

基于BSA法的稗属牧草抽穗期QTL定位及候选基因分析¹

张刚^{1,2}, 朱林^{1,2,*}, 包玉国³

(1.宁夏大学生态环境学院,银川 750000 ; 2.西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地,银川 750000 ; 3. 宁夏大学林草学院,银川 750000)

摘要:【目的】为培育不同生育期(早、中、晚熟)的稗草新品种,满足不同地域、不同生产需求及解析调控稗属牧草抽穗期遗传分子机制、促进盐碱地农牧产业的发展提供科学依据。【方法】本研究以抽穗期具显著差异的湖南稷子(*Echinochloa frumentacea*)和宁夏无芒稗(*Echinochloa crusgalli*)作亲本进行杂交而获得的 F2:3 群体为试验材料,利用 BSA-seq 技术对控制稗属牧草抽穗期的数量性状位点(QTL, quantitative trait locus)进行定位,并用 GO、KEGG 和 NR 数据库对候选基因进行功能注释。【结果】结果表明:4 个样本共检测到的 SNP 变异位点宁夏无芒稗 2610012 个、湖南稷子 2629037 个、早抽穗池 2829785 个、晚抽穗池 2743678 个。InDel 变异位点宁夏无芒稗 429336 个、湖南稷子 435461 个、早抽穗池 489104 个、晚抽穗池 467913 个。通过关联分析在 6 号染色体和 16 号染色体上分别定位了两个大小分别为 9.9Mb 包含 944 个基因和 0.19Mb 包含 17 个基因的候选区间 qHD-6-1 和 qHD-16-1。对 qHD-6-1 和 qHD-16-1 所包含的基因进行深度功能注释,根据注释信息从 qHD-6-1 的 944 个基因中筛选出 81 个基因推测为候选基因,这些基因主要富集于苯丙烷生物合成途径(ko04120)、泛素介导的蛋白水解(ko00940)、多糖结合(GO:0030247)、蛋白质泛素化(GO:0016567)、泛素依赖性蛋白质分解代谢过程(GO:0006511)。从 qHD-16-1 的 17 个基因中筛选出 7 个基因推测为候选基因,这些基因显著富集于半胱氨酸合成酶活性(GO:0004124)、丝氨酸生物合成半胱氨酸的过程(GO:0006535)、半胱氨酸生物合成过程(GO:0019344)、半胱氨酸代谢过程(GO:0006534)、蛋白质-DNA 复合物组装(GO:0065004)、DNA 代谢过程的调控(GO:0051052)。参与的代谢途径为硫代谢(ko00920)、半胱氨酸(Cys)和蛋氨酸(Met)代谢(ko00270)、同源重组(ko03440)。其中有两个基因在 NR 数据中没有功能注释,推测这 2 个基因可能是控制稗属牧草抽穗期的潜在新基因。【结论】本研究利用 BSA-seq 技术挖掘到控制稗属牧草抽穗期的两个数量性状位点 qHD-6-1 和 qHD-16-1,并从中筛选出 88 个基因推测为候选基因。但植物抽穗的生理过程复杂,且目前对稗属牧草抽穗期遗传调控方面的研究还尚缺乏,关于这些基因是否是调控稗属牧草抽穗期的关键基因及其调控机理将在后续的工作中进行分析和验证。

关键词: 稗属牧草; 抽穗期; BSA; QTL 定位; 候选基因分析

¹基金项目: 宁夏自然科学基金项目(2022AAC03086)

第一作者简介: 张刚, 男, 贵州凯里人, 硕士研究生, 主要从事植物生态学研究; E-mail: zhanggangCHINA@outlook.com

*通讯联系人: 朱林, 男, 宁夏银川人, 教授, 博士, 硕士生导师, 主要从事植物水分生理和生态学研究; E-mail: zhulinscience@126.com