

火炬松和湿地松 51K 液相芯片的开发及其在湿地松 GWAS 研究中的应用

刁姝¹, 丁显印¹, 栾启福¹, 陈志强², 吴夏明², 李新春³, 张旖旎¹, 孙嘉铭¹, 吴亚荻¹, 姜景民¹

(1. 中国林业科学研究院亚热带林业研究所 杭州 311400; 2. 瑞典农业大学 瑞典 999027;

3. 北京胜时代有限公司 北京 100000)

摘要正文:

火炬松 (*Pinus taeda*) 和湿地松 (*Pinus elliottii*) 是全球重要的经济和生态树种, 自 20 世纪 30 年代引入我国以来, 在亚热带和热带地区广泛种植。为了解决其传统育种周期长的问题, 亟需开展分子标记辅助育种研究, 加速其育种进程。然而, 松树基因组庞大而复杂, 基于传统方法的分子标记检测和现代的重测序等手段, 均难以有获、经济地获取基因组范围内的 SNPs 分型数据。本研究旨在开发湿地松和火炬松等松树大样本基因组范围内 SNPs 检测的液相芯片。我们以火炬松 V2 版基因组为参考, 整合了 (1) 49 个湿地松简化基因组检测 (ddRAD-seq) 获取的 SNPs; (2) 240 个湿地松转录组测序获取的 SNPs; (3) 376 个火炬松外显子捕获测序获取的 SNPs; (4) 1 万余个已发表与火炬松表型性状相关的 SNPs (5) 湿地松特异转录本, 开发了 51K 液相芯片。利用 51K 液相芯片对湿地松、火炬松和加勒比松进行靶向捕获测序, 平均的靶向捕获效率为 68.26%, 基于 28,670 个 SNPs 进行的主成分分析、系统发育分析和遗传结构分析进一步表明, 该芯片可有效地应用于三个物种。此外, 我们还利用该芯片完成 221 个湿地松全基因组关联研究 (GWAS), 发现 95 个 SNPs 与湿地松生长和材性性状明显关联, 其中包括了位于调节细胞周期和分化相关的 *MYB2* 和 *MYB46* 转录因子, 以及 *AP2/ERF* 和糖基水解酶上的等位遗传变异。

*栾启福为通讯作者