



科学研究

科研团队

科研平台

科研进展 >

科研进展

当前位置: 首页 >> 科学研究 >> 科研进展 >> 正文

我院超级稻中心研究团队在东乡野生稻抗旱有利基因挖掘上取得新进展

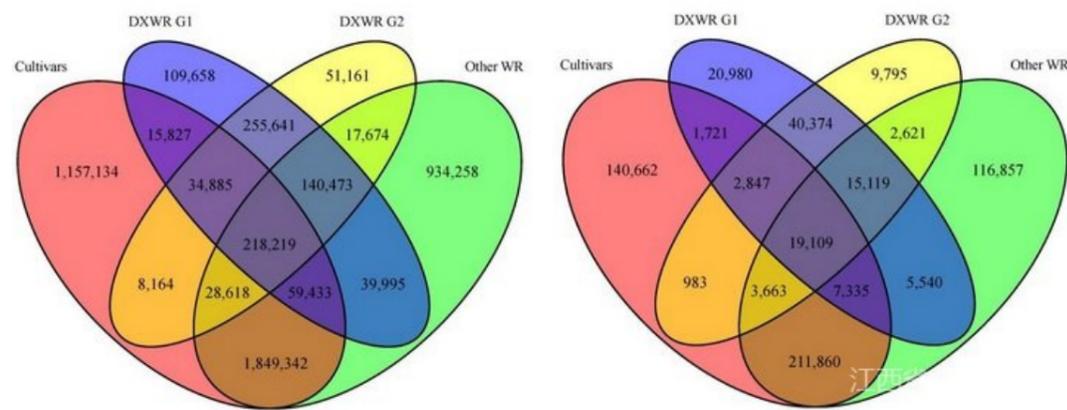
发布日期: 2022-12-05 作者: 陈虹 来源: 超级水稻研究发展中心 点击: 27

12月3日, 江西省超级水稻研究发展中心聂元元课题组在Agronomy(IF=4.117)上在线发表了题为“Genetic diversity and population differentiation of Dongxiang wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) based on SNP markers”的研究论文。该研究通过比较东乡野生稻异位保存圃220个株系材料与其他普通野生稻及栽培稻变异位点, 发现东乡野生稻具有丰富的特有遗传变异, 可以作为栽培稻育种重要基因资源。依据核基因组分类的两亚群间有31个高分化区间, 包含1233个基因, 同时两个亚群间存在抗旱性差异, 尤其是深根比介导的避旱性差异明显。这是该团队继今年2月份在Rice Science ((IF=4.412)上发表的“Dissecting Genetic Basis of Deep Rooting in Dongxiang Wild Rice”的后续工作, 结合连锁分析、目标区段关联分析和多组学分析深入挖掘东乡野生稻抗旱基因, 克隆多个抗旱候选基因并进行初步功能验证。同时通过开发“东野型”抗旱基因分子标记, 创制“东野型”抗旱种质资源, 培育具有自主知识产权的“东野型”抗旱水稻新品种。

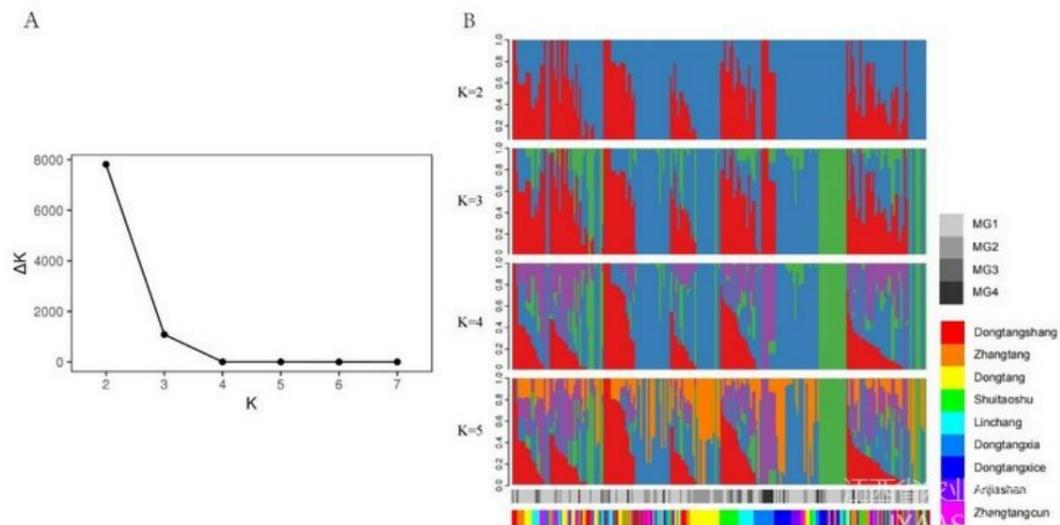
该研究得到了江西省揭榜挂帅重大项目、江西省重点研发计划和江西省现代农业科研协同创新专项的支持。近年来, 该团队一直致力于东乡野生稻抗旱有利基因挖掘利用和节水抗旱稻新品种选育工作, 已选育优质香型三系不育系元香A、华优8210通过品种审定并完成转化, 选育节水抗旱稻早优8210通过国家区试和生产试验。

原文链接: <https://doi.org/10.3390/agronomy12123056>

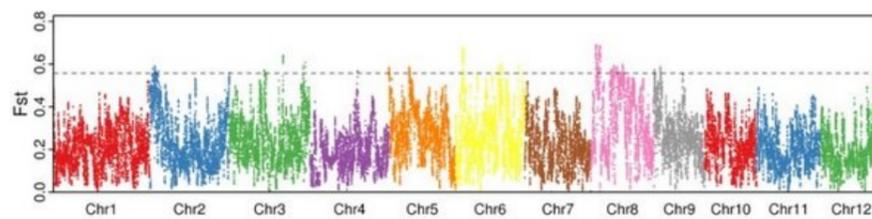
<https://doi.org/10.1016/j.rsci.2021.11.002>



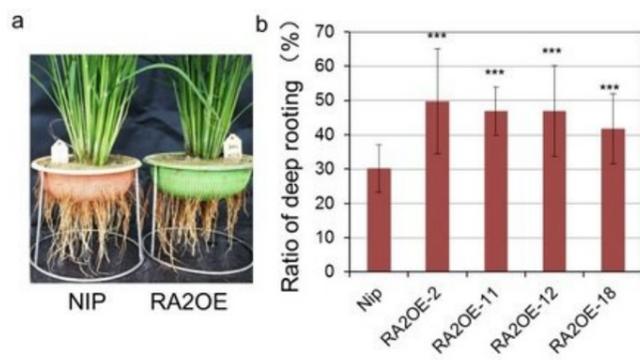
东乡野生稻两个亚群和栽培稻、其他普通野生稻变异SNP(A)和Indel(B)韦恩图



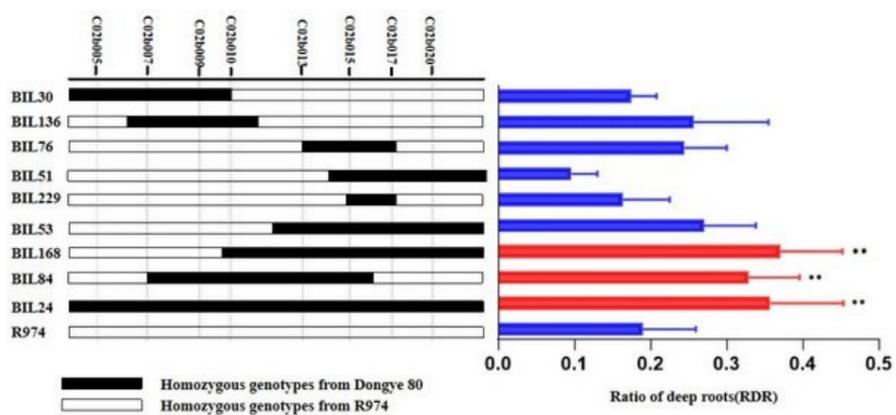
东乡野生稻群体不同K值 ΔK 的变化趋势图(A)和群体结构 (B)



东乡野生稻两个亚群间遗传分化指数 (Fst) 的全基因组 (100kb窗口, 50K步移) 分布



超表达RA2基因显著提高了转基因水稻的深根比



导入qRDR2.2不同区段深根比表型

上一条: 超级稻中心召开2022年科研工作总结会暨科研交流报告会

下一条: 我院在鄱阳召开优质高产耐热水稻新品种“唐两优郁香占”测产会

手机版

地址: 江西省南昌市南莲路602号 邮编: 330200

Copyright © 2019 JXAAS. 江西省农业科学院 版权所有 技术支持: 院经信所 网站邮箱: jxaas@126.com