

杨树苗期耐低氮无性系选择和全基因组关联分析

牛晋鸿, 王天欣, 曹明嵘, 周振渊, 李金花*

(中国林业科学研究院林业研究所 北京 100091)

摘要: 培育耐低氮杨树新品种, 对提高杨树生产力和促进可持续发展具有重要意义。我国可用于杨树人工林营建的立地质量不高, 不能满足生长需求, 虽然施用氮肥和提高氮素利用效率 (NUE) 是提升杨树生产力的关键措施, 但施用氮肥不仅提高生产成本, 还可引起环境污染, 因此, 选育耐低氮和 NUE 高的新品种显得尤为重要。本研究以 87 个杨树无性系为试验材料, 利用温室盆栽试验, 在低氮处理 (LN) 和正常供氮 (NN) 条件下对其生长、叶片形态、叶绿素荧光参数和氮同位素参数性状进行测定, 基于混合线性模型的最佳无偏预测 (BLUP), 分析遗传变异并估算遗传参数和育种值, 利用基因型-理想型距离的多性状 MGIDI, 综合评价供试无性系适应性和稳定性, 并对其重要性状进行全基因组关联分析 (GWAS), 挖掘与重要性状紧密关联的 SNP 位点和候选基因。结果表明: (1) 所有性状在不同供氮水平间和无性系间均有显著差异, 生长和叶片形态各性状在供氮水平与无性系间互作用达到极显著水平, 适合作为耐低氮性筛选指标, 利用其均值、BLUP 育种值和耐低氮系数, 获得 MGIDI 多性状指数, 对各无性系排序, 以 20% 选择强度, 在三种选择策略下共同选择出 7 个优良无性系。(2) 利用 GWAS, 在 NN 和 LN 条件下分别检测到 17 个和 24 个与生长和叶片形态性状相关的显著位点, 以及 41 个与氮同位素参数相关的显著位点; 在 LN 条件下, 通过与性状显著相关的 SNP 位点和 ^{15}N 绝对丰度显著相关的 SNP 位点上下游 25 kb 区域进行候选基因筛选, 共检测到 66 个候选基因, 进行 KEGG 和 GO 富集分析, 分别有 11 个和 14 个候选基因被注释。本研究解析了低氮处理下杨树苗期性状遗传变异规律, 利用多性状指数综合评价筛选出耐低氮优良无性系, 并挖掘与耐低氮性状显著关联的 SNP 位点和候选基因, 有助于推动杨树耐低氮性状遗传改良, 提高杨树在氮资源有限条件下的产量和品质, 从而满足森林高质量发展的需求。