

果树农艺性状基因的分子标记及其应用

刘秀娟, 于桂娟

胶州市里岔镇人民政府, 山东 胶州 266324

摘要: 当前, 果树作为重要的经济作物, 对国内经济发展具有重要作用, 通过改良果树的农艺性状基因, 能有效提升果树的整体质量和产量。因此, 为进一步解决果树农艺性状改良过程中存在的种植周期长, 产量低等问题, 本文主要通过研究果树农艺性状基因, 对果树农艺性状基因分子标记技术进行有效研究, 通过分析果树农艺性状基因标记法, 提出基于分子标记方法的果树农艺性状改良策略, 就分子标记在果树农艺性状改良中的具体应用进行分析, 以期对果树育种与改良提供有效参考。

关键词: 果树农艺性状; 分子标记; 果树育种

Molecular Markers of Agronomic Trait Genes in Fruit Trees and Their Applications

Liu Xiujuan, Yu Guijuan

Licha Town People's Government, Jiaozhou, Shandong 266324

Abstract: Currently, fruit trees, as important economic crops, play a crucial role in the development of the domestic economy. By improving the agronomic trait genes of fruit trees, the overall quality and yield of fruit trees can be effectively enhanced. Therefore, in order to further solve the problems of long planting cycles and low yields in the process of improving the agronomic traits of fruit trees, this paper mainly studies the agronomic trait genes of fruit trees and effectively studies the molecular marker technology of fruit tree agronomic trait genes. By analyzing the fruit tree agronomic trait gene marker method, a molecular marker based fruit tree agronomic trait improvement strategy is proposed, and the specific application of molecular markers in fruit tree agronomic trait improvement is analyzed, in order to provide effective reference for fruit tree breeding and improvement.

Keywords: agronomic traits of fruit trees; molecular markers; fruit breeding

引言

当前, 针对果树遗传和育种研究主要针对大部分果树具有自交不亲和特点、无性系保存与繁育以及多年生等特点展开研究, 其目的主要是改良果树的基因性状, 从而有效提高果树的产量、品质、抗逆性以及对原有品种进行升级。但是, 就目前而言, 常规的、传统的育种模式, 存在果树成长周期较长、产量较低等问题, 为改进此情况, 通过引入分子生物学技术, 利用分子标记技术法, 能为果树农艺性状的改良和升级提供新思路、新方法。因此, 加强果树农艺性状基因的分子标记及其应用分析具有十分重要的意义和价值。

一、果树农艺性状基因标记法

果树农艺性状基因标记法是目前较为先进的一种育种方法, 主要与分子生物学技术有关, 通过采用相关的果树农艺性状基因标记法技术能够通过对果树的目标农艺性状进行标记, 从而有效分析和鉴定其基因, 为果树育种、分类保存等提供有效的技术支持。其中, 常见的基因分子标记方法包括集团分离分析法、平行芽变分析法以及已知信息捕捉法。

(一) 集团混合分离法

集团混合分离法主要是通过利用一种用于数量性状基因座或者基因定位进行分析的方法, 该方法主要是针对具有目标性状的

植株进行分离, 将具有相同目标性状的植株 DNA 进行混合, 使其形成基因库, 然后采用分子标记的形式对相关基因进行鉴别和筛选。通过将目标性状基因座位与两群间表现多态性的分子进行标记, 从而有效对相关基因进行定位。在具体操作中, 分为四个步骤, 第一, 选取需要分离的植株群体, 将一对具有目标基因表型差异的分离群体中, 选取具有目标性状的植株 DNA。第二, 有效建立基因池, 通过将所选取的植株 DNA 进行等量的混合, 然后使其形成两个基因池, 其性状具有相对性。第三, 对分子进行标记和筛选, 通过采用适当的分子标记方法, 比如 RFLP、SSR 等, 然后对所形成的两个相对基因池进行有效分析, 从而找到与目标性状相关联的分子进行标记。第三, 对所标记的分子进行进一步的

检测，并在分子图谱或者染色体上找到相对应的位置^[1]。

（二）平行芽变分析法

平行芽变分析法主要是根据果树在自然生长期出现的变异特征，进行筛选，将优良的变异品种进行选择，然后对目标性状基因进行有效标记。平行芽变分析法主要就是基于芽变选种技术，通过将原品种与变异后的品种进行对比，分析其差异性，确定其变异是否是因为芽变而引起的。在具体操作中，第一，在初步选取过程中，根据果树在生长期出现的变异情况，初步筛选出优良的变异品种，同时关注果树在变异过程中出现的花期情况，针对果树的成熟期、自然灾害期等进行观察，分析变异品种的染色体数目、结构、DNA等遗传物质的变异特征，对其变异类型、植株变异情况等进行分析。第二，在复选过程中，通过对初选后的变异性状进行一一验证，采用高接鉴定的方式，对变异品种和原品种的差异进行对比，同时通过检验其稳定性，了解变异植株的具体表现，结合环境等生长因素等进行有效分析，从而进一步检验变异植株的稳定性。

（三）已知信息捕捉法

已知信息捕捉法主要是结合目前已有的遗传图谱、分子标记技术对目标性状进行标记和定位。已知信息捕捉法主要是利用DNA分子标记技术，通过针对果树的特征，建立遗传图谱，从而有效为基因定位、克隆参考。在具体操作中，第一，通过对目标性状相关的已知基因信息进行有效收集，进一步了解果树的基因位置、基因编码、分子标记等。第二，采用DNA分子标记技术，对果树进行遗传分析，并建立遗传图谱。第三，根据遗传图谱上的定位，对目标性状相关的已知基因进行分析，从而有效为今后开展分子辅助育种提供有效参考和借鉴。第四，针对目标性状相联系的分子进行标记，并进行辅助选择，从而更好的提升育种的效果^[2]。

二、果树农艺性状基因的分子标记

（一）有效选择目标性状

在开展果树农艺性状基因的分子标记工作过程中，首先要选择有效的目标性状。在研究过程中，要明确研究的目标植株，也就是要选择需要优化、改良的果树农艺性状。通过有效了解果树的各性状特征，具体分析果树的成长情况、果树数量、果树大小、口感以及抗病性等，并通过有效的市场调研、果树品种对比等方式，最终确定最具有改良潜力的果树品种及其特有的形状将其作为目标研究对象。

（二）获取目标品种遗传材料

在确定所要研究的果树目标性状后，就要获取目标品种果树的遗传材料和信息，通过采集目标果树上的树叶、枝茎、种子以及果实等样本组织，并提取这些组织中的DNA遗传信息，对其性状基因分子进行标记和开发。

（三）选择合适方法提取DNA

在对果树农艺性状基因的分子进行标记过程中，要根据所获取目标品种遗传材料采集其遗传信息，并选择合适方法提取目标

果树的DNA信息，从而选取高质量DNA。目前，常见的DNA信息提取方法主要包括十六烷基三甲基溴化铵法（CTAB法）、十二烷基磺酸钠法（SDS法）等。CTAB法主要是利用十六烷基三甲基溴化铵，溶解目标植株提取出的细胞膜，并使其进行细胞裂解，从而有效释放出较为纯净的DNA物质。SDS法是一种常用的DNA提取方法，该方法主要采用十二烷基磺酸钠作为去污剂，能有效破坏细胞膜以及细胞核膜，从而有效释放DNA。通过采用离心的方式有效去除目标品种的蛋白质等物质，从而得到纯净的DNA遗传物质。在提取DNA过程中，要避免DNA被污染或者被降解，从而提高果树农艺性状基因分子标记的准确性^[3]。

（四）采用多种技术开发分子标记

在标记果树农艺性状基因分子过程中，获取到高质量的DNA物质后，需要采用多种技术对相关分子标记进行开发。常见的开发分子标记技术主要包括限制性片段长度多态性（RFLP）、简单序列重复（SSR）、单核苷酸多态性（SNP）等。采用这些技术，能够有效定位目标果树DNA，并找到果树农艺性状相关的基因，对其特定序列或位点进行有效定位，从而进行进一步的分子标记。

（五）利用各种分析方法验证分子标记

在对果树农艺性状基因的分子进行标记后，需要利用各种分析方法进行验证。采用的验证方法主要包括关联分析法、遗传效应评估法、连锁分析法等。这些验证方法能够进一步对分子标记情况进行确认，同时有效验证和分析目标性状之间的联系性，通过验证这些标记情况，能够为后续果树育种实践提供参考。同时，通过利用各种分析方法验证分子标记，能够有效验证分子的稳定性以及可靠程度，从而有效确保目标果树在培育过程中能够适应不同的环境和生存条件。

三、分子标记在果树农艺性状改良中的具体应用

（一）提高育种效率

分子标记在果树农艺性状改良中具有十分重要的应用价值。首先，通过采用分子标记的方式，能够有效提高果树的育种效率。在具体应用过程中，通过采用各种分子标记的方式，能够更好的对果树农艺性状进行分析，便于相关研究员更加快速、精准的对相关基因中的遗传信息和变异特征进行分析，有利于在果树育种前期阶段，筛选出具有优良性状的果树品种。与常规育种模式相比，平行芽变分析法能够更好的节省果树育种时间以及资源，从而有效提升果树育种的效率以及准确度。例如，在辅助育种过程中，采用分子标记技术能够帮助研究员在早期育种过程中对目标性状进行预测，能够有效加速优秀果树品种的杂交效率，提高育种质量^[4]。

（二）对果树品种的遗传多样性进行评估

在果树农艺性状改良中分子标记技术能够提高果树农艺性状改良效率，通过采用分子标记技术能够更好的对果树品种的遗传多样性进行评估。利用分子标记技术能够对果树的遗传多样性以及亲缘关系进行评价和估测。这种评估方式，能够更好的管理果

树的农艺性状基因,同时有效保护具有良好性状基因果树的遗传信息,通过评估果树品种的遗传多样性,能够更好的了解果树的遗传特征以及变异情况,对于培育更好的果树品种具有重要价值和意义。同时,通过对果树品种的遗传多样性进行评估,能够筛选出更好的改良品种,从而有效筛选出更加具有抗逆性的果树品种。

(三) 实现基因定位和克隆

果树农艺性基因的分子标记技术,能有效对果树基因进行定位和克隆。通过采用集团混合分离法,能够根据目标性状基因找到特定性状有关的基因序列,并实现基因的定位和克隆,这种方式能够更好的了解果树目标特性的基因功能,从而更好的对基因进行定位和克隆^[5-6]。通过有效的基因定位,能够帮助研究员有效了解基因的调控机制,为今后克隆果树农艺性基因打下良好基础,同时对改良果树基因提供参考。比如对苹果树农艺性状基因进行改良时,采用单核苷酸多态性(SNP)标记技术,能够定位果树中与抗白膜病相关的基因序列,并对其进行克隆,从而培育出具有抗性品种的苹果树。

(四) 分子标记辅助选择

在果树农艺性状基因分子标记具体应用中,利用分子标记的方式能够起到有效辅助选择的作用。通过采用分子标记的方式,能够将目标性状基因进行有效跟踪,并对基因进行间接的选择,从而有效提升育种的效率,并进一步缩短育种的时间。分子标记辅助选择法不会受到等位基因间显隐性关系的影响,同时不会因为环境等因素对育种基因选择造成较大影响,分子标记辅助选择

的结果较为可靠。同时,分子标记辅助选择方式,能够在果树植株生长发育前期进行选择,更好的提高育种的效率^[7-9]。

(五) 有效构建果树遗传图谱

对果树农艺性基因的分子进行标记时,采用已知信息捕捉法能够有效构建果树遗传图谱。遗传图谱实际就是揭示果树基因组结构以及基因功能的重要方式之一,从而更好的帮助研究员整理果树基因之间的联系以及变异特征。采用分子标记技术,能够构建出果树的遗传图谱,为今后改良果树遗传特性和农艺性状基因奠定良好基础。另外,通过构建有效的遗传图谱,能够为果树遗传育种提供更加科学的指导方法^[9-10]。

四、总结

综上所述,果树农艺性状基因的分子标记技术为果树育种、改良遗传基因等提供了新的方式和路径。目前,常见的果树农艺性状基因标记法包括集团混合分离法、平行芽变分析法、已知信息捕捉法。在具体开展果树农艺性状基因的分子标记时,其操作主要包括有效选择目标性状、获取目标品种遗传材料、选择合适方法提取DNA、采用多种技术开发分子标记、利用各种分析方法验证分子标记等。将分子标记应用到果树农艺性状改良中的具体应用包括提高育种效率,对果树品种的遗传多样性进行评估,实现基因定位和克隆,分子标记辅助选择以及有效构建果树遗传图谱等。今后,随着分子生物学技术的不断优化和升级,利用分子标记技术改良果树农艺性状将发挥更大的价值作用。

参考文献

- [1] 李嘉琦,刘有春,魏鑫,等.全基因组关联分析在果树品质及抗性性状中的研究进展[J].江苏农业科学,2024,52(11):10-19.
- [2] 刘娟,郭凯丽,丁保朋,等.梨杂交后代部分农艺性状遗传规律及相关基因的研究[J].果树资源学报,2022,3(05):1-7.
- [3] 翟春英.果树农艺性状基因的分子标记及其应用[J].乡村科技,2016,(15):58-59.
- [4] 温映红,庞传明,李小平.DNA分子标记技术在果树研究中的应用[J].安徽农学通报,2014,20(20):27-28.
- [5] 韩宏.分子标记在果树种质资源研究中的应用[J].陕西农业科学,2010,56(04):74-76.
- [6] 高玉江,侯佳贤,郑亚杰,等.分子标记技术在落叶果树上的应用[J].吉林农业科学,2005,(01):57-60.
- [7] 乔玉山,房经贵,沈志军,等.果树农艺性状基因的分子标记及其应用[J].果树学报,2004,(02):158-163.
- [8] 张学宁,郭宝林,张开春.果树分子标记研究现状及发展前景[J].生物技术,2003,(05):45-46.
- [9] 杨莉,徐昌杰,陈昆松.果树转基因研究进展与产业化展望[J].果树学报,2003,(05):331-337.
- [10] 肖玉雄,王彩虹,田义柯,等.利用2b-RAD测序结合HRM分析技术开发与梨矮生性状相关的DNA分子标记[J].中国农业科学,2017,50(15):3006-3012.