



>>> 豆科植物E1同源基因功能保守性与功能分化研究及应用

本发明菜豆和蒺藜苜蓿为代表性植物，明确了E1基因家族的功能保守性和分化。在大豆中超表达菜豆来源的PvE1L表现出与抑制开花的功能，而超表达蒺藜苜蓿来源的MtE1L则对大豆的开花无明显影响，但对大豆植株的株型产生了一定的影响。E1基因转入拟南芥或水稻中，未见明显的花期表型。对筛选获得的蒺藜苜蓿Tnt1插入突变体mte1l进一步分析，MtE1L突变引致植株晚花，表明MtE1L在蒺藜苜蓿具有促进开花的功能。本研究揭示来源大豆近缘种菜豆的PvE1L基因与来源于蒺藜苜蓿的MtE1L在调控开花的功能上出现了明显的分化，且功能分化与E1基因家族的进化及基因组扩增相关联。

本成果为进一步研究豆科植物中光周期调控网络及分子育种奠定了基础。

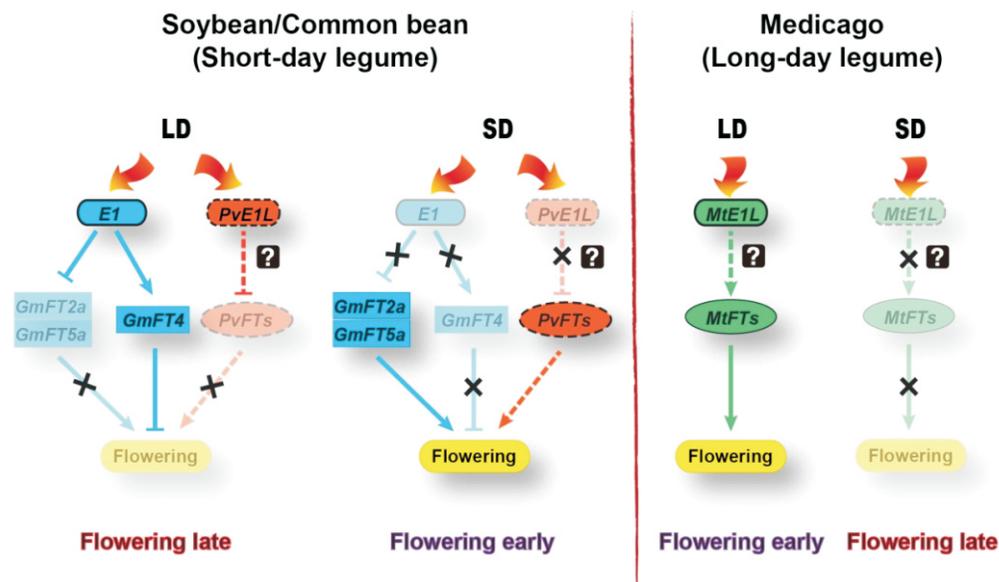


图:豆科植物中E1基因家族调控开花模式预测图。其中PvE1L为菜豆 (common bean) 来源的E1同源基因具有抑制开花的功能; MtE1L为蒺藜苜蓿(Medicago truncatula)来源的E1同源基因具有促进开花的功能。

本发明发表在Sci Rep. 6:29548; 专利受理号201610594794.8

技术联系人: 夏正俊, xiazhj@iga.ac.cn, 0451-87501708

翟红, zhaih@iga.ac.cn, 0451-87501708

联系单位: 中国科学院东北地理与农业生态研究所

联系地址: 哈尔滨市哈平路138号 邮政编码: 150081

单位联系人: 王明全, wangmingquan@iga.ac.cn, 13089412237