

重测序发掘大花序桉生长性状关联的遗传变异研究

赵婧仪^{1,2} 周长品^{2*}

东北林业大学林木遗传育种国家重点实验室 哈尔滨 150006; 2.中国林业科学研究院热带林业研究所 热带林业研究国家林业局重点实验室 广州 510520)

摘要:【目的】大花序桉(*Eucalyptus cloeziana*)是优良的实木用材树种,其生长的遗传变异和关联基因组位点的研究对理解重要性状的遗传规律和挖掘分子育种的基因组资源有着重要的作用。根据林木的连锁不平衡开展关联分析,建立树高、胸径等生长表型性状与遗传变异的关联性,找到调控性状的关联基因,鉴别候选的关键调控基因。【方法】通过 IlluminaHiSeq™ 高通量测序平台对来源于澳大利亚昆士兰州的大花序桉群体,后引种至广西的 391 份大花序桉种质资源进行简化基因组测序,以巨桉为参考基因组进行 SNP 位点的挖掘,结合 14 和 18 年生树高、胸径生长性展全基因组关联研究,对重要候选位点进行功能注释。【结果】对 391 份大花序桉个体进行重测序,共获得 8359049 个 SNP 位点,通过基因型过滤获得 167589 个高质量 SNP 位点用于后续分析。通过构建个体间进化树、PCA 主成分分析、群体结构分析、亲缘关系分析均表明该大花序桉群体分为两个亚群,分为大花序桉北部群体和南部群体。对比一般线性模型(General Linear Model)、(General Linear Model, Q 模型)、混合线性模型(Mix Linear Model, Q 模型)以及(Mix Linear Model, Q+K 模型)的分析结果,确定最优模型为一般线性模型(General Linear Model, Q 模型)。通过 Bonferroni 校正阈值($P < 5 \times 10^{-6}$),共获得与 14 年生胸径显著关联位点 31 个,与 14 年生树高显著关联位点 12 个,与 18 年生胸径显著关联位点 8 个,与 18 年生树高显著关联位点 18 个。鉴定了 16 个与 14 年生胸径相关的候选基因,其编码 4-内切葡聚糖酶、钙调磷酸酶 B 样蛋白、抗病蛋白(TIR-NBS-LRR 类)、AP2/ERF-B3 类转录因子等。6 个与 14 年生胸径相关的候选基因,其编码植物转录因子 TIFY 家族蛋白、转化生长因子受体相关蛋白、ACC 氧化酶、环核苷酸门控离子通道等。7 个与 18 年生胸径相关的候选基因,其编码生长素转运蛋白、F-box 家族蛋白、N-乙酰基转移酶 II(NAT2)等。10 个与 18 年生树高相关的候选基因,其编码糖基转移酶(唾液转移酶)家族蛋白、AGL6 亚家族蛋白、抗病蛋白(LRR 类)等。【结论】对大花序桉 14 年生和 18 年生树高、胸径开展全基因组关联分析,共鉴定出 69 个 SNP 位点,挖掘出 39 个候选基因,这些候选基因多参与调节细胞分化,调控植物茎、叶的生长发育,响应各种胁迫、调控植物生理代谢等蛋白质合成有关。

关键词: 大花序桉; GBS 测序; SNP; 全基因组关联研究; 生长性状