



iOS/Android 手机客户端



校园快讯 人才培养 科学研究 学术交流 社会服务 华农人物 狮山时评 媒体华农 南湖视点 电子校报

青春 光影 网视 悦读

首页 > 新闻 > 科学研究 > 正文

# 我校研发出高通量表型组新技术揭示玉米抗旱遗传机制

2021-06-25 19:53 作物遗传改良国家重点实验室 杨万能 我要| 扫描到手持设备 字号:

核心提示: 近日, 我校作物遗传改良国家重点实验室和湖北省洪山实验室代明球教授与杨万能教授团队联合研发出一种玉米抗旱高通量表型组技术, 揭示了玉米抗旱的遗传基础。

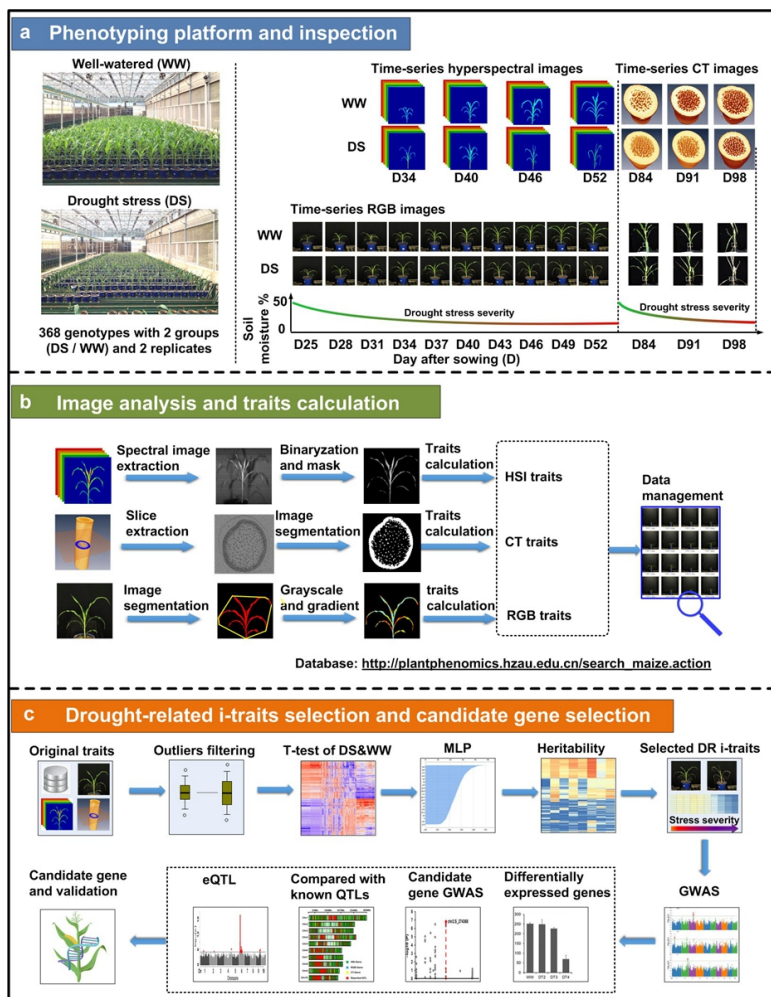


图1. 结合表型组 and 全基因组关联分析揭示玉米抗旱遗传机制。a.高通量表型平台及实验设计; b.高光谱成像 (HSI)、微型CT、RGB图像分析及图像性状i-traits提取; c.干旱胁迫相关图像性状筛选和后续功能基因挖掘

## 今日推荐

- 狮山大爱伴君行: 2020年毕业典礼隆重举行
- 2020年毕业典礼暨学位授予仪式组图
- 【毕业季】毕业生返校日: 温暖涌动狮山
- 【毕业季】生命的绽放: 万千纸鹤在这里翱翔
- 风雨无阻! “异曲同工”工学院2020年现代农业
- 华中农业大学师生青春告白祖国 立志强农兴农



## 新闻排行

浏览 评论

- 1 湖北省省长王忠林来校调研
- 2 2022“狮子山杯”足球赛(研究生)男足比赛揭
- 3 湖北省委副书记李荣灿来校调研
- 4 【特别关注】探寻那“524道尔顿”的神秘
- 5 我校农业资源与环境经济团队在能源转型、新冠
- 6 【师者】胡先文: 用真情托举学子青春梦
- 7 国家重点研发计划“长江中下游坡耕地红黄壤与
- 8 校领导班子召开2022年第9次调度会
- 9 严建兵教授荣获L. Stadler Mid-Career Award
- 10 华中农业大学第九届教职工代表大会暨第十七届

## 推荐图片



定格青春 “我与校长 拍张照”



纸鹤与梦想齐飞翔

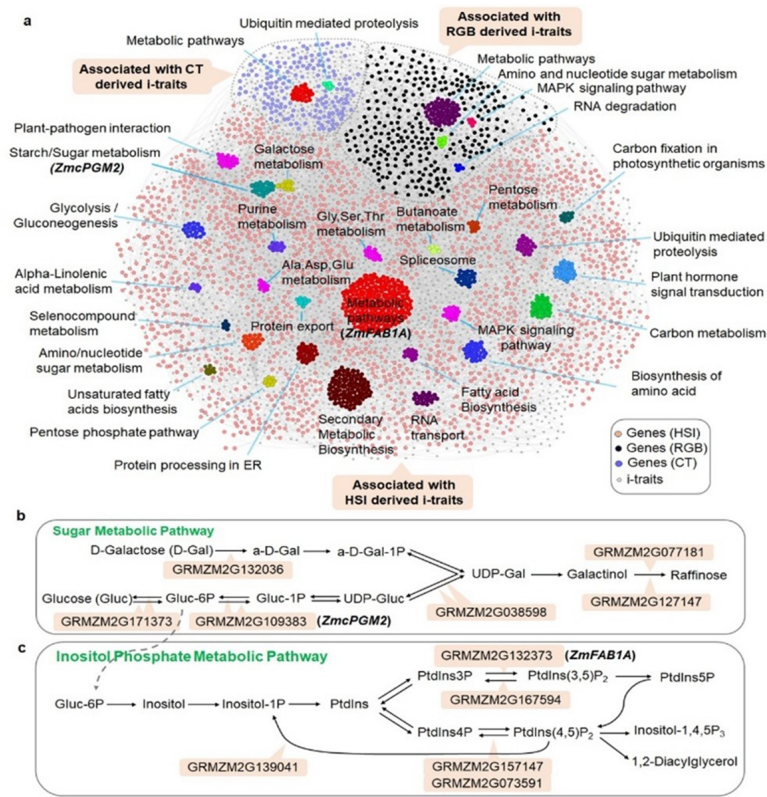


图2. 玉米干旱胁迫响应图像性状*i*-traits的遗传解析。a.基因和图像性状*i*-traits的关联网络;b.候选基因在糖代谢通路富集; c.候选基因在磷酸肌醇代谢通路富集。

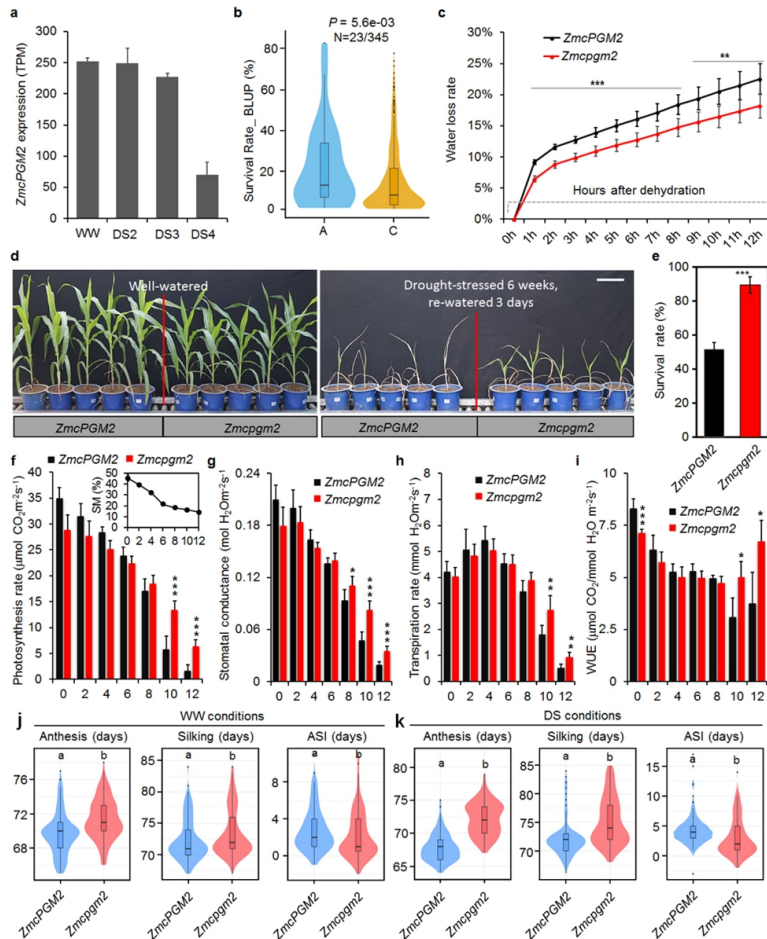


图3. 候选基因*ZmcPGM2*的抗旱功能验证。a. *ZmcPGM2*在不同干旱胁迫下的表达分析; b.单倍型分析; c.突变体和野生型叶片失水率比较; d-e.突变体和野生型干旱胁迫下存活率比较; f-i.突变体和野生型干旱胁迫下光合表型比



“钢铁长龙”毕业巡游  
欢乐举行



吹响狮山号角: 2021  
年毕业典礼隆重

推荐视频

较; j-k.突变体和野生型在正常浇水和干旱胁迫下花期表型 (ASI) 比较。

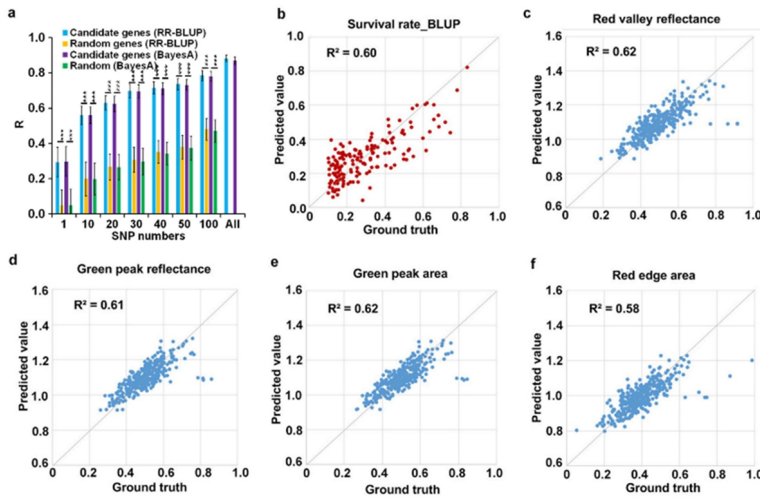


图4. 候选基因和图像性状*i*-traits预测玉米存活率。a.利用全基因组选择模型对玉米存活率进行预测; b.利用15个图像性状*i*-traits预测玉米存活率; c-f. 15个图像性状预测4个光谱指数。

南湖新闻网讯 (通讯员 标行) 近日, 我校作物遗传改良国家重点实验室和湖北省洪山实验室代明球教授与杨万能教授团队联合研发出一种玉米抗旱高通量表型组技术, 揭示了玉米抗旱的遗传基础。相关研究以 “Using high-throughput multiple optical phenotyping to decipher the genetic architecture of maize drought tolerance” 为题发表于国际学术期刊Genome Biology。

近年来, 日益频繁的气候干旱已成为导致玉米减产的主要自然灾害之一, 严重的干旱甚至会导致玉米颗粒无收, 造成巨大经济损失。因此, 如何有效的提高玉米的耐旱性, 培育抗旱新品种是保障粮食安全的迫切需求。

玉米抗旱研究离不开高通量表型精准鉴定, 但由于 “表型瓶颈”, 即传统的干旱表型性状获取手段存在测量通量低、耗时费力、精度不高、破坏性等缺点, 目前已经不能满足飞速发展的植物抗逆基因组学的需求, 严重阻碍了玉米抗旱资源的挖掘。近年来, 以智能化、高通量、动态无损测量为主要特征的表型组学技术迅猛发展, 使得多时空多尺度表型检测成为可能, 可实现作物全生育期表型动态精准鉴定。

该研究基于我校高通量作物表型平台, 结合高光谱、微型CT、RGB多光学成像技术对368份玉米自然群体材料在多个生长时期、正常浇水和干旱胁迫下的玉米表型进行连续无损检测, 并自主研发多光学图像批处理程序分析并提取图像性状(Image-based traits, *i*-traits), 通过筛选最终获得10,080个与干旱胁迫相关的图像性状 *i*-traits。

研究团队结合全基因组关联 (GWAS) 分析鉴定到2,318个与干旱胁迫相关的候选基因, 结合候选基因通路富集分析结果构建了基因和图像性状的关联网络。为了验证候选基因在调控光谱表型和抗旱性上的生物功能, 团队进一步从候选基因中筛选、确定了2个未知抗旱功能的基因ZmcPGM2 (参与糖代谢) 和ZmFAB1A (参与磷酸肌醇代谢)。基于突变体的研究表明, ZmcPGM2和ZmFAB1A能够调控相应表型并负调控玉米抗旱。

团队进一步对干旱胁迫响应相关图像性状*i*-traits进行分析, 筛选到15个图像性状*i*-traits能够很好的预测玉米存活率, 且这15个图像性状和已知光谱指数 (红谷、绿峰、绿谷、红边等) 具有较高相关性, 预示着它们在玉米的抗旱育种改良中可能具有重要的应用价值, 可作为潜在的干旱胁迫响应相关生物标记。



本研究提出了一种玉米抗旱基因挖掘的新思路和新方法，并基于本方法揭示了玉米抗旱的遗传基础以及驯化和改良中丢失的潜在抗旱位点，为玉米抗旱遗传改良和抗旱育种提供了新的基因资源和丰富的遗传“宝库”。

我校作物遗传改良国家重点实验室博士生伍玺和信息学院冯慧老师为论文的共同第一作者，代明球教授和杨万能教授为共同通讯作者。本研究得到了国家重点研究发展计划、国家自然科学基金、北京市杰出青年科学家计划和中央高校基础研究基金的资助。

据了解，我校作物表型团队一直致力于作物表型技术自主研发与应用，相关技术已成功应用于水稻、玉米、棉花等作物抗旱遗传解析。研究结合高通量表型技术和遗传分析技术不仅为作物功能基因组和作物育种研究提供新颖评价指标，而且将复杂性状解析成简单且高遗传力的图像性状，为作物抗旱等复杂性状遗传结构解析提供一种新方法和新思路。

审核人：杨万能

#### 【英文摘要】

#### Background

Drought threatens the food supply of the world population. Dissecting the dynamic responses of plants to drought will be beneficial for breeding drought-tolerant crops, as the genetic controls of these responses remain largely unknown.

#### Results

Here we develop a high-throughput multiple optical phenotyping system to noninvasively phenotype 368 maize genotypes with or without drought stress over a course of 98 days, and collected multiple optical images, including color camera scanning, hyperspectral imaging, and X-ray computed tomography images. We develop high-throughput analysis pipelines to extract image-based traits (i-traits). Of these i-traits, 10,080 were effective and heritable indicators of maize external and internal drought responses. An i-trait-based genome-wide association study reveals 4322 significant locus-trait associations, representing 1529 quantitative trait loci (QTLs) and 2318 candidate genes, many that co-localize with previously reported maize drought responsive QTLs. Expression QTL (eQTL) analysis uncovers many local and distant regulatory variants that control the expression of the candidate genes. We use genetic mutation analysis to validate two new genes, ZmcPGM2 and ZmFAB1A, which regulate i-traits and drought tolerance. Moreover, the value of the candidate genes as drought-tolerant genetic markers is revealed by genome selection analysis, and 15 i-traits are identified as potential markers for maize drought tolerance breeding.

#### Conclusion

Our study demonstrates that combining high-throughput multiple optical phenotyping and GWAS is a novel and effective approach to dissect the genetic architecture of complex traits and clone drought-tolerance associated genes.

论文链接:

<https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-021-02377-0>

相关阅读

关键词: 高通量 玉米抗旱遗传 表型组技术

[杨万能教授做客学术沙龙谈作物表型组](#) 2019-04-23

[200名学者来校研讨基于高通量测序数据的统计基因组学新方法](#) 2018-05-16

责任编辑: 蒋朝常 穆庚辰

[复制网址](#)

[打印](#)

[收藏](#)

11

67.1K

网友评论

已有 0 人发表了评论

您需要登录后才可以评论, [登录](#) | [注册](#)

[发表评论](#)

[关于我们](#) | [联系方式](#) | [加入我们](#) | [版权声明](#) | [友情链接](#) | [举报平台](#)

Copyright 2000-2005 HZAU ALL Rights Reserved

版权所有: 华中农业大学

网站运营: 党委宣传部(新闻中心)