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%。

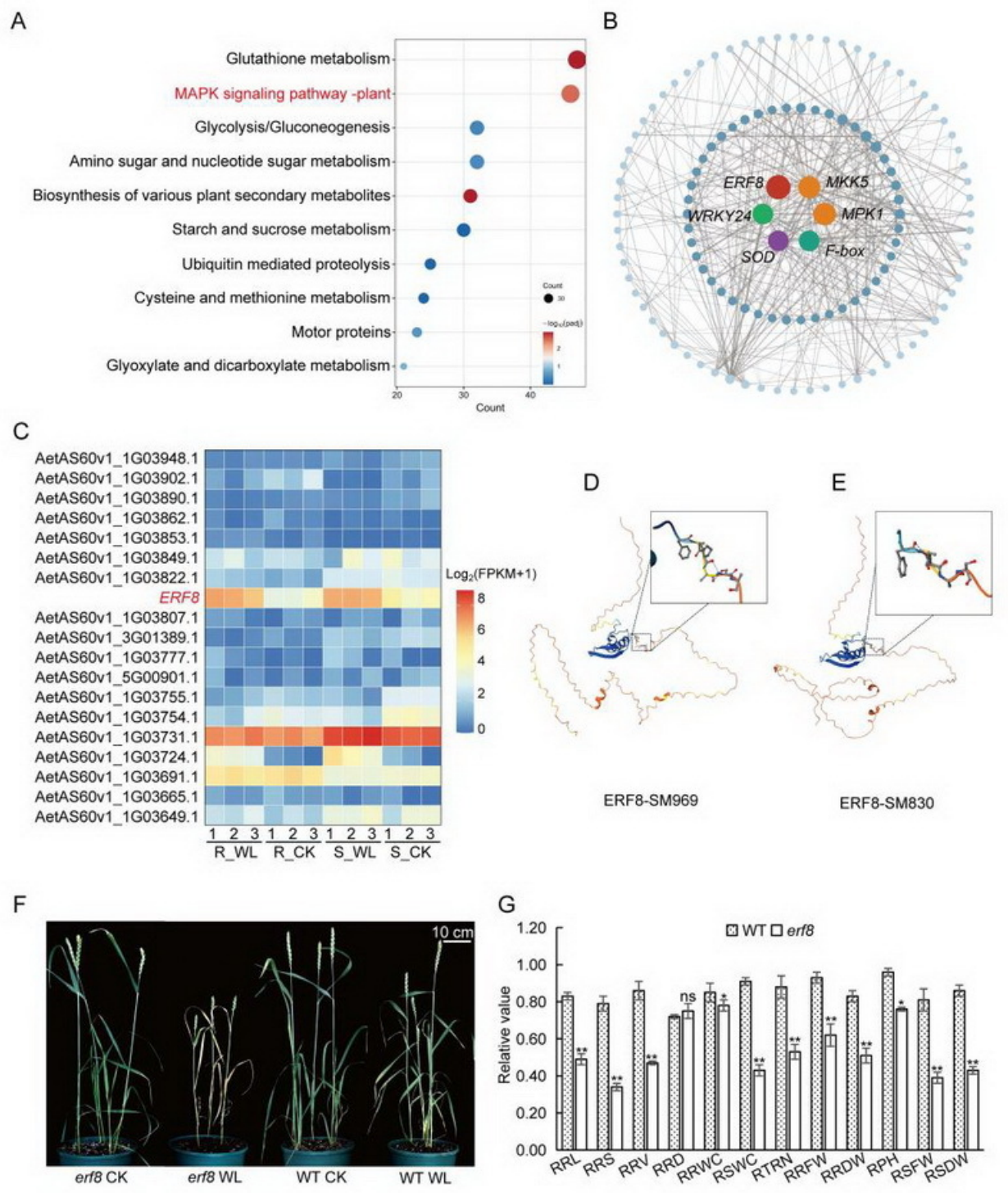
研究发现，不同育种材料保留的AS60来源片段存在显著差异，其中SM969保留了最多的AS60遗传片段，总长度达到约1.73Gb，而不同品种之间的渗入区域表现出明显的染色体偏向性。特别是在3D和5D染色体区域，多个育种材料均表现出较高频率的AS60片段保留，形成潜在的优异基因富集区域。

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


A
Glutathione metabolism
MAPK signaling pathway -plant
Glycolysis/Gluconeogenesis
Amino sugar and nucleotide sugar metabolism
Biosynthesis of various plant secondary metabolites
Starch and sucrose metabolism
Ubiquitin mediated proteolysis
Cysteine and methionine metabolism
Motor proteins
Glyoxylate and dicarboxylate metabolism
Count
B
ERF8
MKK5
WRKY24
MPK1
SOD
F-box
C
AetAS60v1_1G03948.1
AetAS60v1_1G03902.1
AetAS60v1_1G03890.1
AetAS60v1_1G03862.1
AetAS60v1_1G03853.1
AetAS60v1_1G03849.1
AetAS60v1_1G03822.1
ERF8
AetAS60v1_1G03807.1
AetAS60v1_3G01389.1
AetAS60v1_1G03777.1
AetAS60v1_5G00901.1
AetAS60v1_1G03755.1
AetAS60v1_1G03754.1
AetAS60v1_1G03731.1
AetAS60v1_1G03724.1
AetAS60v1_1G03691.1
AetAS60v1_1G03665.1
AetAS60v1_1G03649.1
Log2(FPKM+1)
R_WL
R_CK
S_WL
S_CK
D
ERF8-SM969
E
ERF8-SM830
F
10 cm
erf8 CK
erf8 WL
WT CK
WT WL
G
WT erf8
Relative value
RRL
RRS
RRV
RRD
RRWC
RSWC
RTRN
RRFW
RRDW
RPH
RSFW
RSDW

*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转发