

美洲黑杨多世代育种群体生长性状全基因组选择育种

周星鲁 张磊 张敏 白永霞 魏涵天 胡建军*

(中国林业科学研究院林业研究所 北京 100091)

摘要: 选育高产优质新品种一直是我国杨树遗传改良的重要任务。林木由于生长周期长,传统育种方法遗传改良进程缓慢,现代育种方法和技术如全基因组关联分析(GWAS)、全基因组选择(GS)辅助传统育种的 3.0 时代将极大加速林木遗传改良进程。然而,目前林木 GS 研究仍处于早期阶段,大多数往往只探究了理论可行性。针对我国杨树人工林主体美洲黑杨的优质目标性状遗传改良,本研究利用多世代全同胞杂交子代构建了基因组选择测试群体和育种群体,系统开展美洲黑杨全基因组重测序、GWAS、GS 建模预测和速生优质种质筛选等研究。基于美洲黑杨优良品种丹红杨(DHY)的育种价值及群体中的核心地位,我们首先组装了 DHY 高质量染色体水平基因组;基因组大小为 419.39Mb, scaffold N50 大小为 21.96Mb;随后,基于 DHY 基因组信息对 GS 群体 765 个个体进行全基因组重测序及基因分型,鉴定出约 112 万个高质量 SNP 标记;群体结构、系统发育树及 PCA 结果显示群体可分为 4 类,未存在严重分层;进一步,通过 GWAS 鉴定与生长、材性相关的 QTNs,注释到 243 个候选基因。最后,评估了 10 种 GS 方法预测能力差异及多种标记筛选策略对预测精度的影响,建立了美洲黑杨各性状最适 GS 模型;机器学习模型对遗传力较低复杂性状表现出更高的预测能力,性状预测精度平均提高了 144.86%。整合 GS 预测及田间试验结果,最终筛选出 30 个兼具多种优良性状的美洲黑杨无性系。本研究初步揭示了美洲黑杨重要性状的遗传基础,建立了美洲黑杨各性状最适 GS 模型,为林木遗传改良提供有价值的基因资源及育种资源,加速了美洲黑杨良种选育进程和显著提高了遗传增益。

关键词: 美洲黑杨; 丹红杨; 基因组; 全基因组关联分析; 基因组选择育种;