小叶杨分枝角度变化的分子机制研究*

蔡柯伟，赵曦阳*

（1. 单位名称 吉林农业大学林学与草学学院 所在城市 长春 邮编 130118）

摘要:小叶杨（*Populus simonii*），属杨柳科杨属，具有抗逆性强、适应性广和杂交兼容性好等特点，是我国北方城市绿化和用材造林的优良杨树品种。在探索小叶杨生长特性的过程中，我们注意到其树冠形态各异，分枝角度展现出显著的多样性。然而，关于这种分枝角度变异背后的遗传调控机理仍然是不清楚的。本研究旨在利用具有单倍型解析的端粒至端粒（T2T）级参考基因组和群体重测序数据，通过全基因组关联分析（GWAS）方法，以期解析对分枝角度形成具有关键调控作用的功能基因。 本研究中，我们成功构建了两个单倍型且无间隙的小叶杨参考基因组，其大小分别为 411.24 Mb 与 412.12 Mb，contig N50 分别为 23.55 Mb 和 23.91 Mb。并且本研究对 207 份小叶杨种质材料进行重测序分析，共发现了 4,196,773 个单核苷酸多态性（SNP）位点。通过梯度森林（GF）模型我们探索了小叶杨在不同环境梯度下等位基因频率的动态变化，成功鉴定出 1,690 个与种群适应环境变化紧密相关的 SNP 位点。此外，针对分枝角度性状，本研究利用全基因组关联分析（GWAS），共筛选出了 50 个显著相关的 SNP 位点，其中我们进一步关注了 p 值远低于阈值的 Chr16-7,640,424 位点。结合基因组注释信息及连锁不平衡（LD）衰减距离的分析，研究锁定了一个包含 6 个候选基因的基因簇。通过整合 GWAS 结果与极端表型样本的转录组数据，我们进一步锁定了包括 posm16ag0083200 在内的三个潜在基因可能对小叶杨的分枝角度具有正向调控效应。这些研究成果为小叶杨树冠形态的改良及分子育种工作提供了宝贵的参考依据。

关键词：小叶杨；分枝角度；基因组；全基因组重测序；全基因组关联分析