

蒙古莜种群遗传变异及环境适应性研究

刘超 纪若璇 于笑 马茹暄 夏新莉 尹伟伦

(北京林业大学生物科学与技术学院, 林木育种与生态修复国家工程研究中心, 林木遗传育种全国重点实验室, 北京, 100083)

摘要:【目的】揭示蒙古莜不同种群表型性状的遗传多样性和地理变异规律, 明确蒙古莜不同地理种群的群体遗传分化特征及影响遗传分化的环境因素, 为蒙古莜种质资源保护和可持续利用提供理论参考。【方法】以天然分布的 40 个蒙古莜种群为材料, 分析不同种群蒙古莜的株型、叶型及叶功能性状特征, 及其与环境因子的关系。设置 7 个蒙古莜种群同质园试验, 排除环境梯度的影响, 分析蒙古莜不同种群表型结构差异的环境变化响应。借助三代 PacBio 测序技术以及 Hi-C 组装技术, 获得高质量的完整蒙古莜染色体级别基因组图谱。通过 GBS 简化基因组测序技术, 鉴定了 17 个蒙古莜天然种群的 SNP 标记, 对蒙古莜种质资源开展群体遗传多样性评价, 鉴定影响蒙古莜遗传变异的关键气候因子, 探索蒙古莜群体的遗传分化与气候因子间的关联。【结果】蒙古莜不同种群表型性状存在显著差异, 表型性状变异系数范围在 0.102-0.507 之间, 遗传多样性指数范围在 1.625-2.086 之间。各性状之间存在特定的共变模式, 株型、叶型和叶经济性状之间有紧密的联系。种源地经纬度、气温、降水等对表型结构指标有显著的影响, 对叶表型结构指标的解释程度为 34.09% - 81.43%, 对株型结构指标的解释程度为 13.83% - 59.26%。通过 PacBio 测序技术以及 Hi-C 组装技术, 获得了 375Mb 蒙古莜基因组序列, 13 条染色体的挂载率为 97.45%。基于 SNP 标记的系统发育分析、主成分分析和结构分析显示蒙古莜群体内部存在一定的遗传分化, 所有个体可以聚类为两个群体。与种群间 (9.03%) 相比, 大多数遗传变异存在于种群内 (90.97%)。【结论】蒙古莜种质资源表型变异丰富, 多样性水平高。蒙古莜表型性状与环境因子密切相关, 不同种群同质园验证了种源地气候差异驱动的遗传变异是引起不同种源表型结构差异的重要因素。遗传分析表明种群内的变异是蒙古莜表型变异的主要来源。光辐照量 (OR)、年最低温 (MIT) 和年均降水量 (MAP) 确定为影响遗传变异的三个重要环境因子。

关键词: 蒙古莜; 种群; 表型多样性; 遗传变异; 环境适应