

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2011.00294

不同水分胁迫下小麦胚芽鞘和胚根长度的 QTL 分析

袁倩倩 李卓坤 田纪春* 韩淑晓

山东农业大学 / 作物生物学国家重点实验室小麦品质育种室, 山东泰安 271018

摘 要: 小麦胚芽鞘和胚根在不同渗透溶液下的长度变化是鉴评小麦幼苗抗逆性的重要指标。以小麦花培 3 号×豫麦 57 的 DH 株系衍生的含 168 个组合的永久 F₂ (immortalized F₂, IF₂) 群体为材料, 在蒸馏水(正常条件)以及 10%、20% 和 30% 聚乙二醇(PEG-6000)模拟水分胁迫处理下进行胚芽鞘长和胚根长度的数量性状基因(QTL)定位分析。利用完备区间作图法, 共检测到影响胚芽鞘和胚根长度的 23 个 QTL, 单个 QTL 对表型的贡献率为 4.93%~35.37%。位于 4B 染色体区间 Xcfd39.2–Xcfd22.2 上影响胚芽鞘长度的位点 *QCl4B* 具有最大的遗传效应, 贡献率为 35.37%; 在 3D 染色体 Xcfd223–Xbarc323 区段, 在正常条件和 20% PEG-6000 处理下同时检测到影响胚芽鞘长度的位点 *QCl3D-a*, 其贡献率分别为 7.83% 和 11.74%。另外, 在 10% PEG-6000 处理下, 3D 染色体上的相近区域还定位了影响胚芽鞘长度的 *QCl3D-b* 位点; 在染色体 1A 和染色体 5A1 上各检测出与胚根长度有关的 2 个和 3 个不同的 QTL; 在 6D 染色体 Xswes679.1–Xcfa2129 和 Xwmc412.1–Xcfd49 区间分别检测到 2 个影响胚芽鞘长度和胚根长度的 QTL。这些主效 QTL 可用于胚芽鞘和根系的分子标记辅助选择。

关键词: 小麦; “永久 F₂” 群体; 胚芽鞘长度; 胚根长度; QTL

QTL Mapping for Coleoptile Length and Radicle Length in Wheat under Different Simulated Moisture Stresses

YUAN Qian-Qian, LI Zhuo-Kun, TIAN Ji-Chun*, and HAN Shu-Xiao

Group of Quality Wheat Breeding of Key Laboratory of Crop Biology / Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China

Abstract: Coleoptile length and radicle length are important indexes to evaluate stress resistance of wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings. For mapping quantitative trait loci (QTLs) for lengths of coleoptile and Radicle in wheat, a set of immortalized F₂ (IF₂) population (168 lines) from Huapei 3 × Yumai 57 double haploid (DH) lines was treated with distilled water (normal condition) and 10%, 20%, and 30% of polyethylene glycol (PEG-6000). The coleoptile length (CL) and radicle length (RL) of the parents and the 168 IF₂ lines were measured after 7 d of treatment. QTLs for CL and RL were detected using 323 SSR markers, which were distributed in the whole genome of wheat. Based on inclusive composite interval mapping (ICIM) method, we identified 11 additive QTLs for CL and 12 additive QTLs for RL under normal and the three stress conditions. Each locus explained 4.93%–35.37% of phenotypic variance. In the interval between Xcfd39.2 and Xcfd22.2 on chromosome 4B, QTL *QCl4B* had the phenotypic contribution of 35.37%. Another QTL *QCl3D-a* located between Xcfd223 and Xbarc323 on chromosome 3D was detected in both normal and 20% PEG-6000 treatments, which explained phenotypic variances of 7.83% and 11.74%, respectively. QTL *QCl3D-b* was located on the same chromosome and close to *QCl3D-a*. In the linkage groups 1A and 5A1, three and two QTLs associated with RL were detected respectively. On chromosome 6D, two QTLs for CL and RL were found in the interval between Xswes679.1 and Xcfa2129 and the interval between Xwmc412.1 and Xcfd49, respectively. The major QTLs identified can be applicable in marker-assisted selection in wheat breeding for coleoptile and root.

Keywords: Wheat; Immortalized F₂ population; Coleoptile length; Radicle length; Quantitative trait locus

干旱和水资源已成为世界农业和社会发展的制约因素。中国是一个水资源严重短缺的国家, 人均水资源量仅占世界人均水资源的 1/4。目前, 虽然我

国的农业用水量已占总用水量的 70% 以上(发达国家一般在 50%), 但农业用水依然匮乏^[1]。因此, 改善作物本身的抗旱能力及选育节水的抗旱品种已成

本研究由国家重点基础研究计划(973 计划)项目(2009CB118301), 国家自然科学基金项目(30971764)和农业部行业科研基金(nyhyzx07-002)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 田纪春, E-mail: jctian@sdaa.edu.cn, Tel: 0538-8242040

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

Received(收稿日期): 2010-05-18; Accepted(接受日期): 2010-09-20.

为当前十分重要的任务。小麦是我国北方主要的粮食作物,研究其抗旱性对我国粮食安全具有重大意义^[2]。小麦种子萌发时,胚芽鞘首先穿出地面,保护着胚芽露出地面并抵御逆境胁迫,因此胚芽鞘是应对生长初期逆境的保护组织,在生长初期对幼苗的正常出土和苗全苗壮具有重要的作用^[3-6]。王玮等^[7]和邹琦等^[8]研究发现,在低水势下胚芽鞘长度和叶片渗透能力与产量有密切的关系,在干旱胁迫下小麦胚芽鞘长度与抗旱系数呈极显著正相关;尤其是在20% PEG-6000处理下,抗旱性强的品种胚芽鞘生长得快,从而提出了“低水势下胚芽鞘长度法”,用于冬小麦抗旱性鉴定。

根系是作物吸收矿质和水分营养的器官,其生理功能制约着小麦地上部分的生长发育。幼苗根系也是最早感受土壤干旱的器官,对小麦苗期耐旱能力有重要作用。关于根系性状与抗旱性的关系,前人已做出很多有益的探索。杨国航等^[9]发现玉米在干旱胁迫情况下,有较强生根发芽能力的品种,其幼根萌发早,抗旱指数较大,抗旱性较强。郝树荣等^[10]对水稻根系做了研究,认为干旱胁迫诱导根系变长,以利于吸收更深层土壤的水分以满足作物生长要求,胁迫越重根系越长。景蕊莲等^[11]研究根系形态性状的遗传力及其与抗旱性的关系,结果表明小麦幼苗的抗旱性与根干重呈显著正相关。

目前,有关小麦胚芽鞘和胚根长QTL定位的研究报道还较少。胡颂平等^[3]对水稻胚芽鞘长度与抗旱性的关系进行了分析,并在干旱胁迫和正常条件处理下对胚芽鞘长度的QTL进行了定位,表明胚芽鞘长度与抗旱系数存在极显著正相关关系。周晓果等^[12]以150个小麦DH群体家系为材料,在水分胁迫及非水分胁迫两种条件下对小麦五叶期幼苗根系性状进行了QTL定位,定位出最大根长的3个加性效应QTL,并分析QTL与环境的互作。但是在不同渗透溶液下,同时进行小麦胚芽鞘和胚根长度的QTL定位并分析其相互关系的较少。本研究对不同水分胁迫和非胁迫等多个环境下小麦胚芽鞘长度和胚根长度进行基因定位,为幼苗抗旱性状的分子标记辅助选择提供了依据。

1 材料与方法

1.1 作图群体

IF₂群体源于含有168个家系的小麦双单倍体(double haploid, DH)群体, DH群体由“花培3号×豫麦57”的F₁经小孢子培养和染色体加倍而成。其父

母本和168个DH系在幼苗特性、株高、成熟期和产量等性状上存在很大差异。将DH群体的168个家系分成两组,进行组间随机配对杂交(每个品系仅用1次),通过一轮杂交组配了84个杂交组合,经两轮杂交获得了一个包含168个杂交组合的群体,每个杂交组合均相当于一个F₂株系,可在不同年度组配相同组合,以便在多年份多环境下利用,因此称之为IF₂群体。

1.2 干旱胁迫处理和性状指标测定

分别于2009年10月和11月各精选IF₂群体168个家系的无病虫害的饱满种子置种子发芽盘中,先用5% H₂O₂处理10 min,再用自来水冲洗2~3次,然后将种子均匀摆在发芽盘上,置4℃光照培养箱中处理2 d。种子萌动后,每家系各挑选露白一致的20粒种子分别均匀地摆在浸入蒸馏水(正常条件)、10%、20%和30% PEG-6000溶液(W/V)的发芽纱网盘上。每个处理两次重复。将各处理置光照培养箱中培养7 d,光强度为2 500 μmol m⁻² s⁻¹,光周期为12 h/12 h,温度为20℃。待胚芽伸出胚芽鞘1.5 cm时,每个处理选出生长一致的6~8株分别测量胚芽鞘长度和胚根长度。

1.3 分子遗传图谱

DH群体分子遗传连锁图由本研究室构建^[15]。共有323个标记,包括284个SSR标记、37个EST标记、1个ISSR标记和1个HMW-GS标记位点。图谱全长2 485.7 cM,平均两标记间的遗传距离是7.67 cM,形成24个连锁群分布于小麦的21条染色体上。

1.4 数据处理

利用SPSS 16.0软件对小麦胚芽鞘长度和胚根长度的表型数据进行统计分析。采用323个标记构建的遗传图谱,利用完备区间作图方法(inclusive composite interval mapping, ICIM)^[16]对4个处理条件下的胚芽鞘长和胚根长分别进行QTL分析^[17-19], LOD阈值为2.7, Step值为1 cM。按照McIntosh等^[20]的方法命名QTL。采用DPS软件进行LSD法检验显著性。

2 结果与分析

2.1 小麦胚芽鞘长、胚根长与抗旱性的关系及性状表现

在水分胁迫和非水分胁迫处理下,父本豫麦57比母本花培3号有较大的胚芽鞘长和胚根长(表1)。在水分胁迫处理下,随PEG-6000浓度的升高两亲

本及 IF₂ 群体胚芽鞘长度先是有所增加后又降低, 胚根长度呈现增加趋势(表 1), 说明胚芽鞘长度与胚根长度与抗旱性有关。群体中偏度值与峰度值的绝对值都小于 1.0, 符合正态分布(图 1), 并存在明显的双向超亲分离现象, 表明为多基因控制的数量性状, 适合进行 QTL 定位分析^[21]。

2.2 QTL 分析

在 4 种不同处理条件下, 共检测到控制胚芽鞘长和胚根长度的 23 个 QTL (表 2、表 3 和图 2)。其中胚芽鞘性状检测到 11 个 QTL, 分布在 1A、2A、3D、4B 和 6D 染色体上, 其单个 QTL 贡献率为

6.77%~35.37%。幼苗胚根性状共检测到 12 个加性效应 QTL, 主要分布在 1A、2D、4B、5A1、6A、6D 和 7D 染色体上, 其单个 QTL 贡献率为 4.93%~17.99%。

2.2.1 胚芽鞘长度 QTL 正常条件处理下, 检测到 3 个胚芽鞘长的 QTL, 分别位于 3D、4B 和 6A 染色体, 可分别解释胚芽鞘长度变异的 7.83%、35.37% 和 12.42% (表 2 和图 2)。*QCI4B* 位点的遗传贡献率最大, 可解释 35.37% 的表型变异, 其增效等位基因来源于豫麦 57, 表现超显性效应。其他 2 个加性效应位点的增效基因来源于花培 3 号, 均表现部分显性效应。

表 1 花培 3 号×豫麦 57 及 IF₂ 群体胚芽鞘长、胚根长的表型分析
Table 1 Phenotypic performance of coleoptile length and radicle length in the IF₂ population

性状 Trait	处理 Treatment	亲本 Parent		IF ₂ 群体 Immortalized F ₂ population			
		花培 3 号 Huapei 3	豫麦 57 Yumai 57	均值 Mean	范围 Range	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
胚芽鞘长度 CL (cm)	正常 Normal	2.73 ab	2.85 ab	2.46	1.65–3.74	0.70	2.07
	10% PEG-6000	2.65 b	2.74 b	2.80	2.03–4.12	0.33	0.28
	20% PEG-6000	2.80 a	3.21 a	2.94	1.44–3.98	−0.11	1.09
	30% PEG-6000	2.40 c	2.31 c	2.64	1.49–3.89	0.41	0.13
胚根长度 RL (cm)	正常 Normal	4.11 c	4.43 c	6.64	2.41–9.20	−0.85	0.85
	10% PEG-6000	5.82 b	6.51 b	5.94	4.12–7.57	0.02	−0.27
	20% PEG-6000	5.80 b	6.21 b	5.74	3.32–8.55	0.15	0.34
	30% PEG-6000	7.52 a	9.52 a	6.03	3.21–10.70	0.17	0.58

标以不同字母的值于 0.05 概率水平差异显著。
Values followed by different letters are significantly different at the 0.05 probability level. CL: coleoptile length; RL: radicle length.

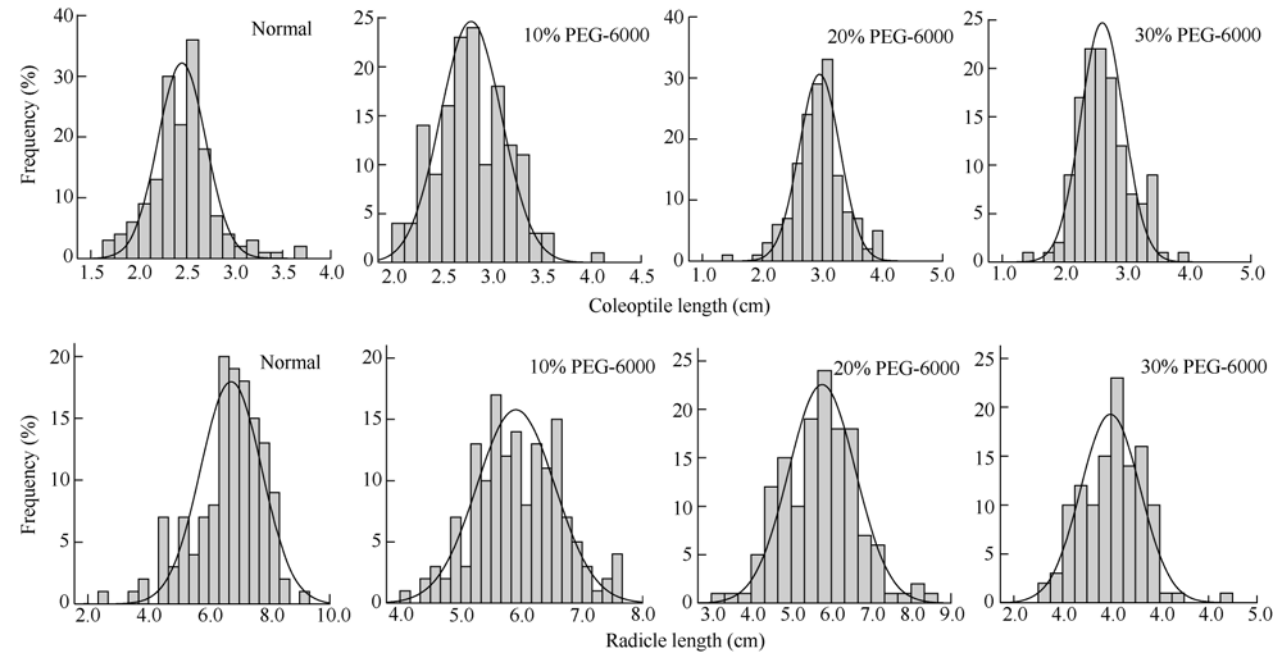


图 1 IF₂ 群体 168 个株系的胚芽鞘长度、胚根长度性状表型分析
Fig. 1 Analysis of coleoptile length and radicle length in the IF₂ population

10% PEG-6000 处理下, 检测到 3 个胚芽鞘长度的 QTL, 分别位于 1A、2A 和 3D 染色体上, 单个 QTL 可分别解释 IF₂ 群体胚芽鞘长度变异的 8.77%、9.40%和 8.02% (表 2 和图 2), 均表现超显性效应。*QCIIA* 位点的增效等位基因来源于豫麦 57, 其他 2 个加性效应位点的增效等位基因来源于花培 3 号。

20% PEG-6000 处理下, 检测到 3 个胚芽鞘的 QTL, 分别位于 1A、3D 和 6D 染色体上, 可分别解释表型变异的 6.77%、11.74%和 10.52% (表 2 和图 2)。*QCI3D* 位点的遗传贡献率最大, 可解释 11.74%

的表型变异。*QCI6D* 位点的增效等位基因来源于豫麦 57, 可增加胚芽鞘长的 0.2 cm, 表现部分显性效应。其他 2 个加性效应位点的增效等位基因来源于花培 3 号。

30% PEG-6000 处理下, 检测到 2 个胚芽鞘的 QTL, 均来源于 6D 染色体, 可分别解释 10.14%和 14.61%的表型变异(表 2 和图 2), 表现超显性效应。有较高贡献率的加性效应位点的增效等位基因来源于花培 3 号, 另一 QTL 的增效等位基因来源于豫麦 57。

表 2 IF₂ 群体胚芽鞘长度性状的加性 QTL 位置、效应及贡献率
Table 2 Intervals, effects, and contributions of additive QTLs for coleoptile length (CL) in the IF₂ population

QTL	标记区间 Flanking marker	位置 Position (cM)	加性效应 ¹⁾ Additive ¹⁾	显性效应 ²⁾ Dominance ²⁾	LOD	贡献率 <i>H</i> ² (%)	基因型效应 ³⁾ Gene action ³⁾
正常处理 Normal							
<i>QCI3D-a</i>	Xcfd223–Xbarc323	69.0	0.13	0.00	3.71	7.83	PD
<i>QCI4B</i>	Xcfd39.2–Xcfd22.2	13.0	−0.03	−0.40	14.60	35.37	OD
<i>QCI6A</i>	Xwmc553–Xgwm732	63.0	0.15	−0.12	4.50	12.42	PD
10% PEG-6000							
<i>QCIIA</i>	Xgwm259–Xcwem32.1	2.0	−0.03	0.19	3.08	8.77	OD
<i>QCI2A</i>	Xgwm448–Xwmc455	79.0	0.04	0.21	3.75	9.40	OD
<i>QCI3D-b</i>	Xwmc492–Xcfd223	62.0	0.09	−0.15	3.01	8.02	OD
20% PEG-6000							
<i>QCIIA</i>	Xgwm259–Xcwem32.1	0.0	0.01	0.21	3.93	6.77	OD
<i>QCI3D-a</i>	Xcfd223–Xbarc323	69.0	0.19	−0.08	5.77	11.74	PD
<i>QCI6D</i>	Xswes679.1–Xcfa2129	151.0	−0.20	0.01	4.69	10.52	PD
30% PEG-6000							
<i>QCI6D</i>	Xgwm133.2–Xswes861.1	99.0	−0.04	−0.23	3.08	10.14	OD
<i>QCI6D</i>	Xswes679.1–Xcfa2129	139.0	0.22	−0.35	2.73	14.61	OD

¹⁾ 正值表示增效等位基因来源于花培 3 号, 负值表示增效等位基因来源于豫麦 57; ²⁾ 正值表示杂合体比纯合体有更高的表型值; ³⁾ PD、D 和 OD 分别表示部分显性效应(D/A<1.00)、显性效应(D/A=1.00)和超显性效应(D/A>1.00)。
¹⁾ Alleles from Huapei 3 and Yumai 57 with positive effect are defined in positive and negative values, respectively. ²⁾ Positive values indicate that the heterozygote has higher phenotypic values than the homozygote. ³⁾ PD: partial dominant (D/A<1.00); D: dominant (D/A=1.00); OD: over-dominant (D/A>1.00).

2.2.2 胚根长度 QTL 正常条件处理下的 2 个 QTL 分别位于 4B 和 5A1 染色体, 可分别解释胚根变异的 7.79%和 8.88% (表 3 和图 2), 分别表现超显性效应和部分显性效应。2 个 QTL 的增效等位基因均来源于豫麦 57, 分别增加根长的 0.04 cm 和 0.42 cm, 这与豫麦 57 具有较大的胚根长相对应。

10% PEG-6000 处理下的 3 个 QTL, 位于 6A 和 6D 染色体上, 其单个 QTL 可解释表型变异的 5.22%~7.25% (表 3 和图 2), 位于 *QRI6D* 的 Xgwm55~Xgwm133.2 位点遗传贡献率最大, 可解释 7.25%的表型变异。3 个 QTL 均表现超显性效应, 其增效等

位基因均来源于花培 3 号。

20% PEG-6000 处理下的 3 个 QTL, 分别位于 1A、6D 和 7D 染色体上, 可解释 9.69%、4.93%和 8.68%的表型变异(表 3 和图 2), 均表现超显性效应。3 个 QTL 的增效等位基因均来源于豫麦 57, 增加根长 0.21~0.23 cm。

30% PEG-6000 处理下的 4 个 QTL, 位于 1A、2D 和 5A1 染色体上, 可解释表型变异的 9.47%~17.99% (表 3 和图 2)。位于 1A 染色体上的两个位点分别解释 17.99%和 9.47%的表型变异, 均表现部分显性效应, 其中贡献率为 9.47%的位点增效基因来

表 3 IF₂ 群体胚根长度性状的加性 QTL 位置、效应及贡献率
Table 3 Intervals, effects and contributions of additive QTLs for radicle length (RL) in the IF₂ population

QTL	标记区间 Flanking markers	位置 Position (cM)	加性效应 ¹⁾ Additive ¹⁾	显性效应 ²⁾ Dominance ²⁾	LOD	贡献率 H ² (%)	基因型效应 ³⁾ Gene action ³⁾
正常处理 Normal							
<i>QRI4B</i>	Xwmc657–Xwmc48	18.0	−0.04	−0.59	3.83	7.79	OD
<i>QRI5A1</i>	Xgwm186–Xcfe223	77.0	−0.42	0.22	2.74	8.88	PD
10% PEG-6000							
<i>QRI6A</i>	Xbarc1165–Xgwm82	42.0	0.03	0.36	4.45	6.70	OD
<i>QRI6D</i>	Xwmc412.1–Xcfd49	2.0	0.03	−0.30	3.20	5.22	OD
<i>QRI6D</i>	Xgwm55–Xgwm133.2	85.0	0.07	−0.41	3.16	7.25	OD
20% PEG-6000							
<i>QRI1A</i>	Xwmc728.1–Xwmc550	25.0	−0.23	0.34	3.82	9.69	OD
<i>QRI16D</i>	Xwmc412.1–Xcfd49	1.0	−0.21	−0.34	2.75	4.93	OD
<i>QRI7D</i>	Xwmc14–Xwmc42	199.0	−0.22	−0.64	3.14	8.68	OD
30% PEG-6000							
<i>QRI1A</i>	Xwmc550–Xbarc269	48.0	0.66	−0.01	11.68	17.99	PD
<i>QRI1A</i>	Xbarc350–Xwmc120	60.0	−0.48	−0.09	7.08	9.47	PD
<i>QRI2D</i>	Xwmc170.2–Xgwm539	65.0	0.10	0.68	5.73	10.57	OD
<i>QRI5A1</i>	Xswes45–Xbarc180	6.0	0.01	−0.73	5.86	11.97	OD

¹⁾ 正值表示增效等位基因来源于花培 3 号, 负值表示增效等位基因来源于豫麦 57; ²⁾ 正值表示杂合体比纯合体有更高的表型值; ³⁾ PD 和 OD 分别表示部分显性效应(D/A<1.00)和超显性效应(D/A>1.00).
¹⁾ Alleles from Huapei 3 and Yumai 57 with positive effect are defined in positive and negative values, respectively. ²⁾ Positive values indicate that the heterozygote has higher phenotypic values than the homozygote. ³⁾ PD: partial dominant (D/A<1.00); OD: over-dominant (D/A>1.00).

源于豫麦 57, 其余 3 个位点均来源于花培 3 号。

3 讨论

对于作物分子遗传图谱的构建和数量性状基因的解析可利用多种遗传群体, 其中 F₂ 群体提供的遗传信息最为丰富, 可以估算其加性效应和显性效应, 但由于 F₂ 群体中既存在杂合体也存在纯合体, 下世代基因型和表型都会发生较大改变, 因此难以进行多年多点的重复性试验, 无法永久保存。Hua 等^[22]提出了 IF₂ 的概念, 它是通过 RIL (重组自交系)或 DH (双单倍体)群体家系间随机交配获得的 F₁ 所构建的永久性群体, 有助于进行数量性状基因(QTL)多年多点鉴定以获得更加准确的 QTL 分析结果。

胚芽鞘在作物生长初期起着保护子叶的作用, 保护胚芽出土并抵御逆境胁迫。研究表明, 在干旱胁迫条件下胚芽鞘长度与其抗旱性有极其密切的关系^[8]。本研究共检测到 11 个控制胚芽鞘性状的 QTL。位于 4B 染色体上的 QTL 对胚芽鞘的遗传贡献率最大, 可解释 35.37%的表型变异, 该位点与 Rebetzke 等^[23]检测到的 *Rht-B1* (遗传贡献率 27%~45%)和 *XksuC2* (遗传贡献率 15%~27%)位点在同一染色体

上, 并且与 *Rht-B1* 位置相近, 很可能就是 *Rht-B1* 基因。Rebetzke 等^[23]检测到的位于 4D 染色体上的 *Rht-D1b*, 本研究中并未检测出。Allan^[24]和 Rebetzke 等^[25]研究发现, *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 和 *RhtB1c* 等小麦矮秆基因在降低株高的同时, 也缩短了胚芽鞘的长度; 唐娜等^[26]也得出同样的结论。由此可见, 胚芽鞘长度与株高具有紧密连锁效应。位于 6A 染色体上的 *QCI6A* 解释了 12.42%的表型变异, 可增加胚芽鞘长度 0.15 cm, 该位点与王竹林等^[27]在 6A 染色体上所检测出的株高的 QTL 相接近。在 3D 染色体相同区段, 同时检测到两个处理下的 QTL *QCI3D-a*, 其遗传效应方向相同, 增效基因均来源于花培 3 号, 可用于分子标记辅助选择; 另外, 在 20%PEG-6000 胁迫下定位出的 *QCI3D-b* 与在正常水分情况下定位出的 *QCI3D-a* 位置很接近, 有待进一步探讨两位点是否是 3D 染色体上的同一位点。

检测到的 12 个控制幼苗胚根长度的加性 QTL, 主要分布在 1A、4B、5A1、6A、6D 和 7D 染色体上, 这与利用 IF₂ 群体正常水分环境下定位出的小麦幼苗根系性状的 QTL^[28]的结果基本一致。位于 4B 染色体上的 *QRI4B* 与影响胚芽鞘长度的 *QCI4B* 位置相

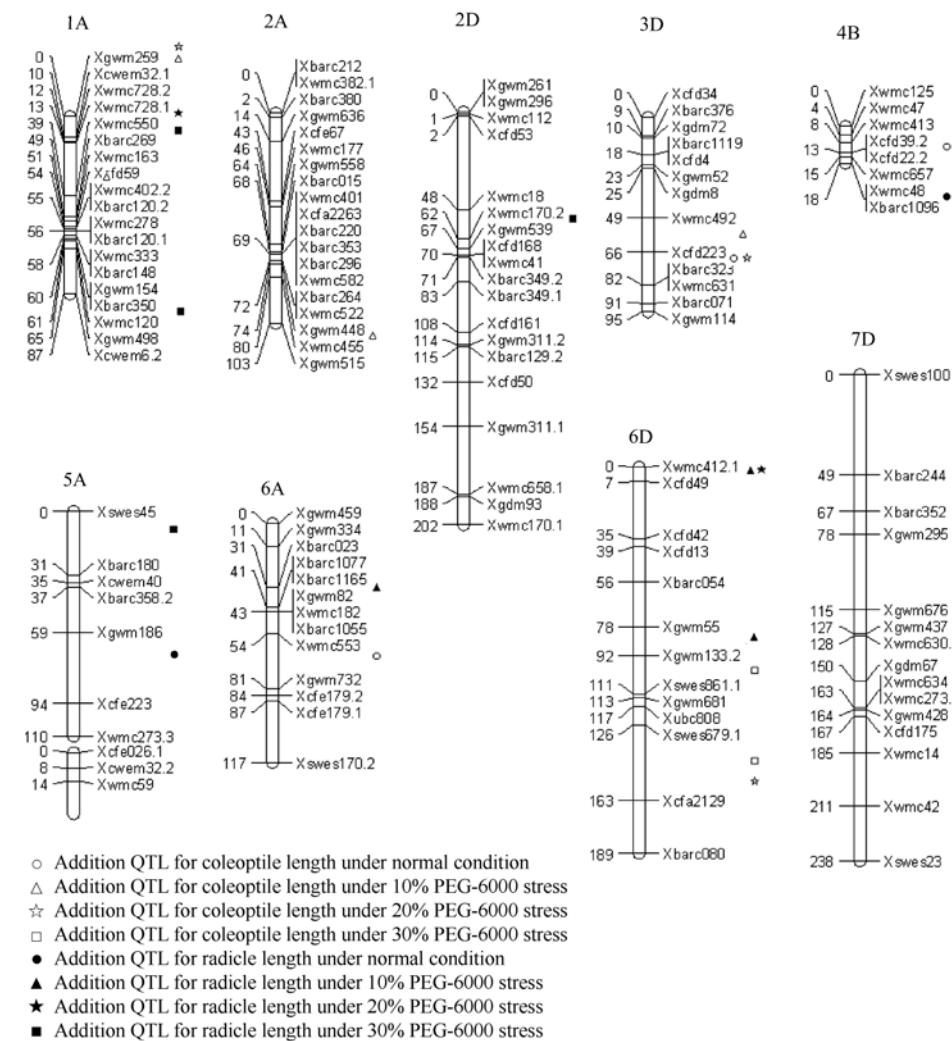


图 2 胚芽鞘长、胚根长性状加性 QTL 在染色体上的位置

Fig. 2 Positions of additive QTLs associated with coleoptile length and radicle length

近, 贡献率为 7.79%, 很可能是同一个 QTL。在染色体 5A1 和 1A 上分别检测到与胚根长度有关的 2 个和 3 个 QTL, 其位置相距较远, 可能是控制胚根长度的不同的 QTL。张正斌等^[29]在 Hoagland 溶液水培条件下对小麦重组近交系(W7984×Opata85) 114 个株系的根系相关性状进行 QTL 分析, 发现在染色体 1B、2A、5A、5B、6A 和 7B 上有控制最大根长的 8 个 QTL。本研究也在 5A 和 6A 相同的染色体上检测到影响胚根长的 3 个 QTL, 其他定位结果的差异可能源于测定时期的不同。另外两供试群体遗传背景差异比较大。因此对小麦幼苗胚根长度的 QTL 在不同的群体和不同研究间存在较大的差异^[29], 说明 QTL 的表达易受环境条件的影响。

在 6D 染色体上共检测出 6 个加性效应位点, 其中在 Xswes679.1–Xcfa2129 区段检测到 20% PEG-

6000 和 30% PEG-6000 处理下影响胚芽鞘长度的 2 个主效 QTL; 在 Xwmc412.1–Xcfd49 区段检测到 10% PEG-6000 和 20% PEG-6000 水分胁迫处理下影响胚根长度的 2 个 QTL。此研究结果与张正斌等^[30]得出的 6D 染色体着丝粒周围有一个大的基因簇, 在小麦水分利用效率遗传方面起重要作用的结论相一致。

4 结论

检测到控制胚芽鞘及胚根长度的 23 个 QTL。位于 4B 染色体区间 Xcfd39.2–Xcfd22.2 的位点解释了 35.37% 的胚芽鞘长度的表型变异, 具有最大的遗传效率, 但并未在各环境中稳定表达。在 6D 染色体上存在一些对小麦胚芽鞘和胚根长度共同起重要作用的区域。这些主效 QTL 可用于小麦育种中分子标记辅助选择。

References

- [1] Zhang Y-L(张余良), Pan J(潘洁), Shao Y-C(邵玉翠), Zheng H-L(郑鹤龄), Gao B-Y(高宝岩), Sun C-Z(孙长载). Present Condition and development of water-saving techniques of agriculture. *Tianjin Agric Sci* (天津农业科学), 2004, 10(1): 33–36 (in Chinese with English abstract)
- [2] Guan Z-B(关周博), Wang S-Q(王士强), Chen L(陈亮), Tang N(唐娜), Hu Y-G(胡银岗). Variation of coleoptile length in winter wheat varieties under PEG simulated drought stress and its association with their drought tolerance. *Agric Res Arid Areas* (干旱地区农业研究), 2009, 27(4): 125–130 (in Chinese with English abstract)
- [3] Hu S-P(胡颂平), Yang H(杨华), Zou G-H(邹桂华), Liu H-Y(刘鸿艳), Liu G-L(刘国兰), Mei H-W(梅捍卫), Cai R(蔡润), Li M-S(李名寿), Luo L-J(罗利军). Relationship between coleoptile length and drought resistance index of rice and their QTLs. *Chin Rice Sci* (中国水稻科学), 2006, 20 (1): 19–24 (in Chinese with English abstract)
- [4] Cosgrove D J, Li Z C. Role of expansion in cell enlargement of oat coleoptiles. *Plant Physiol*, 1993, 103: 1321–1328
- [5] Trethowan R M, Singh R P, Espino J H, Crossaa J, van Ginkela M. Coleoptile length variation of near-isogenic *Rht* lines of modern CIMMYT bread and durum wheats. *Field Crops Res*, 2001, 70: 167–176
- [6] Cosgrove D J. Expansive growth of plant cell walls. *Plant Physiol Biochem*, 2000, 38: 109–124
- [7] Wang W(王玮), Zou Q(邹琦), Yang X-H(杨兴洪), Peng T(彭涛), Li Y(李岩). Studies on the relativity among coleoptile length, osmotic adjustment and yield in wheat under water stress. *Chin Bull Bot* (植物学通报), 1997, 14(suppl): 55–59 (in Chinese with English abstract)
- [8] Zou Q(邹琦), Wang W(王玮), Yang X-H(杨兴洪). Identification of drought resistance in winter wheat—the new method of the coleoptile length under water stress. *Chin Agric Sci Bull* (中国农学通报), 2000, 16(15): 23–25 (in Chinese)
- [9] Yang G-H(杨国航), Wang W-H(王卫红), Song H-X(宋慧欣), Li Y-Q(栗雨勤), Qi H(齐华), Wang T-Y(王天宇), Zhao J-R(赵久然). Analysis of drought resistance of maize hybrids in rain-fed farming. *Crops* (作物杂志), 2009, (5): 78–81 (in Chinese with English abstract)
- [10] Hao S-R(郝树荣), Guo X-P(郭相平), Wang W-M(王为木), Zhang L-J(张烈君), Wang Q(王琴), Wang Q-M(王青梅), Liu Z-P(刘展鹏). Effects of water stress in tillering stage and rewetting on rice root growth. *Agric Res Arid Areas* (干旱地区农业研究), 2007, 25(1): 149–152 (in Chinese with English abstract)
- [11] Jing R-L(景蕊莲), Hu R-H(胡荣海), Zhu Z-H(朱志华). A study on heritabilities of seedling morphological traits and drought resistance in winter wheat cultivars of different genotype. *Acta Bot Boreali-Occid Sin* (西北植物学报), 1997, 17(2): 152–157 (in Chinese with English abstract)
- [12] Zhou X-G(周晓果), Jing R-L(景蕊莲), Hao Z-F(郝转芳), Chang X-P(昌小平), Zhang Z-B(张正斌). Mapping QTL for seedling root traits in common wheat. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(10): 1951–1957 (in Chinese with English abstract)
- [13] Hai Y(海燕), Kang M-H(康明辉). Breeding of a new wheat variety Huapei 3 with high yield and early maturing. *Henan Agric Sci* (河南农业科学), 2007, (5): 36–37 (in Chinese with English abstract)
- [14] Guo C-Q(郭春强), Bai Z-A(柏志安), Liao P-A(廖平安), Jin W-K(靳文奎). New high quality and yield wheat variety Yumai 57. *China Seed Ind* (中国种业), 2004, (4): 54
- [15] Zhang K P, Tian J C, Zhao L, Liu B, Chen G F. Detection of quantitative trait loci for heading date based on the doubled haploid progeny of two elite Chinese wheat cultivars. *Genetics*, 2009, 135: 257–265
- [16] Wang J-K(王建康). Inclusive composite interval mapping of quantitative trait genes. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(2): 239–245 (in Chinese with English abstract)
- [17] Li H, Ye G, Wang J. A modified algorithm for the improvement of composite interval mapping. *Genetics*, 2007, 175: 361–374
- [18] Li H, Ribaut J M, Li Z, Wang J. Inclusive composite interval mapping (ICIM) for digenic epistasis of quantitative traits in biparental populations. *Theor Appl Genet*, 2008, 116: 243–260
- [19] Zhang L, Li H, Li Z, Wang J. Interactions between markers can be caused by the dominance effect of QTL. *Genetics*, 2008, 180: 1177–1190
- [20] McIntosh R A, Devos K M, Dubcovsky J, Rogers W J, Morris C F, Appels R, Anderson O D. Catalogue of gene symbols for wheat. 2005. [2010-01-10]. <http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/wgc/2005upd.html>
- [21] Cao G, Zhu J, He C, Gao Y, Yan J, Wu P. Impact of epistasis and QTL×environment interaction on the developmental behavior of plant height in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2001, 103: 153–160
- [22] Hua J P, Xing Y Z, Wu W R, Xu C G, Sun X L, Yu S B, Zhang Q F. Single-locus heterotic effects and dominance by dominance interaction can adequately explain the genetic basis of heterosis in an elite hybrid. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2003, 100: 2574–2579
- [23] Rebetzke G J, Appels R, Morrison A D, Richards R A, McDonald G, Ellis M H, Spielmeyer W, Bonnett D G. Quantitative trait loci on chromosome 4B for coleoptile length and early vigour in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Aust J Agric Res*, 2001, 52: 1221–1234
- [24] Allan R E. Agronomic comparisons between *Rht1* and *Rht2* semidwarf genes in winter wheat. *Crop Sci*, 1989, 29: 1103–1108
- [25] Rebetzke G J, Richards R A, Fettel N A, Long M, Condon A G, Forrester R I, Botwright T L. Genotypic increases in coleoptile length improves stand establishment, vigour and grain yield of deep-sown wheat. *Field Crops Res*, 2007, 100: 10–23
- [26] Tang N(唐娜), Jiang Y(姜莹), He B-R(何蓓如), Hu Y-G(胡银岗). Effects of dwarfing genes of *Rht-B1b*, *Rht-D1b* and *Rht8* with different response to GA₃ on coleoptile length and plant height of wheat. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2009, 42(11): 3774–3784

- (in Chinese with English abstract)
- [27] Wang Z-L(王竹林), Wang H(王辉), Sun D-J(孙道杰), He Z-H(何中虎), Xia X-C(夏先春), Liu S-D(刘署东). QTL mapping for plant height of wheat using a $F_{2:3}$ population. *J Northwest A&F Univ* (Nat Sci Edn)(西北农林科技大学学报:自然科学版), 2008, 36(12): 60–63 (in Chinese with English abstract)
- [28] Li Z-K(李卓坤), Peng T(彭涛), Zhang W-D(张卫东), Xie Q-G(谢全刚), Tian J-C(田纪春). Analysis of QTLs for root traits at seedling stage using an “immortalized F_2 ” population in wheat. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2010, 36(3): 442–448 (in Chinese with English abstract)
- [29] Cao L-Y(曹立勇), Zhu J(朱军), Ren L-F(任立飞), Zhao S-T(赵松涛), Yan Q-C(颜启传). Mapping QTLs and epistasis for seedling vigor in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Agron Sin* (作物学报), 2002, 28(6): 809–815 (in Chinese with English abstract)
- [30] Zhang Z-B(张正斌), Xu P(徐萍). Reviewed on wheat genome. *Hereditas* (遗传), 2002, 24(3): 389–394 (in Chinese with English abstract)

科学出版社生物分社新书推介

《2011 年度国家自然科学基金项目指南》

国家自然科学基金委员会 编著

ISBN 978-7-03-029556-9/N·418

出版时间: 2010年12月

营销分类: 史地文化

定价: ¥ 35.00



《2011 年度国家自然科学基金项目指南》(简称《指南》)的出版, 体现国家自然科学基金的“公开、公平、公正”原则, 使广大科技工作者更好地了解国家自然科学基金的资助政策和各类项目的资助内容及要求。《指南》阐述了 2011 年申请须知和限项申请规定、研究领域或研究方向, 指导申请人自主选题、申请自然科学基金的资助。此外, 特别在限项申请规定方面作了新的要求。《指南》就研究项目系列、人才项目系列、环境条件项目系列分别进行介绍。《指南》是自然科学基金资助工作的重要依据, 充分体现国家自然科学基金资助工作的指导思想、资助政策和管理办法, 是自然科学基金申请人、管理者和评审专家等广大科技工作者必读的参考文献。可供高等院校、科研院所等机构从事科学研究工作的科研人员, 以及参与科技管理和科技政策研究的人员参考。

欢迎各界人士邮购科学出版社各类图书

联系人: 科学出版社科学销售中心 周文宇 电话: 010-64031535 E-mail: zhouwenyu@mail.sciencep.com

网上订购: <http://www.dangdang.com> <http://www.amazon.cn>

联系科学出版中心生物分社: 010-64012501 <http://www.lifescience.com.cn> E-mail: lifescience@mail.sciencep.com

更多精彩图书请登陆网站, 欢迎致电索要书目