

杨树重要性状基因挖掘与功能验证

张磊, 胡建军*

(中国林业科学研究院林业研究所 北京 100091)

摘 要: 杨树是世界重要绿化造林树种, 我国不仅拥有多生态区杨树天然资源, 还培育出了许多优良杨树品种, 这些杨树种质资源为开展分子研究提供了丰富的试验材料。为缩短林木育种周期, 提高杨树人工林生产力, 培育高产高抗优质林木新品种, 历时近 10 年, 开展了杨树派间杂交和重要性状关键候选基因挖掘。利用课题组培育的速生高产杨树优良品种丹红杨、我国乡土杨树天然优异种质小叶杨(通辽 1 号)分别为母本和父本, 获得 F₁ 代杂交群体, 对两个亲本和子代重测序, 构建了高密度遗传图谱, 在生理、生根、抗旱、材性和氮利用等表型测定的基础上, 通过 QTL 定位、转录组、代谢组等多组学, 挖掘重要性状调控关键基因。对 13 个叶片形态和生理性状 QTL 定位, 发现调控叶片形态、生理性状的 QTL 位点分别为 109 个、55 个以及候选基因 180 个; 水培试验测定了 12 个不定根和茎相关表型性状, 发现 150 个 QTLs 位点和 143 个候选基因; 室内干旱胁迫试验, 定位分析发现 208 个 QTL 位点、187 个候选基因; 9 个生长和木材品质性状测定, 检测到与生长和木材品质相关的 QTLs 位点 237 个和关键候选基因 571 个, 包括生长和木材物理性质相关的基因 564 个和木材化学成分相关的基因 49 个; 对氮利用效率相关性状 QTL 定位, 鉴定了 QTLs 位点 276 个和候选基因 774 个; 同时, 对部分基因开展了功能验证。我们的研究挖掘了杨树重要性状调控的大量基因资源, 将为林木高产高抗优质新品种分子设计育种奠定基础。

关键词: 杨树; 丹红杨; 小叶杨; 遗传图谱; 基因定位