

网络出版时间:2022-10-12

网络出版地址:<https://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1359.S.20221012.0846.002.html>

3个粒重基因在青海高原春小麦品种中的分布

张业猛^{1,2},朱丽丽^{1,2},郭仁世³,邢瑜³,马德林³,
陈志国²,刘德梅²,王海庆²

(1. 中国科学院大学,北京 100039; 2. 中国科学院西北高原生物研究所/中国科学院高原生物适应与进化重点实验室,
青海西宁 810008; 3. 青海省农作物种子站,青海西宁 810003)

摘要:为了解青海高原地区春小麦品种中粒重基因的分布情况,采用KASP标记检测3个粒重基因($TaCwi-A1$ 、 $TaGW2-6A$ 和 $TaTGW6-4A$)等位变异在青海高原地区主栽的49个小麦品种中的分布,并结合千粒重表型,分析不同等位变异组合对小麦粒重的影响,探索最优基因型。结果显示,49个品种的千粒重在不同年度均存在显著差异; $TaCwi-A1$ 位点存在 $TaCwi-A1a$ 和 $TaCwi-A1b$ 两种等位变异,分布频率分别为69.39%和30.61%; $TaGW2-6A$ 位点存在 $Hap-6A-A$ 和 $Hap-6A-B$ 两种等位变异,分布频率分别为46.94%和53.06%; $TaTGW6-4A$ 位点存在 $TaTGW6-4Aa$ 和 $TaTGW6-4Ab$ 两种等位变异,分布频率分别为97.96%和2.04%。 $TaCwi-A1$ 、 $TaGW2-6A$ 和 $TaTGW6-4A$ 位点的不同等位变异均会导致小麦千粒重发生显著变化,其中, $TaCwi-A1$ 位点的等位变异对小麦千粒重影响较为重要。49个小麦品种中, $TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa$ 等位变异组合类型的品种的分布频率为32.65%,其千粒重最高,显著高于其他等位变异组合类型的品种,是青海高原地区优异的基因型组合。

关键词:小麦;千粒重;等位变异;粒重基因;KASP

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2022)10-1200-08

Distribution of Three Grain Weight Genes in Qinghai Plateau Spring Wheat Cultivars

ZHANG Yemeng^{1,2}, ZHU Lili^{1,2}, GUO Renshi³, XING Yu³,
MA Delin³, CHEN Zhiguo², LIU Demei², WANG Haiqing²

(1. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 2. Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences/Key Laboratory of Adaptation and Evolution, Chinese Academy of Science, Xining, Qinghai 810008, China;
3. Qinghai Province Crop Seed Station, Xining, Qinghai 810003, China)

Abstract: In order to clarify the distribution of grain weight genes in Qinghai plateau cultivars. In this study, KASP marker was used to detect the distribution of allelic variants of the three grain weight genes ($TaCwi-A1$, $TaTGW6-4A$ and $TaGW2-6A$) in 49 wheat cultivars in the Qinghai Plateau over the years. The thousand-grain weight (TGW) was investigated to analyze the influence of different allelic variation combinations on wheat grain weight, and the best genotype combination was explored. The results showed that there were significant differences of TGW among the 49 wheat cultivars in different years. At the $TaGW2-6A$ locus, $TaCwi-A1a$ and $TaCwi-A1b$ allelic variations were detected, and their distribution frequencies were 69.39% and 30.61%, respectively. At the $TaTGW6-4A$ locus, $Hap-6A-A$ and $Hap-6A-B$ allelic variations were detected, and their distribution frequencies were 46.94% and 53.06%, respectively. At the $TaTGW6-4A$ locus, $TaTGW6-4Aa$ and $TaTGW6-4Ab$ allelic variations were detected, and their distribution frequencies were 97.96% and 2.04%, respectively. The results showed that there were significant differences of TGW among the 49 wheat cultivars in different years. At the $TaCwi-A1$ locus, $TaCwi-A1a$ and $TaCwi-A1b$ allelic variations were detected, and their distribution frequencies were 69.39% and 30.61%, respectively. At the $TaCwi-A1$ locus, $TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa$ allelic variation combination type of品种的分布频率为32.65%,其千粒重最高,显著高于其他等位变异组合类型的品种,是青海高原地区优异的基因型组合。

收稿日期:2021-10-07 修回日期:2021-12-01

基金项目:小麦增产培优品种的精准设计项目(XDA24030102);中国科学院种子创新研究院项目(INASEED)

第一作者 E-mail:zhangyemeng@nwipb.ac.cn

通讯作者:陈志国(E-mail:zgchen@nwipb.ac.cn)

4Ab allelic variations were detected, and their distribution frequencies were 97.96% and 2.04%, respectively. The different allelic variations of *TaCwi-A1*, *TaGW2-6A* and *TaTGW6-4A* loci caused significant changes in TGW of wheat. Among them, the allelic variation of *TaCwi-A1* locus has a more important influence on TGW. Among the 49 wheat cultivars, the distribution frequency of *TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa* genotype was 32.65%, with the highest average of TGW, which was significantly higher than other genotypes. Therefore, the *TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa* genotype is the more preponderant genotype combination.

Key words: Wheat; TGW; Allelic variation; Grain weight gene; KASP

中国作为世界上最大的小麦生产国和消费大国,小麦产量直接影响粮食安全^[1]。因此,培育高产、稳产、优质新品种是目前小麦育种的主要目标之一^[2]。粒重作为小麦产量三要素之一,其性状相对稳定,主要受粒重基因加性效应的影响^[3]。虽然近年来中国不同小麦生态区审定的品种粒重均有不同程度的提升,但关于小麦粒重基因标记的开发和利用仍不够广泛和深入^[4-6]。青海是中国小麦高产区,高粒重是该地区小麦实现高产的重要因素之一。李红琴等^[7]对青海省 1957—2009 年审定的春小麦品种的千粒重进行分析,发现 66 个品种的平均千粒重为 45.91 g,20 世纪 90 年代小麦品种的千粒重最大,为 46.95 g,2000 年以后略有下降,呈先升高后降低的趋势,变异系数为 12.57%。因此,结合分子标记辅助选择技术开展青海省小麦的粒重育种很有必要。

分子标记辅助选择技术能够加速育种进程,提高选择效率,已广泛应用于多种作物育种中,为优良基因型的选择和聚合杂交育种提供了技术支持^[8-9]。Hanif 等^[10]在小麦中克隆到 *TaTGW6-A1* 基因,并开发出功能标记 *TaTGW6-A1-CAPS*,用于检测该基因的两个等位变异 *TaTGW6-A1a* 和 *TaTGW6-A1b*,并发现相较于 *TaTGW6-A1b*,*TaTGW6-A1a* 具有较高的粒重和产量。Ma 等^[11]在小麦中克隆到 *TaCwi-A1* 基因,并开发出功能标记 CW121 和 CW122,用于检测 *TaCwi-A1a*(与高千粒重相关)和 *TaCwi-A1b*(与低千粒重相关)。Zhang 等^[12]在小麦中克隆到 *TaGS-D1* 基因,并开发出功能标记 GS7D,用于检测两个等位变异 *TaGS-D1a* 和 *TaGS-D1b*,并发现相较于 *TaGS-D1b/TaCwi-A1b* 和 *TaGS-D1b/TaCwi-A1a* 基因型, *TaGS-D1a/TaCwi-A1a* 基因型表现出较高的千粒重。Ma 等^[13]在小麦中克隆到 *TaGW8-7A* 和 *TaGW8-7B*,其中 *TaGW8-7A* 具有 4 种等位变异 (*TaGW8-7A-Hap-1/2/3/4*),其中

TaGW8-7A-Hap-2 与高千粒重相关,且在中国小麦品种中分布频率较高;而 *TaGW8-7B* 具有两个等位变异 (*TaGW8-7B-Hap-L/H*),其中 *TaGW8-7B-Hap-H* 与高千粒重、少分蘖数相关,并据此开发了功能标记,用于检测这些等位变异。

竞争性等位基因特异性 PCR (Competitive Allele-Specific PCR, KASP) 是利用通用荧光探针,针对广泛的基因组 DNA 样品,可以在短时间内准确判断目标 SNPs 和 InDels,并进行精准的双等位基因分型,是较为便捷的分子手段之一^[14]。为提高多个粒重基因的聚合效率和精准度,了解现有原始材料的基因型很有必要。本研究利用 Ramirez-gonzalez 等^[15]公布的小麦 KASP 引物设计方法进行引物设计,对青海高原地区 49 个小麦品种(地方品种、生产上发挥过作用的外引品种、通过审定品种和历年主栽品种)的粒重基因变异类型进行检测,明确这些种质资源中粒重基因的等位变异分布,以期为开展分子设计和多基因聚合育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试的 49 个小麦品种系本实验室自繁保留,审定信息来自《青海省农作物品种志》^[16] 和中国种业大数据平台 (<http://202.127.42.145/bigdataNew/home/ManageOrg>),详细信息见表 1。

1.2 田间种植和千粒重测定

2013—2015 年,所有材料种植在青海省海西蒙古族藏族自治州香日德镇 (36°3'52" N, 97°47'45" E, 海拔 2 999 m),每个品种种植 5 行,行长 2 m,行距 0.2 m,每行播 50 粒种子。田间管理同大田生产,正常成熟后人工收获,储藏备用。

每份材料取 100 粒种子,利用德国 GTA 公司的种子成像分析仪 (Marvin-U) 进行粒径测定,

3 次重复。利用德国 Pfeuffer 公司的数粒仪(Contador N02)进行种子计数,每份材料取 1 000

粒种子,3 次重复,然后采用便携式电子天平(感量 0.01 g)进行千粒重测定。

表 1 供试品种信息
Table 1 Information of tested cultivars

品种 Cultivar	审定/引进年份 Approved/ introduced year	来源 Origin	品种 Cultivar	审定/引进年份 Approved/ introduced year	来源 Origin
中国春 Chinese Spring	—	地方品种 Landrace	柴春 236 Chaichun 236	1988	青海(中国) Qinghai(China)
红农一号 Hongnong 1	—	地方品种 Landrace	柴春 018 Chaichun 018	1988	青海(中国) Qinghai(China)
和尚头 Heshangtou	—	地方品种 Landrace	互麦 11 号 Humai 11	1988	青海(中国) Qinghai(China)
结巴 Jieba	—	地方品种 Landrace	陇春 13 Longchun 13	1991	甘肃(中国) Gansu(China)
白大头 Baidatou	—	地方品种 Landrace	青春 415 Qingchun 415	1993	青海(中国) Qinghai(China)
大麦子 Damaizi	—	地方品种 Landrace	高原 175 Gaoyuan 175	1993	甘肃(中国) Gansu(China)
甘麦 35 Ganmai 35	—	甘肃(中国) Gansu(China)	青春 891 Qingchun 891	1994	青海(中国) Qinghai(China)
曹选 3 号 Caoxun 3	—	甘肃(中国) Gansu(China)	东春 1 号 Dongchun 1	1994	青海(中国) Qinghai(China)
甘肃 96 号 Gansu 96	1944	美国(青海引进) USA(Introduced by Qinghai)	柴春 901 Chaichun 901	1994	青海(中国) Qinghai(China)
阿勃 Abo	1956	阿尔巴尼亚(青海引进) Albania(Introduced by Qinghai)	青春 570 Qingchun 570	1996	青海(中国) Qinghai(China)
内乡 5 号 Neixiang 5	1958	河南(中国) Henan(China)	青春 254 Qingchun 254	1996	青海(中国) Qinghai(China)
欧柔 Ourou	1959	智利(青海引进) Chile(Introduced by Qinghai)	陇春 17 Longchun 17	1997	甘肃(中国) Gansu(China)
甘麦 8 号 Ganmai 8	1970	甘肃(中国) Gansu(China)	高原 913 Gaoyuan 913	1998	青海(中国) Qinghai(China)
高原 506 Gaoyuan 506	1973	青海(中国) Qinghai(China)	高原 363 Gaoyuan 363	1999	青海(中国) Qinghai(China)
墨波 Mobo	1976	墨西哥(青海引进) Mexico(Introduced by Qinghai)	高原 448 Gaoyuan 448	1999	青海(中国) Qinghai(China)
高原 338 Gaoyuan 338	1976	青海(中国) Qinghai(China)	甘麦 20 Ganmai 20	2000	青海(中国) Qinghai(China)
青春 25 Qingchun 25	1978	青海(中国) Qinghai(China)	互麦 13 号 Humai 13	2000	青海(中国) Qinghai(China)
定西 24 Dingxi 24	1979	甘肃(中国) Gansu(China)	高原 314 Gaoyuan 314	2001	青海(中国) Qinghai(China)
宁春 4 号 Ningchun 4	1981	宁夏(中国) Ningxia(China)	宁春 26 号 Ningchun 26	2003	宁夏(中国) Ningxia(China)
互助红 Huzhuhong	1981	青海(中国) Qinghai(China)	青春 37 Qingchun 37	2005	青海(中国) Qinghai(China)
晋 2148 Jin 2148	1984	福建(中国) Fujian(China)	青春 38 Qingchun 38	2005	青海(中国) Qinghai(China)
青农 524 Qingnong 524	1984	青海(中国) Qinghai(China)	山旱 901 Shanhan 901	2005	青海(中国) Qinghai(China)
瀚海 304 Hanhai 304	1986	青海(中国) Qinghai(China)	高原 437 Gaoyuan 437	2009	青海(中国) Qinghai(China)
高原 602 Gaoyuan 602	1987	青海(中国) Qinghai(China)	青麦 5 号 Qingmai 5	2015	青海(中国) Qinghai(China)
辐射阿勃 Fusheabo	1987	青海(中国) Qinghai(China)			

— 表示信息不详。

— indicates the information is unknown.

1.3 DNA 提取及 KASP 标记检测

每份材料选取大小均匀且籽粒饱满的 3 粒种子,采用 CTAB 法提取样本 DNA,并经琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量。使用美国 Thermo 公司的微量紫外分光光度计(Nano Drop 2000C)进行 DNA 浓度测定。

用于检测 3 个粒重基因(*TaCwi-A1*、*TaGW2-6A* 和 *TaGW6-4A*)不同等位变异的 KASP 引物由北京佩莱技术有限公司合成,引物序列见表 2。FAM-primer 5'末端连接 1 个 FAM 荧光基团(5'-GAAGGTGACCAAGTTCAT-GCT-3'),HEX-primer 5'末端连接 1 个 HEX 荧光基团(5'-GAAGGTCGGAGTCAACGGATT-3')。利用 Bio-Rad CFX96 PCR 仪(Bio-Rad,美

国)进行 PCR 扩增。PCR 反应体系为 10 μL ,包括 4.78 μL DNA (5~50 ng $\cdot \mu\text{L}^{-1}$),5 μL KASP 5000 V4.0 2×Master Mix,0.14 μL KASP Assay Mix(上下游引物混合液),0.08 μL Mg²⁺。PCR 反应程序为降落 PCR:94 °C 预变性 15 min;94 °C 变性 20 s,61~55 °C 复性 1 min(每个循环下降 0.6 °C),10 个循环;94 °C 变性 20 s,55 °C 复性 1 min,30 个循环;4 °C 避光保存,采用 Axiom Analysis Suite 软件进行分型。

1.4 数据统计

采用 SPSS 23.0 软件进行数据分析,并对不同基因型小麦品种的千粒重表型进行差异显著性分析和方差分析(ANOVA),并利用 LSD 法进行多重比较。

表 2 本研究所用的 KASP 引物
Table 2 KASP primers used in this study

基因 Gene	荧光信号 Fluorescence	上游引物(5'-3') Forward primer (5'-3')	下游共用引物(5'-3') Reverse primer (5'-3')
<i>TaCwi-A1</i>	FAM	GATGAAACAAGTTAGTCCGGTAC	CTCCAAC TGA ACT GGT GCAA
	HEX	GATGAAACAAGTTAGTCCGGTAA	
<i>TaGW6-4A</i>	FAM	ACGGGCCCGAGAGCGTCGCCTTC	TGTAGGGCCCTCGGCCCTGAGCGT
	HEX	AGTGACGGCCCGAGAGCGTCG	
<i>TaTAGW2-6A</i>	FAM	TCCCGCTCCAGCTATCTGGTGAC	TTCCCAGTCTTGACATGTTCCGCC
	HEX	TCCCGCTCCAGCTATCTGGTGAAA	

2 结果与分析

2.1 粒重相关性状表型分析结果

2013—2015 年,49 个小麦品种的千粒重平均值分别为 52.21、47.84 和 38.12 g,变化范围分别为 36.97~67.03、32.14~63.12 和 22.51~58.80 g,变异系数分别为 13.55%、13.06% 和 21.02%。49 个小麦品种的粒长平均值分别为 6.68、6.55 和 6.22 mm,变化范围分别为 5.57~7.60 mm、5.58~7.64 mm 和 5.77~6.89 mm,变异系数分别为 7.38%、7.12% 和 3.73%。49 个小麦品种的粒宽平均值分别为 3.45、3.36 和 3.38 mm,变化范围分别为 2.97~3.77 mm、2.89~3.66 mm 和 2.96~3.66 mm,变异系数分别为 5.72%、5.54% 和 5.66%(表 3)。进一步对不同来源品种的粒重相关性状进行比较,发现青海省育成品种的千粒重显著高于引进品种和地方品种,而青海省育成品种、引进品种和地方品种之间的粒宽和粒长无显著差异(表 4)。

2.2 粒重基因不同等位变异的分布及其对粒重的影响

从表 5 可以看出,供试小麦品种中,*TaCwi-A1*、*TaTAGW2-6A* 和 *TaGW6-4A* 基因位点上均发现 2 种等位变异。*TaCwi-A1* 位点上,*TaCwi-A1a* 和 *TaCwi-A1b* 等位变异的分布频率分别为 69.39% 和 30.61%;*TaTAGW2-6A* 位点上,*Hap-6A-A* 和 *Hap-6A-G* 等位变异的分布频率分别为 46.94% 和 53.06%;*TaGW6-4A* 位点上,*TaGW6-4Aa* 和 *TaGW6-4Ab* 等位变异的分布频率分别为 97.96% 和 2.04%。3 个基因位点的 2 种等位变异对粒宽和粒长均无显著影响,但对千粒重有显著影响。携带 *TaCwi-A1a*、*Hap-6A-A* 和 *TaGW6-4Aa* 等位变异类型品种的千粒重分别显著高于携带 *TaCwi-A1b*、*Hap-6A-G* 和 *TaGW6-4Ab* 等位变异类型的品种,说明 *TaCwi-A1a*、*Hap-6A-A* 和 *TaGW6-4Aa* 为优异等位变异。进一步对不同来源品种中优异等位变异的分布频率进行比较,发现 *TaCwi-A1a* 和 *Hap-6A-*

A这两种等位变异在青海省育成品种和引进品种

中的分布频率明显高于地方品种(表 6)。

表 3 不同年份间小麦粒重相关性状表型分析

Table 3 Phenotypic analysis of grain weight related traits of wheat in different years

年份 Year	性状 Phenotypic	平均值 Average	变化范围 Variation range	方差 Variance	标准差 Standard deviation	变异系数 Coefficient of variation/%
2013	千粒重 Thousand-grain weight/g	52.21	36.97~67.03	50.03**	7.07	13.55
	粒长 Grain length/mm	6.68	5.57~7.60	0.24	0.49	7.38
	粒宽 Grain width/mm	3.45	2.97~3.77	0.04	0.20	5.72
2014	千粒重 Thousand-grain weight/g	47.84	32.14~63.12	39.05**	6.25	13.06
	粒长 Grain length/mm	6.55	5.58~7.64	0.22	0.47	7.12
	粒宽 Grain width/mm	3.36	2.89~3.66	0.04	0.19	5.54
2015	千粒重 Thousand-grain weight/g	38.12	22.51~58.80	64.16**	8.01	21.02
	粒长 Grain length/mm	6.22	5.77~6.89	0.05	0.23	3.73
	粒宽 Grain width/mm	3.38	2.96~3.66	0.04	0.19	5.66

P<0.01.

表 4 不同来源小麦品种粒重相关性状的表型分析

Table 4 Phenotypic analysis of grain weight related traits of wheat from different origins

来源 Origin	品种数目 Number of cultivars	千粒重 Thousand-grain weight/g	粒宽 Grain width/mm	粒长 Grain length/mm
青海省育成品种 Bred cultivars in Qinghai Province	29	48.22a	3.43a	6.53a
引进品种 Introduced cultivars	14	44.60b	3.41a	6.43a
地方品种 Landrace	6	38.00c	3.11b	6.32a

千粒重、粒宽和粒长 3 列的数据为 3 个年份相同来源品种的平均值。表 5 和表 7 同。同列数据后不同小写字母表示不同来源的品种在 0.05 水平上差异显著。

Values of thousand-grain weight, grain width and grain length were the average of cultivars from the same origin in three years. The same in tables 5 and 7. Different lowercase letters following values within the same column indicate significant difference among cultivars of different origin at 0.05 level.

表 5 粒重基因的不同等位变异对小麦粒重相关性状的影响

Table 5 Effect of alleles of different grain weight genes on grain wheat related traits of wheat

基因 Gene	等位变异 Allele	品种数目 Number of cultivars	分布频率 Distribution frequency/%	千粒重 Thousand-grain weight/g	粒宽 Grain width/mm	粒长 Grain length/mm
<i>TaCwi-A1</i>	<i>TaCwi-A1a</i>	34	69.39	47.44*	3.40	6.50
	<i>TaCwi-A1b</i>	15	30.61	42.51	3.38	6.46
<i>TaGW2-6A</i>	<i>Hap-6A-A</i>	23	46.94	47.92*	3.42	6.47
	<i>Hap-6A-G</i>	26	53.06	44.18	3.40	6.49
<i>TaTGW6-4A</i>	<i>TaTGW6-4Aa</i>	48	97.96	45.97*	3.39	6.47
	<i>TaTGW6-4Ab</i>	1	2.04	43.92	3.49	6.78

* 表示同一基因的两个等位变异之间在 0.05 水平上差异显著。

* indicates significant difference between alleles within same gene at 0.05 level.

表 6 不同来源小麦品种优势等位变异的分布频率

Table 6 Distribution frequency of preponderant allelic variation of wheat from different origins

来源 Origin	品种数目 Number of cultivars	分布频率 Distribution frequency/%		
		<i>TaCwi-A1a</i>	<i>Hap-6A-A</i>	<i>TaTGW6-4Aa</i>
青海省育成品种 Bred cultivars in Qinghai Province	29	68.97	41.38	100.00
引进品种 Introduced cultivars	14	85.71	35.71	92.86
地方品种 Landrace	6	33.33	16.67	100.00

2.3 不同等位变异组合类型对小麦粒重的影响

从表 7 可以看出,供试小麦品种中,共发现 5 种等位变异组合类型,分布频率为 2.04%~36.73%。综合 2013—2015 年的粒重相关表型数据,发现 5 种等位变异组合类型与千粒重显著相关,而与粒宽和粒长相关性不显著。组合类型为 *TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa*(含有 3 种优异等位变异)的品种,千粒重显著高于其他组合类型的品种;组合类型为 *TaCwi-A1a/Hap-6A-G/TaTGW6-4Aa* 和 *TaCwi-A1b/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa*(含有 2 种优异等位变异)的品种,

之间千粒重无显著性差异,但显著高于组合类型为 *TaCwi-A1b/Hap-6A-G/TaTGW6-4Aa*(只含有 1 种优异等位变异)的品种。此外, *TaCwi-A1b/Hap-6A-G/TaTGW6-4Aa* 组合类型品种的千粒重低于 *TaCwi-A1b/Hap-6A-G/TaTGW6-4Ab* 组合类型的品种,原因可能是 *TaCwi-A1b/Hap-6A-G/TaTGW6-4Ab* 组合类型的品种只有 1 个,结果不具有代表性,也可能是其他因素影响,但还需进一步研究。总之, *TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa* 等位变异组合类型为最优组合。

表 7 不同等位变异组合对小麦粒重相关性状的影响

Table 7 Effect of allelic variation combination on grain wheat related traits in wheat cultivars

等位变异组合 Allelic variation combination	品种数量 Number of cultivars	分布频率 Distribution frequency/%	千粒重 Thousand-grain weight/g	粒宽 Grain width/mm	粒长 Grain length/mm
<i>TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa</i>	16	32.65	49.18a	3.43a	6.52a
<i>TaCwi-A1a/Hap-6A-G/TaTGW6-4Aa</i>	18	36.73	45.90b	3.39a	6.52a
<i>TaCwi-A1b/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa</i>	7	14.29	45.03bc	3.59a	6.78a
<i>TaCwi-A1b/Hap-6A-G/TaTGW6-4Ab</i>	1	2.04	43.92c	3.34a	6.48a
<i>TaCwi-A1b/Hap-6A-G/TaTGW6-4Aa</i>	7	14.29	39.78d	3.38a	6.48a

同列数据后不同小写字母表示不同等位变异组合类型在 0.05 水平上差异显著。

Different lowercase letters following values within the same column indicate significant difference among different allelic variation combinations at 0.05 level.

3 讨论

长期以来,高产和稳产一直是小麦育种的最主要目标之一。随着分子标记辅助选择育种、基因编辑、染色体工程等现代育种技术的广泛应用,小麦粒重基因也得到了深入的研究,不断有新的粒重基因被克隆和定位,并创造出了较为优良的品种^[17]。目前,已克隆出 *TaCwi-A1*^[18]、*TaGS-D1*^[12]、*TaTGW6*^[19]、*TaTGW-7A*^[19]、*TaGW2-6A*^[20]、*TaCKX6-D1*^[21]、*TaSus2-B1*^[22] 等小麦粒重基因,并开发出相应功能标记,可快速准确鉴定不同小麦品种中控制粒重的相关基因及其等位变异类型的分布情况。刘永伟等^[23]利用 *TaCwi-A1* 基因的功能标记 CWI21 和 CWI22 对 539 份黄淮麦区小麦品种(系)进行检测,发现等位变异 *TaCwi-A1a* 的分布频率明显高于 *TaCwi-A1b*,且 *TaCwi-A1a* 基因型材料的千粒重显著高于 *TaCwi-A1b* 基因型,进一步证实 *TaCwi-A1a* 为优异等位变异。简大为等^[24]利用 52 个功能标记对 136 份新疆小麦品种(系)的主要农艺性状相关基因进行检测,

发现 7 个粒重基因的优异等位变异在改良品种中的分布频率明显高于地方品种,并且大部分优异等位变异的分布频率随着育种时期的推进呈上升趋势。

粒重和其他产量性状都是由多基因控制的综合性状,只从单基因入手进行分子标记辅助育种达不到全面提升小麦产量的目的,必须实现优势基因的聚合,才能实现培育高产小麦的目的。全靖洋等^[25]对粒重相关基因的不同等位变异组合进行了分析,发现 *TaCwi-A1a/Hap-6A-G/tt/SUs2-2B-H* 为最优组合,其粒长和千粒重较其他变异组合均显著提高。张福彦等^[2]结合 2 个年度的千粒重表型,对 *TaCwi-A1*、*TaGw8-B1* 和 *TaGS-D1* 基因的不同等位变异组合进行了分析,发现携带等位变异组合 *TaCwi-A1a/TaGS-D1a/TaGw8-B1a* 的小麦品种千粒重最高,是优势基因型组合。赵俊杰^[26]发现,粒重基因的优异等位变异聚合可以提高品种的千粒重,但是对品种的穗粒数和有效分蘖无明显影响。

本研究利用 KASP 标记检测 3 个粒重基因

TaCwi-A1、*TaGW2-6A* 和 *TaTGW6-4A* 在 49 个青海主栽小麦品种中的分布,结果表明,3 个粒重基因在供试材料中均有分布,有 5 种等位变异组合类型,其中,携带 3 个优异等位变异组合 (*TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW6-4Aa*) 材料的千粒重最高,为最优组合。在供试材料中并没有发现携带 *TaCwi-A1a/Hap-6A-A/TaTGW-4Ab*、*TaCwi-A1a/Hap-6A-G/TaTGW-4Ab* 和 *TaCwi-A1b/Hap-6A-A/TaTGW-4Ab* 组合的品种,并且同时携带 3 种劣势等位变异组合小麦品种的千粒重均值也不是最低,原因可能是其他变异组合类型品种较少,不具有代表性;也有可能是青海高原小麦生长后期,气温逐步下降,小麦籽粒整体灌浆期长,最终导致粒重较高;此外,粒重受多基因控制,其他粒重基因对小麦粒重也具有一定的补偿,也是造成这一现象的原因,但具体原因还需要进一步深入研究。陈丽华等^[27] 对青海省推广种植的 61 个春小麦主栽品种的主要农艺性状进行分析,发现这些品种的千粒重平均值为 37.9 g,主成分分析显示的 4 个主成分(产量因子、穗密度因子、粒数因子、粒重因子)的累积贡献率达 89.37%,粒重因子在青海高原春小麦产量贡献中占比较高,因此,开展粒重基因相关研究非常必要。

参考文献:

- [1] 刘志勇,王道文,张爱民,等. 小麦育种行业创新现状与发展趋势[J]. 植物遗传资源学报,2018,19(3):430.
- LIU Z Y, WANG D W, ZHANG A M, et al. Current status and perspective of wheat genomics, genetics and breeding [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(3):430.
- [2] 张福彦,程仲杰,陈晓杰,等. 黄淮麦区小麦粒重基因等位变异的分子鉴定及育种应用[J]. 作物学报,2021,47(11):2091.
- ZHANG F Y, CHENG Z J, CHEN X J, et al. Molecular identification and breeding application of allelic variation of grain weight gene in wheat from the Yellow-Huai-River Valley [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2021, 47(11):2091.
- [3] ZANKE C D, LING J, PLIESKE J, et al. Analysis of main effect QTL for thousand grain weight in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.) by genome-wide association mapping [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2015, 6:644.
- [4] 张中州,赵月强,张锋,等. 2005—2012 年河南省审定的半冬性小麦品种产量和主要农艺性状分析与评价[J]. 作物杂志,2014(5):32.
- ZHANG Z Z, ZHAO Y Q, ZHANG F, et al. Analysis and evaluation of yield and other agronomical traits in semi-winter wheat varieties approved during 2005—2012 in Henan Province [J]. *Crops*, 2014(5):32.
- [5] 宋健民,戴双,李豪圣,等. 山东省近年来审定小麦品种农艺和品质性状演变分析[J]. 中国农业科学,2013,46(6):1114.
- SONG J M, DAI S, LI H S, et al. Evolution of agronomic and quality traits of wheat cultivars released in Shandong Province recently [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, 46(6):1114.
- [6] 刘筱颖,李晓华,郑兴卫,等. 山西小麦育成品种农艺性状演变趋势及关联分析[J]. 中国农业科技导报,2020,22(3):14.
- LIU X Y, LI X H, ZHENG X W, et al. Evolution and relevant analysis of agronomic characters of wheat in Shanxi Province [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2020, 22(3):14.
- [7] 李红琴,刘宝龙,刘登才,等. 青海省审定小麦品种的农艺性状多样性分析[J]. 麦类作物学报,2011,31(6):1040.
- LI H Q, LIU B L, LIU D C, et al. Analysis on agronomic trait diversity in wheat cultivars registered in Qinghai Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 31(6):1040.
- [8] 王英芳,张业猛,刘德梅,等. 基于转录组测序的青藏扁蓿豆 EST-SSR 标记开发与验证[J]. 草业科学,2020,37(4):718.
- WANG Y F, ZHANG Y M, LIU D M, et al. Development and verification of EST-SSR markers in *Medicago archiducis-nicolai* by transcriptome sequencing [J]. *Pratacultural Science*, 2020, 37(4):718.
- [9] REHMAN S U, SHER M A, SADDIQUE M A B, et al. Development and exploitation of KASP assays for genes underpinning drought tolerance among wheat cultivars from Pakistan [J]. *Frontiers in Genetics*, 2021, 12:684702.
- [10] HANIF M, GAO F, LIU J, et al. *TaTGW6-A1*, an ortholog of rice *TGW6*, is associated with grain weight and yield in bread wheat [J]. *Molecular Breeding*, 2016, 36(1):1.
- [11] MA D, YAN J, HE Z, et al. Characterization of a cell wall invertase gene *TaCwi-A1* on common wheat chromosome 2A and development of functional markers [J]. *Molecular Breeding*, 2012, 29(1):43.
- [12] ZHANG Y, LIU J, XIA X, et al. *TaGS-D1*, an ortholog of rice *OsGS3*, is associated with grain weight and grain length in common wheat [J]. *Molecular Breeding*, 2014, 34(3):1097.
- [13] MA L, HAO C, LIU H, et al. Diversity and sub-functionalization of *TaGW8* homoeologs hold potential for genetic yield improvement in wheat [J]. *The Crop Journal*, 2019, 7(6):830.
- [14] RASHEED A, WEN W, GAO F, et al. Development and validation of KASP assays for genes underpinning key economic traits in bread wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2016, 129(10):1843.
- [15] RAMIREZ-GONZALEZ R H, SEGOVIA V, BIRD N, et al. RNA-Seq bulked segregant analysis enables the identification of high-resolution genetic markers for breeding in hexaploid wheat [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2015, 13(5):613.
- [16] 刘青元. 青海省农作物品种志[M]. 西宁:青海人民出版社,2010:1-54.
- LIU Q Y. Crop Varieties in Qinghai Province [M]. Xining:

- Qinghai People's Publishing House, 2010; 1-54.
- [17] GAO L, ZHAO G, HUANG D, et al. Candidate loci involved in domestication and improvement detected by a published 90K wheat SNP array [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 44530.
- [18] MOHLER V, ALBRECHT T, CASTELL A, et al. Considering causal genes in the genetic dissection of kernel traits in common wheat [J]. *Journal of Applied Genetics*, 2016, 57(4): 467.
- [19] 胡明建. 小麦粒重相关基因 *TaTGW6*、*TaTGW-7A* 克隆及其功能标记开发[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2016: 44-58.
HU M J. Cloning *TaTGW6* and *TaTGW-7A* associated with grain weight and developing functional markers in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2016: 44-58.
- [20] SU Z, HAO C, WANG L, et al. Identification and development of a functional marker of *TaGW2* associated with grain weight in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 122(1): 211.
- [21] ZHANG L, ZHAO Y L, GAO L F, et al. *TaCKX6-D1*, the ortholog of rice *OsCKX2*, is associated with grain weight in hexaploid wheat [J]. *New Phytologist*, 2012, 195(3): 574.
- [22] JIANG Q, HOU J, HAO C, et al. The wheat (*T. aestivum*) sucrose synthase 2 gene (*TaSus2*) active in endosperm development is associated with yield traits [J]. *Functional and Integrative Genomics*, 2011, 11(1): 49.
- [23] 刘永伟, 周硕, 王雪征, 等. 粒重基因 *TaCwi-A1* 等位变异在黄淮麦区小麦品种(系)中的分布及功能分析[J]. 华北农学报, 2017, 32(2): 131.
- LIU Y W, ZHOU S, WANG X Z, et al. Functional analysis and distribution of allelic variations of *TaCwi-A1* gene related to kernel weight in Yellow and Huai River Valleys Facultative Wheat Zone [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2017, 32(2): 131.
- [24] 简大为, 周阳, 刘宏伟, 等. 利用功能标记揭示新疆小麦改良品种与地方品种的遗传变异[J]. 作物学报, 2018, 44(5): 657.
- JIAN D W, ZHOU Y, LIU H W, et al. Functional markers reveal genetic variations in wheat improved cultivars and landraces from Xinjiang [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, 44(5): 657.
- [25] 全靖洋, 李少鹏, 刘胜杰, 等. 小麦粒重基因等位变异的高通量分子检测及组合分析[J]. 麦类作物学报, 2018, 38(11): 1300.
- TONG J Y, LI S P, LIU S J, et al. High-throughput molecular detection and analysis of allelic variation combinations related to grain weight genes of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2018, 38(11): 1300.
- [26] 赵俊杰. 小麦 52 个产量、品质、抗性和适应性基因的育种选择研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2018: 36-40.
ZHAO J J. Breeding selection on 52 genes controlling yield, quality, stress resistance and adaptation in breed wheat [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2018: 36-40.
- [27] 陈丽华, 相吉山, 李高原, 等. 青海省春小麦主要农艺性状及育种演化分析[J]. 青海大学学报(自然科学版), 2008, 26(6): 1.
- CHEN L H, XIANG J S, LI G Y, et al. Analysis of breeding evolution and main agronomic characters of spring wheat cultivars in Qinghai [J]. *Journal of Qinghai University (Nature Science)*, 2008, 26(6): 1.