

基于文冠果(*Xanthoceras sorbifolium* Bunge.)基因组 SSR 标记的开发及初步验证

乐琳琳¹ 曹福亮^{1*} 杨晓明¹ 郁万文¹ 蔡金峰¹ 汪贵斌¹ 李守科² 赵祥树²

(1 南京林业大学南方现代林业协同创新中心, 南京, 210037; 2 山东沃奇农业开发有限公司, 潍坊, 262100)

摘 要: 【目的】基于文冠果全基因组信息开发文冠果 SSR 标记, 为文冠果种质资源鉴定和遗传图谱的构建奠定基础。【方 法】以文冠果基因组为分析材料, 分别利用 Krait、Primer 软件查找 SSR 位点和设计 SSR 引物, 并利用 1%琼脂糖凝胶和聚乙丙烯凝胶进行初步筛选和多态性筛选。【结果】结果可知, 文冠果全基因组全长 477 586 502 bp, 共存在 253 336 个 SSR 位点, 平均每 1 870 bp 出现一个 SSR 位点, GC 含量为 34.96%; 不同染色体上的 SSR 位点数量不同, 其中, SSR 位点数量最多的是 1 号染色体, SSR 位点数量最少的是 15 号染色体。SSR 位点的平均长度为 18.92 bp, 且重复单元中单核苷酸到六核苷酸的数量呈下降趋势。SSR 位点的重复次数主要集中在 4~13 次重复范围内, 且同一重复类型, 重复次数越多, SSR 位点出现的频率越低。文冠果基因组中共存在 268 种 SSR 重复类别, 重复基元种类随重复次数增加而增加。单核苷酸、二核苷酸、三核苷酸、四核苷酸、五核苷酸、六核苷酸的重复单元中, 出现最多的分别是 A/T, AT/AT, AAG/TTC, AAAT/TTTA, AAAAT/TTTTA 和 AAAACG/TTTTCG, 显示出明显的 A/T 偏好性。虽然不同的 SSR 重复单元的序列长度有所不同, 但其均显示出 SSR 重复单元的序列长度的增加, 而 SSR 位点数减少的趋势。进一步利用 6 份不同种源的文冠果对待测引物进行多样性分析, 得到 30 对条带清晰、多态性好的 SSR 引物。【结论】文冠果基因组 SSR 位点具有较高的出现频率和分布密度, 基元类型和重复次数相对较高, 具有高多态性的潜能, 可以进行有目的的引物设计和开发。

关键词: 文冠果(*Xanthoceras sorbifolium* Bunge.); 基因组; SSR; 标记开发