

网络出版日期:2017-08-18

网络出版地址:http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1220.S.20170818.0938.020.html

基于 SRAP 和 SSR 标记的小麦粒长和千粒质量 QTL 定位及效应分析

郭利建¹,王竹林²,汪世娟¹,刘香利¹,赵惠贤¹

(1. 西北农林科技大学 生命科学学院,陕西杨凌 712100;2. 西北农林科技大学 农学院,陕西杨凌 712100)

摘 要 为探究小麦粒长和千粒质量性状的 QTL,以千粒质量差异较大的小麦品种‘西农 981’和‘陕麦 159’杂交构建的 169 株 F₂ 群体和 F_{2:3} 家系为研究材料,利用 SRAP 标记和 SSR 标记进行遗传图谱的构建,通过统计分析杨凌及三原 2 个环境下的 F_{2:3} 家系的表型数据,利用完备区间作图法对粒长和千粒质量进行 QTL 定位。结果表明,2 个环境条件下,亲本‘西农 981’和‘陕麦 159’在粒长和千粒质量上均表现出极显著差异,F_{2:3} 家系表现出明显的超亲分离现象。QTL 定位共检测到 31 个粒长和千粒质量相关的 QTL,其中粒长相关 QTL 检测到 7 个,分布于 5A、6A、7A、2B、3B、4B 染色体上,可解释表型变异的 4.36%~14.80%,在 3B 染色体上检测到 1 个能在 2 个环境点稳定表达的粒长 QTL;千粒质量相关 QTL 检测到 24 个,分布于 2A、3A、5A、6A、7A、2B、3B、4B、5B、7B 染色体上,可解释表型变异的 0.25%~8.23%。另外,在 2B 染色体上检测到 5 个控制千粒质量的 QTL,表明 2B 染色体与千粒质量关系密切。

关键词 小麦;粒长;千粒质量;SRAP;QTL

中图分类号 S512.1

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2017)08-1165-08

小麦是世界三大主粮之一,其产量直接关系到粮食安全问题,因此,寻找控制小麦产量性状的基因,提高小麦产量一直是科研工作者的目标。千粒质量是小麦产量的三大主要组成因素之一,对小麦的产量具有极其重要的影响,而籽粒的大小及形态则直接影响着千粒质量的大小^[1],粒长(kernel length, KL)作为籽粒大小的重要标志,与千粒质量存在重要的相关性^[2],因此,通过研究粒长及千粒质量相关的 QTL 可为后续的产量研究提供基础。有关小麦产量相关性状的 QTL 前人已有较多研究,检测到的控制小麦千粒质量的 QTL 几乎遍布于 21 条染色体上^[3-7],Campbell 等^[3]将控制粒长的 QTL 定位到 1B、2B、2D、3B、7D 染色体上。Tyagi 等^[8]利用‘中国春’和‘Rye Selection 111’所构建的 92 个重组自交系为材料,利用 SSR(基因间重复序列多态性)标记和 AFLP 标记共检测到 45 个与粒长、粒宽、容积相关的 QTL,这些 QTL 分布在除 2D 和 3D 外的 19 条染色体上,可解释表型变异的 6.97%~

29.87%。Li 等^[9]利用 594 个 SNP 标记和 404 个 SSR 标记构建一张高密度遗传连锁图谱,检测到 14 个与千粒质量相关的 QTL,2 个与穗数相关的 QTL,5 个与穗粒数相关 QTL,这些加性 QTL 分布于 13 条染色体上。姚琴等^[10]利用 SSR 和 DArT 分子标记,通过 2 个环境点数据共检测到 4 个千粒质量 QTL,分布于 3B、4D、6D 染色体上,可解释表型变异的 4.79%~31.37%。

前人虽已检测到许多控制小麦粒长和千粒质量相关的 QTL,但这些性状遗传基础复杂,易受环境及材料等影响,因此用不同研究材料及不同分子标记揭示能在不同环境下稳定表达的 QTL 及其效应仍有重要价值。SRAP(基因表达区序列)标记是由 Li 等^[11]首先于芸薹属植物中建立,是一种基于基因表达区序列的功能性分子标记。目前多被应用于植物遗传多样性研究^[12-13],目前小麦产量性状 QTL 研究主要采用 SSR、AFLP 等分子标记。而在小麦数量性状 QTL 定位研究应用 SRAP 标记的报道较少。本研究利用近年来

收稿日期:2016-04-14 修回日期:2016-06-02

基金项目:国家自然科学基金(31471482)。

第一作者:郭利建,男,硕士研究生,从事小麦 QTL 定位研究。E-mail: baiheichayee@163.com

通信作者:赵惠贤,女,博士,教授,主要从事生化与分子生物学研究。E-mail: hxzhao212@nwsuaf.edu.cn

审定的农艺性状优良的小麦品种‘西农 981’和‘陕麦 159’构建的 F_2 群体和 $F_{2,3}$ 家系,通过 SRAP 标记和 SSR 标记相结合的方法进行遗传图谱的构建,在 2 个环境条件下对小麦千粒质量和粒长性状进行 QTL 定位及效应分析。旨在寻找能在不同环境条件下稳定表达的 QTL 位点,为分子标记辅助小麦的遗传改良提供参考信息。

1 材料与方法

1.1 植物材料及种植

用近年来审定的农艺性状优良的 2 个小麦品种‘西农 981’和‘陕麦 159’进行杂交,构建含有 169 个单株的 F_2 群体和 $F_{2,3}$ 家系;分别用于作图群体和表型定位。

2012 年 4 月以‘西农 981’为母本,以‘陕麦 159’为父本,进行杂交。6 月收获杂交种子,10 月将杂交种子种植于西北农林科技大学杨凌小麦试验田。2013 年 6 月收获 F_1 种子,同年 10 月,将 F_1 种子种植于杨凌小麦试验田,同时种植 2 个亲本,田间常规管理。2014 年 4 月分单株挂牌标记 169 个 F_2 单株,同年 6 月按单株收获并脱粒。2014 年 10 月将收获的 169 个 F_2 单株的种子一分为二,分别种植于陕西杨凌试验站(环境 E1)($34^{\circ}17'N$, $108^{\circ}4'E$,海拔 525 m),和陕西三原试验站(环境 E2)($34^{\circ}36'N$, $108^{\circ}52'E$,海拔 429 m),形成 2 个环境点的 $F_{2,3}$ 家系群体;采用随机区组分布,试验设 3 次重复;单行区,行长 2 m,行距 0.24 m;同时种植亲本‘西农 981’和‘陕麦 159’,‘西农 979’作对照,田间常规管理。

1.2 SRAP 引物与 SSR 引物

SRAP 引物信息来源于 Li 等^[11]以及西北农林科技大学农学院胡胜武实验室,其中正向引物 34 条,反向引物 18 条,共能组成 612 对引物,引物由英潍捷基(上海)贸易有限公司合成。

SSR 引物包括 Xbarc 系列、Xwmc 系列、Xgdm 系列、Xcfa 系列、Xcfd 系列等共计 1 550 对,由西北农林科技大学农学院王竹林老师提供。

1.3 DNA 提取及分子标记检测

2 个亲本、 F_1 代植株以及 F_2 分离群体中挂牌各单株分别采取幼苗叶片,采用 CTAB 法^[14]进行小麦基因组 DNA 的提取,提取后通过琼脂糖凝胶电泳及超微量微孔板分光光度计分析 DNA 纯度及测量 DNA 浓度。

SRAP 引物 PCR 反应体系为 10 μL :ddH₂O

2.4 μL ,2 $\times$ Es Taq MasterMix(康为世纪)5 μL ,SRAP 引物各 0.3 μL (10 $\mu mol \cdot L^{-1}$),模版 DNA 2 μL (20 ng $\cdot \mu L^{-1}$)。SRAP 引物扩增程序为:95 $^{\circ}C$ 预变性 60 s,94 $^{\circ}C$ 变性 60 s,35 $^{\circ}C$ 退火 60 s,72 $^{\circ}C$ 延伸 60 s,5 个循环;94 $^{\circ}C$ 变性 60 s,50 $^{\circ}C$ 退火 60 s,72 $^{\circ}C$ 延伸 60 s,35 个循环;72 $^{\circ}C$ 延伸 7 min;4 $^{\circ}C$ 保存。

SSR 引物 PCR 反应体系为 15 μL ,ddH₂O 5.5 μL ,2 $\times$ Es Taq MasterMix(康为世纪)7.5 μL ,SSR 引物各 0.5 μL (10 $\mu mol \cdot L^{-1}$),模版 DNA 1 μL (20 ng $\cdot \mu L^{-1}$)。SSR 引物扩增程序为:95 $^{\circ}C$ 预变性 4 min,94 $^{\circ}C$ 变性 45 s,60 $^{\circ}C$ 退火 60 s(每个循环降低 0.5 $^{\circ}C$),72 $^{\circ}C$ 延伸 55 s,10 个循环;94 $^{\circ}C$ 变性 40 s,55 $^{\circ}C$ 退火 40 s,72 $^{\circ}C$ 延伸 60 s,35 个循环;72 $^{\circ}C$ 延伸 10 min;4 $^{\circ}C$ 保存。

扩增产物用 80 g/L 的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,银染法检测并拍照统计扩增条带。

1.4 性状调查

2015 年 6 月分别收获 2 个环境点的 169 个 $F_{2,3}$ 家系;每株系随机选取 6 个单株分别收获、脱粒及进行性状分析。粒长采用游标卡尺单粒测定,每个单株重复测定 30 次,取平均值;千粒质量测定采用 200 粒种子称量,重复 3 次,计算平均值并换算成千粒质量。上述性状调查结果取各株系平均值,采用 SPSS 19.0 软件进行统计分析。

1.5 连锁图谱构建及 QTL 定位

遗传连锁图谱构建采用软件 Icimapping4.1 (www.isbreeding.net)。带型记录参照软件要求;各参数值依照软件初始设置,LOD $\geq$ 2.5。用 Kosambi 函数和完备区间作图法作图^[15]。

2 结果与分析

2.1 亲本及 $F_{2,3}$ 家系产量性状表型变异

亲本及 $F_{2,3}$ 家系产量性状表型分析见表 1。亲本‘西农 981’在杨凌环境点和三原环境点粒长分别为 7.32 mm 和 7.45 mm,而亲本‘陕麦 159’在这 2 个环境点的粒长分别为 6.25 mm 和 6.22 mm;亲本‘西农 981’在 2 环境点的千粒质量分别为 50.95 g 和 50.05 g,亲本‘陕麦 159’在 2 个环境点的千粒质量分别为 42.3 g 和 42.51 g。

双亲中,粒长、千粒质量亲本‘西农 981’均显著高于‘陕麦 159’。对亲本间进行单因素方差分析表明,粒长和千粒质量在 2 环境条件下均达到极显著差异。 $F_{2,3}$ 家系中,粒长性状在 2 环境点

下变异系数分别为 2.45%和 2.48%;千粒质量性状在 2 环境点下变异系数分别为 8.19%和 6.65%,且表现出超亲分离现象,说明双亲及 F_{2,3}家系存在真实的遗传差异,符合数量性状遗传分析的要求。

表 1 2 个环境条件下亲本及 F_{2,3}群体表型及分析

Table 1 Phenotypic analysis of F_{2,3} population and parents in two environment sites

性状 Traits	环境 Environment	亲本 Parents			F _{2,3} 家系 F _{2,3} Population			
		西农 981 Xinong 981	陕麦 159 Shaanmai 159	亲本间差值 Difference between parents	平均值 Mean	范围/cm Range	标准差 SD	变异系数/% Variation coefficient
粒长/mm Kernel length	E1	7.32	6.25	1.07**	6.77	6.37~7.27	0.17	2.45
	E2	7.45	6.22	1.23**	6.53	6.21~6.93	0.16	2.48
千粒质量/g 1 000-grain mass	E1	50.95	42.3	8.65**	44.65	37.19~58.18	3.66	8.19
	E2	50.05	42.51	7.54**	45.99	42.16~51.78	3.06	6.65

注: ** 极显著差异。
Note: ** level of highly significant difference.

2.2 分子标记连锁图谱

利用 SRAP 引物和 SSR 引物在‘西农 981’和‘陕麦 159’2 个亲本之间进行单重复筛选及双重复验证,最终筛选获得 81 对有多态性的 SRAP 引物和 150 对有多态性 SSR 引物。将这些在亲本间有多态性的引物再用 F₂ 群体进行检测,SRAP 引物有 66 对出现多态性,SSR 引物有 63 对具有多态性。其中,SSR 引物和 SRAP 引物在

F₂ 群体的部分个体中扩增多态性如图 1 和图 2 所示。最终在 F₂ 群体存在 115 个多态性标记(55 个 SRAP 标记,60 个 SSR 标记),这些标记被正确定位到遗传连锁图谱上。图谱全长 3 203.67 cM,标记主要定位于 A 染色体组和 B 染色体组,其中 2B 染色体标记数量最多,共有 21 个标记,D 基因组 1D 染色体最少,定位到 3 个标记。



P1. 西农 981 Xinong 981;P2. 陕麦 159 Shaanmai 159;1~88. 部分 F₂ 群体 Part of F₂ population;下同 The same below

图 1 SSR 引物 Xgwm66 在 F₂ 群体的部分个体之间的扩增多态性检测图谱

Fig. 1 Polymorphism results of SSR primer pair Xgwm66 in partial F₂ population

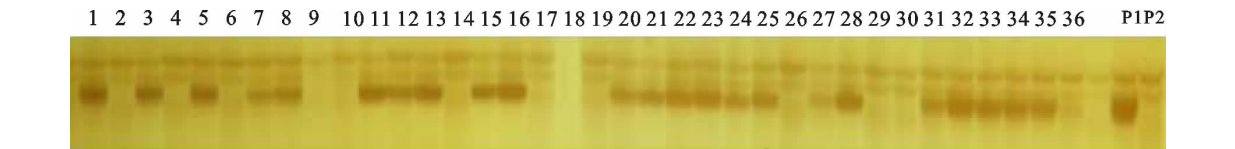


图 2 SRAP 引物对 Me11Em1 在 F₂ 群体的部分个体之间的扩增多态性检测图谱

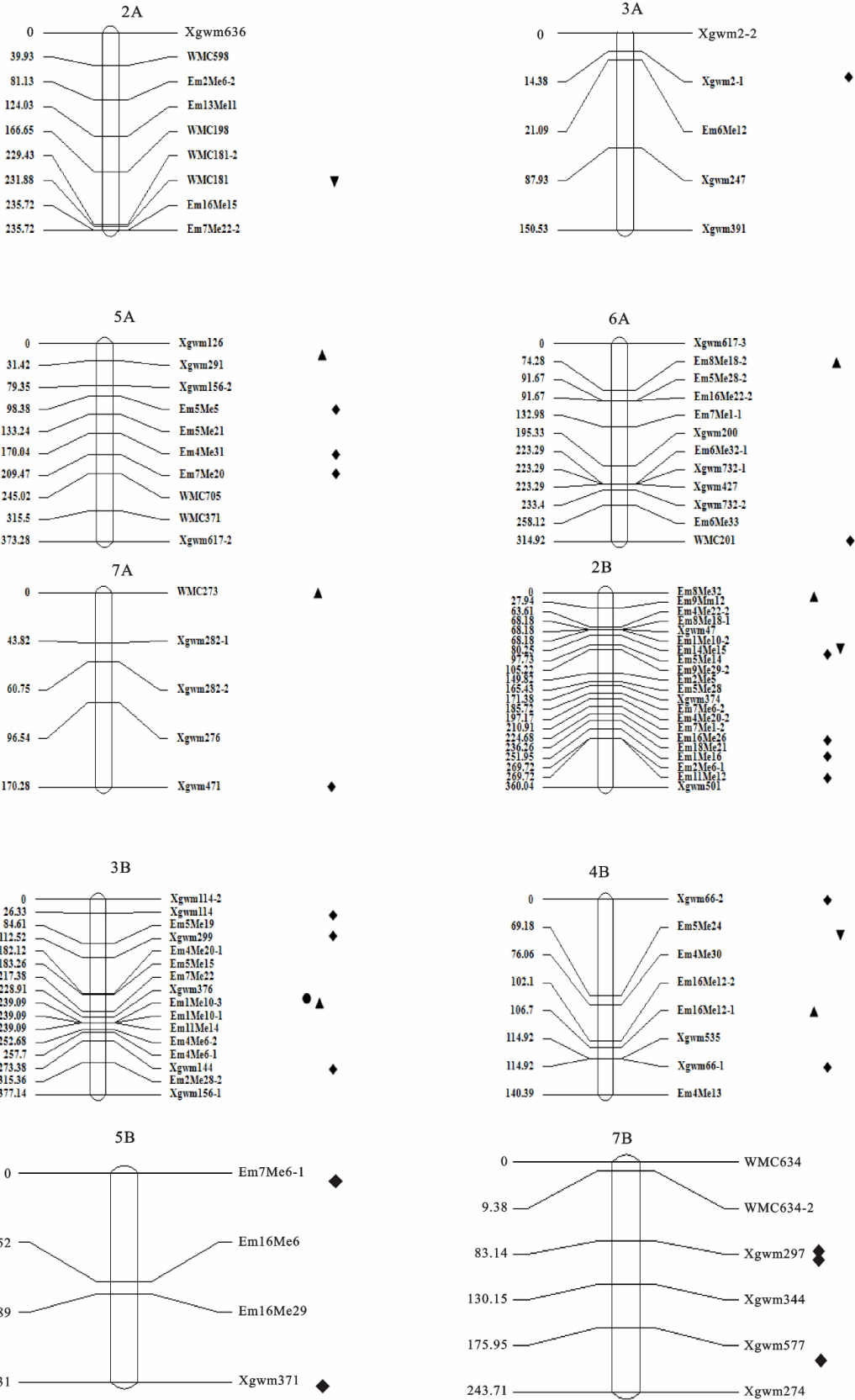
Fig. 2 Polymorphism results of SRAP primer pair Me11Em1 in partial F₂ population

2.3 小麦粒长和千粒质量性状的 QTL 定位及效应分析

在杨凌和三原 2 个环境点共检测到 31 个粒长和千粒质量相关 QTL(图 3 及表 2);其中粒长相关 QTL 检测到 7 个,分布于 5A、6A、7A、2B、3B、4B 染色体上;千粒质量相关 QTL 检测到 24 个,分布于 2A、3A、5A、6A、7A、2B、3B、4B、5B、7B 染色体上。

粒长 QTL 中,杨凌环境点只检测到 1 个

QTL,位于 3B 染色体 Xgwm376—Em1Me10-3,可解释表型变异的 8.18%。三原环境点检测到 6 个粒长相关 QTL,分别分布于 2B、3B、4B、5A、6A 和 7A 染色体上;其中,在三原环境点 3B 染色体 Xgwm376—Em1Me10-3 同样检测到 1 个粒长 QTL,可解释表型变异的 5.47%,表明该控制粒长的 QTL 能在 2 个不同环境条件下稳定表达;在 5A 染色体 Xgwm126—Xgwm291 检测到 1 个粒长 QTL,可解释表型变异的 5.81%;在 6A 染



●. 杨凌粒长 Kernel length measured in Yangling; ▲. 三原粒长 Kernel length measured in Sanyuan; ◆. 杨凌千粒质量
1 000-grain mass measured in Yangling ▼. 三原千粒质量 1 000-grain mass measured in Sanyuan

图 3 小麦粒长和千粒质量相关 QTL 位点定位

Fig. 3 Location of QTLs related kernel length and 1 000-grain mass in wheat

表 2 完备区间作图法检测粒长和千粒质量的 QTL

Table 2 QTLs determined by inclusive composite interval mapping

性状 Trait	环境 Environment	染色体 Chromosome	位置/cM Position	左标记 Left marker	右标记 Right marker	LOD	加性效应 Additive effect	贡献值/% Contribution rate
粒长	杨凌 Yangling	3B	235	Xgwm376	Em1Me10-3	3.48	0.05	8.18
Kernel length	三原 Sanyuan	5A	16	Xgwm126	Xgwm291	2.57	0.05	5.81
		6A	75	Em8Me18-2	Em5Me28-2	2.68	0.06	4.36
		7A	0	WMC273	Xgwm282-1	3.26	0.00	4.69
		2B	11	Em8Me32	Em9Mm12	2.83	−0.07	14.80
		3B	239	Xgwm376	Em1Me10-3	3.80	0.06	5.47
千粒质量 1 000-grain mass	杨凌 Yangling	4B	107	Em16Me12-1	Xgwm535	3.29	0.06	4.72
		3A	13	Xgwm2-2	Xgwm2-1	6.62	11.35	0.62
		5A	98	Xgwm156-2	Em5Me5	8.41	11.27	0.62
		5A	172	Em4Me31	Em7Me20	8.55	11.20	0.60
		5A	207	Em4Me31	Em7Me20	9.09	11.36	0.65
		6A	313	Em6Me33	WMC201	8.46	11.11	0.61
		7A	169	Xgwm276	Xgwm471	8.47	11.28	0.61
		2B	87	Em14Me15	Em5Me14	5.40	11.26	0.61
		2B	227	Em16Me26	Em18Me21	8.73	11.22	0.60
		2B	250	Em18Me21	Em1Me16	8.64	11.20	0.60
		2B	271	Em11Me12	Xgwm501	5.80	0.35	0.60
		3B	39	Xgwm114	Em5Me19	2.99	4.54	0.76
		3B	107	Em5Me19	Xgwm299	2.70	0.43	0.25
		3B	275	Xgwm144	Em2Me28-2	6.90	11.28	0.61
		4B	1	Xgwm66-2	Em5Me24	8.16	11.07	0.61
		4B	116	Xgwm66-1	Em4Me13	8.07	11.17	0.60
		5B	3	Em7Me6-1	Em16Me6	6.32	5.83	0.59
		5B	118	Em16Me29	Xgwm371	4.10	4.53	0.66
		7B	79	WMC634-2	Xgwm297	6.08	11.28	0.61
		7B	86	Xgwm297	Xgwm344	5.56	11.29	0.61
	三原 Sanyuan	7B	178	Xgwm577	Xgwm274	6.45	11.37	0.62
		7B	229	Xgwm577	Xgwm274	4.83	10.98	0.64
		2A	232	WMC181	Em16Me15	2.80	−1.11	4.99
		2B	78	Em1Me10-2	Em14Me15	3.14	−5.46	8.23
		4B	71	Em5Me24	Em4Me30	3.33	1.29	6.48

色体上检测到 1 个粒长 QTL,位于 Em8Me18-2—Em5Me28-2,可解释表型变异的 4.36%。在 7A 染色体上检测到 1 个粒长 QTL,位于 WMC273—Xgwm282-1,可解释表型变异的 4.69%。在 2B 染色体上检测到 1 个粒长 QTL,位于 Em8Me32—Em9Me12,可解释表型变异的 14.8%。可能为一主效 QTL。

千粒质量 QTL 中,在杨凌环境点共检测到 21 个 QTL。其中 3A 染色体上 1 个;5A 染色体上 3 个;6A 染色体上 1 个,7A 染色体上 1 个;2B 染色体上 4 个,3B 染色体上 3 个;4B 染色体上 2 个,5B 染色体上 2 个;7B 染色体上 4 个。加性效

应值表明,千粒质量 QTL 的增效等位基因来源于亲本‘西农 981’。三原环境点检测到 3 个千粒质量 QTL,分别位于 2A、2B、4B 染色体上。

3 讨论

3.1 SRAP 标记能有效增加基于 SSR 标记的小麦遗传图谱中分子标记的密度

SSR 标记是基于高等植物基因组中基因间短的中度或高度重复序列在物种间的多态性而建立的分子标记,其在作物遗传多样性、遗传连锁图的构建及数量性状 QTL 定位、目标基因定位及分子标记辅助育种选择等方面已得到广泛应

用^[16]。SRAP 标记技术是首先在芸薹属植物中建立的,李媛媛等^[17]利用 SRAP 标记、SSR 标记和 AFLP 标记对甘蓝型油菜进行遗传图谱的构建,发现 SRAP 多态性检出率最高。本研究构建小麦遗传连锁图谱时,多态性筛选结果表明 SRAP 标记的多态性检出率高于 SSR 标记。SRAP 引物不受物种限制,不同引物可以随意组合,大大提高引物的使用效率,进而降低引物合成的成本。因此,SRAP 标记在作物遗传图谱构建中具有很大的利用空间。在小麦遗传连锁图谱构建中,SRAP 标记能够弥补 SSR 标记的不足,使基于 SSR 标记的遗传连锁图的标记密度能够进一步增加。

此外,由于本试验所用 SSR 标记多位于 A 染色体组和 B 染色体组,因此所得遗传图谱中,分子标记多位于 A 染色体组和 B 染色体组,D 染色体组较少,贾继增等^[18]对来自世界 11 个国家的小麦品种进行遗传多样性分析,结果发现 A 染色体组和 B 染色体组遗传多样性较高,而 D 基因组较差,这可能是导致 D 染色体组标记较少的原因之一。

3.2 小麦粒长和千粒质量 QTL 定位结果比较

由于小麦基因组庞大且复杂,因此利用不同的材料和不同的方法对小麦进行 QTL 定位得到的结果往往有所差异并可能得到新的结果,这与不同的材料携带的基因不同有关,同时也受环境差异和不同标记方法的共同影响。本研究利用近年来审定的农艺性状优良的小麦品种‘西农 981’和‘陕麦 159’构建的 F_2 群体和 $F_{2:3}$ 家系为研究材料,在三原和杨凌 2 个环境条件下对小麦千粒质量和粒长性状进行 QTL 定位及效应分析,结果共检测到 31 个小麦粒长和千粒质量 QTL 位点;其中,其 7 个粒长 QTL;24 个千粒质量 QTL。前人已研究得到的粒长 QTL 基本遍布于小麦 21 条染色体上^[19-21]。余曼丽等^[20]将粒长 QTL 定位到 5A、7A、1B、2B、3B、1D、6D、7D 染色体上,其中 5A、1B、2B、3B 染色体上的粒长 QTL 可在 2 环境条件下稳定表达;本研究同样在 5A、7A、2B、3B 染色体上检测到粒长 QTL,但是只在 3B 染色体上检测到 1 个能在 2 环境条件下稳定表达的粒长 QTL;本研究在 3B 染色体所得的粒长 QTL 与余曼丽等^[20]在 3B 染色体所得的粒长 QTL 所处位置不同,邻近标记也不同,但是否为新的 QTL 仍需要进一步增加标记密度才能确定。此外,本研

究在 2B 染色体上的粒长 QTL 可解释表型变异的 14.8%,可能为一主效 QTL;Ramya 等^[21]利用 SSR 标记在小麦 2B 染色相近位置同样发现了一个控制粒长的 QTL;但是由于本研究在该位置邻近标记为 SRAP 标记,所以,无法确定二者是否为同一 QTL 位点,还需进一步研究分析才能明确。本研究除在 5A、7A、2B、3B 染色体上检测到粒长 QTL 外,还在 6A、4B 染色体上检测到控制粒长的 QTL,其中位于 6A 染色体上的 QTL 前人未检测到,可能为一新的粒长 QTL。

已报道的小麦千粒质量 QTL 分布于小麦 21 条染色体上^[3,22-23]。Ramya 等^[21]将小麦千粒质量 QTL 定位于 1A、2B、4B、5B、6B、1D、2D 染色体上,其中位于 2B 染色体上的千粒质量 QTL 能够在 4 个环境条件下稳定表达;周森平等^[24]和丁安明等^[25]也在 2B 染色体上检测到千粒质量相关 QTL;本研究在 2B 染色体上未检测到 2 环境下稳定表达的千粒质量 QTL,但是在 2B 染色体共检测到 5 个千粒质量 QTL,这 5 个千粒质量 QTL 与 Ramya 等^[21]以及周森平等^[24]和丁安明等^[25]所检测得到的千粒质量 QTL 所处位置均不相同,这 5 个千粒质量 QTL 多数与 SRAP 标记相关,由于 SRAP 标记与其他标记如 SSR 标记的扩增区间不同,因此推测可能为新的千粒质量 QTL,但是其贡献率都较低,属于微效 QTL。王瑞霞等^[2]曾在 3B 染色体上检测到 3 个千粒质量 QTL;本研究也在 3B 染色体上检测到 3 个千粒质量 QTL,这表明 2B 及 3B 染色体上可能存在控制千粒质量相关的基因,但是 3B 染色体上检测得到的千粒质量 QTL 贡献率也较低。此外,本研究还在 5A 和 7B 染色体上分别检测到 3 个和 4 个千粒质量 QTL,这与前人在相应染色体上得到的千粒质量 QTL 的位置有所不同,是否为新的千粒质量 QTL 位点尚需进一步分析。本研究只在粒长性状上检测到 1 个能在 2 环境条件下稳定表达的 QTL;2 个环境条件下检测得到的粒长 QTL 及千粒质量 QTL 结果差异较大,这可能是受 2 地环境条件影响所导致;李巧云等^[26]研究曾指出小麦产量性状易受地理环境和生产条件的影响,同一品种在不同地区或同一地区不同种植地点都可能存在明显差异。

本研究所采用的 2 个亲本‘西农 981’和‘陕麦 159’是近年来审定的农艺性状优良的小麦品种,本研究结果对利用这 2 个亲本进行新品种的

选育具有一定的借鉴;在后续的研究中将重点对 2B 及 3B 染色体区段进行加密研究,为利用分子标记辅助育种及培育具有高产、优质的品种提供有用信息。

参考文献 Reference:

[1] GIURA A, SAULESCU N N. Chromosomal location of genes controlling grain size in a large grained selection of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Euphytica*, 1996, 89(1):77-80.

[2] 王瑞霞,张秀英,伍 玲,等. 不同生态环境下冬小麦籽粒大小相关性状的 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2009, 42(2): 398-407.

WANG R X, ZHANG X Y, WU L, *et al.* QTL analysis of grain size and related traits in winter wheat under different ecological environments. [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2009, 42(2):398-407(in Chinese with English abstract)

[3] CAMPBELL K G, BERGMAN C J, GUALBERTO D G, *et al.* Quantitative trait loci associated with kernel traits in a soft $\times$ hard wheat cross[J]. *Crop Science*, 1999, 39(4): 1184-1195.

[4] VARSHNEY R K, PRASAD M, ROY J K, *et al.* Identification of eight chromosomes and a microsatellite marker on 1AS associated with QTL for grain weight in bread wheat [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2000, 100(8): 1290-1294.

[5] AMMIRAJU J S S, DHOLAKIA B B, SANTRA D K, *et al.* Identification of inter simple sequence repeat (ISSR) markers associated with seed size in wheat[J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2001, 102(5):726-732.

[6] 李斯深. 小麦产量性状 QTL 的分子标记定位[D]. 济南:山东农业大学, 2002.

LI S SH. QTL mapping for yield traits using molecular markers in wheat[D]. Jinan:Shandong Agricultural University, 2002(in Chinese).

[7] 宋彦霞,景蕊莲,霍纳新,等. 普通小麦 (*T. aestivum* L.) 不同作图群体抽穗期 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2006, 39(11):2186-2193.

SONG Y X, JING R L, HUO N X, *et al.* Detection of QTLs for heading in common wheat (*T. aestivum* L.) using different populations[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2006, 39(11):2186-2193 (in Chinese with English abstract).

[8] TYAGI S, MIR R R, BALYAN H S, *et al.* Interval mapping and meta-QTL analysis of grain traits in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Euphytica*, 2015, 201(3):367-380.

[9] LI C, BAI G, CARVER B F, *et al.* Single nucleotide polymorphism markers linked to QTL for wheat yield traits[J]. *Euphytica*, 2015, 206(1):89-101.

[10] 姚 琴,周荣华,潘昱名,等. 小麦品种偃展 1 号与品系早穗 30 重组自交系群体遗传连锁图谱构建及重要农艺性状的 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2010, 43(20): 4130-4139.

YAO Q, ZHOU R H, PAN Y M, *et al.* Construction of genetic linkage map and QTL analysis of agronomic important traits based on a RIL population derived from common wheat variety Yanzhan 1 and Zaosui 30. [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(20): 4130-4139 (in Chinese with English abstract).

[11] LI G, QUIROS C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction:its application to mapping and gene tagging in Brassica [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2001, 103:455-461.

[12] 祁建民,梁景霞,陈美霞,等. 应用 ISSR 与 SRAP 分析烟草种质资源遗传多样性及遗传演化关系[J]. 作物学报, 2012, 38(8):1425-1434.

QI J M, LIANG J X, CHEN M X, *et al.* Genetic diversity and evolutionary analysis of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) germplasm resources based on ISSR and SRAP markers[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38(8): 1425-1434 (in Chinese with English abstract).

[13] 韩 芳,元佳佳,马守才,等. 黄淮麦区部分小麦品种(系)遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 西北农业学报, 2014, 23(12):60-67.

HAN F, QI J J, MA SH C, *et al.* Genetic diversity of some wheat varieties in Huang-Huai wheat area revealed by SRAP marker[J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2014, 23(12): 60-67 (in Chinese with English abstract).

[14] SAGHAI-MAROOF M A, SOLIMAN K M, JORGENSEN R A, *et al.* Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics[J]. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1984, 81(24):8014-8018.

[15] JIANG Y F, LAN X J, LUO W, *et al.* Genome-wide quantitative trait locus mapping identifies multiple major loci for brittle rachis and threshability in Tibetan semi-wild wheat (*Triticum aestivum* ssp. *tibetanum* Shao) [J]. *Plos One*, 2013, 9(12):114066-114066.

[16] 程小毛,黄晓霞. SSR 标记开发及其在植物中的应用[J]. 中国农学通报, 2011, 27(5): 304-307.

CHENG X M, HUANG X X. Development and application of SSR markers in plants[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2011, 27(5): 304-307 (in Chinese with English abstract).

[17] 李媛媛,沈金雄,王同华,等. 利用 SRAP、SSR 和 AFLP 标记构建甘蓝型油菜遗传连锁图谱[J]. 中国农业科学, 2007, 40(6):1118-1126.

LI Y Y, SHEN J X, WANG T H, *et al.* Construction of a linkage map using SRAP, SSR and AFLP markers in *Brassica napus* L. [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(6):1118-1126(in Chinese with English abstract).

[18] 贾继增,张正斌. 小麦 21 条染色体 RFLP 作图位点遗传多样性分析[J]. 中国科学(C辑:生命科学), 2001, 31(1):13-21.

JIA J Z, ZHANG ZH B. Genetic diversity of 21 chromosome for wheat by RFLP marker[J]. *Science in China (Series C)*, 2001, 31(1):13-21(in Chinese).

[19] LI Q, ZHANG Y, LIU T, *et al.* Genetic analysis of kernel weight and kernel size in wheat (*Triticum aestivum* L.)

- using unconditional and conditional QTL mapping[J]. *Molecular Breeding*, 2015, 35(10): 1-15.
- [20] 余曼丽, 赵林妹, 郭会君, 等. 小麦籽粒性状的 QTL 定位[J]. 麦类作物学报, 2014, 34(8): 1029-1035.
- YU M L, ZHAO L SH, GUO H J, *et al.* QTL mapping for kernel traits in wheat[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2014, 34(8): 1029-1035 (in Chinese with English abstract).
- [21] RAMYA P, CHAUBAL A, KULKARNI K, *et al.* QTL mapping of 1 000-kernel weight, kernel length, and kernel width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Journal of Applied Genetics*, 2010, 51(4): 421-429.
- [22] HUANG X Q, KEMPF H, GANAL M W, *et al.* Advanced backcross QTL analysis in progenies derived from a cross between a German elite winter wheat variety and a synthetic wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 109(5): 933-943.
- [23] HUANG X Q, CLOUTIER S, LYCAR L, *et al.* Molecular detection of QTLs for agronomic and quality traits in a doubled haploid population derived from two Canadian wheats (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2006, 113(4): 753-766.
- [24] 周森平, 任丽娟, 张旭, 等. 小麦产量性状的 QTL 分析[J]. 麦类作物学报, 2006, 26(4): 35-40.
- ZHOU M P, RENG L J, ZHANG X, *et al.* Analysis of QTLs for yield traits of wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2006, 26(4): 35-40 (in Chinese with English abstract).
- [25] 丁安明, 崔法, 李君, 等. 小麦单株产量与株高的 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2011, 44(14): 2857-2867.
- DING A M, CUI F, LI J, *et al.* QTL analysis on grain yield per plant and plant height in wheat [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, 44(14): 2857-2867 (in Chinese with English abstract).
- [26] 李巧云, 李磊, 刘万代, 等. 河南省小麦产量及其构成因素变化规律分析[J]. 河南农业科学, 2011, 40(4): 38-40.
- LI Q Y, LI L, LIU W D, *et al.* Analyses of yield and its composition property of wheat in henan province [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2011, 40(4): 38-40 (in Chinese with English abstract).

The QTL Mapping and Effect Analysis of Wheat Kernel Length and 1 000-grain Mass Based on SRAP and SSR Markers

GUO Lijian¹, WANG Zhulin², WANG Shijuan¹, LIU Xiangli¹ and ZHAO Huixian¹

(1. College of Life Sciences, Northwest A&F University, Yangling Shaanxi 712100, China;

2. College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling Shaanxi 712100, China)

Abstract In order to explore QTLs related to kernel length and 1 000-grain mass, wheat variety ‘Xinong 981’ and ‘Shaanmai 159’ were used to develop 169 F₂ population and F_{2,3} lines. The F₂ population was exploited to construct genetic map and the F_{2,3} lines grown in two different environments of Yangling and Sanyuan for testing the phenotypic data. The results showed that highly significant difference of environment variance was detected for kernel length and 1 000-grain mass. Thirty-one related QTLs were detected in two environments. Of all, seven QTLs account for 4.36%—14.80% phenotypic variance of wheat kernel length, scattered in 5A, 6A, 7A, 2B, 3B, and 4B chromosomes, and on 3B chromosome, one kernel length-related QTL was detected in both locations; 24 QTLs for 1 000-grain mass, distributed on 2A, 3A, 5A, 6A, 7A, 1B, 2B, 3B, 4B, 5B, and 7B chromosome and can explain 0.25%—8.23% phenotypic variance. Five QTLs related to 1 000-grain mass were detected on 2B chromosome, suggesting that 2B chromosome might closely related to kernel mass.

Key words Wheat; Kernel length; Grain mass; SRAP; QTL

Received 2016-04-14

Returned 2016-06-02

Foundation item The National Natural Science Foundation of China (No. 31471482).

First author GUO Lijian, male, master student. Research area: wheat QTL research. E-mail: baiheichaye@163.com

Corresponding author ZHAO Huixian, female, doctoral supervisor. Research area: biochemistry and molecular biology. E-mail: hxzhao212@nwsuaf.edu.cn

(责任编辑: 史亚歌 **Responsible editor: SHI Yage**)