

我国湿地松分子育种研究进展

栾启福, 刁姝, 丁显印, 张旖旎, 李彦杰, 吴亚菝, 姜景民*

(中国林业科学研究院亚热带林业研究所, 国家林业草原国外松培育工程技术研究中心 杭州 311400)

摘要: 湿地松 (*Pinus elliottii*) 原产美国东南沿海, 目前在中国山东南部以南以及巴西等地广泛种植, 成为世界上造林范围最广的用材, 采脂针叶树种。湿地松在我国完成了两轮遗传改良, 建立了基于不同种植区的育种和生产群体, 其种植材料基本摆脱进口的束缚, 实现品质提升和良种自给。作为典型的巨大基因组针叶树, 湿地松基因组超过 20G, 在高通量基因测序技术诞生以前, 其分子生物学数据主要来自随机分子标记以及转录组测序, 远远不能满足分子育种的要求, 因此其分子育种进展缓慢。2013 年前后, 由于 DNA 及 RNA 测序技术的发展, 瑞典和美国分别发布了挪威云杉和火炬松的基因组信息, 并基于 RNA 测序技术获得了大量的 EST 标记 (外显子), 我国也基于湿加松分离群体和 EST、SSR 标记发布了首个湿地松遗传图谱。由于测序成本及技术的限制, 直到 2020 年前后松树分子育种一直处于低谷期, 发展了一些基于 EST 序列的标记用于群体分析。2020 年 3 代测序技术逐渐完善并成熟, 不管是 RNA 测序还是 DNA 测序, 3 代测序技术在长读方面达到 20000bp, 相当于一个完整的长链基因的长度, 同时火炬松基因组数据也更新到 2.0 版本, 为湿地松分子育种提供了相近种属的参考基因组。2020 年, 中国林科院亚林所湿地松研究团队首次建立了湿地松 3 代全长转录组数据库, 并对 240 份湿地松核心育种资源开展了 2 代 RNA 测序, 从而获得了全面的外显子分子数据, 开发了 5 万多稳定可靠的外显子 SNPs 标记, 结合全转录组关联分析 (TWAS) 关联到大量的湿地松生长、松脂相关的基因标记; 同时基于火炬松 2.0 版本的基因组数据和本团队开发的湿地松外显子分子数据, 首次构建了适用于湿地松与火炬松的 51K 液相基因芯片, 从而在 DNA 水平上实现了大量育种群体的基因分型, 单个样品通过芯片能获得 20 万个以上的高质量 DNA-SNP 标记, 研究证明这些标记能高效、快捷用于湿地松、火炬松、加勒比松及其杂种松品系鉴别, 遗传聚类以及全基因组关联分析 (GWAS) 和全基因组选择育种 (GS) 等方面。然而, 鉴于湿地松基因组的巨大性和复杂性, 51K 芯片的 20 万个 SNPs 标记得到的结果具有较高的假阳性出现, 一个完整度较高的染色体级别的基因组成为提高湿地松分子育种的核心关键。目前初步研究显示湿地松基因组大小为 21G, 能够对前述基因进行较好的验证; 随着相关研究的进一步深入和完善, 我国湿地松分子育种必将有效缩短育种周期, 提高选择效率。