

# 调控小麦苗期性状基因的染色体定位

任永哲<sup>1</sup>, 贵祥卫<sup>2</sup>, 王 辉<sup>1</sup>, 徐艳花<sup>1</sup>, 张庆琛<sup>1</sup>, 裴冬丽<sup>1</sup>

(1. 商丘师范学院 生命科学院, 河南 商丘 476000; 2. 延津县农业局, 河南 延津 453200)

**摘要:** 为了进一步定位调控小麦苗期性状的基因, 以中国春-埃及红染色体代换系为试验材料, 采用盆栽方法对调控小麦苗期性状的基因进行染色体定位。结果表明: 埃及红 1A 和 5D 染色体上携带正向调控分蘖数(TN)的基因, 1B、4B、1D 染色体上携带正向调控地上部干质量(SDW)的基因, 7B 和 5D 染色体上携带正向调控最长根长(MRL)的基因, 1A 和 2A 染色体上携带负向调控 MRL 的基因, 1B 染色体上携带正向调控根干质量(RDW)、总干质量(TDW)的基因, 2A 和 3B 染色体上携带负向调控 TDW 的基因。1B 染色体上检测到的调控 RDW 的位点、2A 和 5D 染色体上检测到的调控 MRL 的位点、2A 染色体上检测到的调控 TDW 的位点均是新发现的基因位点。

**关键词:** 小麦; 苗期性状; 基因; 染色体定位

**中图分类号:** S512.1      **文献标志码:** A      **文章编号:** 1004-3268(2014)05-0020-04

## Chromosomal Location of Genes Controlling Seedling Traits of Wheat

REN Yong-zhe<sup>1</sup>, GUI Xiang-wei<sup>2</sup>, WANG Hui<sup>1</sup>, XU Yan-hua<sup>1</sup>, ZHANG Qing-chen<sup>1</sup>, PEI Dong-li<sup>1</sup>

(1. College of Life Science, Shangqiu Normal University, Shangqiu 476000, China;

2. Bureau of Agriculture of Yanjin County, Yanjin 453200, China)

**Abstract:** The 'Chinese Spring-Egyptian Red' wheat substitution lines were used as materials to determine the chromosomal location of genes regulating the seedling traits of wheat. The pot culture was employed to examine the values of TN, MRL, RDW, SDW and TDW of each chromosomal substitution lines and their parents. The genes for corresponding traits were mapped to specific chromosomes based on significance analysis. Results showed that the genes controlling TN were located on chromosome 1A and 5D; the genes for SDW on chromosomes 1B, 4B and 1D; the genes for MRL on chromosome 1A, 2A, 7B and 5D; the genes for RDW on chromosome 1D; and the genes for TDW on chromosome 2A, 1B and 3B. In addition, the RDW genes on chromosome 1B, the MRL genes on chromosome 2A and 5D, and the TDW genes on chromosome 2A were the novel loci detected in this study.

**Key words:** wheat; seedling traits; gene; chromosomal location

小麦是我国重要的粮食作物。长期以来, 人们已经对小麦生长中后期的各种重要农艺性状做了大量的研究。有研究表明, 苗期是小麦生长发育的重要时期, 苗期地上部的繁茂性和根系的快速生长有利于小麦成熟期生物量的积累<sup>[1-2]</sup>。An 等<sup>[1]</sup>的研究

结果也表明, 调控苗期根干质量(RDW)的 QTLs 多数与调控小麦成熟期吸氮量(NUP)的 QTLs 共定位, 预示着苗期发达的根系有利于小麦整个生育期对养分的吸收。因此, 对小麦苗期性状进行研究具有重要的意义。

收稿日期: 2013-10-26

基金项目: 国家自然科学基金项目(31201678); 国家重点实验室开放课题(2012-PCCE-KF-06); 商丘师范学院青年科研基金项目(2011QN18)

作者简介: 任永哲(1981-), 男, 河南延津人, 副教授, 博士, 主要从事小麦遗传改良研究。E-mail: yongzheren66@163.com

小麦染色体代换系是开展遗传学研究的宝贵种质资源,国内外科学家利用小麦染色体代换系为材料,对小麦抗旱性<sup>[3-5]</sup>、抗病性<sup>[6]</sup>、磷利用效率<sup>[7-8]</sup>、水分利用效率<sup>[9]</sup>等性状进行了大量研究,取得了一系列的研究成果。曹红星等<sup>[7]</sup>利用小麦中国春-埃及红代换系对调控磷素利用效率的基因进行了染色体定位,认为7A和7D染色体上携带对磷素利用有促进作用的基因。张娟等<sup>[9]</sup>利用同一套材料将控制高水分利用效率的基因定位在5A和5D染色体上。白志英等<sup>[3-5]</sup>利用中国春-人工合成小麦染色体代换系将抗旱相关基因进行了染色体定位。因此,利用染色体代换系对相关基因进行定位是一种非常有效的研究手段。目前,已经定位到了一批调控苗期性状的QTLs<sup>[10-16]</sup>,但前期研究多数是在水培或者琼脂培养等实验室条件下完成的,与大田环境存在较大的差异,其定位到的位点也需要做进一步验证。为了进一步发掘调控小麦苗期性状的基因,本试验用1套中国春-埃及红染色体代换系作为研究材料,通过盆栽土培方法进行小麦培养,对调控小麦苗期性状的基因进行染色体定位,以期进一步解析调控小麦苗期性状的遗传基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

本试验以中国春-埃及红染色体代换系及其亲本共23份材料作为供试材料。该代换系是将供体品种埃及红的21条染色体分别导入受体品种中国春中所产生的,该套材料最初是由中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心从澳大利亚引进<sup>[9]</sup>。

### 1.2 试验方法

1.2.1 盆栽土的准备 在贫瘠的非耕种区土地取下层土壤约750 kg,取砂子约750 kg,分别用5 mm孔径的筛子全部过筛后按1:1充分混匀。每100 kg的混合土掺入42 g的复合肥(N:P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>:K<sub>2</sub>O=25:14:6,并含有适量的微肥)。将土装入预先准备好的盆中,盆的规格为:盆口直径15 cm、盆底直径12 cm、盆高10 cm。

1.2.2 催芽、播种和培养 苗期盆栽试验在商丘师范学院生命科学学院科教园区进行(东经115.65°、北纬34.44°)。首先将21个代换系及其亲本的种子在培养皿中催芽,选取发芽整齐一致的种子播种于预先装好土的盆中,每盆播种4粒,待苗出齐后每盆保留3株整齐一致的苗。定期定量浇水,遇下雨天气用雨布遮盖。试验设3次重复,连续培养90 d后,调查不同代换系及亲本的苗期性状。

1.2.3 苗期性状的调查 培养结束后首先调查代换系及其亲本的分蘖数(tiller number, TN),然后用水小心将每盆植株的根系冲洗干净,测量每个株系的最长根长(maximum root length, MRL),将植株按地上部和根系分开,在烘箱中80℃烘干至恒质量,分别称量地上部干质量(shoot dry weight, SDW)、根系干质量(root dry weight, RDW)和总干质量(total dry weight, TDW)。

1.2.4 数据处理 用SPSS 11.5计算不同性状在每个代换系与亲本中国春之间的差异显著性。

## 2 结果与分析

### 2.1 调控小麦TN相关基因的染色体定位

从表1可以看出,在21个染色体代换系中,有13个系的TN多于中国春(5.8个),其中1A染色体代换系和5D染色体代换系的TN与中国春的差异达到了显著水平,分别为7.7个和7.8个,说明埃及红的1A和5D染色体上存在正向调控TN的基因,且能在中国春背景下表达;有6个代换系的TN少于亲本中国春,但差异均未达到显著水平;另外2个系与中国春的TN相等。

### 2.2 调控小麦SDW相关基因的染色体定位

由表1可知,在所调查的21个染色体代换系中,SDW最高的3个系分别为1B染色体代换系、4B染色体代换系和1D染色体代换系,其中1B染色体代换系的SDW与中国春的差异最大,比中国春的SDW增加了0.1373 g/株,其次为1D和4B染色体代换系,分别比中国春的SDW增加了0.0953 g/株和0.0927 g/株。这3个系的SDW与中国春相比差异均达到了显著水平。说明埃及红的1B、4B和1D染色体上携带正向调控SDW的基因位点。其余18个染色体代换系的SDW与中国春的差异均未达到显著水平。

### 2.3 调控小麦MRL相关基因的染色体定位

由表1可知,对于MRL,2A染色体代换系的MRL最短,只有41.2 cm;其次为1A染色体代换系,MRL值为45.2 cm,二者均极显著低于亲本中国春的MRL。说明在埃及红1A和2A染色体上携带抑制根长的基因,且能够在中国春背景下表达。在21个代换系中,根长最长的2个系分别为7B和5D染色体代换系,其MRL分别为62.7 cm和63.8 cm,与中国春相比差异也均达到了显著水平。说明在埃及红7B和5D染色体上携带促进根系伸长的基因,且能够在中国春背景下表达。其余17个代换系的MRL与中国春的差异均未达到显著水平。

表 1 小麦不同染色体代换系苗期性状调查结果

| 材料  | TN/个     | SDW/(g/株)        | MRL/cm     | RDW/(g/株)        | TDW/(g/株)        |
|-----|----------|------------------|------------|------------------|------------------|
| 1A  | 7.7±0.5* | 0.322 3±0.013 1  | 45.2±1.8** | 0.149 8±0.004 0  | 0.472 2±0.015 5  |
| 2A  | 6.0±0.5  | 0.237 0±0.013 3  | 41.2±2.7** | 0.117 5±0.016 5  | 0.354 5±0.025 1* |
| 3A  | 6.4±0.6  | 0.244 3±0.053 5  | 51.7±4.6   | 0.117 2±0.030 5  | 0.361 5±0.083 8  |
| 4A  | 7.0±0.8  | 0.318 3±0.054 4  | 56.7±7.6   | 0.142 8±0.029 0  | 0.461 2±0.083 1  |
| 5A  | 5.5±0.9  | 0.248 3±0.017 0  | 54.3±7.7   | 0.136 8±0.008 8  | 0.421 2±0.022 0  |
| 6A  | 4.8±0.4  | 0.225 7±0.037 7  | 47.7±3.5   | 0.119 5±0.014 2  | 0.355 2±0.051 6  |
| 7A  | 5.7±0.7  | 0.277 0±0.025 0  | 52.0±8.6   | 0.119 3±0.009 0  | 0.396 3±0.033 3  |
| 1B  | 6.2±1.3  | 0.417 3±0.043 8* | 53.5±4.1   | 0.182 8±0.014 0* | 0.600 2±0.063 2* |
| 2B  | 6.2±0.5  | 0.304 8±0.018 4  | 53.2±1.0   | 0.143 8±0.007 7  | 0.448 7±0.010 7  |
| 3B  | 5.2±0.5  | 0.263 0±0.008 8  | 59.8±3.0   | 0.122 0±0.009 6  | 0.385 0±0.018 3* |
| 4B  | 5.8±0.5  | 0.372 7±0.035 7* | 53.7±4.8   | 0.165 8±0.022 1  | 0.538 5±0.057 0  |
| 5B  | 5.8±0.8  | 0.277 7±0.026 1  | 50.8±6.1   | 0.131 0±0.008 4  | 0.408 7±0.031 4  |
| 6B  | 6.8±0.8  | 0.313 2±0.083 8  | 59.7±5.4   | 0.152 7±0.037 4  | 0.465 8±0.120 2  |
| 7B  | 6.8±0.5  | 0.368 8±0.082 7  | 62.7±2.0*  | 0.159 3±0.041 2  | 0.528 2±0.123 4  |
| 1D  | 7.4±0.2  | 0.375 3±0.028 5* | 50.2±2.1   | 0.177 5±0.025 6  | 0.552 8±0.071 6  |
| 2D  | 7.7±0.8  | 0.330 7±0.014 5  | 55.0±4.5   | 0.157 8±0.007 2  | 0.488 5±0.008 4  |
| 3D  | 5.2±0.7  | 0.303 7±0.057 8  | 55.3±6.7   | 0.166 0±0.033 5  | 0.469 7±0.091 2  |
| 4D  | 6.7±0.4  | 0.350 3±0.037 8  | 48.7±3.9   | 0.155 5±0.023 2  | 0.505 8±0.060 4  |
| 5D  | 7.8±0.5* | 0.369 2±0.035 7  | 63.8±2.6*  | 0.148 2±0.010 1  | 0.517 3±0.045 7  |
| 6D  | 5.3±0.6  | 0.304 7±0.078 2  | 57.7±1.9   | 0.154 2±0.023 3  | 0.458 8±0.101 5  |
| 7D  | 7.0±0.6  | 0.315 0±0.022 5  | 56.3±2.3   | 0.148 3±0.018 8  | 0.463 3±0.039 7  |
| 埃及红 | 4.8±0.5  | 0.319 8±0.081 7  | 55.0±2.8   | 0.156 0±0.008 1  | 0.465 0±0.038 0  |
| 中国春 | 5.8±0.6  | 0.280 0±0.017 1  | 55.3±1.6   | 0.144 3±0.007 0  | 0.454 2±0.013 1  |

注：\* 和 \*\* 分别表示该代换系的相应性状与亲本中国春的差异达到了 0.05 和 0.01 显著水平。

## 2.4 调控小麦 RDW 相关基因的染色体定位

从表 1 可以看出, 21 个染色体代换系的 RDW 存在较大的变异, 既有高于中国春的也有低于中国春的, 但只有 1B 染色体代换系的 RDW 与中国春相比显著增加, 其他代换系与中国春相比差异均未达到显著水平。这说明在埃及红 1B 染色体上存在正向调控 RDW 的基因。

## 2.5 调控小麦 TDW 相关基因的染色体定位

如表 1 所示, 2A 和 3B 染色体代换系的 TDW 最小, 分别为 0.354 5 g/株和 0.385 0 g/株, 分别比中国春低 0.099 7 g/株和 0.0692 g/株, 差异达到了显著水平, 说明埃及红的 2A 和 3B 染色体上存在负向调控 TDW 的基因, 且在中国春背景下高效表达。1B 染色体代换系的 TDW 最高, 比亲本中国春的 TDW 高 0.146 0 g/株, 其差异也达到了显著水平, 说明在埃及红 1B 染色体上存在正向调控 TDW 的基因。其余 18 个染色体代换系的 TDW 与中国春的差异均未达到显著水平。

## 3 结论与讨论

前人已经对调控小麦苗期性状的基因进行了一

些研究, 但多数是在水培条件下或通过琼脂培养的方法进行的<sup>[2,10-14]</sup>, 与大田实际生长存在较大的差异。本研究结果表明, 埃及红 1A 和 5D 染色体上携带调控 TN 的基因; 1B、4B、1D 染色体上携带调控 SDW 的基因; 1A、2A、7B、5D 染色体上携带调控小麦 MRL 的基因; 1B 染色体上携带调控小麦 RDW 的基因; 2A、1B、3B 染色体上携带调控小麦 TDW 的基因。由于 1B 染色体上同时携带了调控 SDW、RDW、TDW 的基因, 说明 1B 染色体在调控苗期地上部和根系生物量方面均发挥着重要作用。前人研究结果也表明, 在小麦 1A 和 5D 染色体上携带控制分蘖数或成穗数的 QTLs<sup>[15]</sup>, 在 1B<sup>[1]</sup> 和 1D<sup>[15]</sup> 染色体上携带调控 SDW 的基因, 在 1A<sup>[16]</sup>、7B<sup>[11,14]</sup> 染色体上携带调控最长根长的基因; 在 1B<sup>[1]</sup> 染色体上携带调控 RDW 的基因。这些研究结果与本研究是一致的。其中, 埃及红 1B 染色体上携带的调控 RDW 的位点, 2A 和 5D 染色体上携带的调控 MRL 的位点以及 2A 染色体上调控 TDW 的位点均未见有文献报道, 是本研究首次发现的基因位点。

本研究是在全营养条件下进行的土培试验, 相对水培试验和琼脂培养而言, 试验条件更接近大田

实际,因此也更能真实反映小麦在自然环境中的生长情况。为了减少试验误差,对盆栽使用的土壤反复过筛,使土质均匀一致,并与肥料充分混匀,试验过程中定期定量浇水。盆栽土壤中按 1:1 掺入砂子,后期冲洗根系时能够减少对根系的损伤,并且利于清洗干净,以保证获得的 MRL 和 RDW 值具有较高的可信度。本研究结果有助于进一步了解小麦苗期性状的遗传机制。

#### 参考文献:

- [1] An D G, Su J Y, Liu Q Y, *et al.* Mapping QTLs for nitrogen uptake in relation to the early growth of wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. *Plant Soil*, 2006, 284(1): 73-84.
- [2] Liao M T, Palta J A, Fillery I R P. Root characteristics of vigorous wheat improve early nitrogen uptake[J]. *Australian Journal of Agricultural Research*, 2006, 57(10): 1097-1107.
- [3] 白志英, 李存东, 赵金锋, 等. 干旱胁迫对小麦代换系叶绿素荧光参数的影响及染色体效应初步分析[J]. *中国农业科学*, 2011, 44(1): 47-57.
- [4] 白志英, 李存东, 冯丽肖, 等. 小麦中国春-Synthetic 6x 代换系穗花分化与耐旱基因的染色体定位[J]. *中国农业科学*, 2007, 40(10): 2136-2144.
- [5] 白志英, 李存东, 孙红春, 等. 小麦代换系抗旱生理指标的主成分分析及综合评价[J]. *中国农业科学*, 2008, 41(12): 4264-4272.
- [6] Zhou W C, Kolb F L, Bai G H, *et al.* Effect of individual Sumai 3 chromosomes on resistance to scab spread within spikes and deoxynivalenol accumulation within kernels in wheat[J]. *Hereditas*, 2002, 137(2): 81-89.
- [7] 曹红星, 张正斌, 孙程旭, 等. 小麦幼苗磷利用率及相关基因的染色体定位[J]. *西北植物学报*, 2009, 29(12): 2429-2436.
- [8] Cao H X, Zhang Z B, Sun C X, *et al.* Chromosomal location of traits associated with wheat seedling water and phosphorus use efficiency under different water and phosphorus stresses[J]. *Int J Mol Sci*, 2009, 10(9): 4116-4136.
- [9] 张娟, 张正斌, 谢惠民, 等. 小麦叶片水分利用效率及相关生理性状基因的染色体定位[J]. *西北植物学报*, 2005, 25(8): 1521-1527.
- [10] 徐艳花. 调控小麦苗期性状的 QTL 定位[J]. *种子*, 2013, 32(8): 72-74.
- [11] 任永哲, 徐艳花, 贵祥卫, 等. 盐胁迫下调控小麦苗期性状的 QTL 分析[J]. *中国农业科学*, 2012, 45(14): 2793-2800.
- [12] 周晓果, 景蕊莲, 郝转芳, 等. 小麦幼苗根系性状的分析[J]. *中国农业科学*, 2005, 38(10): 1951-1957.
- [13] 李卓坤, 彭涛, 张卫东, 等. 利用“永久 F<sub>2</sub>”群体进行小麦幼苗根系性状 QTL 分析[J]. *作物学报*, 2010, 36(3): 442-448.
- [14] Ren Y Z, He X, Liu D C, *et al.* Major quantitative trait loci for seminal root morphology of wheat seedlings[J]. *Mol Breeding*, 2012, 30(1): 139-148.
- [15] Su J Y, Zheng Q, Li H W, *et al.* Detection of QTLs for phosphorus use efficiency in relation to agronomic performance of wheat grown under phosphorus sufficient and limited conditions[J]. *Plant Science*, 2009, 176(6): 824-836.
- [16] 李振兴, 倪中福, 彭惠茹, 等. 小麦根系性状对磷胁迫响应 QTL 定位[J]. *自然科学进展*, 2007, 17(10): 1352-1360.