



当前位置: 首页>>科研成果>>高水平论文

Genomic analyses reveal the genetic basis of early maturity and identification of loci and candidate genes in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.)

期刊名称	Plant Biotechnology Journal	发表年份	2021
全部作者			
访问统计	772	添加时间	2021年09月18日

论文简介: 本研究利用收集的436份国内外变异广泛的陆地棉材料, 采用全基因组重测序方法, 构建了群体的SNP变异图谱, 通过对包含136份早熟棉资源在内的356份陆地棉材料进行深度重测序, 并结合公共数据库中的80份陆地棉材料共获得了10,118,884个高质量的SNPs。利用全基因组关联分析 (GWAS) 鉴定到控制陆地棉早熟性的307个显著遗传位点和重要调控基因。两个早熟遗传热点区域位于 D03和A05 染色体, 共包括88.92%的关联位点。其中在D03号染色体发现与标记rsD03_39122594紧密连锁的棉花早熟候选基因Ghir_D03G011310, 并发现其在短季棉育种历程中受到了强烈的人工选择。在A05号染色体发现Ghir_A05G017390和其在 Dt亚基因组中的同源基因与果枝始节位高度和株高显著关联。通过病毒诱导的基因沉默 (VIGS) 技术发现抑制Ghir_A05G017390在“中棉所50号”中的表达可以影响植株高度。本研究中鉴定的在现代育种过程中受选择的棉花早熟性位点和基因, 为将来棉花品种改良提供了理论依据。

原文链接: <https://doi.org/10.1111/pbi.13446>

打印本页

网站地图 | 联系我们 |



版权所有 中国农业科学院棉花研究所 豫ICP备12016946号-1 地址: 河南省安阳市黄河大道38号 邮编: 455000

Tel: (0372)2562200 E-mail: mianhuasuo@caas.cn 豫公网安备41050202000117号

技术支持: 中国农业科学院农业信息研究所

TOP