

## 我校发现MAGIC群体具有强大QTL定位和优异等位基因挖掘功能

发布时间: 2024-06-28

南湖新闻网讯 (通讯员 王鹏飞) 植物遗传研究的重要优势是遗传群体构建的便利。传统上用于遗传作图的主要有基于连锁分析的双亲群体和基于关联分析的自然群体和多亲群体。但由于双亲群体的遗传背景狭窄,可定位的QTL有限,自然群体存在群体结构和低频变异等缺陷,多亲群体的关联分析检测功效低等原因,很难在单个群体中定位多个真实准确的QTL。

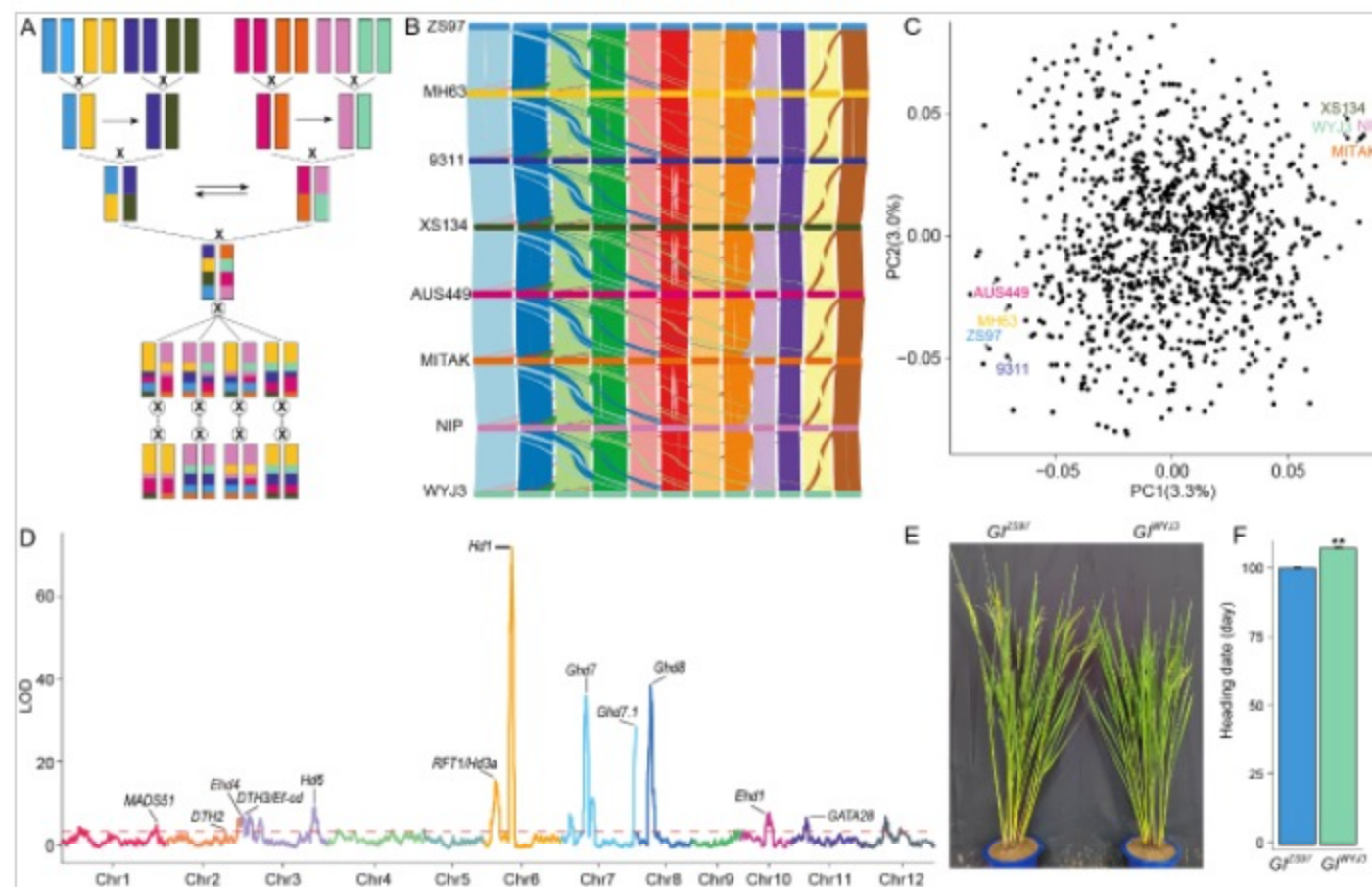
2024年6月26日,华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室、崖州湾国家实验室邢永忠教授课题组在National Science Review在线发表题为“Powerful QTL mapping and favorable allele mining in an all-in-one population: a case study of heading date”的研究论文。该研究构建了一个包含1021个八亲本籼粳交后代家系的MAGIC群体,结合遗传学,基因组学和转录组学方法,全面解析了MAGIC群体的遗传结构和抽穗期遗传基础,并评估了8个亲本的不同等位基因的遗传效应,为水稻品种适应性改良提供了优异等位基因。

该研究首先获得了8个亲本的高质量基因组。在八亲本间,超过44,000个基因存在功能序列差异,其中21个早期已克隆的抽穗期基因在八个亲本间存在功能差异。在表型准确的前提下,MAGIC群体理论上可以检测到超过80%基因的功能变异。

使用“漏斗型”成对杂交策略聚合8个亲本的基因型,并连续自交6代,以保证群体构建过程中每个亲本相同的遗传贡献。同时,从每个8-way F1的第一代自交后代中随机选择4个单株发展为最终的家系,有利于单倍型的重建。

以两年的抽穗期表型为例,基于SNP的关联分析在MAGIC群体中鉴定到25个显著信号,包括10个已克隆的抽穗期基因,远高于分别在529份和950份水稻种质资源鉴定的3和4个抽穗期基因,这表明群体结构和低频变异的缺陷极大增强了MAGIC群体的QTL作图能力。

研究利用隐马尔科夫模型重建MAGIC群体的全基因组bin型,共检测到130,976次重组事件。基于bin的连锁分析鉴定到47个QTL,包括14个已克隆的抽穗期基因。遗漏的5个基因只能在日长超过14小时的连续长日照实验环境下检测到,而武汉市自然条件难以维持长时间的超长日照条件。因此,在武汉长日照自然条件下,MAGIC群体鉴定到了所有已知能表现出功能差异的抽穗期基因,是目前检测到最多已知抽穗期基因的单一群体。除已知基因外,该研究还额外鉴定到4个可能影响抽穗期的自然变异,并利用MAGIC剩余杂合系验证了遗传效应。



截止到目前,重要基因的遗传效应大都是在双亲近等基因系群体中评估的。在具有复等位基因分离的MAGIC群体中可以非常便利地评估多种等位基因的不同遗传效应。在之前的研究中,八亲本的Ghd7分为三种功能型,ZS97等位基因为无功能型,MH63等位基因为强功能型,NIP等位基因为弱功能型。除报道外的三种功能型,该研究额外鉴定到一个AUS449等位基因存在延迟抽穗8天的次弱功能。这些具有不同遗传效应的等位基因可用于不同地区不同种植季节的水稻品种适应性改良。

华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室,生命科学技术学院王鹏飞博士和博士研究生杨莹为论文的共同第一作者,邢永忠教授为通讯作者,熊立仲教授、张建伟教授和王磊研究员为本研究提供了指导和帮助。李道杨硕士,博士研究生于志超,张波硕士和周想春博士也参与了该工作。该研究得到了国家自然科学基金,国家重点研发项目,中国农业研究系统专项资金和作物遗传改良国家重点实验室自研项目的资助。华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室生物信息平台为研究提供了支持。

审核: 邢永忠