

# 陕西省地方小麦品种黄色素含量基因的遗传分析

杨松杰<sup>1,2</sup>, 张影全<sup>3</sup>, 王 茹<sup>1,2</sup>, 张晓科<sup>3</sup>

(1. 安康学院 农学与生命科学院, 陕西 安康 725000; 2. 安康学院 农业科技发展中心, 陕西 安康 725000;

3. 西北农林科技大学 农学院, 陕西 杨凌 712100)

**摘要:** 面粉及其制成品的色泽是衡量小麦品质的重要指标之一。八氢番茄红素合成酶 (Phytoene synthase, *Psy*) 基因是影响小麦黄色素含量的关键基因, 利用分子标记检测 98 份陕西省地方小麦品种(系) *Psy-A1* 与 *Psy-B1* 基因的等位变异及其分布, 进一步验证 *Psy-A1* 与 *Psy-B1* 基因分子标记的有效性。利用黄色素含量基因( *Psy-A1*、*Psy-B1* ) 的功能标记 YP7A 和 YP7B 检测了 98 份陕西省 1980 年以来自育和引进的小麦品种(系) *Psy-A1* 等位基因 *Psy-A1a* (片段长度为 194 bp, 高黄色素含量)、*Psy-A1b* (片段长度为 231 bp, 低黄色素含量) 和 *Psy-B1* 等位基因 *Psy-B1a* (片段长度为 151 bp, 中黄色素含量)、*Psy-B1b* (片段长度为 156 bp, 低黄色素含量)、*Psy-B1c* (片段长度为 428 bp, 高黄色素含量) 与 *Psy-B1d* (片段长度为 884 bp, 不确定与黄色素含量的关系) 的分布情况, 并探讨了 *Psy-A1*、*Psy-B1* 等位基因在品种间的遗传关系。结果表明, 陕西省主栽小麦品种(系) 中 *Psy-A1a* 和 *Psy-A1b* 基因型的频率分别为 39.8% 和 60.2%, 以低黄色素含量的 *Psy-A1b* 基因型为主; *Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 与 *Psy-B1d* 四种基因型的分布频率分别是 24.5%、67.4%、7.1% 和 1.0%。对属于黄淮冬麦区之陕西汾渭河谷副区的小麦品种(系) *Psy-A1a*、*Psy-A1b*、*Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 和 *Psy-B1d* 基因型的分布频率分别为 45.7%、54.3%、17.4%、71.7%、10.9% 和 0%; 对属于西南冬麦区之陕南鄂西丘陵副区的小麦品种(系) *Psy-A1a*、*Psy-A1b*、*Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 和 *Psy-B1d* 基因型的分布频率则分别为 32.7%、67.3%、30.8%、63.5%、3.9% 和 1.9%, 说明不同副麦区的小麦品种(系) 基因型差异明显, 同时可以直接利用黄色素含量基因( *Psy-A1* 和 *Psy-B1* ) 的功能标记 YP7A 和 YP7B 来提高小麦育种效率。

**关键词:** 普通小麦; 黄色素; 八氢番茄红素合成酶基因; 功能标记; 分子标记辅助选择

中图分类号: S512.03 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2010)04-0083-05

## Genetic Analysis of Genes for Yellow Pigment Content in Shaanxi Wheat Cultivars and Lines

YANG Song-jie<sup>1,2</sup>, ZHANG Ying-quan<sup>3</sup>, WANG Ru<sup>1,2</sup>, ZHANG Xiao-ke<sup>3</sup>

(1. College of Agriculture and Life Sciences, Ankang University, Ankang 725000, China; 2. Research and Development Center of Agricultural Science and Technology, Ankang University, Ankang, Shaanxi 725000, China; 3. College of Agronomy, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100, China)

**Abstract:** Color is an important trait exerting significant influences on the appearance of wheat-based products. Phytoene synthase (*Psy*) gene is a critical gene influencing biosynthetic pathway of yellow pigment (YP) in bread wheat. The aims of this study were to detect the allelic variations of *Psy-A1* and *Psy-B1* genes in 98 wheat cultivars and lines grown mainly in Shaanxi province using the functional markers YP7A and YP7B developed from the sequence polymorphisms of *Psy-A1* gene on chromosome 7A and *Psy-B1* gene on chromosome 7B, and to identify the distribution and to discuss the relationship between allelic variations of *Psy-A1* and *Psy-B1* genes to evaluate the feasibility of the markers for selecting wheat cultivars and lines with either low or high YP content. YP7A. The co-dominant marker of *Psy-A1* gene can amplify a 194-bp and a 231-bp fragment in the genotypes with *Psy-A1a* frequently for high YP content and *Psy-A1b* mostly for low YP content, respectively; and YP7B-1, another co-dominant marker of *Psy-B1* gene, can amplify a 151-bp PCR fragment in accessions with the medium YP content allele *Psy-B1a*, and a 156-bp fragment in lower YP content accessions with *Psy-B1b*; two dominant markers YP7B-2 (428 bp) and YP7B-3 (884 bp) were designed for accessions with *Psy-B1c* and *Psy-B1d*, respectively. Allele *Psy-B1c* was associated with high YP content, but the phenotypic effect of *Psy-B1d* was not determined due to the limited number of accessions. The detec-

收稿日期: 2010-01-22

基金项目: 陕西省教育厅项目(2008JK212); 安康学院科技创新团队项目(2008AKXY006); 安康学院人才启动专项经费项目(AYQDZR200703)

作者简介: 杨松杰(1964-), 男, 河北深州人, 博士, 副教授, 主要从事现代遗传与生物工程教学与研究。

ting results showed that the frequency of the genotype *Psy-A1a*, *Psy-A1b*, *Psy-B1a*, *Psy-B1b*, *Psy-B1c* and *Psy-B1d* is 39.8%, 60.2%, 24.5%, 67.4%, 7.1% and 1.0%, respectively. In summary, cultivars and lines with genotypes *Psy-A1b* and *Psy-B1b* should be mainly selected for the improvement and introduction of flour color in Shaanxi wheat cultivars (lines). The functional markers YP7A and YP7B of phytoene synthase genes (*Psy-A1* and *Psy-B1*) can be directly used for promoting the breeding efficiency.

**Key words:** Bread wheat (*Triticum aestivum* L.); Yellow pigment (YP); *Phytoene synthase* (*Psy*) gene; Functional marker; Marker-assisted selection (MAS)

小麦面粉及其制成品的色泽是小麦品质改良的重要研究内容。小麦黄色素含量是影响面包、面条和馒头等面制品色泽和营养的主要因素之一<sup>[1-3]</sup>,类胡萝卜素是黄色素的主要成份<sup>[4,5]</sup>。八氢番茄红素合成酶(*Phytoene synthase*, *Psy*)基因在类胡萝卜素家族各种成分的生物合成环节中起重要作用<sup>[6,7]</sup>,是影响小麦籽粒黄色素含量的关键基因<sup>[8]</sup>。环境对黄色素含量有一定影响<sup>[4]</sup>,但基因型是主要影响因素,其遗传力为 0.68,品种间黄色素含量可相差 3~4 倍<sup>[9,10]</sup>。中国小麦面制品(面条、馒头等)要求色白,人们比较喜爱亮度好、黄色素含量低的面粉。通过育种途径降低黄色素含量是我国小麦品质改良的重要目标之一<sup>[3]</sup>。

近年来对于影响小麦黄色素含量基因的定位取得了很大进展,许多研究结果显示第 7 同源群特别是 7A 和 7B 染色体上的基因对籽粒黄色素含量的作用较大。Parker 等<sup>[10]</sup>在 Schomburgk/Yarralinka 的 150 个 SSD 系中定位了位于 7A 和 3A 染色体上的主效 QTL,可分别解释黄色素含量表型变异的 60% 和 13%。Mares 和 Campbell<sup>[11]</sup>对 Sunco/Tasman 的 DH 群体进行研究,发现了位于 7A 和 3B 染色体上的主效 QTL,可分别解释 27% 和 20% 的表型变异。张立平等<sup>[12]</sup>在中优 9507/CA9632 的 DH 群体中发现了一个位于 7AL 上的主效 QTL,在不同环境中解释 12.9%~37.6% 的表型变异。Kuchel 等<sup>[13]</sup>利用两个澳大利亚小麦品种 Trident 和 Molineux 的 DH 后代分析控制面粉 b\* 的基因位点,表明位于 7B 染色体上的 QTL 在不同年度可解释 48%~61% 的表型变异。Elouafi 等<sup>[14]</sup>在硬粒小麦中定位了 3 个黄色素 QTL,其中 7BL 位点可解释 53% 的表型变异,7AL 上的两个 QTL 的贡献率分别为 13% 和 6%。Pozniak 等<sup>[15]</sup>在硬粒小麦中定位了 4 个 QTL,分别位于 2A、4B、6B、7B 上。可见,黄色素含量受多个基因位点的调控,但位于第七同源群上的 QTL 效应最大。He 等<sup>[16]</sup>根据玉米的 *Psy1* 基因克隆了小麦 7A 染色体上的 *Psy-A1* 基因,并依其 DNA 序列多态性开发了 *Psy-A1* 的功能标记 YP7A;而后,He 等<sup>[17]</sup>又相继开发出了 *Psy-B1* 的功能标记

YP7B。功能标记 YP7A 能有效地区分小麦 7A 染色体上控制高、低黄色素含量的等位基因 *Psy-A1a* 和 *Psy-A1b*,功能标记 YP7B 则可以有效地区分小麦 7B 染色体上控制高、低黄色素含量的等位基因 *Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 和 *Psy-B1d*,为快速检测高、低黄色素含量的小麦品种(系)及其分布规律提供了可能。

小麦是陕西省第一大粮食作物,常年播种面积保持在 120 万  $\text{hm}^2$ <sup>[18]</sup>。陕西省从 1953 年开展小麦种质资源研究与利用工作,现保存资源材料 6 872 份,其中本省地方品种 130 份,育成品种 335 份,外省品种 122 份,国外引进 3 924 份,稀有种 92 份<sup>[19]</sup>。虽然陕西省小麦育种单位育成和引进大量小麦品种,但到目前为止,对这些品种(系) *Psy-A1* 基因,尤其是对新开发出来的 *Psy-B1* 基因的研究未见报道。本研究选用 1980 年以来在陕西省汾渭河谷副区自育和引进小麦品种(系) 46 份和陕南鄂西丘陵副区的引进小麦品种(系) 52 份材料进行 *Psy-A1* 和 *Psy-B1* 基因等位变异的分子检测,以明确黄色素基因类型在陕西省地方冬小麦品种(系)中的分布规律,并进一步验证分子标记 YP7A 和 YP7B 的有效性,为利用分子标记选择低黄色素含量小麦品种提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 供试材料

选取 98 份陕西省近年来自育和引进的小麦品种(系)作供试材料,其中属于黄淮冬麦区陕西省关中平原地区汾渭河谷副区(也称关中灌区)的自育和引进小麦品种(系) 46 份,大部分为陕西省小麦育种相关单位选育;属于西南冬麦区陕西省南部汉中、安康、商洛三地区陕南鄂西丘陵副区(也称为陕南麦区)的自育和引进小麦品种(系) 52 份,该副区因为小麦种植面积比较小,育种单位较少,因此自育品种(系)较少,大部分品种(系)引自国内各麦区,尤以西南冬麦区为多。上述 98 份小麦材料陕西省小麦种植区 1980 年代以来生产上的主栽品种,基本上反映了两个副区的小麦引种、育种和生产历史与

现状。

1.2 基因组总 DNA 提取

每个品种(系)选取有代表性的种子 3 粒,按 Lagudah 等<sup>[20]</sup>方法分别提取小麦基因组总 DNA。

1.3 STS 标记检测

*Psy-A1* 基因标记 *YP7A* 由 He 等<sup>[16]</sup>开发,引物序列见表 1。PCR 反应体系 20  $\mu$ L,含 20 mmol/L Tris-HCl (pH 8.4),25 mmol/L KCl,0.2 mmol/L dNTPs,1.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>,每条引物 5 pmol,DNA *Taq* 聚合酶 1 U,模板 DNA 80 ng。反应程序为 95℃ 预变性 5 min;95℃ 变性 30 s,65℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s,35 个循环;最后 72℃ 延伸 5 min。

*Psy-B1* 基因标记 *YP7B* 由 He 等<sup>[17]</sup>开发,引物序列见表 1。PCR 反应体系 20  $\mu$ L,含 20 mmol/L

Tris-HCl (pH8.4),20 mmol/L KCl,100  $\mu$ mol/L dNTPs,1.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>,每条引物 5 pmol,DNA *Taq* 聚合酶 1 U,模板 DNA 50 ng。反应程序为 95℃ 预变性 5 min;95℃ 变性 30 s,63℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 1.5 min,40 个循环;72℃ 延伸 5 min。

PCR 扩增产物以 2.0% 的琼脂糖凝胶电泳分离检测,缓冲液体系为 1×TAE 溶液,200 V 电压电泳 35 min,溴化乙锭染色后,用 GelDoc XR System 扫描成像并存入计算机。扩增产物也可用 6% 的变性聚丙烯酰胺电泳分离检测,100 W 恒定功率预电泳 30 min,温度上升到 35℃ 时,加变性后的扩增产物 4  $\mu$ L,60 W 恒功率电泳 1 h,银染显带。根据每个品种 3 个籽粒 DNA 的检测结果判断该品种(系)的等位变异类型。

表 1 试验用引物序列

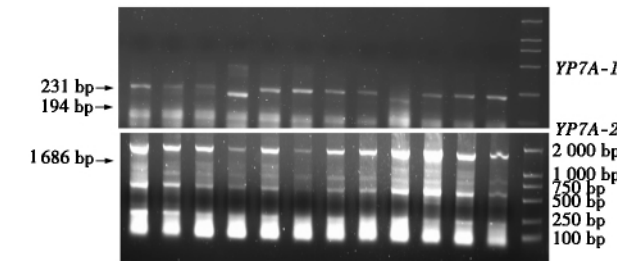
Tab.1 Primer sequence in this experiment

| 标记<br>Marker | 引物序列(5'-3')<br>Primer sequence  | 目标基因及片段大小/bp<br>Allele and fragment size | 参考文献<br>Reference    |
|--------------|---------------------------------|--|----------------------|
| YP7A         | Forward: GGACCTTGCTGATGACCGAG   | <i>Psy-A1a</i> 对应 194 bp                 | He 等 <sup>[16]</sup> |
|              | Reverse: TGACGGTCTGAAGTGAGAATGA | <i>Psy-A1b</i> 对应 231 bp                 |                      |
|              |                                 | <i>Psy-B1a</i> 对应 151 bp                 |                      |
| YP7B         | Forward: GGACCTCAAGAAGGCAAGAT   | <i>Psy-B1b</i> 对应 156 bp                 | He 等 <sup>[17]</sup> |
|              | Reverse: CGGGACCGACAACGAGTATA   | <i>Psy-B1c</i> 对应 428 bp                 |                      |
|              |                                 | <i>Psy-B1d</i> 对应 884 bp                 |                      |

2 结果与分析

2.1 STS 标记检测黄色素等位基因片段变异类型

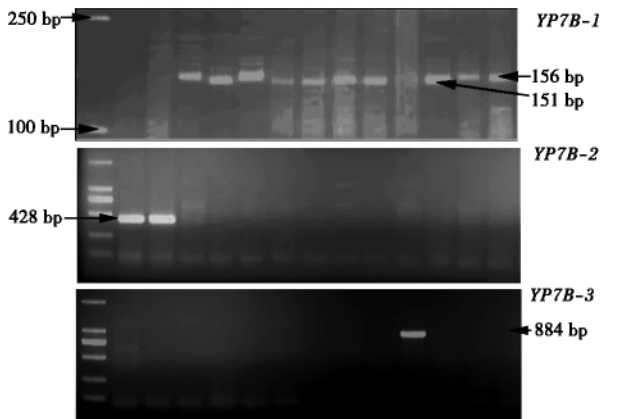
标记 *YP7A* 在检测的 98 份陕西省两个不同麦区的地方小麦品种(系)中表现出多态性,扩增出 194 bp 和 231 bp 两种不同大小的等位基因变异片段,对应的等位基因分别以 *Psy-A1a* 和 *Psy-A1b* 表示(GenBank 编号分别为 EF600063 和 F600064)(图 1)。



M. Marker; 1: 西农 958; 2. 西农 9042; 3. 西农 881; 4. 小偃 128; 5. 绵阳 19; 6. 秦麦 1 号; 7. 扬麦 5 号; 8. 优丰 1 号; 9. 西农 9062; 10. 陕麦 8007; 11. 秦麦 9 号; 12. 新洛 11 号。  
M. Marker; 1. Xinong 958; 2. Xinong 9042; 3Xinong 881; 4Xiaoyan 128; 5Mianyang 19; 6: Qinmai 1; 7: Yangmai 5; 8: Youfeng 1; 9: Xinong 9062; 10; Shaanmai 8007; 11: Qinmai 9; 12: Xinluo 11.

图 1 小麦品种黄色素标记 *YP7A* 的多态性  
Fig.1 Polymorphic test of PCR fragments amplified with *YP7A* in Shaanxi cultivars and lines

标记 *YP7B* 在检测的小麦品种(系)中同样表现出多态性,扩增出 151,156,428,884 bp 4 种不同大小的等位基因变异片段,对应的等位基因分别以 *Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 和 *Psy-B1d* 表示(GenBank 编号分别为 EU650392、EU650393、EU650394 和 EU650395)(图 2)。



M. Marker: 1. 荔高 9 号; 2. 陕农 512; 3. 泰农 161; 4. 小偃 15; 5. 新洛 11 号; 6. 新麦 10 号; 7. 西农 6028; 8. 8983; 9. 轮选 069; 10. 宁 98084; 11. 咸农 39; 12. 3517; 13. 20127。  
M. Marker: 1. Ligao 9; 2. Shaannong 512; 3. Qinnong 161; 4. Xiaoyan 15; 5. Xinluo 11; 6. Xinmai10; 7. Xinong 6028; 8. 8983; 9. Lunxuan 069; 10. Ning 98084; 11. Xiannong 39; 12. 3517; 13. 20127.

图 2 小麦品种黄色素标记 *YP7B* 的多态性  
Fig.2 Polymorphic test of PCR fragments amplified with *YP7B* in Shaanxi cultivars and lines

## 2.2 小麦品种黄色素基因型分布

将全部检测小麦材料在 *YP7A* 和 *YP7B* 标记处所产生的不同等位基因变异片段按不同的基因型汇总于表 2。从表 2 可以看出,关中灌区共检测 46 份小麦材料,其中 *Psy-A1a* 基因型有 21 个品种(系),分布频率为 45.7%; *Psy-A1b* 基因型有 25 个品种(系),分布频率为 54.3%; *Psy-B1a* 基因型有 8 个品种(系),分布频率为 17.4%; *Psy-B1b* 基因型有 33 个品种(系),分布频率为 71.7%; *Psy-B1c* 基因型有 5 个品种(系),分布频率为 10.9%; 没有品种(系)的基因型为 *Psy-B1d*, 分布频率为 0; 说明在关中灌区,小麦育种单位在选育小麦品种(系)时比较注意

低黄色素小麦品种(系)的选育。

同样,在陕南麦区共检测 52 份小麦材料,其中 *Psy-A1a* 基因型有 17 个品种(系),分布频率为 32.7%; *Psy-A1b* 基因型有 35 个品种(系),分布频率为 67.3%; *Psy-B1a* 基因型有 8 个品种(系),分布频率为 30.8%; *Psy-B1b* 基因型有 33 个品种(系),分布频率为 63.5%; *Psy-B1c* 基因型有 2 个品种(系),分布频率为 3.9%; *Psy-B1d* 基因型有 1 个品种(系),分布频率为 1.9%; 也说明了陕南麦区的小麦育种单位在选育和引进小麦品种(系)时比较注意低黄色素小麦品种(系)的选育和引进。

表 2 陕西省地方小麦品种(系) *Psy-A1* 和 *Psy-B1* 基因等位变异类型分布频率

Tab. 2 Distribution frequency of *Psy-A1* and *Psy-B1* allelic variations of provincial wheat cultivars and lines in Shaanxi province

| 麦区<br>Region          | 品种数<br>Number | 分布频率/% Genotypic No. and Frequency |                |                |                |                |                |
|-----------------------|---------------|------------------------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
|                       |               | <i>Psy-A1a</i>                     | <i>Psy-A1b</i> | <i>Psy-B1a</i> | <i>Psy-B1b</i> | <i>Psy-B1c</i> | <i>Psy-B1d</i> |
| 关中灌区 Guanzhong region | 46            | 21(45.7)                           | 25(54.3)       | 8(17.4)        | 33(71.7)       | 5(10.9)        |                |
| 陕南麦区 Shaannan region  | 52            | 17(32.7)                           | 35(67.3)       | 16(30.8)       | 33(63.5)       | 2(3.9)         | 1(1.9)         |
| 合计 Total              | 98            | 39(39.8)                           | 59(60.2)       | 24(24.5)       | 66(67.4)       | 7(7.1)         | 1(1.0)         |

## 2.3 不同等位基因的遗传演变

通过分析陕 512(7A 染色体携带 231 bp 等位基因片段,7B 染色体携带 428 bp 等位基因片段)的系谱可知,它是以陕 150 做母本和陕 354 杂交而来,陕 150 携带有 194 bp 和 156 bp 两种等位基因片段,而陕 354 携带有 194 bp 和 428 bp 的等位基因片段,可以推测陕 512 的 428 bp 等位基因来自父本陕 354; 陕 150 的亲本是中四/681/3/百农 3217/中 5//百农 3217/4/小偃 6 号,由于小偃 6 号携带有 231 bp 和 156 bp 等位的基因片段,其他亲本的基因型未检测,因此,可以推断陕 512 品种的 231 bp 等位基因可能来自小偃 6 号,当然也可能来自小偃 6 号的其他亲本。

陕南麦区引进的绵阳 940112 存在相似的情形。绵阳 940112 携带有 231 bp 和 151 bp 等位基因片段,它是由绵阳 19 选系后做母本再和一个代号为 803 的品系杂交而来,绵阳 19 携带有 231 bp 和 156 bp 的等位基因片段,因此,绵阳 940112 中的 231 bp 等位基因来自亲本绵阳 19 无疑,而绵阳 19 是经过绵阳 11 选系而来,绵阳 11 的亲本是 70-5858 和繁 6,绵阳 11 含有 231 bp 等位基因片段,但由于品系 803 未检测,因此推测绵阳 940112 的 151 bp 片段的等位基因可能来自 803,或 803 的亲本。

在整个检测的 98 份材料中,宁 98084 在 7A 染色体上携带有 231 bp 大小的等位基因片段,但在 7B 染色体上却检测出一个比较少见的 884 bp 等位基因片段。宁 98084 的亲本是扬麦 158 和

SW893064,扬麦 158 携带有 231 bp 等位基因片段<sup>[21]</sup>,因此,推测宁 98084 中的 231 bp 等位基因来自扬麦 158,884 bp 等位基因则可能来自引进的人工合成六倍体小麦 SW893064。

通过分子检测,并结合系谱分析说明:小麦品种(系)中的 *Psy-A1a*、*Psy-A1b*、*Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 和 *Psy-B1d* 等基因的遗传没有规律性,既可以从亲本中遗传,也可以从祖代中遗传而来,并且遗传何种基因型带有随机性。

## 3 讨论

小麦黄色素含量是影响面粉及其制成品色泽的重要因素。陕西省的小麦育种与引种情况和国内大部分其他地区的育种引种情况相类似,品质育种起步较晚,且主要集中在面筋质量的改良,与面粉及其制成品色泽相关的性状研究多限于品种常规活性分析<sup>[22-23]</sup>,缺乏对品种(系)的黄色素含量基因型的研究,制约了选育低黄色素含量品种的有效性。

基因功能标记的开发与应用是小麦分子育种的重要方向<sup>[24]</sup>。本研究利用的分子标记 *YP7A* 和 *YP7B* 是依据小麦 7A 染色体 *Psy-A1* 和 7B 染色体 *Psy-B1* 基因序列开发的功能标记,与目标基因共分离,稳定性好;利用其检测小麦品种(系) *Psy-A1* 和 *Psy-B1* 基因的等位变异,扩增带型清晰易读,可作为黄色素含量辅助选择的实用性标记。

由于 *Psy-A1* 和 *Psy-B1* 基因遗传的随机性,在进行小麦品种选育时常规育种应和分子标记辅助选

择结合起来,早代选择时针对品种性状育种目标利用分子标记进行选择,再针对小麦其他农艺性状育种目标进行田间筛选,这样可以较好地提高小麦育种效率和准确性。

本研究结果表明,陕西省关中灌区和陕南麦区的小麦品种(系) *Psy-A1* 基因的两等位基因 *Psy-A1a* 和 *Psy-A1b* 以及 *Psy-B1* 基因的四等位基因 *Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 和 *Psy-B1d* 的分布频率存在明显差异,分别为 39.8%、60.2%、24.5%、67.4%、7.1% 和 1.0%,以低黄色素含量基因型 *Psy-A1b* 和 *Psy-B1b* 为主。检测结果与国内其他研究者对 *Psy-A1* 基因的研究结果相类似,说明了国内育种单位在制定育种目标时体现出了人们对小麦品质及面粉制品的消费需求。

## 4 结论

*YP7A* 是小麦 7A 染色体上影响黄色素含量的 *Psy-A1* 基因的功能标记,与 *Psy-A1* 基因共分离;*YP7B* 则是小麦 7B 染色体上影响黄色素含量的 *Psy-B1* 基因的功能标记,与 *Psy-B1* 基因共分离。利用 *YP7A* 和 *YP7B* 对 98 份陕西省地方小麦品种(系)检测结果表明,上述两功能标记可以准确鉴定 *Psy-A1* 和 *Psy-B1* 基因的等位变异,PCR 条带清晰,稳定性好,是对小麦黄色素含量进行分子标记辅助选择的有效工具。

但由于位于 7A 染色体上的 *Psy-A1a*、*Psy-A1b* 基因和位于 7B 染色体上的 *Psy-B1a*、*Psy-B1b*、*Psy-B1c* 与 *Psy-B1d* 基因都对小麦黄色素含量有不同程度的影响,因此,具体到不同的等位基因片段哪个对小麦黄色素含量作用大一些,哪个影响小一些,以及还是他们之间的协同效应还需要做进一步的深入研究。

## 参考文献:

- [1] He Z H, Yang J, Zhang Y, et al. Pan bread and dry white Chinese noodle quality in Chinese winter wheats [J]. *Euphytica*, 2004, 139: 257 - 267.
- [2] Lin Z J, Miskelly D M, Moss H J. Suitability of various Australian wheat for Chinese-style steamed bread [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1990, 53: 203 - 213.
- [3] 杨金, 张艳, 何中虎. 小麦品质性状与面包和面条品质关系分析 [J]. *作物学报*, 2004, 30(8): 739 - 744.
- [4] Miskelly D M. Flour components affecting paste and noodle color [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1984, 35: 463 - 471.
- [5] Adom K K, Sorrells M E, Liu R H. Phytochemical profiles and antioxidant activity of wheat varieties [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2003, 51: 7825 - 7834.
- [6] Kumagai M H, Donson J, Della-Cioppa G, et al. Cytoplasmic inhibition of carotenoid biosynthesis with virus-derived RNA [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1995, 92: 1679 - 1683.
- [7] Von Lintig J, Welsch R, Bonk M, et al. Light-dependent regulation of carotenoid biosynthesis occurs at the level of phytoene synthase expression and is mediated by phytochrome in *Sinapis alba* and *Arabidopsis thaliana* seedlings [J]. *The Plant Journal*, 1997, 12: 625 - 634.
- [8] He X Y, He Z H, Ma W, et al. Allelic variants of phytoene synthase 1 (*Psy1*) genes in Chinese and CIMMYT wheat cultivars and development of functional markers for flour color [J]. *Molecular Breeding*, 2009, 23(4): 553 - 563.
- [9] Baik B K, Czuchajowska Z, Pomeranz Y. Discoloration of dough for oriental noodle [J]. *Cereal Chem*, 1995, 72: 198 - 205.
- [10] Parker G D, Chalmers K J, Rathjen A J, et al. Mapping loci associated with flour color in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 97: 238 - 245.
- [11] Mares D J, Campbell A W. Mapping components of flour and noodle color in Australian wheat [J]. *Australian Journal of Agricultural Research*, 2001, 52: 1297 - 1309.
- [12] 张立平, 阎俊, 夏先春, 等. 普通小麦籽粒黄色素含量的 QTL 分析 [J]. *作物学报*, 2006, 32: 41 - 45.
- [13] Kuchel H, Langridge P, Mosionek L, et al. The genetic control of milling yield, dough rheology and baking quality of wheat [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1487 - 1495.
- [14] Elouafi I, Nachit M M, Martin L M. Identification of a microsatellite on chromosome 7B showing a strong linkage with yellow pigment in durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum) [J]. *Hereditas*, 2001, 135: 255 - 261.
- [15] Pozniak C J, Knox R E, Clarke F R, et al. Identification of QTL and association of a phytoene synthase gene with endosperm color in durum wheat [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 525 - 537.
- [16] He X Y, Zhang Y L, He Z H, et al. Characterization of a phytoene synthase 1 gene (*Psy1*) located on common wheat chromosome 7A and development of a functional marker. *Theor Appl Genet*, 2008, 116: 213 - 221.
- [17] He X Y, He Z H, Ma W, et al. Allelic variants of phytoene synthase 1 (*Psy1*) genes in Chinese and CIMMYT wheat cultivars and development of functional markers for flour color [J]. *Mol Breeding*, 2009, 23: 553 - 563.
- [18] 温彩虹, 李酶. 陕西小麦良种繁育体系建设的思考 [J]. *陕西农业科学*, 2007(1): 18 - 19.
- [19] 陈雪燕. 陕西省小麦地方品种遗传多样性研究 [D]. 硕士研究生论文, 2007: p3.
- [20] Lagudah E S, Appels R, McNeil D. The *Nor-D3* locus of *Triticum tauschii*: natural variation and genetic linkage to markers in chromosome 5 [J]. *Genome*, 1991, 34: 387 - 395.
- [21] 杨芳萍, 何心尧, 何中虎, 等. 中国小麦品种黄色素含量基因等位变异分子检测及其分布规律研究 [J]. *中国农业科学*, 2008, 41(10): 2923 - 2930.
- [22] 葛秀秀, 何中虎, 杨金, 等. 我国冬小麦品种多酚氧化酶活性的遗传变异及其与品质性状的相关分析 [J]. *作物学报*, 2003, 29: 481 - 485.
- [23] 葛秀秀, 张立平, 何中虎. 冬小麦 PPO 活性的主基因 + 多基因混合遗传分析. *作物学报* [J], 2004, 30: 18 - 20.
- [24] Bagge M, Xia X C, Lübberstedt T. Functional markers in wheat [J]. *Current Opinion in Plant Biology*, 2007, 10: 211 - 216.