

小麦品种百农 AK58 与周麦 18 的遗传差异性分析

徐 鑫

(新乡学院,河南 新乡 453003)

摘要:为解析百农 AK58 和周麦 18 的遗传差异,利用表型数据分布于小麦全基因组的 305 个 SSR 标记进行分析,以期小麦大面积种植品种的培育提供参考。方差分析表明,百农 AK58 和周麦 18 在株高、千粒质量和单位面积穗数上存在极显著差异,其中百农 AK58 在株高和单位面积穗数上明显优于周麦 18。分子标记比较发现,305 对 SSR 引物中有 130 对引物在百农 AK58 与周麦 18 之间扩增出差异常带,多态引物比例达到 42.6%。2 个品种在 A、B、D 基因组存在差异的引物数基本一致,分别有 34、37、37 个,多态引物比例表现为 B 基因组(43.9%) > A 基因组(37.1%) > D 基因组(33.5%)。百农 AK58 和周麦 18 的遗传差异在小麦 7 个部分同源群和 21 对染色体上也表现一定的不均衡性。在 7 个部分同源群之间,二者在第 5 部分同源群的遗传差异最大,多态引物比例达到 49.3%,而在染色体水平上,它们在 3B、5B、7B、4A 的遗传差异相对较大,多态性引物比例均超过 50%。百农 AK58 和周麦 18 所不同的 SSR 位点是遗传研究中需要重点关注的基因组区域。

关键词:小麦;百农 AK58;周麦 18;遗传差异

中图分类号:S512.03 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-7091(2015)03-0073-04

doi:10.7668/hbxb.2015.03.014

Genetic Diversity Between Two Widely Grown Wheat Cultivars Bainong AK58 and Zhoumai 18

XU Xin

(Xinxiang University, Xinxiang 453003, China)

Abstract: To analysis the genetic diversities between Bainong AK58 and Zhoumai18, agronomic traits and 305 SSR Markers distributing across the whole genome of wheat were used in this study. Significant differences were found for plant height, 1000-grain weight and spike number per unit area, where Bainong AK58 had shorter stature and more spike number per unit area than Zhoumai 18. SSR data revealed that 130 of three hundred and five SSR markers showed polymorphism between Bainong AK58 and Zhoumai 18, and the rate of polymorphic markers occupied 42.6%. The numbers of polymorphic markers in A, B and D genomes were 34, 37 and 37, and the rates were B (43.9%) > A (37.1%) > D (33.5%). The genetic differences were also found to be unbalanced on either 7 homoeologous groups or 21 wheat chromosomes. Among 7 homoeologous groups, the most polymorphic markers (49.3%) were found in homoeologous groups 5. On chromosomal level, more genetic differences were found on chromosomes 3B, 5B, 7B and 4A, where the rates of polymorphic markers were more than 50%, respectively. These different genomic regions found between Bainong AK58 and Zhoumai 18 in this study should be further studied.

Key words: Wheat; Bainong AK58; Zhoumai 18; Genetic diversity

百农 AK58 和周麦 18 均是当前我国黄淮冬麦区大面积种植的小麦骨干品种,年推广面积超过 66.67 万 hm^2 。百农 AK58 由河南科技学院小麦育种中心育成,系谱为周麦 11//温麦 6 号/郑州 8960,

属半冬性多穗型中熟品种,具有根系活力强、抗寒性好、成穗率高、株型紧凑、矮秆抗倒和丰产稳产性好等优点,截至 2014 年,百农 AK58 全国已累计种植超过 1 333.33 万 hm^2 。周麦 18 由河南省周口市农

收稿日期:2014-11-13

基金项目:河南省科技攻关项目(132102110031);新乡学院博士启动基金项目(1399020160)

作者简介:徐鑫(1979-),女,河南新乡人,讲师,博士,主要从事小麦遗传育种研究。

业科学院从内乡 185/周麦 9 号中选育而来,属半冬性中大穗型中晚熟品种,具有综合抗病、抗倒能力强,成穗率高、耐旱耐渍及后期高温等优点,是目前我国黄淮冬麦区小麦区试对照品种。研究这 2 个品种在分子水平上的遗传差异对小麦新品种的选育具有一定的指导意义。随着分子生物学的不断发展,分子标记提供了一种基于 DNA 变异的新技术手段。其中 SSR 标记具有数量丰富、分布整个基因组、多态性高、易于操作和共显性遗传等特点,被广泛应用于作物遗传^[1-2]、种质资源评价^[3-4]和辅助选择育种^[5-6]等方面研究。王刚等^[7]应用赤霉素反应和分子标记检测发现,百农 AK58 及其亲本豫麦 49 号(温麦 6 号)和郑州 8960 均携带 *Rht-D1b* 矮秆基因。李小军等^[8]也通过 SSR 标记揭示了百农 AK58 姊妹系及其亲本的遗传构成特点。目前,关于大面积种植品种百农 AK58 和周麦 18 的比较研究多集中在形态^[9]和生理特性方面^[10-12],二者基于 DNA 水平的分子遗传差异性尚未见报道。本研究利用分布于小麦全基因组的 305 个 SSR 标记,解析百农 AK58 和周麦 18 在不同基因组、7 个同源群以及不同染色体之间的遗传差异,旨在为小麦大面积种植、品种的培育提供参考。

1 材料和方法

1.1 试验材料

大面积种植品种百农 AK58 和周麦 18,均由河南科技学院小麦育种中心提供。

1.2 试验方法

1.2.1 表型性状调查 2013 年 10 月 10 日,将 2 个品种种植于河南新乡试验田,重复 3 次,每小区 13

行,行长 8 m,行距 23 cm,每行播种 550 粒,常规田间管理。2014 年 6 月材料成熟进行性状调查时,每小区随机选取中间行中部的 10 个植株测量主茎高、穗长、小穗数和穗粒数。每小区收获中间行 1 m 长测产,计算单位面积产量,同时取 1 000 粒称千粒质量。用 SAS 8.0 软件进行方差分析。

1.2.2 SSR 引物 选用分布于小麦 21 对染色体上的 305 对 SSR 引物,所有引物序列从 GrainGenes (<http://wheat.pw.usda.gov/GG2/index>.) 获得,由北京赛百盛生物技术有限公司合成。

1.2.3 SSR 分子标记分析 每个品种取 5~10 个单株等量叶片混合,采用 CTAB 法提取 DNA^[13]。PCR 反应体积为 20 μ L,含 1 \times Buffer(0.01 mol/L Tris-HCl,pH 值 8.3,0.05 mol/L KCl)、0.001 5 mol/L $MgCl_2$ 、0.2 mol/L dNTPs、50 ng 引物和 60 ng 模板 DNA。扩增程序为:94 $^{\circ}C$ 预变性 5 min;94 $^{\circ}C$ 变性 1 min,50~60 $^{\circ}C$ 退火 1 min,72 $^{\circ}C$ 延伸 1 min,35 个循环;72 $^{\circ}C$ 延长 10 min。扩增产物在 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶中进行电泳分离,硝酸银染色。SSR 扩增带型在相同迁移率位置上有带记为 1,无带记为 0,建立 0、1 数据库。

2 结果与分析

2.1 百农 AK58 与周麦 18 的主要农艺性状比较

表 1 显示,百农 AK58 和周麦 18 在株高、千粒质量和单位面积穗数性状上存在极显著差异,二者在穗长和穗粒数性状上差异不明显。其中百农 AK58 的株高显著低于周麦 18,而其单位面积穗数多于周麦 18,但周麦 18 表现更高的千粒质量。

表 1 百农 AK58 与周麦 18 主要农艺性状比较

Tab.1 ANOVA analysis of agronomical traits between Bainong AK58 and Zhoumai 18

品种 Variety	株高/cm Plant height	穗长/cm Spike length	穗粒数 Number of grains per spike	千粒质量/g 1 000-grain weight	穗数/(万穗/hm ²) Number of spikes
百农 AK58 Bainong AK58	72.64A	9.37A	35.23A	36.51A	716.25A
周麦 18 Zhoumai 18	80.70B	8.90A	35.67A	40.58B	557.10B

注:数据为 3 次重复的平均值。不同大写字母表示品种间有极显著差异($P<0.01$)。
Note:Data are means of 3 replicates. Different capitals are significantly different at $P<0.01$ among cultivars.

2.2 百农 AK58 与周麦 18 分子水平遗传差异

利用 305 对 SSR 引物对百农 AK58 和周麦 18 进行电泳检测(图 1),发现 130 对引物在 2 个品种之间扩增出差异带,175 对引物表现为单态扩增,多态引物比例达到 42.6%。

305 对引物中位于 A、B、D 基因组上的引物分别有 93,83,107 对,分析百农 AK58 和周麦 182 在

不同基因组的遗传差异,结果(表 2)发现,3 个基因组间表现多态的引物数基本一致,分别有 34,37,37 个,其中 B 基因组多态性引物比例最高(43.9%),其次为 A 基因组(37.1%)和 D 基因组(33.5%)。

小麦 7 个部分同源群间分布的引物数为 28~50 个,其中第 4 部分同源群引物最少,第 5 部分同源群引物最多,平均每个部分同源群检测的引物数

有 40.4 个。分析百农 AK58 与周麦 18 在 7 个部分同源群之间的遗传差异(表 2)发现,2 个品种在第 5,7 部分同源群的遗传差异最大,多态引物比例分别达到 44.0% 和 44.5% ;二者在第 3,4 部分同源群的遗传差异基本一致,分别为 42.4% 和 41.0% ,而它们在第 2,6 部分同源群上的多态引物比例相当,分别为 36.0% 和 34.0% ,二者遗传差异最小的是第 1 部分同源群,多态引物比例仅为 20.2% 。

进一步分析百农 AK58 和周麦 18 在染色体水平的遗传差异(图 2)发现,多态性引物比例在 21 对染色体间也存在一定的不平衡性。不同染色体所检测的引物数为 6~26 个,其中 4D 引物最少,5D 引物最多,平均每对染色体检测的引物数有 13.5 个。百农 AK58 和周麦 18 在 3B、5B、7B、4A 染色体的遗传差异较大,多态性引物比例均超过50% ,二者在1A

表 2 百农 AK58 和周麦 18 在不同基因组及 7 个部分同源群的遗传差异

Tab.2 Polymorphism between Bainong AK58 and Zhoumai 18 on either 7 homoeologous groups or genomes				
项目 Item	名称 Name	总引物数 Number of total primers	多态引物 Number of polymorphic primers	多态引物比例/% Rate of polymorphic primers
基因组 Genomes	A	93	34	37.1
	B	83	37	43.9
	D	107	37	33.5
同源群 Homoeologous groups	1	34	7	20.2
	2	45	17	36.0
	3	40	16	42.4
	4	28	11	41.0
	5	50	22	44.0
	6	38	13	34.0
	7	48	22	44.5

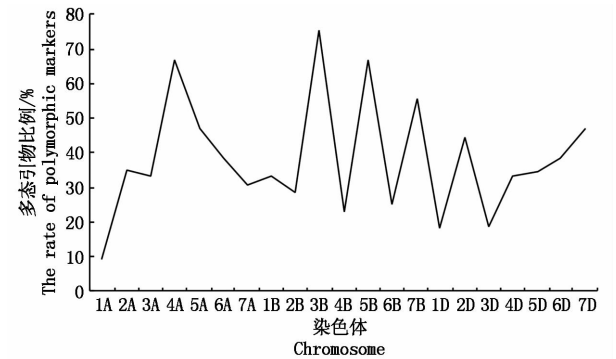
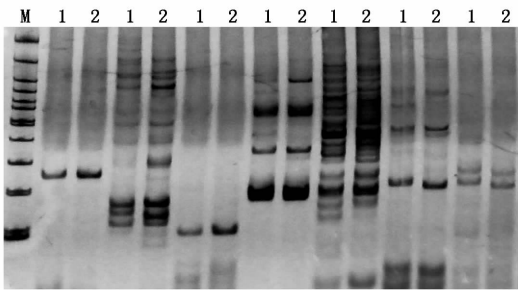


图 2 百农 AK58 和周麦 18 在不同染色体的遗传差异分析
Fig.2 Polymorphism between Bainong AK58 and Zhoumai 18 on 21 chromosomes

3 结论与讨论

郑惠玲等^[11]分析了百农 AK58 和周麦 18 在不同生育期的净光合速率、蒸腾速率和叶片瞬时水分利用效率,发现 2 个小麦品种的净光合速率总体均

染色体上多态引物比例最低,仅为 9.1% 。



M. 分子量标准;1. 周麦 18;2. 百农 AK58;引物从左往右依次为 Barc324、Wmc419、Barc56、Barc120、Wmc491、Barc201、Xgwm427。
M. 100 bp DNA ladder;1. Zhoumai 18;2. Bainong AK58;The markers from left to right is Barc324, Wmc419, Barc56, Barc120, Wmc491, Barc201 and Xgwm427.

图 1 部分 SSR 引物在周麦 18 和百农 AK58 的扩增结果
Fig.1 SSR patterns of some markers in Bainong AK58 and Zhoumai 18

随小麦生育期的推进而提高,但水肥处理对周麦 18 不同生育时期的蒸腾速率影响较大,而对百农 AK58 影响较小。杨文博等^[12]测定了水培体系中低磷胁迫和正常供磷条件下不同小麦品种的形态及生理特征,发现百农 AK58 在低磷处理下的生物量和吸磷量效率均优于周麦 18。冯素伟等^[9]通过比较百农 AK58 和周麦 18 在不同播期条件下茎秆特性及茎秆倒伏指数发现,不管是早播还是晚播,百农 AK58 的抗倒能力在生育后期都明显高于周麦 18,播期对百农 AK58 节间粗度的影响不大,节间长度、节间粗度、壁厚和基部茎节弹性均优于周麦 18。本研究通过二者的主要农艺性状比较也发现,百农 AK58 在株高上略矮于周麦 18,这在一定程度上提高了百农 AK58 的抗倒伏能力;百农 AK58 的单位面积穗数也多于周麦 18,为产量的提高奠定了基础。这些可能是百农 AK58 较周麦 18 推广种植面积更大的重要因素。

以往研究^[14-15]已表明,小麦育种中受到强烈选择的基因组区域往往与重要性状相关联。盖红梅等^[16]对大面积推广小麦品种碧蚂 1 号和碧蚂 4 号 SSR 分子标记分析发现,碧蚂 4 号含有的优势等位变异多于其姊妹系碧蚂 1 号。王庆专等^[17]分析了小麦品种碧蚂 1 号、碧蚂 4 号及其他 3 个姊妹系的遗传差异,发现碧蚂 4 号具有与其他姊妹系不同的特异染色体位点或区段,并且与已知重要性状相关联。李小军等^[8]通过比较百农 AK58 与其 3 个姊妹系的遗传差异,发现百农 AK58 有 40 个不同于姊妹系丰收 60 和百农 4330 的 SSR 特异位点,其中多数位点已知存在与产量、抗病等重要农艺性状相关的基因。徐鑫等^[18]利用分布于小麦全基因组的 428 个 SSR 标记对 4 个大面积种植品种和 4 个骨干亲本进行了比较分析,发现骨干亲本和大规模种植品种分别有 518,315 个特有等位变异。本研究发现的百农 AK58 和周麦 18 所不同的 SSR 位点可能是遗传研究中一些需要重点关注的基因组区域,进一步研究有助于解析一个品种大面积推广利用的形成原因。

参考文献:

[1] Gupta P K, Balyan H S, Sharma P C, *et al.* Microsatellites in plants: A new class of molecular markers[J]. *Current Science*, 1996, 70: 45 - 54.

[2] Zhao C, Cui F, Fan Z, *et al.* Genetic analysis of important loci in the winter wheat backbone parent Aimengniu-V[J]. *Australian Journal of Crop Science*, 2013, 7(2): 182 - 188.

[3] Achta S, Moualla M Y, Kalhout A, *et al.* Assessment of genetic diversity among Syrian durum (*Triticum* ssp. *durum*) and bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using SSR markers[J]. *Russian Journal of Genetics*, 2010, 46(11): 1320 - 1326.

[4] Rebib H, Bouraoui H, Rouaissi M, *et al.* Genetic diversity assessed by SSR markers and chemotyping of *Fusarium culmorum* causal agent of foot and root rot of wheat collected from two different fields in Tunisia[J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2014, 139(3): 481 - 495.

[5] John D, William A B, Gene D L. A comparison of marker-assisted and phenotypic selection for high grain protein content in spring wheat[J]. *Euphytica*, 2006, 152: 117 - 134.

[6] Huang X Q, C ster H, Ganal M W, *et al.* Advanced back-cross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 106: 1379 - 1389.

[7] 王 刚, 胡铁柱, 李小军, 等. 小麦新品种百农矮抗 58 及其亲本矮秆基因的检测[J]. *河南农业科学*, 2012 (9): 22 - 25.

[8] 李小军, 胡铁柱, 李 淦, 等. 小麦品种百农 AK58 及其姊妹系的遗传构成分析[J]. *作物学报*, 2012, 38(3): 436 - 446.

[9] 冯素伟, 李笑慧, 董 娜, 等. 小麦品种百农矮抗 58 茎秆特性分析[J]. *河南科技学院学报*, 2009, 37(4): 1 - 3.

[10] 马 丽. 小麦生育后期不同叶位光合色素含量比较[J]. *河南农业科学*, 2013, 42(3): 15 - 19.

[11] 郑惠玲, 杨永辉, 武继承, 等. 水肥条件对潮土区不同小麦品种光合特性的影响[J]. *河南农业科学*, 2014, 43(1): 59 - 63.

[12] 杨文博, 程 云, 张 艳, 等. 不同基因型小麦耐低磷生理机制研究[J]. *河南农业科学*, 2014, 43(5): 24 - 29.

[13] Murray M G, Thompson W F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA[J]. *Nucleic Acids Research*, 1980, 8(19): 4321 - 4325.

[14] Li X J, Xu X, Yang X M, *et al.* Genetic diversity among a founder parent and widely grown wheat cultivars derived from the same origin based on morphological traits and microsatellite markers[J]. *Crop and Pasture Science*, 2012, 63: 303 - 310.

[15] Ge H, You G, Wang L, *et al.* Genome selection sweep and association analysis shed light on future breeding by design in wheat[J]. *Crop Science*, 2012, 52: 1218 - 1228.

[16] 盖红梅, 王兰芬, 游光霞, 等. 基于 SSR 标记的小麦骨干亲本育种重要性研究[J]. *中国农业科学*, 2009, 42(5): 1503 - 1511.

[17] 王庆专, 袁园园, 崔 法, 等. 小麦骨干亲本碧蚂 4 号及其姊妹系遗传差异分析[J]. *分子植物育种*, 2009, 7(6): 1100 - 1105.

[18] 徐 鑫, 李小军, 高爱农, 等. 小麦大面积种植品种与骨干亲本的遗传差异解析[J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(4): 734 - 737.