
大豆驯化研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9005.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！

中国科学院大豆分子设计育种重点实验室孔凡江/刘宝辉团队，多年以来对大豆开花进行了长期系统和深入的研究，以中国科学院东北地理与农业生态研究所为第二单位最近在国际杂志Nature Genetics发表了题为Stepwise selection on homeologous PRR genes controlling flowering and maturity during soybean domestication 的论文，首次在基因水平证明了“农作物驯化综合症”的发生。

团队利用大数据基因组学分析、生物信息学和经典正向遗传学相结合的方法，发掘了两个控制开花时间的关键位点Tof11和Tof12，并证明tof12的功能缺失突变首先被强烈选择，使大豆开花期提前，之后tof11的功能缺失型突变的发生，在tof12基础上再次受到选择，从而进一步缩短了栽培大豆的开花期和生育期，提高了栽培大豆的适应性和种植（图1）。该研究首次系统报道了作物驯化过程中开花期基因的进化与选择分子机制。

东北地理所曾于2017年在Nature Genetics上先期报道了大豆长童期基因J的克隆及进化机制研究成果（Natural variation at the soybean J locus improves adaptation to the tropics and enhances yield）。发现J基因功能缺失使大豆在短日照条件下仍能保持相对较长的营养生长，获得高产，使大豆种植在低纬度（尤其是南美地区）得以快速扩张，改变了世界大豆生产格局（图2）。两篇文章相互补充，为大豆品种适应性和产量分子育种提供了重要的理论依据和应用基础。

[文章链接](#)

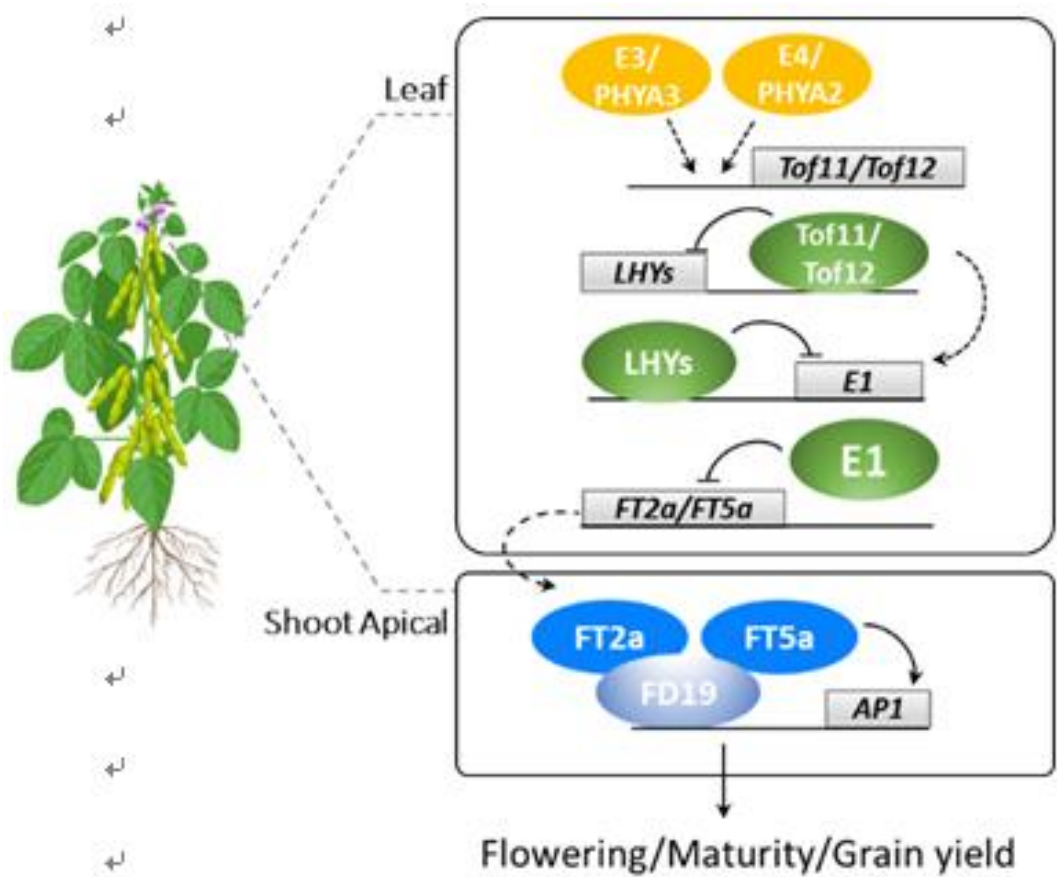


图1 大豆光周期开花和产量形成的分子模式图

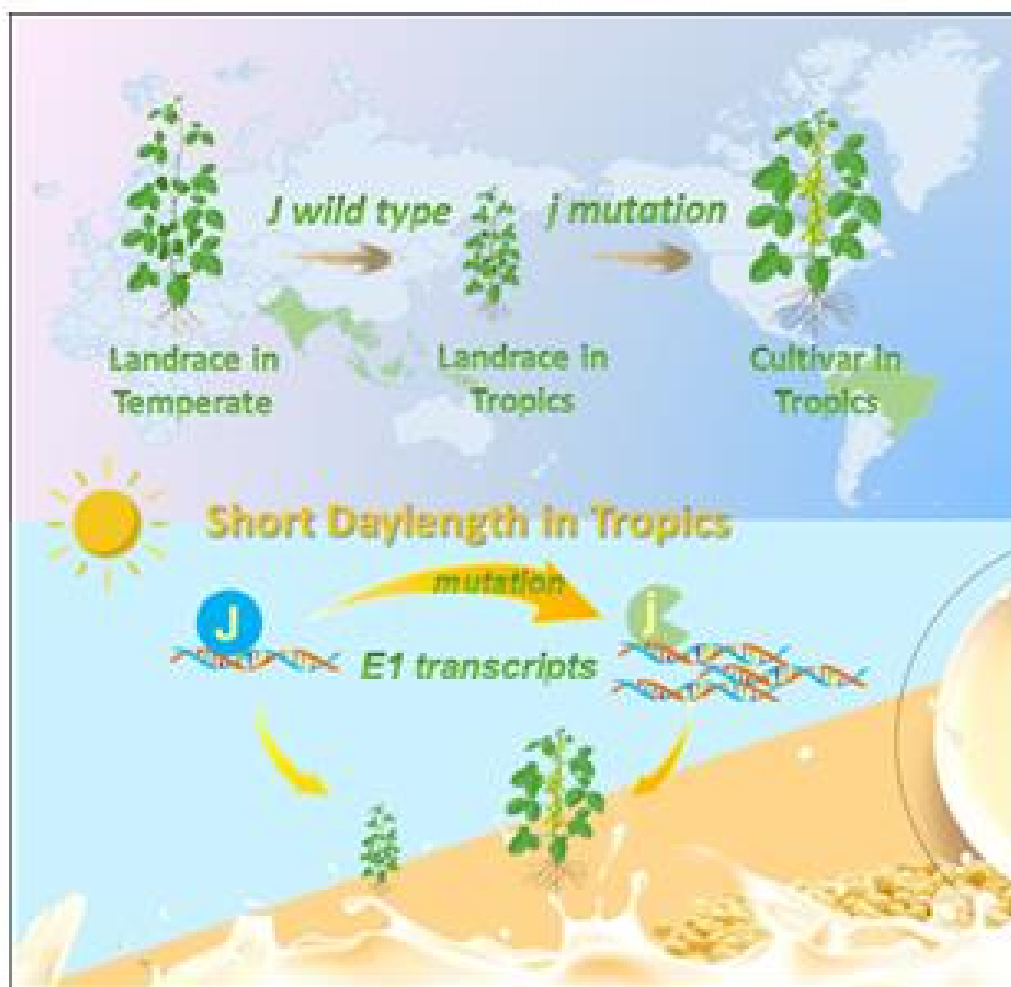


图2 大豆适应热带短日照地区的模式图

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

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