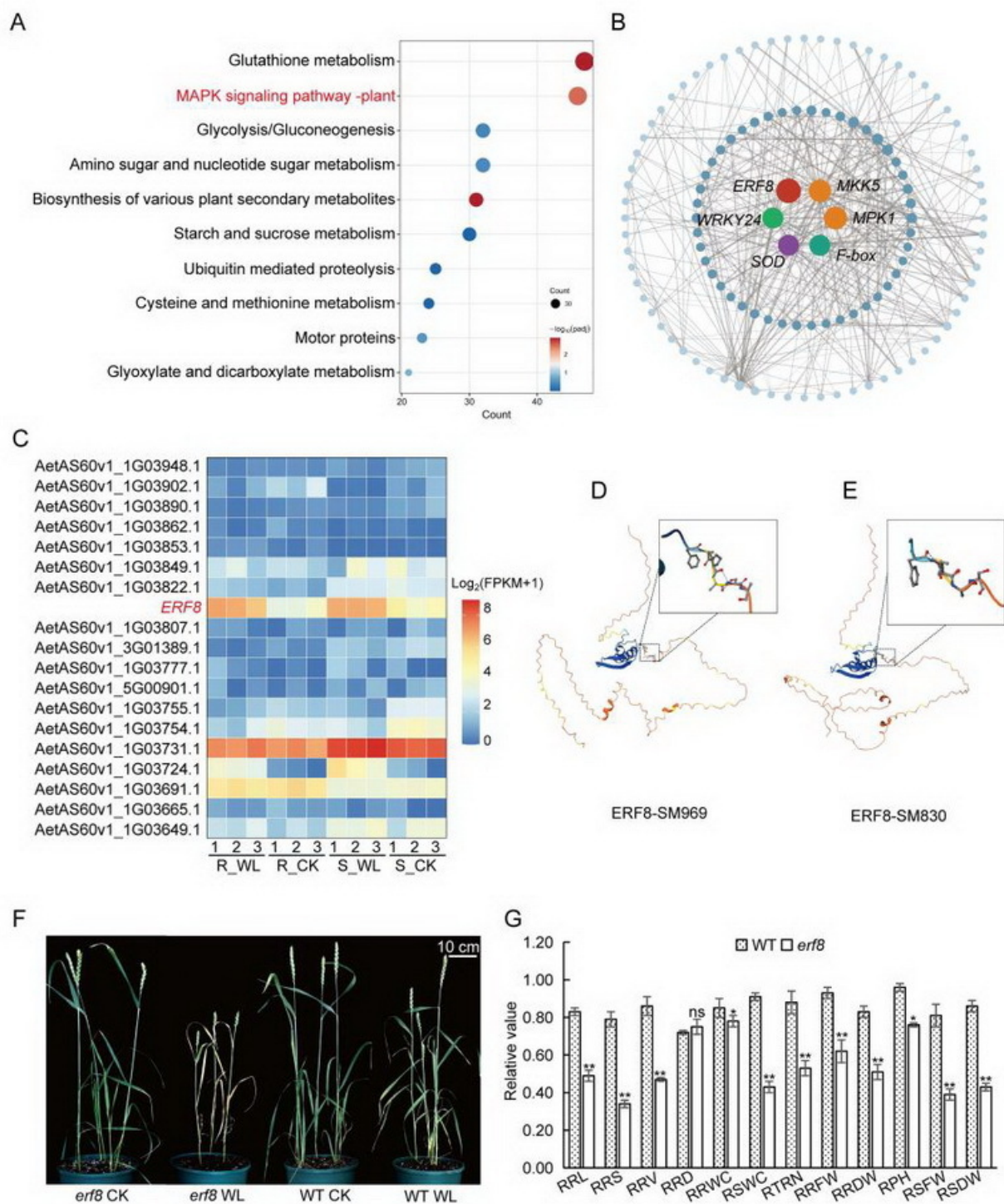
功能缺失突变体在水涝胁迫下表

现出明显降低的耐受能力，证明*ERF8-1D*是调控小麦抗涝性的关键基因。

该研究以育种实践中广泛利用的节节麦材料AS60为研究对象，构建了染色体水平高质量D基因组参考序列，建立了基于供体特异单倍型的遗传渗入解析体系，系统揭示了节节麦来源遗传片段在小麦育种材料中的保留规律，并鉴定出调控小麦抗逆关键候选基因*ERF8-1D*。

相关研究成果发表在《作物学报》（*The Crop Journal*）上。研究工作得到青海省重点研发项目的支持。

[论文链接](#)



*ERF8-1D*机制模型

研究团队单位：西北高原生物研究所

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