

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.00009

## 小麦骨干亲本碧蚂 4 号的基因组特异位点及其在衍生后代中的传递

袁园园 王庆专 崔 法 张景涛 杜 斌 王洪刚\*

山东农业大学作物生物学国家重点实验室 / 国家小麦改良中心泰安分中心 / 山东农业大学农学院, 山东泰安 271018

**摘 要:** 为探讨小麦骨干亲本碧蚂 4 号的遗传构成及其特异位点在衍生后代中的传递特点, 利用覆盖小麦全基因组的 1 239 个 SSR、EST-SSR 和 STS 标记对碧蚂 4 号子一代衍生品种(系)的 4 个亲本进行标记筛选, 获得 33 个特异标记可用于 76 份碧蚂 4 号衍生材料的分析。在子一代和子二代材料中, 除标记 *Xgwm577* 外的 32 个标记均能扩增出碧蚂 4 号特异带, 且分别有 8 个和 10 个标记位点的传递频率大于 50%; 在子三代和子四代材料中能扩增出碧蚂 4 号特异的标记分别有 29 个和 20 个, 传递频率大于 50% 的标记位点分别有 8 个和 4 个; *Xgwm261*、*Xedm80*、*SWES222* 和 *CFE223* 在 4 个世代中的传递频率都保持在 50% 以上; 有 18 个标记位点对衍生品种(系)的遗传贡献率大于 25%; 推测这些基因组位点及其附近的染色体区域可能是被育种家强烈选择的部分, 碧蚂 4 号含有一些特殊的与重要农艺性状相关的基因组位点/区段, 可能是其成为骨干亲本的遗传基础。

**关键词:** 碧蚂 4 号; 骨干亲本; 衍生后代; 特异位点; 分子标记

## Specific Loci in Genome of Wheat Milestone Parent Bima 4 and Their Transmission in Derivatives

YUAN Yuan-Yuan, WANG Qing-Zhuan, CUI Fa, ZHANG Jing-Tao, DU Bin, and WANG Hong-Gang\*

State Key Laboratory of Crop Biology, Shandong Agricultural University / Tai'an Subcenter of National Wheat Improvement Center / Agronomy College of Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China

**Abstract:** Bima 4 is one of the most important milestone parents in China. The objective of this study was to reveal the genetic structure of Bima 4 and the transmission of its specific loci in descendants using molecular markers. A total of 1 239 SSR, EST-SSR and STS markers covering the whole genome of wheat were screened with the four parents of the first progeny of Bima 4, i.e., Bima 4, Early Piemium, Jubileina 2, and Ckopocnenka JI-1. Thirty-three markers were effective to trace the specific loci of Bima 4 in the progenies. Seventy-six derivatives of Bima 4 were genotyped with the 33 markers. In the first and the second generations of Bima 4 derivatives, 32 markers, except for *Xgwm577*, could amplify the specific bands of Bima 4. The inheritable frequency of the specific loci were 7.1–92.6% in the first generation and 2.9–80.0% in the second generation, of which eight and ten loci showed the transmission percentage larger than 50.0% in the first and the second generations, respectively. In the third and the fourth generations, twenty-nine and twenty specific markers were observed, eight and four loci had the transmission rate higher than 50.0%, respectively. Among the specific loci, *Xgwm261*, *Xedm80*, *SWES222*, and *CFE223* possessed the inheritable frequency higher than 50% in all four generations. Another 18 loci of Bima 4 were detected in the progenies with genetic contribution ratio higher than 25%. This indicates that some desirable traits, such as yield, grain quality, disease resistance, and adaptability might be associated with these loci or the nearby chromosome regions in Bima 4, and intensively selected in breeding programs. The important loci detected in this study provide the information for understanding the genetic basis of Bima 4 as a milestone parent in wheat breeding.

**Keywords:** Bima 4; Milestone parent; Pedigrees; Specific locus; Molecular marker

碧蚂 4 号及其姊妹系碧蚂 1 号是利用我国地方小麦品种蚂蚱麦和国外引进品种碧玉麦(Quality)杂交选育的小麦品种。碧蚂 1 号具有适应性广、抗锈、

丰产性好等特点, 成为 20 世纪 50 年代黄淮麦区的主要推广品种。碧蚂 4 号冬性比碧蚂 1 号稍强, 抗寒力较好, 具有耐肥水的特点, 适宜在较肥沃的水

本研究由国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2006CB101700)资助。

\* 通讯作者(Corresponding author): 王洪刚, E-mail: hgwang@sdau.edu.cn

第一作者联系方式: E-mail: happyxinhai20047@163.com

Received(收稿日期): 2009-08-05; Accepted(接受日期): 2009-10-07.

浇地种植,虽然适应性稍逊于碧蚂 1 号,但也在黄淮麦区大面积推广<sup>[1]</sup>。碧蚂 4 号和碧蚂 1 号作为杂交育种亲本,在我国小麦育种中发挥了重要作用,特别是碧蚂 4 号,至 2003 年,利用其选育的衍生品种已达 68 个<sup>[2]</sup>,成为黄淮麦区的骨干亲本。

包括碧蚂 4 号在内的 16 个小麦骨干亲本<sup>[2]</sup>及之后选育的矮孟牛<sup>[3]</sup>、小偃 6 号<sup>[4]</sup>等被认为是我国小麦育种的骨干亲本,它们在不同时期和不同生态区的小麦品种更新换代中发挥了核心骨干作用,以其为杂交亲本选育出大批优良品种。但对小麦骨干亲本形成遗传机制的研究较少,解析小麦骨干亲本的遗传构成特点,对于骨干亲本的深入研究和利用、新型骨干亲本的创制、杂交育种中亲本选配等都具有重要意义。随着分子生物学的快速发展,分子标记技术已被广泛用于作物种质资源和小麦骨干亲本的评价研究<sup>[5-6]</sup>。Ma 等<sup>[7]</sup>和 Lin 等<sup>[8]</sup>以小麦骨干亲本南大 2419 构建重组自交系,定位了与穗长、每穗小穗数和赤霉病抗性性状相关的 QTL。魏新燕等<sup>[9]</sup>利用 STS、SCAR 分子标记检测出早洋麦含有抗叶锈基因 *Lr35*。张学勇等<sup>[10-11]</sup>先后对 22 个小麦骨干亲本的高分子量谷蛋白亚基的组成和黄淮冬麦区、西南冬麦区及西北春麦区的小麦骨干亲本携带的 *Rht8* 等位变异类型进行了分析。王珊珊等<sup>[12]</sup>对矮孟牛及其

衍生品种(系)的遗传多样性进行了聚类分析,发现 91 份小麦材料的遗传差异较大。司清林等<sup>[13]</sup>利用 SSR 标记技术探讨了阿夫的遗传物质在其衍生后代中的传递规律。盖红梅等<sup>[14]</sup>利用 ABI3730 方法对大面积推广的小麦品种和骨干亲本进行基因型扫描,论述了小麦骨干亲本在育种中的重要性,并发现碧蚂 4 号含有的优势等位变异数大于其姊妹系碧蚂 1 号。但碧蚂 4 号特殊遗传位点及其在衍生后代品种中的传递特点的研究尚未见报道。

本研究利用覆盖小麦全基因组的 1 239 个 SSR、EST-SSR 和 STS 标记对碧蚂 4 号及其衍生小麦品种(系)进行了分析,以期从 DNA 水平探讨碧蚂 4 号的遗传构成及其特异位点在衍生品种(系)中的传递特点,为揭示骨干亲本形成的遗传基础及其对衍生品种的影响机制提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料及其 DNA 提取

小麦骨干亲本碧蚂 4 号及其衍生品种(系)76 份(表 1),其中子一代 14 份,子二代 35 份,子三代 20 份,子四代 7 份;碧蚂 4 号子一代衍生品种(系)的另外 3 个亲本早洋麦、尤皮 2 号和苏联早熟 1 号。以上材料由中国农业科学院作物科学研究所提供,保

表 1 碧蚂 4 号的 76 份衍生品种(系)及其系谱  
Table 1 Seventy-six derivatives of Bima 4 and their pedigrees

品种(系) Derivative	世代 Generation	系谱 Pedigree
郑州 15 Zhengzhou 15	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
郑州 24 Zhengzhou 24	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
济南 5 号 Jinan 5	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
济南 2 号 Jinan 2	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
济南 4 号 Jinan 4	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
北京 8 号 Beijing 8	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
昌乐 5 号 Changle 5	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
石家庄 54 Shijiazhuang 54	子一代 First	碧蚂 4 号/早洋麦
青春 1 号 Bloom 1	子一代 First	碧蚂 4 号/尤皮 2 号
青春 2 号 Bloom 2	子一代 First	碧蚂 4 号/尤皮 2 号
陕农 17 Shaannong 17	子一代 First	碧蚂 4 号/尤皮 2 号
鲁 54405 Lu 54405	子一代 First	碧蚂 4 号/苏联早熟 1 号
济南 8 号 Jinan 8	子一代 First	碧蚂 4 号/苏联早熟 1 号
德选 1 号 Dexuan 1	子一代 First	碧蚂 4 号/苏联早熟 1 号
西峰 9 号 Xifeng 9	子二代 Second	西峰 1 号/济南 2 号
蒲临 5 号 Pulin 5	子二代 Second	郑州 24/57Du-5
济宁 3 号 Jining 3	子二代 Second	济南 2 号/阿勃
庆选 15 Qingxuan 15	子二代 Second	西峰 1 号/济南 2 号
鲁沾 1 Luzhan 1	子二代 Second	济南 4 号/欧柔
冀麦 23 Jimai 23	子二代 Second	亥恩·亥德/石家庄 54
卫东 7 号 Weidong 7	子二代 Second	石家庄 54/6055mb
卫东 8 号 Weidong 8	子二代 Second	石家庄 54/阿勃

(续表 1)

品种(系) Derivative	世代 Generation	系谱 Pedigree
泰山 1 号 Taishan 1	子二代 Second	鲁 54405/欧柔
昌潍 18 Changwei 18	子二代 Second	鲁 54405//关东矮/欧柔
济南 12 Jinan 12	子二代 Second	鲁 54405/济南 1 号
济南 10 Jinan 10	子二代 Second	碧蚂 4 号/早洋麦//石家庄 407
农大 198 Nongda 198	子二代 Second	北京 8 号/农大 45
向阳 4 号 Xiangyang 4	子二代 Second	石家庄 54//安徽 5 号/欧柔
北京 11 Beijing 11	子二代 Second	北京 8 号/5711-46
北京 12 Beijing 12	子二代 Second	北京 8 号/农大 183
北京 13 Beijing 13	子二代 Second	北京 8 号//农大 183/ ICAR124-D
北京 14 Beijing 14	子二代 Second	北京 8 号//亥恩·亥德/欧柔
北京 16 Beijing 16	子二代 Second	北京 8 号/舒瓦极星
京作 208 Jingzuo 208	子二代 Second	北京 8 号//亥恩·亥德/
京作 210 Jingzuo 210	子二代 Second	北京 8 号//亥恩·亥德/北京 6 号
京作 236 Jingzuo 236	子二代 Second	北京 8 号//亥恩·亥德/欧柔
京作 278 Jingzuo 278	子二代 Second	北京 8 号//农大 183/早洋麦
代 179 Dai 179	子二代 Second	农大 45/北京 8 号
科冬 81 Kedong 81	子二代 Second	欧柔/北京 8 号
科冬 83 Kedong 83	子二代 Second	欧柔/北京 8 号
科春 14 Kechun 14	子二代 Second	欧柔/北京 8 号
有芒白 2 号 Youmangbai 2	子二代 Second	北京 8 号//尤皮 1 号/农大 183
有芒白 15 Youmangbai 15	子二代 Second	北京 8 号/农大 45
有芒白 4 号 Youmangbai 4	子二代 Second	北京 8 号/农大 45
有芒红 8 号 Youmanghong 8	子二代 Second	北京 8 号/农大 45
有芒红 18 Youmanghong 18	子二代 Second	北京 8 号/舒瓦极星
石品 83 Shipin 83	子二代 Second	石家庄 99/北京 8 号
邢选 7 号 Xingxuan 7	子二代 Second	北京 8 号/欧柔
有芒红 7 号 Youmanghong 7	子二代 Second	北京 8 号/维尔//北京 6 号
临汾 10 号 Linfen 10	子三代 Third	卫东 7 号/卫东 8 号
济南 14 Jinan 14	子三代 Third	鲁 54405/欧柔//鲋选 58
京双 16 Jingshuang 16	子三代 Third	有芒红 7 号/洛夫林 10 号
丰抗 1 号 Fengkang 1	子三代 Third	有芒白 4 号/洛夫林 10 号
丰抗 2 号 Fengkang 2	子三代 Third	有芒白 4 号/洛夫林 10 号
丰抗 4 号 Fengkang 4	子三代 Third	有芒白 4 号/洛夫林 10 号
丰抗 5 号 Fengkang 5	子三代 Third	有芒白 4 号/洛夫林 10 号
丰抗 7 号 Fengkang 7	子三代 Third	有芒红 7 号/洛夫林 10 号
丰抗 8 号 Fengkang 8	子三代 Third	有芒红 7 号/洛夫林 10 号
丰抗 9 号 Fengkang 9	子三代 Third	有芒红 7 号/洛夫林 10 号
丰抗 10 号 Fengkang 10	子三代 Third	有芒红 7 号/洛夫林 10 号
丰抗 15 Fengkang 15	子三代 Third	有芒红 7 号/洛夫林 10 号
京农 79-13 Jingnong 79-13	子三代 Third	有芒红 7 号/洛夫林 10 号
长丰 1 号 Changfeng 1	子三代 Third	有芒白 4 号/矮秆早
京旺 9 号 Jingwang 9	子三代 Third	有芒白 2 号/洛夫林 13
京花 1 号 Jinghua 1	子三代 Third	洛夫林 18 号/5238-036//红良 4 号
京冬 1 号 Jingdong 1	子三代 Third	有芒红 7 号//晋中 849/F49-70
临汾 5064 Linfen 5064	子三代 Third	卫东 9 号//沙瑞克 F74/临汾 5694
鲁麦 2 号 Lumai 2	子三代 Third	泰山 1 号/洛夫林 13
石 4414 Shi 4414	子三代 Third	北京 4 号/石家庄 63
北京 8694 Beijing 8694	子四代 Fourth	丰抗 9 号///京双 2 号//洛夫林 13/京双 3 号
京 411 Jing 411	子四代 Fourth	长丰 1 号/丰抗 2 号
京 437 Jing 437	子四代 Fourth	长丰 1 号/丰抗 2 号
冀麦 30 Jimai 30	子四代 Fourth	石 4414/78-3147
冀麦 36 Jimai 36	子四代 Fourth	原农 94354/石 81-4474
北京 841 Beijing 841	子四代 Fourth	丰抗 4 号/北京 18//农大 139
晋麦 33 Jinmai 33	子四代 Fourth	平阳 79391/平阳 76262

存于国家小麦改良中心泰安分中心。按照 SDS-酚法提取植株幼嫩叶片的 DNA<sup>[15]</sup>。

### 1.2 碧蚂 4 号特异分子标记的筛选

共选用覆盖小麦全基因组的 1 239 个分子标记,以子一代材料的 4 个亲本品种,即碧蚂 4 号、早洋麦、尤皮 2 号和苏联早熟 1 号进行引物筛选,能在碧蚂 4 号中扩增出稳定、清晰特异带的引物作为后续检测的候选标记。引物有 3 类,第一类是 SSR 引物,包括 BARC、GWM、GDM、WMC、CFA、Xpsp 和 Xcft; 第二类是 EST-SSR 引物,包括 CFE<sup>[16]</sup>、SWES<sup>[17]</sup>、BE<sup>[17]</sup>、Xedm<sup>[18]</sup>、KSUM<sup>[19]</sup>、Xcni<sup>[19]</sup>和 DuPw<sup>[20]</sup>; 第三类是 STS 引物,包括 Xmag、Xmwg 和 Xabg。引物的有关信息通过参考文献或在 GrainGenes2.0 (<http://wheat.pw.usda.gov/>) 中查阅获得,由上海生物工程技术公司合成所有引物。

### 1.3 碧蚂 4 号特异位点的 PCR 检测

采用筛选出的碧蚂 4 号特异标记对 76 份衍生小麦品种(系)的基因组 DNA 进行 PCR 扩增。扩增反应在美国 Bio-Rad 公司生产的 9600 Thermal Cycler 型热循环仪上进行。反应体系为 15  $\mu\text{L}$ , 包括 10 $\times$ buffer 1.5  $\mu\text{L}$ , 25 mmol L<sup>-1</sup> MgCl<sub>2</sub> 1.2  $\mu\text{L}$ , 2.5 mmol L<sup>-1</sup> dNTP 0.9  $\mu\text{L}$ , 25 ng  $\mu\text{L}^{-1}$  引物 3  $\mu\text{L}$ , 5 U  $\mu\text{L}^{-1}$  Taq 酶 0.12  $\mu\text{L}$ , 去离子水 5.28  $\mu\text{L}$ , 80 ng  $\mu\text{L}^{-1}$  基因组 DNA 3  $\mu\text{L}$ 。使用降落 PCR (touchdown PCR) 扩增程序,即

94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 4 min, 接着 15 个循环的复性温度降落程序, 每个循环 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 45 s, 65 $^{\circ}\text{C}$ 复性 50 s (每循环递减 1 $^{\circ}\text{C}$ )和 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 55 s, 最后 30 个循环的普通 PCR 程序为 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 40 s, 50 $^{\circ}\text{C}$ 复性 40 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 40 s, 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min, 扩增结束后 10 $^{\circ}\text{C}$ 保存。扩增产物经 6%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, 硝酸银染色。

### 1.4 数据处理

根据 PCR 扩增结果, 计算各衍生世代中碧蚂 4 号特异位点或染色体区段的传递频率及其对后代的遗传贡献率。传递频率为各世代中扩增出碧蚂 4 号特异带的材料数与该世代材料总数的百分比。遗传贡献率为后代中扩增出碧蚂 4 号特异带的材料数与总份数(76 份)的百分比。

## 2 结果与分析

### 2.1 碧蚂 4 号特异位点的筛选

从 1 239 个标记中共筛选出 33 个碧蚂 4 号特异标记, 包括 22 个单位点标记和 11 个多位点标记。33 个标记中有 28 个能被定位在 7 个部分同源群上(表 2), 其中, 第 2 部分同源群上的特异标记最多, 有 7 个; 第 1、第 3 和第 7 部分同源群(如 7A 染色体上的 STS 标记 Xmag4044 和 Xmag2999, 图 1)上分别有 6 个; 第 4、第 5 和第 6 部分同源群分别只有 1 个。另外有 5 个标记不能明确定位, 它们是 Xgwm18、

表 2 碧蚂 4 号特异标记在 7 个部分同源群上的分布

Table 2 Number of Bima 4 specific markers in seven homoeologous groups of wheat

同源群 Homoeologous group	单位点标记 Monomorphic marker	多位点标记 Polymorphic marker	合计 Total
第 1 部分同源群 Group 1	2	4	6
第 2 部分同源群 Group 2	5	2	7
第 3 部分同源群 Group 3	6	0	6
第 4 部分同源群 Group 4	1	0	1
第 5 部分同源群 Group 5	1	0	1
第 6 部分同源群 Group 6	1	0	1
第 7 部分同源群 Group 7	6	0	6

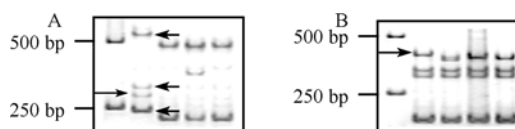


图 1 STS 标记 Xmag4044(A)和 Xmag2999(B)的扩增结果  
Fig. 1 Amplification patterns of STS markers Xmag4044(A) and Xmag2999(B)

A 和 B 图中, 从左至右各泳道材料依次为 DL2000、碧蚂 4 号、早洋麦、尤皮 2 号和苏联早熟 1 号。

From left to right in pictures A and B, the four lanes are loaded with DL2000 and DNAs from Bima 4, Early Piemum, Jubileina 2, and Скороспелка JI-1.

BARC101、Xgwm664、Xcfa2173 和 BARC49。

### 2.2 碧蚂 4 号特异位点在其衍生品种(系)中的传递

利用筛选的 33 个碧蚂 4 号特异标记对 76 份衍生小麦品种(系)进行 PCR 分析, 结果在 14 份子一代材料中, 除标记 Xgwm577 外, 其他 32 个碧蚂 4 号特异标记均能被检测到, 传递频率在 50%以上的标记位点有 8 个, 分别是 Xgwm498、BARC13、Xgwm261、Xpsp3047、Xedm80、BARC22、SWES222 和 CFE223, 其中 Xgwm261 的传递频率最高, 为 92.6% (表 3)。

表 3 碧蚂 4 号特异标记在衍生后代中的扩增结果  
Table 3 PCR amplification of specific markers in progenies of Bima 4

染色体 Chromosome	标记 Marker	子一代 First generation		子二代 Second generation		子三代 Third generation		子四代 Fourth generation	
		有带材料数 <sup>a</sup> Accessions <sup>a</sup>	比例 Rate (%)	有带材料数 <sup>a</sup> Accessions <sup>a</sup>	比例 Rate (%)	有带材料数 <sup>a</sup> Accessions <sup>a</sup>	比例 Rate (%)	有带材料数 <sup>a</sup> Accessions <sup>a</sup>	比例 Rate (%)
1A	<i>Xpsp2999</i>	5	35.7	18	51.4	13	65.0	3	42.9
1AL	<i>BARC83</i>	3	21.4	15	42.9	3	15.0	1	14.3
1AL/1DL	<i>BARC119</i>	4	28.6	8	22.9	3	15.0	0	0.0
1AL/1DL	<i>SWES226</i>	3	21.4	14	40.0	4	20.0	1	14.9
1A/1BL	<i>Xgwm498</i>	11	78.6	21	60.0	12	60.0	0	0.0
1BL/4B	<i>Xgwm18</i>	6	42.9	19	54.3	2	10.0	2	28.6
1BL/1D	<i>SWES98</i>	1	7.1	7	20.0	0	0.0	0	0.0
2A	<i>Xwmc170</i>	3	21.4	21	60.0	5	25.0	0	0.0
2BS	<i>BARC13</i>	8	57.1	15	42.9	5	25.0	2	28.6
2B	<i>Xmag3976</i>	5	35.7	11	31.4	1	5.0	0	0.0
2B	<i>Xmag3996</i>	5	35.7	11	31.4	1	5.0	0	0.0
2DS	<i>Xgwm261</i>	13	92.6	27	77.1	16	80.0	5	71.4
2AL/2BL/2DL	<i>Xedm97</i>	1	7.1	4	11.4	7	35.0	0	0.0
2AS/2BL	<i>Xedm141</i>	2	14.3	9	25.7	15	75.0	3	42.9
2BL/3B/5A/6B	<i>BARC101</i>	5	35.7	17	48.6	6	30.0	3	42.9
3A	<i>Xwmc532</i>	2	14.3	5	14.3	1	5.0	1	14.3
3A	<i>Xpsp3047</i>	9	64.3	12	34.3	4	20.0	6	85.7
3BL	<i>Xcft3059</i>	2	14.3	7	20.0	3	15.0	2	28.6
3D/4B	<i>Xgwm664</i>	1	7.1	9	25.7	4	20.0	0	0.0
3DL	<i>BARC71</i>	3	21.4	8	22.9	12	60.0	2	28.6
3DS	<i>Xedm80</i>	10	71.4	28	80.0	15	75.0	5	71.4
3DS	<i>Xgwm161</i>	2	14.3	12	34.3	6	30.0	0	0.0
4A	<i>BARC22</i>	7	50.0	20	57.1	1	5.0	2	28.6
4A/4D/6A	<i>Xcfa2173</i>	6	42.9	18	51.4	3	15.0	1	14.3
5A	<i>Xgwm186</i>	2	14.3	4	11.4	2	10.0	2	28.6
6B	<i>SWES222</i>	10	71.4	18	51.4	17	85.0	6	85.7
5D/7AL	<i>BARC49</i>	2	14.3	2	5.7	4	20.0	1	14.3
7AL	<i>Xmag2999</i>	5	35.7	9	25.7	2	10.0	0	0.0
7A	<i>Xmag4044</i>	3	21.4	1	2.9	0	0.0	0	0.0
7A	<i>Xmag3284</i>	3	21.4	1	2.9	0	0.0	0	0.0
7A	<i>Xmag3283</i>	3	21.4	1	2.9	0	0.0	0	0.0
7B	<i>Xgwm577</i>	0	0.0	0	0.0	1	5.0	1	14.3
7B	<i>CFE223</i>	12	85.7	23	65.7	13	65.0	5	71.4

<sup>a</sup> 携带碧蚂 4 号特异带的材料份数。<sup>a</sup> Number of accessions with the specific bands of Bima 4.

在 35 份子二代材料中，除 *Xgwm577* 外，其他 32 个碧蚂 4 号标记均能被检测到，其中传递频率在 50% 以上的标记位点有 10 个。有 6 个标记位点 *Xgwm498*、*Xgwm261*、*Xedm80*、*BARC22*、*SWES222* 和 *CFE223* 在子一代和子二代中都保持传递频率大于 50% (表 3)。

在 20 份子三代材料中，多位点标记 *SWES98* 和 7A 染色体上的 3 个标记 *Xmag4044* (图 2)、*Xmag3284*

和 *Xmag3283* 均没有扩增出碧蚂 4 号特异带。从子一代和子二代的扩增结果可以看出，7A 染色体上的 3 个标记被检测到的材料是相同的，即都是子一代的济南 2 号、青春 1 号、青春 2 号和子二代的科冬 81。除上述 4 个标记外，其余 29 个碧蚂 4 号特异标记在子三代中均被检测到，其中有 8 个标记位点的传递频率大于 50%，*SWES222* 的传递频率最高，为 85.0%，

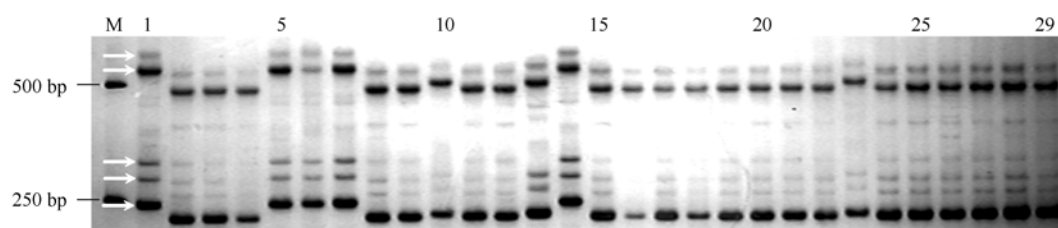


图2 *Xmag4044* 在碧蚂4号及其衍生品种(系)中的扩增结果

Fig. 2 PCR amplification pattern of *Xmag4044* in Bima 4 and its derivatives

M: DL2000; 1: 碧蚂4号; 2~9: 子一代; 10~16: 子二代; 17~24: 子三代; 25~29: 子四代。其中5、6、7和14泳道为有碧蚂4号特异带的衍生品种(系)。

M: DL2000; 1: Bima 4; 2~9: first generation; 10~16: second generation; 17~24: third generation; 25~29: fourth generation. Lanes 5, 6, 7, and 14 show derivatives with the specific bands of Bima 4.

有5个标记位点 *Xgwm498*、*Xgwm261*、*Xedm80*、*SWES222* 和 *CFE223* 在前3个世代中的传递频率都保持在50%以上(表3)。

在7份子四代材料中,有13个标记没有扩增出碧蚂4号特异带,其中包括在前3个世代中传递频率都大于50%的标记位点 *Xgwm498*。进一步分析这13个标记,发现2B染色体上的 *Xmag3976* 和 *Xmag3996* 被检测到的材料相同。其余的20个标记均能在子四代材料中扩增出碧蚂4号特异带,其中有4个标记位点的传递频率依然保持在50%以上,它们是 *Xgwm261*、*Xedm80*、*SWES222* 和 *CFE223*。*SWES222* 的传递频率最高,为85.7%。标记 *Xmag2999* 在碧蚂4号及其部分衍生后代材料中的扩增结果如图3。

### 2.3 碧蚂4号特异位点对其衍生品种(系)的遗传贡献率

在碧蚂4号衍生品种(系)中,遗传贡献率大于25%的碧蚂4号特异位点共18个,其中有6个位点的遗传贡献率大于50%,它们分别是 *Xpsp2999*、*Xgwm498*、*Xgwm261*、*Xedm80*、*SWES222* 和 *CFE223* (表4)。

在遗传贡献率大于25%的18个碧蚂4号特异标

记位点中有5个是EST标记位点,即 *SWES226*、*Xedm141*、*Xedm80*、*SWES222* 和 *CFE223*,在GrainGenes 2.0 (<http://wheat.pw.usda.gov/>)上没有查到与这些标记相关的图谱信息。但是根据已知的小麦遗传图谱和已经定位的基因与QTL,发现另外13个SSR标记中有8个与重要农艺性状相关,如 *BARC83* 与 *QTgw.ucw-1A* (千粒重)、*QGlui.ucw-1A* (麸质指数)和 *QSew.ucw-1A* (沉降值)等QTL紧密连锁; *BARC13* 与 *QYr.sgi-2B.1* (条锈病成株抗性)、*QEet.inra-2B* (抗枯萎病)等QTL紧密连锁; *Xgwm261* 与 *QGy.ccsu-2D* (籽粒产量)、*QHi.ccsu-2D.2* (收获指数)、*QSl.ccsu-2D.2* (穗粒数)等QTL紧密连锁。

### 3 讨论

本研究筛选出的33个碧蚂4号特异标记中有19个在4个世代中均被检测到,其中有14个在不同的世代中的传递频率大于50%,且它们的遗传贡献率在38.2%~80.3%之间。例如 *Xpsp2999* 在子二代和子三代中的传递频率分别为51.4%和65.0%,遗传贡献率为51.3%; *Xgwm18* 在子二代中的传递频率为54.3%,遗传贡献率为38.2%; *Xpsp3047* 在子一代和子四代中的传递频率分别为64.3%和85.7%,遗传贡

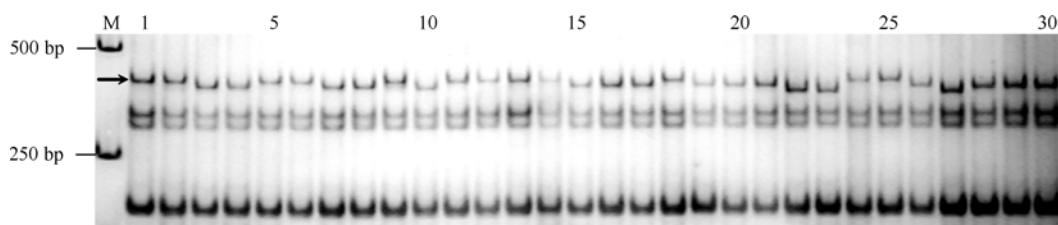


图3 *Xmag2999* 在碧蚂4号及其衍生品种(系)中的扩增结果

Fig. 3 PCR amplification patterns of *Xmag2999* in Bima 4 and its derivatives

M: DL2000; 1: 碧蚂4号(箭头示特异带); 2~7: 子一代; 8~18: 子二代; 19~25: 子三代; 26~30: 子四代。其中2、5、6、9、11、12、13、14、18、24和25泳道为有碧蚂4号特异带的衍生品种(系)。

M: DL2000; 1: Bima 4 (specific band shown with an arrow); 2~7: first generation; 8~18: second generation; 19~25: third generation; 26~30: fourth generation. Lanes 2, 5, 6, 9, 11, 12, 13, 14, 18, 24, and 25 show derivatives with the specific bands of Bima 4.

表 4 碧蚂 4 号特异位点在衍生后代中的遗传贡献率(>25%)  
Table 4 Contribution ratio (>25%) of specific loci from Bima 4 in the derivatives

标记 Marker	有带材料数 Accession	贡献率 Contribution ratio (%)	定位的 QTL <sup>a</sup> Mapped QTL <sup>a</sup>
<i>Xpsp2999-1A</i>	39	51.3	
<i>BARC83-1A</i>	22	28.9	<i>QTgw.ucw-1A</i> , <i>QGlui.ucw-1A</i> , <i>Qsew.ucw-1A</i>
<i>SEES226-1A/1DL</i>	22	28.9	
<i>Xgwm498-1BL</i>	44	57.9	
<i>Xgwm18-1BL</i>	29	38.2	<i>QLr.sfr-1BS</i>
<i>Xwmc170-2A</i>	29	38.2	
<i>Xedm141-2AS/2BL</i>	29	38.2	
<i>BARC13-2BS</i>	30	39.5	<i>QYr.sgi-2B.1</i> , <i>QEet.inra-2B</i>
<i>BARC101-2BL</i>	31	40.8	
<i>Xgwm261-2DS</i>	61	80.3	
<i>Xpsp3047-3A</i>	31	40.8	<i>QGy.ccsu-2D</i> <sup>[21]</sup> , <i>QHi.ccsu-2D.2</i> <sup>[21]</sup> , <i>QSl.ccsu-2D.2</i> <sup>[21]</sup> , <i>QSp.ccsu-2D.2</i> <sup>[21]</sup> , <i>QGps.ccsu-2D.2</i> <sup>[21]</sup>
<i>Xedm80-3DS</i>	58	76.3	
<i>Xgwm161-3DS</i>	20	26.3	
<i>BARC71-3DL</i>	25	32.9	<i>QFhs.fal-3DS</i> <sup>[22]</sup>
<i>BARC22-4A</i>	30	39.5	
<i>Xcfa2173-4D</i>	28	36.8	
<i>SWES222-6B</i>	51	67.1	<i>qSgn4D</i> <sup>[23]</sup> , <i>qSl4D</i> <sup>[23]</sup> , <i>qSc4D</i> <sup>[23]</sup> , <i>qApr4D</i> <sup>[24]</sup>
<i>CFE223-7B</i>	53	69.7	

<sup>a</sup> 引自 GrainGenes2.0 (<http://wheat.pw.usda.gov/>)

<sup>a</sup> Source from GrainGenes2.0 (<http://wheat.pw.usda.gov/>)

献率为 40.8%。说明骨干亲本碧蚂 4 号的某些特异位点能在品种选育过程中被高频率地保留下来, 且可能在不同时期的育种目标下对新品种的选育至关重要。

在遗传贡献率大于 25% 的 18 个基因组位点中有 13 个 SSR 位点可查到相关图谱信息, 其中有 8 个位点及其附近染色体区域聚集了许多与产量、品质和抗病性等重要农艺性状相关的 QTL, 表明骨干亲本碧蚂 4 号中对衍生后代品种贡献率较高的基因组位点区域可能含有许多决定重要农艺性状的 QTL。如碧蚂 4 号特异位点 *Xgwm261*、*Xedm80*、*SWES222* 和 *CFE223* 在 4 个世代的传递频率分别为 92.6%、71.4%、71.4% 和 85.7% (子一代), 77.1%、80.0%、51.4% 和 65.7% (子二代), 80.0%、75.0%、85.0% 和 65.0% (子三代), 71.4%、71.4%、85.7% 和 71.4% (子四代); 它们对衍生后代的遗传贡献率分别为 80.3%、76.3%、67.1% 和 69.7%; 根据已知的图谱信息 *Xgwm261* 与 *QGy.ccsu-2D* (籽粒产量)、*QHi.ccsu-2D.2* (收获指数)、*QSl.ccsu-2D.2* (穗粒数) 等 QTL 紧密连锁。因此碧蚂 4 号含有某些特异位点与一些特殊的与重要农艺性状相关的基因组位点或染色体区段, 这可能是其成为骨干亲本的遗传基础。

7A 染色体上的标记 *Xmag4044*、*Xmag3284* 和 *Xmag3283* 可在相同的材料中扩增出碧蚂 4 号特异带, 根据有关图谱信息它们的遗传距离很近, *Xmag3284*、*Xmag3283* 与 *Xmag4044* 分别相距 0.0 cM 和 1.2 cM, 说明这 3 个标记位点是紧密连锁的, 它们在遗传上可能是共分离的。2B 染色体上的标记 *Xmag3976* 和 *Xmag3996* 也能在相同的材料中被检测到, 可能也是一个染色体区段。标记 *Xgwm577* 在子一代和子二代材料中没有扩增出碧蚂 4 号特异带, 但在子三代的长丰 1 号和子四代的京 411 中被检测到。关于该标记位点的来源, 系谱分析表明, 长丰 1 号和京 411 的杂交组合分别为有芒白 4 号/矮秆早、丰抗 2 号/长丰 1 号, 但是在子二代品种有芒白 4 号、子三代品种丰抗 2 号及中间亲本矮秆早中都没有检测到该位点, 因此 *Xgwm577* 标记位点的来源尚不能确定。

本研究采用 SSR、EST-SSR 和 STS 标记, 有效地检测出碧蚂 4 号的 33 个特异基因组位点和染色体区段, 并明确了它们在碧蚂 4 号衍生后代中的传递特点, 为进一步开展碧蚂 4 号遗传基础的研究奠定了基础。但是, 要深入揭示碧蚂 4 号作为骨干亲本的遗传机制, 还需要构建相应的遗传群体进一步深入开展研究, 此项工作目前尚在进行中。

## 4 结论

检测出碧蚂4号的33个特异基因组位点并明确了它们在衍生后代品种(系)中的传递特点和对衍生后代品种(系)的遗传贡献率。碧蚂4号特异位点Xgwm261、Xedm80、SWES222、CFE223和Xpsp2999不仅能稳定地传递至子四代,且遗传贡献率都在50%以上,可用于骨干亲本碧蚂4号的标记/性状关联分析,以追踪与这些位点紧密连锁的重要染色体区段。

## References

- [1] Lu M-Z(陆懋曾). Genetic Improvement of Wheat Varieties in Shandong Province (山东小麦遗传改良). Beijing: China Agriculture Press, 2007 (in Chinese)
- [2] Zhuang Q-S(庄巧生). Improvement and Pedigree of China Wheat Varieties (中国小麦品种改良及系谱分析). Beijing: China Agricultural Press, 2003 (in Chinese)
- [3] Li Q-Q(李晴祺). Creation, Evaluation and Utilization of Winter Wheat Germplasm (冬小麦种质创新与评价利用). Jinan: Shandong Science and Technology Press, 1998 (in Chinese)
- [4] Li Z-S(李振声). New wheat variety selected by distant hybrid technique, Xiaoyan 6. *J Shanxi Agric Sci* (山西农业科学), 1986, (5): 18 (in Chinese)
- [5] Manifesto M M, Schlatter A R, Hopp H E, Suarez E Y, Dubcovsky J. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Sci*, 2001, 41: 682–690
- [6] Reif J C, Zhang P, Dreisigacker S, Warburton M L, Ginkel M V, Hoisington D, Bohn M, Melchinger A E. Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 859–864
- [7] Ma Z Q, Zhao D M, Zhang C Q, Zhang Z Z, Xue S L, Lin F, Kong Z X, Tian D G, Luo Q Y. Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized F<sub>2</sub> populations. *Mol Genet Genomics*, 2007, 277: 31–42
- [8] Lin F, Xue S L, Zhang Z Z, Zhang C Q, Kong Z X, Yao G Q, Tian D G, Zhu H L, Li C J, Cao Y, Wei J B, Luo Q Y, Ma Z Q. Mapping QTL associated with resistance to *Fusarium* head blight in the Nanda 2419 × Wangshuibai population: II. Type I resistance. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 528–535
- [9] Wei X-Y(魏新艳), Yang W-X(杨文香), Liu D-Q(刘大群), Kong J-Y(孔俊英). MAS for leaf rust resistance gene Lr35 in 150 wheat cultivars. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2004, 37(12): 1951–1954 (in Chinese with English abstract)
- [10] Zhang X-Y(张学勇), Dong Y-C(董玉琛), You G-X(游光侠), Wang L-F(王兰芬), Li P(李培), Jia J-Z(贾继增). Allelic variation of Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1 in Chinese commercial wheat varieties in the last 50 years. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2001, 34(4): 355–362 (in Chinese with English abstract)
- [11] Zhang X-Y(张学勇), Tong Y-P(董依平), You G-X(游光霞), Hao C-Y(郝晨阳), Ge H-M(盖红梅), Wang L-F(王兰芬), Li B(李滨), Dong Y-C(董玉琛), Li Z-S(李振声). Hitchhiking effect mapping: A new approach for discovering agronomic important genes. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2006, 39(8): 1526–1535 (in Chinese with English abstract)
- [12] Wang S-S(王珊珊), Li X-Q(李秀全), Tian J-C(田纪春). Genetic diversity of main parent of wheat ‘Aimengniu’ and its pedigree on SSR markers. *Mol Plant Breed* (分子植物育种), 2007, 5(4): 485–490 (in Chinese with English abstract)
- [13] Si Q-L(司清林), Liu X-L(刘新伦), Liu Z-K(刘智奎), Wang C-Y(王长有), Ji W-Q(吉万全). SSR analysis of Funo wheat and its derivatives. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(4): 615–619 (in Chinese with English abstract)
- [14] Ge H-M(盖红梅), Wang L-F(王兰芬), You G-X(游光霞), Hao C-Y(郝晨阳), Dong Y-C(董玉琛), Zhang X-Y(张学勇). Fundamental roles of cornerstone breeding lines in wheat reflected by SSR random scanning. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2009, 42(5): 1503–1511 (in Chinese with English abstract)
- [15] Liu C, Yang Z J, Feng J, Zhou J P, Chi S, Ren Z L. Development of *Dasyphyrum* genome specific marker by using wheat microsatellites. *Hereditas*, 2006, 28: 1573–1579
- [16] Zhang L Y, Bernard M, Leroy P, Feuillet C, Sourdille P. High transferability of bread wheat EST-derived SSRs to other cereals. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 677–687
- [17] Chen H M, Li L Z, Wei X Y, Li S, Lei T, Hu H Z, Wang H G, Zhang X S. Development, chromosome location and genetic mapping of EST-SSR markers in wheat. *Chin Sci Bull*, 2005, 50: 2328–2336
- [18] Dnaiel J M, Amanda P, Natasha L T, Rudi A, Timothy D C, Joseph M A, Michael G F. EST-derived SSR markers from defined regions of the wheat genome to identify *Lophopyrum elongatum* specific loci. *Genome*, 2005, 48: 811–822
- [19] Yu J K, Dake T M, Singh S, Benscher D, Li W L, Gill B, Sorrells M E. Development and mapping of EST-derived simple sequence repeat markers for hexaploid wheat. *Genome*, 2004, 47: 805–818
- [20] Eujayl I, Sorrells M E, Baum M, Wolters P, Powell W. Isolation of EST derived microsatellite markers for genotyping the A and B genomes of wheat. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 399–407
- [21] Kumar N, Kulwal P L, Balyan H S, Gupta P K. QTL mapping for yield and yield contributing traits in two mapping populations of bread wheat. *Mol Breed*, 2007, 19: 163–177
- [22] Paillard S, Schnurbusch T, Tiwari R, Messmer M, Winzeler M, Keller B, Schachermayr G. QTL analysis of resistance to *Fusarium* head blight in Swiss winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 323–332
- [23] Zhang K-P(张坤普), Xu X-B(徐宪斌), Tian J-C(田继春). QTL mapping for grain filling rate and thousand-grain weight in different ecological environments in wheat. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(10): 1750–1756 (in Chinese with English abstract)
- [24] Zhang K-P(张坤普), Zhao L(赵亮), Hai Y(海燕), Chen G-F(陈广凤), Tian J-C(田继春). QTL mapping for adult-plant resistance to powdery mildew, lodging resistance and internode length below spike in wheat. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(8): 1350–1357 (in Chinese with English abstract)