

基于转录组数据的炮仗花 SSR 序列特征分析

朱飞雪¹, 程玉江², 郭 丽¹, 孙利娜³, 寇艳玲¹

(1.河南农业职业学院, 郑州 451450; 2.河南东宝绿化工程园林有限公司, 郑州 450000;

3.广西壮族自治区林业科学研究院, 南宁 530002)

摘 要:为了解炮仗花 SSR 位点分布特征,本研究对炮仗花转录组 SSR 位点进行挖掘。结果表明,从炮仗花转录组测序数据中获得 85 699 条非冗余 Unigenes,共搜索到 22 864 个 SSR 位点分布于 18 282 条 Unigenes 上,SSR 位点的出现频率为 26.68%,平均每 4.38 kb 出现 1 个 SSR,平均长度为 13.89 bp。炮仗花 SSR 位点主要重复类型为单核苷酸重复(13 780 个,占比 60.27%),其次为二核苷酸重复(6 141 个,占比 26.86%)和三核苷酸重复(2 656 个,占比 11.62%)。在 72 种重复基元中,单核苷酸 A/T 基元为最优势基元(12 731 个,占比 55.68%),其次为二核苷酸优势基元 AG/CT(2 522 个,占比 11.03%)和三核苷酸优势基元 AAG/CTT(745 个,占比 3.26%)。炮仗花 SSR 位点以 5~15 次重复为主,6 种核苷酸重复类型数量总体表现为随着基元重复次数的增加而减少。SSR 位点主要集中在 10~18 bp 之间,此范围内的 SSR 数量占 SSR 位点总数的 81.87%,具有较高多态性潜能的 SSR(长度>20 bp)位点数为 640 个,占比 10.17%。总之,炮仗花 SSR 位点出现频率高,SSR 位点丰富,具有较高的多态性潜能。

关键词: 炮仗花; 转录组; SSR; 多态性

DOI: 10.16590/j.cnki.1001-4705.2023.12.128

中图分类号: S 685.99

文献标志码: A

文章编号: 1001-4705(2024)12-0128-06

Analysis of SSR Sequence Characteristics for *Pyrostegia venusta* Based on Transcriptome Data

ZHU Feixue¹, CHENG Yujiang², GUO Li¹, SUN Lina³, KOU Yanling¹

(1.Henan Vocational College of Agriculture,Zhengzhou 451450,China;

2.Henan Dongbao Greening Engineering Landscape Co.,Ltd.,Zhengzhou 450000,China;

3.Guangxi Academy of Forestry Sciences,Nanning 530002,China)

Abstract:In this study, the transcriptome SSR loci of *Pyrostegia venusta* were excavated in order to understand the distribution characteristics of SSR loci and lay a foundation for the development of SSR markers. The results showed that 85 699 Unigenes were obtained from the transcriptome sequencing data of *Pyrostegia venusta*, and a total of 22 864 SSR loci were found on 18 282 Unigenes. The occurrence frequency of SSR loci was 26.68%, 1 SSR locus every 4.38 kb with an average length of 13.89 bp. The main types of repeats for SSR loci of *Pyrostegia venusta* were single nucleotide repeats (13 780, accounting for 60.27%), followed by dinucleotide repeats (6 141, accounting for 26.86%) and trinucleotide repeats (2 656, accounting for 11.62%). Among the 72 repetitive primitives, the single nucleotide A/T was the most dominant (12 731, accounting for 55.68%), followed by dinucleotide dominant AG/CT(2 522, accounting for 11.03%) and trinucleotide dominant AAG/CTT(745, accounting for 3.26%). The number of repeats for SSR loci of *Pyrostegia venusta* was mainly from 5 to 15 times, of which 6 nucleotide repeats decreased with the increase of the number of primitive

收稿日期:2024-07-21

基金项目:河南省科技厅科技攻关项目“切花芍药设施栽培品种选育及配套栽培技术集成研究”(232102110263);河南农业职业学院“花卉生产与应用科研创新团队”(HNACKT-2023-03);河南农业职业学院“特色花卉植物资源开发与应用科研创新团队”(ZZ2405TD01)。

作者简介:朱飞雪(1979—),女(汉族),河南平顶山人;硕士,副教授,研究方向:植物育种与栽培(E-mail:117810231@qq.com)。

通讯作者:孙利娜(1981—),女(汉族),河南濮阳人;博士,高级工程师,研究方向:园林植物遗传育种(E-mail:sunlina8958170@126.com)。

repeats. The SSR loci mainly focused from 10 to 18 bp, within which the number of SSR loci in this range accounted for 81.87% of the total number of SSR loci. The number of SSR loci with high polymorphism potential (length >20 bp) was 640, accounting for 10.17%. In conclusion, the frequency of SSR loci of *Pyrostegia venusta* was high, the SSR loci were abundant, and the polymorphism potential was high.

Key words: *Pyrostegia venusta*; transcriptome; SSR; polymorphism

炮仗花(*Pyrostegia venusta* (Ker Gawl.) Miers) 又名炮竹花、炮仗红、炮仗藤、黄鳝藤和黄金珊瑚,属于紫葳科(Bignoniaceae)炮仗藤属(*Pyrostegia presl*)木质藤本常绿攀援植物,原产于中美洲巴西等地,分布在我国的海南、广东、福建、广西等省(区)^[1],该种目前未分化出其他品种。炮仗花适应性强、生长迅速,可攀7~8 m高,花瓣为橙红色,花枝成串,花多花大,花期12月至翌年3月,极具观赏性,深受人们的喜爱,是城市垂直绿化爬藤植物的首选之一^[1]。炮仗花的花、茎、叶均可入药,对肺结核、咳嗽、咽喉肿痛、肺炎、支气管炎等具有显著功效,具有重要的药用价值^[2]。此外,炮仗花的花中含有大量花青素,可有效阻止紫外线侵害皮肤,可用于化妆品之中^[3],具有开发价值。作为重要的园林观赏和药用植物,关于炮仗花的研究多集中在栽培繁殖^[4]、色素提取^[2]及园林应用^[1]等方面,近年来,市场对炮仗花的需求不断增强,但并未对其开展深入研究。目前,在分子生物学方面的研究尚属空白,有必要做相关研究。

简单序列重复(Simple sequence repeats, SSR)也称微卫星,一般是指基序为1~6 bp的重复序列,在原核生物和真核生物基因组中广泛存在,且是常用的分子标记,具有共显性遗传、多态性高和重复性好等特点^[5]。采用第2代Illumina高通量测序技术可在较短时间内获取并分析海量数据^[6]。近年来,利用这一技术开发出大量SSR标记,并且已广泛用于群体多样性分析、品种指纹图谱构建、品种鉴定、亲缘关系鉴定、基因定位和标记辅助选择等研究^[7]。本研究对炮仗花进行转录组测序,基于转录数据分析其SSR位点特征,为后续SSR标记开发奠定基础,亦为后期炮仗花的分子育种提供数据支撑。

1 材料和方法

1.1 试验材料和核酸提取

用于转录组测序的炮仗花种植于广西壮族自治区林业科学研究院园林花卉所。2022年1月取炮仗花4个不同时期的花朵存于液氮中,利用RNAprep Pure植物总RNA提取试剂盒(广州美基生物科技有限公司)分别提取各样品的总RNA。

1.2 转录组测序、序列组装和SSR查找

对炮仗花4个时期花朵RNA等量混合进行转录组测序,测序委托广西普斐信息科技有限公司完成。使用Trinity^[8]对测序序列进行拼接,序列去冗余的软件为CD-HIT v 4.6^[9]。SSR序列查找采用SSR Hunter 1.3软件(<http://www.bio-soft.net/dna/SSRHunter.htm>),搜索标准:重复单元长度为1~6 bp,单核苷酸重复次数至少10次,二核苷酸重复次数至少6次,三核苷酸、四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸重复次数至少5次,复合型重复SSR包含至少2个SSR,且之间距离小于100 bp。

1.3 数据分析

采用Excel 2007软件对炮仗花转录组的SSR数量、类型、发生频率、SSR分布的平均距离及其基元组成进行分析。

发生频率/%=(包含SSR的Unigenes数目/Unigenes总数目)×100%;

分布频率/%=(SSR位点的数目/Unigenes总数目)×100%^[10];

SSR位点分布平均距离=Unigenes总长度/SSR位点的数目^[11-12]。

2 结果与分析

2.1 炮仗花转录组SSR分析

由表1可知,基于炮仗花高通量测序共获得85 699条非冗余Unigene,平均长度为1 168.01 bp,总长度为100 097 336 bp。根据搜索标准对85 699条Unigene进行筛选,共搜索到22 864个SSR位点,

表1 炮仗花转录组中SSR搜索分析结果
Table 1 Results of SSR search in the transcriptome of *Pyrostegia venusta*

指标	测定值	指标	测定值
序列总数/条	85 699	SSR位点总数/个	22 864
序列平均长度/bp	1 168.01	SSR出现频率/%	26.68
含SSR位点序列数/个	18 282	含1个以上SSR位点序列数/个	3 646
SSR发生频率/%	21.33	含复合型SSR序列数/个	1 245

SSR 位点的出现频率为 26.68%，平均每 4.38 kb 出现 1 个 SSR；含 SSR 位点的序列数 18 282 条，SSR 位点的发生频率为 21.33%。搜索到包含 1 个以上 SSR 位点的序列 3 646 条，占序列总数的 4.25%；搜索到包含复合型 SSR 位点的序列 1 245 条，占序列总数的 1.45%。

2.2 炮仗花转录组 SSR 重复类型分析

由表 2 可知，炮仗花转录组 SSR 位点重复类型丰富，且各重复类型的 SSR 数量、所占比例及出现频率相差很大。单核苷酸重复所占比例和出现频率最高，分别为 60.27%和 16.080%；二核苷酸重复次之，所占比例和出现频率分别为 26.86%和 7.170%；三核苷酸重复所占比例和出现频率分别为 11.62%和 3.100%；四核苷酸、五核苷酸、六核苷酸的 SSR 数量相对较少，其中五核苷酸重复最少，其所占比例和出现频率分别为 0.87%和 0.023%。从 SSR 分布平均距离来看，单核苷酸重复类型的 SSR 分布平均距离最小，为 7.26 kb，五核苷酸重复类型的 SSR 分布平均距离最大，为 5 050.00 kb。

表 2 炮仗花转录组 SSR 重复类型数量和分布特点
Table 2 Number and distribution characteristics of SSR repeat types in the transcriptome of *Pyrostegia venusta*

重复类型	SSR 数量/个	占比/%	出现频率/%	平均距离/kb	平均长度/bp
单核苷酸	13 780	60.27	16.080	7.26	12.62
二核苷酸	6 141	26.86	7.170	16.30	15.15
三核苷酸	2 656	11.62	3.100	37.69	16.72
四核苷酸	240	1.05	0.280	417.08	20.42
五核苷酸	20	0.87	0.023	5 050.00	25.53
六核苷酸	27	1.18	0.032	3 707.00	33.46

2.3 炮仗花转录组 SSR 重复基元类型和数量

由表 3 可知，基于炮仗花转录组测序单核苷酸至六核苷酸重复类型共检测到 72 种重复基元，出现频率为 0.01%~14.86%。在各核苷酸重复基元类型中，单核苷酸重复的主要重复基元为 A/T(12 731 个)，占比高达 55.68%，出现频率为 14.86%；二核苷酸重复的 AG/CT 数量最多(2 522 个，占比 11.03%)，其次为 AT/AT(2 085 个，占比 9.12%)，AC/GT(1 491，占比 6.52%)；三核苷酸重复的优势基元为 AAG/CTT(745 个，占比 3.26%)，AAT/ATT(569 个，占比 2.49%)、ATC/ATG(330 个，占比 1.44%)；四核苷酸重复的优势基元为 AAAT/ATTT(83 个，占比 0.36%)和 AAAG/CTTT(50 个，占比 0.22%)；五核苷酸和六核苷酸重复类型数量少，其各类型重复基元所占比例均不高于 0.01%。总体而言，四核苷酸、五核苷酸、六核

苷酸重复基元的出现频率均较低，6 种重复基元类型中单核苷酸重复基元数量最多(12 731 个)，四核苷酸重复基元种类最多(22 种)。

表 3 炮仗花转录组中 SSR 的重复基元类型及数量
Table 3 Types and numbers of SSR repeat motif in the transcriptome of *Pyrostegia venusta*

重复类型	重复基元	基元类型/种	基元数量/个	占比/%	出现频率/%
单核苷酸	A/T	2	12 731	55.68	14.86
	C/G		1 049	4.59	1.22
二核苷酸	AC/GT	4	1 491	6.52	1.74
	AG/CT		2 522	11.03	2.94
	AT/AT		2 085	9.12	2.43
	CG/CG		43	0.19	0.05
	AAC/GTT		141	0.62	0.16
三核苷酸	AAG/CTT	10	745	3.26	0.87
	AAT/ATT		569	2.49	0.66
	ACC/GGT		199	0.87	0.23
	ACG/CGT		38	0.17	0.04
	ACT/AGT		26	0.11	0.03
	AGC/CTG		192	0.84	0.22
	AGG/CCT		204	0.89	0.24
	ATC/ATG		330	1.44	0.39
	CCG/CGG		212	0.93	0.25
	AAAC/GTTT		17	0.07	0.02
四核苷酸	AAAG/CTTT	22	50	0.22	0.06
	AAAT/ATTT		83	0.36	0.10
	AATT/AATT		10	0.04	0.01
	ACAT/ATGT		29	0.13	0.03
	其他		50	0.22	0.06
	AAAAT/ATTTT		2	0.01	0.01
五核苷酸	AAACC/GGTTT	15	1	0.01	0.01
	AAACG/CGTTT		1	0.01	0.01
	AAACT/AGTTT		1	0.01	0.01
	AAATC/ATTTG		3	0.01	0.01
	其他		12	0.05	0.01
	AAAATG/ATTTTC		2	0.01	0.01
六核苷酸	AACCCC/GGGGTT	19	2	0.01	0.01
	ACGAGG/CCTCGT		3	0.01	0.01
	AGATGG/ATCTCC		3	0.01	0.01
	AGGGAT/ATCCCT		2	0.01	0.01
	其他		14	0.06	0.02
	AAAATG/ATTTTC		2	0.01	0.01

2.4 炮仗花转录组 SSR 重复次数和分布

由表 4 可知，炮仗花 SSR 位点的重复次数为 5~23 次，主要集中在 5~15 次(重复次数为 15 次的 SSR 位点为 680 个)，其中重复 9 次的 SSR 位点最多(4 677 个)，占总 SSR 位点数的 20.46%，其次为 5 次重复(16.66%)、10 次重复(10.96%)和 6 次重复(9.36%)；重复次数大于 15 次的 SSR 位点有 1 399 个(占比 6.12%)。当重复次数大于 9 次重复时，SSR 数量随重复次数增加而降低。

表 4 炮仗花转录组 SSR 不同基元的重复次数
Table 4 Repeat number of different motifs of SSR in the transcriptome of *Pyrostegia venusta*

重复类型	不同重复次数的基元数/个										
	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	≥15
单核苷酸	0	0	0	0	4 110	2 372	1 720	1 380	1 153	966	2 079
二核苷酸	2 033	1 365	1 088	948	567	135	5	0	0	0	0
三核苷酸	1 544	735	340	35	0	0	0	0	0	2	0
四核苷酸	214	24	1	1	0	0	0	0	0	0	0
五核苷酸	18	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
六核苷酸	0	13	12	2	0	0	0	0	0	0	0
总计	3 809	2 139	1 441	986	4 677	2 507	1 725	1 380	1 153	968	2 079

如图 1 所示,炮仗花转录组 SSR 中单碱基重复次数主要分布在 9~12 次之间,其次为 13~16 次之间,17~23 次重复分布较少;二核苷酸碱基重复次数主要分布在 5~8 次之间,其次为 9~12 次重复;三核苷酸、四核苷酸、五核苷酸、六核苷酸碱基重复主要分布在 5~8 次之间。SSR 数量随着重复次数的增加呈逐渐下降趋势。

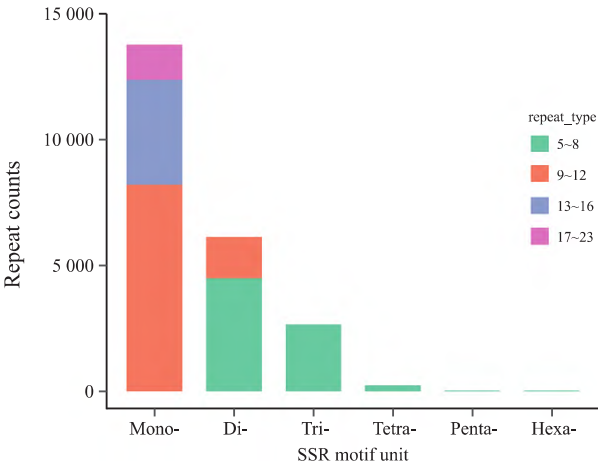


图 1 炮仗花转录组 SSR 不同重复类型的重复次数分布
Fig.1 Distribution of repeat number of different repeat types in the transcriptome of *Pyrostegia venusta*

2.5 炮仗花转录组 SSR 重复片段长度分析

炮仗花转录组中单碱基到六碱基重复 SSR 序列长度分布差异显著,总体长度在 10~42 bp 之间,平均长度为 13.89 bp。单碱基至六碱基重复的平均序列长度分别为 12.62 bp、15.15 bp、16.72 bp、20.42 bp、25.53 bp、33.46 bp(表 2),其中三碱基重复 SSR 序列长度变化幅度最大,最小的为 15 bp,最长达 42 bp;五碱基的变化幅度最小,最小的为 25 bp,最长的为 30 bp。单碱基重复类型长度为 10~23 bp、双碱基重复类型长度为 12~24 bp、四碱基重复类型长度为 20~32 bp、六碱基重复类型长度为 30~42 bp。总体看,炮仗花 SSR 序列长度主要分布在 10~18 bp 之间,约占 SSR 位点总

数的 81.87%,长度在 19~42 bp 之间的 SSR 较少,约占 7.71%,并且随着 SSR 位点序列长度的增加,其出现次数显著减少。

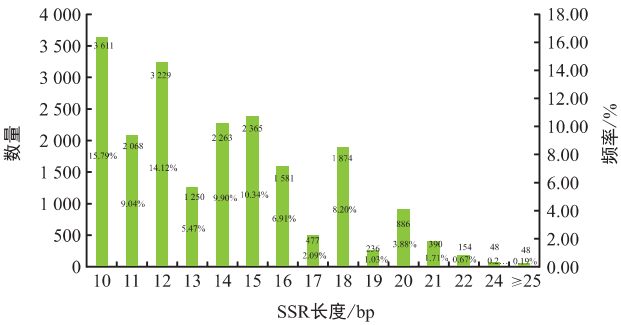


图 2 炮仗花转录组中 SSR 长度分布
Fig.2 SSR length distribution in the transcriptome of *Pyrostegia venusta*

3 讨论

对炮仗花不同时期的花朵进行转录组测序,共获得 85 699 条非冗余 Unigene,对其进行 SSR 位点搜索,发现 22 864 个 SSR 位点,出现频率为 26.68%,低于山茶属的普通油茶(*Camellia oleifera*) (39.67%)^[13]、宝巾花(*Bougainvillea*)^[7]、美国红枫(*Acer rubrum*)^[14],高于同是木本的马尾松(*Pinus massoniana*) (3.45%)^[15]、短丝木犀(*Osmanthus serrulatus* Rehd) (4.64%)^[16]、云南金花茶(*Camellia fascicularis*) (19.63%)^[17]等。炮仗花转录组 SSR 分布平均距离为 4.38 kb,低于同是木本植物的油茶(2.33 kb)^[13]、美国红枫(3.75 kb)^[14]、宝巾花(2.34 kb)^[7],但高于夏腊梅(*Sinocalycanthus chinensis* Cheng et S. Y. Chang) (5.18 kb)^[18]和鹅掌楸属(*Liriodendron* L.) (8.5 kb)^[19]、短丝木犀(15.02 kb)^[16],且远远高于植物基因组中 23.3 kb,存在 1 个 SSR 的平均水平(其中双子叶植物平均为 1SSR/21.2 kb)^[20]。不同物种间存在这种差异可能与其 SSR 基因表达差异、转录组数据量、筛选标准等相关^[21]。总之,炮仗花转

录组 SSR 含量较为丰富,为今后分子育种等试验提供了理论数据。

大多数基于植物转录组测序结果的 SSR 以单核苷酸、二核苷酸、三核苷酸重复基元为主,但是主导重复基元类型无明显的规律,这主要是因为 SSR 搜索的结果受物种差异和搜索标准等因素的影响^[22],在本研究中,炮仗花转录组中 SSR 以单碱基、双碱基以及三碱基重复类型为主,分别占总 SSR 的 60.27%、26.86%、11.62%,其他类型占比较少,这一特征与美国红枫^[14]、泡核桃(*Juglans sigillata*)^[23]、黑枸杞(*Lycium ruthenicum* Murr.)^[24]等研究结果一致,而与宝巾花(以单、三核苷酸为主)、紫薇(*Lagerstroemia indica* L.)^[25]和忽地笑(*Lycoris aurea* L' Her.)^[26](均以三核苷酸占优势)、长瓣兜兰(*Paphiopedilum dianthum*)(二核苷酸占优势)^[27]等的研究结果不一致,说明炮仗花存在较高的进化水平或具有较高的变异频率。在本研究搜索到的 SSR 位点中,单核苷酸、二核苷酸、三核苷酸重复的优势基元分别为 A/T(55.68%)、AG/CT(11.03%)、AAG/CTT(3.26%),这与普通油茶^[13]、平欧杂交榛(*Corylus heterophylla* Fisch. × *C. avellana* L.)^[28]、夏腊梅^[18]、短丝木犀^[16]和油梨(*Avocado*)^[29]的结果相同。因此,植物中可能普遍存在一些数量占优的 SSR 重复基序。

SSR 不同基元、不同重复次数及其形成的不同长度序列与 SSR 位点的多态性具有密切相关性^[20,30]。王德源等^[31]研究表明,当 SSR 位点的长度大于等于 20 bp 时具有较高的多态性,长度在 12~20 bp 之间时 SSR 位点多态性中等,长度小于 12 bp 时多态性较低。炮仗花转录组中长度小于 12 bp 的 SSR 位点有 5 679 个,占总 SSR 位点的 24.84%;长度为 12~20 bp 时的 SSR 位点有 14 161 个,占 SSR 位点总数的 61.94%,具有中等多态性;长度大于 20 bp 的 SSR 位点有 640 个,占比 10.17%,此类 SSR 位点具有高度多态性。但是,经过对长度大于等于 12 bp 的 SSR 进行统计,发现单碱基重复 SSR 的个数(6 726 个) > 双碱基(5 413 个) > 三碱基(2 398 个) > 四碱基(219 个) > 五碱基(19 个) > 六碱基(26 个),因此,可推测炮仗花转录组中的 SSR 位点大多数可能具有潜在的多态性,具有较高的利用价值。

综上所述,炮仗花转录组 SSR 位点分布平均距离较短,出现频率较高,碱基重复类型以单碱基、双碱基和三碱基为主,分布较丰富,且 61.94% 的 SSR 位点长度大于等于 12 bp,说明具有较高的多态性和利用价值。但是,本研究仅仅是对 SSR 序列特征进行了分析,并没有对其多态性开展进一步验证,今后将以本研

究为基础开发炮仗花 SSR 标记。

参考文献:

- [1]吕彬洋.炮仗花生长发育的调控及其在厦门市的园林应用[D].福州:福建农林大学,2018.
- [2]林泽森,杨巧玲,许宏磊,等.炮仗花花青素的纯化及应用前景[J].广东化工,2014,41(7):100-101.
- [3]林泽森,许宏磊,杨巧玲,等.炮仗花色素提取及稳定性研究[J].染料与染色,2015,52(4):14-18,41.
- [4]林茂,李进华,唐庆,等.植物生长调节剂种类、浓度及浸泡时间对炮仗花扦插繁殖效果的影响[J].南方农业学报,2020,51(1):155-161.
- [5]Kalia R K, Rai M K, Kalia S, et al. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants[J]. Euphytica, 2011, 177(3):309-334.
- [6]王宇,陈楠,袁启凤,等.3 个不同品种百香果转录组分析[J].种子,2019,38(5):1-7.
- [7]孙利娜,林茂,陈升侃,等.宝巾花基于转录组测序的 SSR 标记的开发和应用[J].分子植物育种,2019,17(24):8170-8177.
- [8]Grabherr M G, Haas B J, Yassour M, et al. Full-length transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome[J]. Nature Biotechnology, 2011, 29(7):644-652.
- [9]Li W Z, Fu L M, Niu B F, et al. Ultrafast clustering algorithms for metagenomic sequence analysis[J]. Briefings in Bioinformatics, 2012, 13(6):656-688.
- [10]邹勇,黄科,姜玉松,等.白姜转录组中的 SSR 位点信息分析[J].作物杂志,2016(3):171-174.
- [11]蔡年辉,许玉兰,徐杨,等.云南松转录组 SSR 的分布及其序列特征[J].云南大学学报(自然科学版),2015,37(5):770-778.
- [12]王静毅,刘菊华,王卓,等.香蕉根系转录组 SSR 位点信息分析[J].中国农学通报,2019,35(28):38-43.
- [13]李海波,王珊,丁红梅,等.普通油茶转录组 EST-SSR 分子标记开发[J].植物生理学报,2017,53(7):1267-1278.
- [14]郭聪,陈燕,王莹,等.美国红枫转录组 SSR 序列分析[J].中南林业科技大学学报,2021,41(7):132-141.
- [15]杜明凤,丁贵杰.基于马尾松干旱转录组的抗旱功能 SSR 位点分析[J].林业科学研究,2018,31(5):9-19.
- [16]戴亚平.短丝木犀转录组测序及 SSR 分子标记开发研究[D].南京:南京林业大学,2015.
- [17]叶鹏,李显煌,唐军荣,等.云南金花茶转录组 SSR 的分布及其序列特征[J].中南林业科技大学学报,2019,39(9):86-91.
- [18]黄耀辉,张超,周莉花,等.基于转录组序列的夏腊梅 SSR 位点特征与引物开发[J].浙江农林大学学报,2017,34(4):589-596.

(下转第 137 页)

惠农单 3 号、山玉 16 和山玉 12、金白单 3 号、紫单 805、梦玉 89、隆白 1 号、隆玉 1609、惠农单 15、隆单 1701、隆玉 1708 等玉米品种的淀粉含量达到了二级标准,适用于淀粉加工、食品和医药等工业领域。然而,在脂肪、蛋白质、还原糖和 Vc 方面,这些品种的含量相对较低,仍然处于普通品种的水平,尚未达到高品质标准^[12]。因此,本研究 15 个玉米品种的营养品质仍有进一步提高的空间,为了改善玉米品种的营养价值,未来可以集中培育富含脂肪、蛋白质、还原糖和 Vc 的品种。尽管这些玉米品种的营养含量有待改进,但它们仍然具有淀粉加工、食品和医药等工业领域的潜力和价值。由于淀粉含量达二级标准,这些品种仍可作为原料用于加工和应用。

本研究发现,15 个玉米品种中蛋白质含量与 Vc 含量呈显著负相关,表明蛋白质含量较高的玉米品种 Vc 含量较低。此外,淀粉含量与 Vc 含量也呈显著负相关,表明淀粉含量较高的玉米品种 Vc 含量较低。另外,脂肪含量与水分含量呈显著正相关,说明脂肪含量较高的玉米品种水分含量也较高。通过主成分分析对 15 个玉米品种的营养品质进行了综合评估,其营养品质综合得分最高的为紫单 805,其次是山玉 16 和惠农单 15。新中玉 666 品种的营养品质综合得分最低(表 6)。综上所述,不同种类的玉米籽粒在组成和含量上存在差异,淀粉是玉米籽粒的主要营养物质,水分和蛋白质紧随其后,各组分之间存在密切的联系,但仍需要进一步探索。

参考文献:

- [1]马先红,费哲奇,梁佳佳,等.不同品种玉米食品研究现状[J].粮食与油脂,2022,35(12):15-17.
- [2]张静昆,李文佳,曾鹏,等.作物从头驯化策略的提出与进展[J].中国农业科技导报,2022,24(12):68-77.
- [3]付钰.玉米籽粒品质与氮素供给关系的研究[D].沈阳:沈阳农业大学,2020.
- [4]张在一,毛学峰,杨军.站在变革十字路口的玉米:主粮还是饲料粮之论?[J].中国农村经济,2019(6):38-53.
- [5]崔爱民,张久刚,张虎,等.我国玉米生产现状及发展变革[J].中国农业科技导报,2020,22(7):10-19.
- [6]Yang P, Ni J J, Zhao J B, et al. Regression equations of energy values of corn, soybean meal, and wheat bran developed by chemical composition for growing pigs [J]. Animals, 2020, 10(9):1490.
- [7]马平.玉米农艺性状与籽粒营养成分的遗传特性研究[D].晋中:山西农业大学,2022.
- [8]陈凯,江为民,贺志雄,等.玉米品种和淀粉老化处理对其红外光谱结构与体外发酵参数的影响[J].动物营养学报,2021,33(7):3980-3993.
- [9]Liu W, Liu G H, Liao R B, et al. Apparent metabolizable and net energy values of corn and soybean meal for broiler breeding cocks [J]. Poultry Science, 2017, 96(1):135-143.
- [10]Lasek O, Barteczko J, Barc J, et al. Nutrient content of different wheat and maize varieties and their impact on metabolizable energy content and nitrogen utilization by broilers [J]. Animals, 2020, 10(5):907.
- [11]李凯,黄庆华,钟儒清,等.不同玉米品种籽粒中营养成分含量及相关性分析[J].农业大数据学报,2020,2(4):70-77.
- [12]Xu M, Sun Y G, Li H G, EST-SSRs development and paternity analysis for *Liriodendron* spp. [J]. New Forests, 2010, 40(3):361-382.
- [20]代娇,时小东,顾雨熏,等.厚朴转录组 SSR 标记的开发及功能分析[J].中草药,2017,48(13):2726-2732.
- [21]鄢秀芹,鲁敏,安华明.刺梨转录组 SSR 信息分析及其分子标记开发[J].园艺学报,2015,42(2):341-349.
- [22]乌日娜,徐舶,石凤翎.基于转录组数据的直立型扁蓊豆 SSR 序列特征分析[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2022,50(5):1-8.
- [23]陈少瑜,宁德鲁,吴涛,等.泡核桃 SSR 标记开发及在遗传多样性研究中的应用[J].西北林学院学报,2017,32(3):91-96.
- [24]郝广婧,祁银燕,张得芳,等.基于转录组的黑果枸杞 SSR 分布特征分析及引物设计[J].分子植物育种,2019,17(13):4342-4350.
- [25]张恩亮,王鹏,李亚,等.紫薇 EST-SSR 标记的开发与利用[J].北方园艺,2016(22):107-111.
- [26]Wang R, Xu S, Jiang Y M. De novo sequence assembly and characterization of *Lycoris aurea* transcriptome using GS FLX titanium platform of 454 pyrosequencing [J]. PLoS One, 2013, 8(4):e60449.
- [27]颜凤霞,王莲辉,田凡,等.长瓣兜兰 2 个不同时期转录组分析[J].种子,2021,40(5):91-97.
- [28]程云清,张丽娜,赵永斌,等.平欧杂交榛转录组中 SSR 信息分析和引物筛选[J].园艺学报,2018,45(1):139-148.
- [29]应东山,唐浩,韩瑞玺,等.基于转录组测序的油梨 EST-SSR 引物开发[J].热带作物学报,2018,39(12):2446-2451.
- [30]叶鹏,李显煌,唐军荣,等.云南金花茶转录组 SSR 的分布及其序列特征[J].中南林业科技大学学报,2019,39(9):86-91.
- [31]王德源,杨冰,朱亚艳,等.威宁短柱油茶转录组 SSR 位点信息分析[J/OL].分子植物育种,1-16[2023-05-20].<http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220726.1136.004.html>.