

您的位置: 首页 / 首页 / 学术科技 / 正文

## 学院油菜分子育种团队系统综述油菜角果数的遗传调控机制

发布时间2024-02-26 10:56:49 作者: 王辉 浏览次数: 603 次

甘蓝型油菜是我国重要的油料作物，其产量及产量相关性状的遗传改良对于提高油菜产量具有重要意义。学院油菜分子育种研究团队近期在国际权威期刊Plant Biotechnology Journal（一区TOP期刊，IF2024 = 13.8）发表题为Exploring silique number in *Brassica napus* L.: Genetic and molecular advances for improving yield的综述论文。该论文从遗传、激素和环境等方面对油菜角果数的研究进行了系统综述，综合分析了拟南芥角果数和水稻穗粒数的遗传调控网络，提出了油菜角果数形成可能的遗传调控机制。



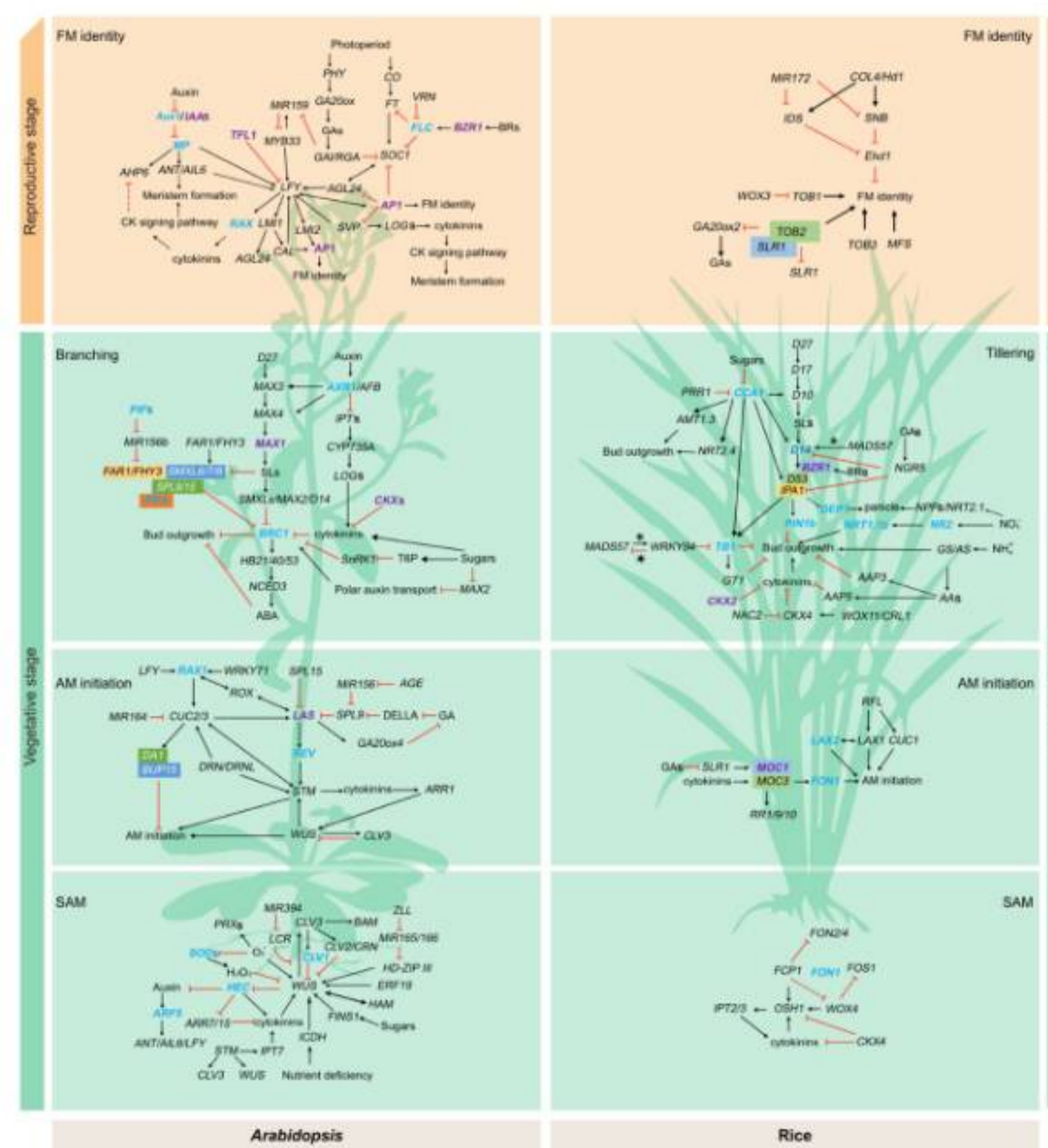
Review Article | Open Access | CC BY

### Exploring silique number in *Brassica napus* L.: Genetic and molecular advances for improving yield

Hui Wang, Xiaodong Li, Boyu Meng, Yonghai Fan, Shahid Ullah Khan, Mingchao Qian, Minghao Zhang, Haikun Yang, Kun Lu

First published: 22 February 2024 | <https://doi.org/10.1111/pbi.14309>

油菜角果数是复杂的数量性状，变异幅度大，易受环境因素影响。该研究整合了多个遗传群体定位结果，鉴定出174个角果数及相关性状的QTLs/QTNs，获得22个重要定位区间和240个调控油菜角果数候选基因，其中部分候选基因已在油菜中进行了功能验证，如*BnaA02.AP1*和*BnaTFL1*等。同时，总结了基因（如*BnaA02.AP1*、*BnaTFL1*、*BnaA01.ERF114*和*BnaLAS*）、激素（如生长素、细胞分裂素和独脚金内酯代谢途径关键基因*BnaA03.IAA7*、*BnaA09.CKX2*、*BnaMAX1*和*BnaD14*等）和环境因子（种植密度和营养供给）调控油菜分枝和花芽形成，增加单株角果数，提高油菜产量的机制。为进一步理解油菜角果数的调控机制。该研究对模式植物拟南芥和水稻茎尖分生组织生长发育、腋芽起始和伸长及花芽形成等生物学过程的调控机制进行了系统梳理，对*AP1*、*TFL1*、*LAS*、*MAX1*和*D14*等基因的分子机制进行总结；此外，还整理了调控拟南芥角果数形成关键转录因子WUS、AP1、LFY、STM、FLC、REV、SVP和SOC1的ChIP-seq结果，鉴定出包含146个角果数候选基因在内的13793个靶基因，以此构建了一个包含62个关键转录因子的基因调控网络，为油菜角果数和其他作物相关性状的分子机制研究提供参考。



学院博士后王辉和博士生黎小东为论文共同第一作者，卢坤教授和王辉博士为论文共同通讯作者。研究得到国家重点研发计划（2022YFD1200400）、国家自然科学基金（32272111、32250410284）、西南大学青年团队专项资金（SWU-XJPY202306）、重庆英才计划项目（cstc2021ycjhbzxm0033）、重庆市现代农业产业技术体系（COMAITS202304）和重庆种质资源库（ZWZZ2020004）等项目支持。

论文链接: <https://doi.org/10.1111/pbi.14309>