

元宝枫全基因组简单重复序列标记的开发及可转移性分析

龙羿辛¹, 王君^{1*}

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

摘要: 元宝枫 (*Acer truncatum* Bunge) 是一种多用途木本树种, 在生物活性物质和不饱和脂肪酸 (尤其是神经酸) 的生产方面具有较高的经济和药用价值。然而, 由于缺乏完善的分子标记系统, 元宝枫种质资源的开发和评价受到限制。基于元宝枫全基因组序列开发了一套简单重复序列 (SSR) 标记。1) 在基因组序列中共鉴定出 462331 个 SSR 位点, 其中 99.3% (459193) 位于 13 条染色体上。染色体长度与染色体上的 SSR 位点数目呈正相关 ($r=0.997, P<0.001$)。 (A/T)_n、(AT/TA)_n 和 (AAT/ATT/TAA/TTA/TTA/TAT/ATA)_n 分别是最常见的单核苷酸、二核苷酸和三核苷酸重复基序, 表现出 A/T 碱基偏倚。2) 通过 BLASTN 和电子聚合酶链式反应 (PCR) 分析, 筛选出 199990 个具有特定物理位置的位点。3) 大多数 SSR 位点位于基因间区, 且编码序列 (CDSs) 中的位点最少。具有三核苷酸和六核苷酸重复基序的位点在 CDSs 中的频率最高, 可能有利于维持基因功能和结构的稳定性。4) 在随机选择的 105 个 SSR 标记中, 82 个 (78.1%) 表现出等位基因多态性, 多态性信息含量 (PIC) 为 0.032~0.926 (平均 0.481)。非编码区中 SSR 的 PIC 显著高于 CDS 中的 SSR。5) 105 个标记在其他 7 种槭属植物中的可转移性为 48.6~59.0%。大量的有效 SSR 标记为槭属植物的群体遗传学、保护遗传学、连锁图谱、比较基因组学和分子标记辅助育种研究提供了有力工具。