

# 小麦骨干亲本碧蚂4号系谱 品种 HMW-GS 组成分析

徐鑫, 李小军, 李秀全, 杨欣明, 刘伟华, 高爱农, 李立会

(中国农业科学院作物科学研究所/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京 100081)

**摘要:**利用十二烷基硫酸钠聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)技术, 对小麦骨干亲本碧蚂4号80个衍生品种、系谱当中涉及的18个中间亲本、碧蚂4号6个姊妹系品种及其亲本共106个品种(系)的HMW-GS组成进行分析。结果表明, 碧蚂4号HMW-GS组成为Null, 7+8, 2+12。在*Glu-B1*位点, 碧蚂4号的7+8亚基与一代衍生品种的3个亲本均不同, 其在衍生一代中的遗传受到了显著的选择, 遗传频率达到84.6%; 6个(54.5%)二代衍生品种的亲本含有与碧蚂4号相同亚基, 该代7+8亚基的遗传频率仍最高, 达到64.1%; 三代和四代衍生品种的5个亲本中只有北京6号和矮秆早含有7+8亚基, 这两个世代7+8亚基遗传频率明显降低, 7+9成为主要类型, 频率分别达到了69.2%和64.3%。在*Glu-A1*和*Glu-D1*位点, 各有11个(64.7%)中间亲本具有与碧蚂4号相同的亚基, 它们分布于不同世代涉及的中间亲本中, Null和2+12亚基在其衍生的4个世代品种的遗传频率均不小于76.9%。系谱分析发现, 在三代和四代, 中间亲本HMW-GS组成遗传频率显著增加, 其中以洛夫林10的Null, 7+9, 2+12亚基为主。由于HMW-GS组成不是碧蚂4号系谱品种育成时期的选择目标, 对骨干亲本碧蚂4号和洛夫林10号被选择的*Glu-B1*位点进一步研究有助于解析骨干亲本的形成原因。

**关键词:**小麦; 骨干亲本; 高分子量谷蛋白亚基; 碧蚂4号

## Analysis of High-Molecular-Weight Glutenin Subunit Composition in Pedigree Cultivars of Founder Parent Bima 4

XU Xin, LI Xiao-jun, LI Xiu-quan, YANG Xin-ming, LIU Wei-hua, GAO Ai-nong, LI Li-hui

(National Key Facilities for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Institute of Crop  
Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

**Abstract:** Bima 4, its 80 progeny, 18 intermediate parents included in the pedigree, 5 other sister cultivars of Bima 4 and their parents were evaluated by using SDS polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) in this study. The results showed that the HMW-GS composition of Bima 4 at *Glu-1* were Null, 7+8 and 2+12, respectively. At *Glu-B1* locus, there were different alleles among Bima 4 and other three parents in the first generation, and the 7+8 subunit of Bima 4 was inherited by intensive selection, and the frequency was up to 84.6% of all accessions in the first generation. Six (54.5%) parents in the second generation had the same subunit 7+8 as Bima 4, and this subunit could be inherited to 64.1% of all the accessions in this generation which was still the highest frequency. But only Beijing 6 and Aiganzao of the five parents in the third and fourth generations had 7+8 subunit, the frequencies of the subunit were rather low in the third and fourth generations, and 7+9 became dominant allele with the frequency up to 69.2% and 64.3% respectively. At *Glu-A1* and *Glu-D1* loci, 11 (64.7%) of all other parents had the same subunits as Bima 4, respectively and they distributed in every generation. Heredity frequencies of Null and 2+12 in Bima 4 were no less than 76.9% in the four generations of derived cultivars. Pedigree analysis was used to draw the conclusion that heredity frequencies of HMW-GS composition in intermediate parents was increased significantly in the third and fourth generations, mainly with Null, 7+9, 2+12 of Lovrin 10. Because *Glu-1* loci were not the main selected targets during the period of cultivars breeding, the further study of selected *Glu-B1* loci in Bima 4 and

收稿日期: 2009-07-31

修回日期: 2010-04-20

基金项目: 国家重点基础研究发展计划(973计划)项目(2006CB101700)

作者简介: 徐鑫, 博士研究生。E-mail: caasxxu@yahoo.com.cn

通讯作者: 李立会, 研究员, 博士生导师。E-mail: lilihui@caas.net.cn

Lovrin 10 will be helpful to reveal the cause of founder parent formation.

**Key words:**Wheat; Founder parent; High molecular weight glutenin; Bima 4

高分子量谷蛋白亚基 (high-molecular-weight glutenin subunit, 简称 HMW-GS), 由 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点编码, 分别位于 1A、1B 和 1D 的染色体长臂近着丝点处<sup>[1]</sup>, 统称为 *Glu-1* 位点。HMW-GS 对面粉的烘烤品质有重要作用<sup>[2]</sup>, 同时, 依据 HMW-GS 组成指导育种, 可有效提高品质改良效率。

骨干亲本作为育种亲本培育出了许多优良品种, 对我国小麦育种和生产取得的巨大成就发挥了重要作用, 我国小麦上已明确的骨干亲本有 16 个<sup>[3]</sup>, 包括蚂蚱麦、燕大 1817、江东门、成都光头、蚰子麦、碧蚂 4 号、北京 8 号、西农 6028、五一麦、南大 2419、欧柔、阿夫、阿勃、早洋麦、洛夫林 10 号和墨巴 66。目前, 国内外对骨干亲本的研究给予了高度关注。中、美、英、德等国的科学家利用与重要性状连锁的分子标记和 QTL 定位等方法, 对小麦<sup>[4-6]</sup>、玉米<sup>[7]</sup>、大麦<sup>[8]</sup>和大豆<sup>[9]</sup>等作物进行研究, 取得了重要进展。碧蚂 4 号不仅是我国黄淮冬麦区曾经广泛使用的骨干亲本, 同时也属于年种植面积超过 110 万 hm<sup>2</sup> 的大品种<sup>[10]</sup>, 具有良好的抗锈性和丰产性等优点。碧蚂 4 号衍生品种 (系) 至今在我国小麦育种和生产上仍发挥着重要的作用。

目前, 关于碧蚂 4 号成为骨干亲本的理论基础研究的很少。本研究拟采用十二烷基硫酸钠聚丙烯酰胺凝胶电泳 (SDS-PAGE) 技术, 对碧蚂 4 号系谱品种的 HMW-GS 组成与遗传传递进行分析, 探讨 *Glu-1* 位点在碧蚂 4 号系谱中的世代演变。

1 材料与方法

1.1 材料

以碧蚂 4 号衍生的 80 个后代品种 (包括 1~5

代, 品种数分别为 13、39、12、15 和 1 个)、系谱当中涉及的 18 个中间亲本、碧蚂 4 号 6 个姊妹系品种及其亲本蚂蚱麦和碧玉麦共 106 个品种 (系) 为材料。对照品种分别为: 中国春 (Null、7+8、2+12)、Marquis (1、7+9、5+10)、Neepawa (2\*、7+9、5+10) 和小偃 6 号 (1、14+15、2+12)。所有材料的种子由中国农业科学院作物科学研究所种质资源研究中心小麦室提供。

1.2 方法

每个品种随机选取 5 粒种子进行 HMW-GS 组成分析, 如品种内存在变异, 该品种再取 20 粒确定其亚基组成。参考张玲丽等<sup>[11]</sup>的方法分离谷蛋白亚基, 用 SDS-PAGE 进行分离, 按 Payne 等<sup>[12]</sup>的系统命名, 参照宋建民等<sup>[13]</sup>的评分标准进行 HMW-GS 品质评分。

2 结果与分析

2.1 供试材料 *Glu-1* 位点等位变异和亚基组合

所有供试材料的 HMW-GS 组成见表 1。在 *Glu-1* 位点共检测到 10 种等位变异 (表 2), *Glu-A1* 位点有 3 种等位变异, 以 Null 频率最高, 为 79.8%; *Glu-B1* 位点有 4 种等位变异, 以 7+8 为主要类型, 频率为 51.5%; *Glu-D1* 位点有 3 种等位变异, 其中 2+12 为主要类型, 占 84.8%。共形成 17 种亚基组合类型, 以 Null、7+8、2+12 的比例最高, 达 38.7%, 其次为 Null、7+9、2+12 和 Null、6+8、2+12 组合, 频率分别为 25.5% 和 10.4%, 余下 14 种亚基组合的比例均小于 5.7%, 9 种亚基组合只出现在一个品种中。图 1 为部分品种 HMW-GS 电泳图谱。

表 1 供试材料的 HMW-GS 组成及品质评分

Table 1 Accessions studied, their HMW-GS compositions and quality scores

品种 Cultivar	<i>Glu-1</i>			评分 Score	品种 Cultivar	<i>Glu-1</i>			评分 Score
	<i>A1</i>	<i>B1</i>	<i>D1</i>			<i>A1</i>	<i>B1</i>	<i>D1</i>	
蚂蚱麦	Null	7+8	2+12	7	京双 2 号	Null	6+8	2+12	6
碧玉麦	Null	7+9	2+12	6	京双 3 号	Null	6+8	2+12	6
碧蚂 1 号	Null	7+8	2+12	7	科冬 81	1	7+8	2+12	8
碧蚂 2 号	Null	7+8	2+12	7	科春 14	Null	7+8	2+12	7

续表

品种	Glu-1			评分	品种	Glu-1			评分
Cultivar	AI	BI	DI	Score	Cultivar	AI	BI	DI	Score
碧蚂 3 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	科冬 83	Null	7 + 8	2 + 12	7
碧蚂 4 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	邢选 7 号	Null	7 + 8	2 + 12	7
碧蚂 5 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	京作 278	Null	7 + 9	2 + 12	6
碧蚂 6 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	有芒白 2 号	1	7 + 9	2 + 12	7
一代					北京 12	Null	7 + 8	2 + 12	7
早洋麦	2 *	7 + 9	5 + 12	—	庆选 15	Null	7 + 8	2 + 12	7
尤皮 2 号	1	6 + 8	2 + 12	7	西峰 9 号	2 *	7 + 8	5 + 10	9.5
苏联早熟 1 号	Null	7 + 9	2 + 12	6	济南 10 号	Null	7 + 8	2 + 12	7
北京 8 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	卫东 7 号	Null	7 + 8	2 + 12	7
郑州 15	Null	7 + 8	2 + 12	7	向阳 4 号	Null	7 + 8	2 + 12	7
郑州 24	Null	7 + 8	5 + 12	—	昌潍 18	Null	6 + 8	2 + 12	6
济南 2 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	济南 12	Null	7 + 8	2 + 12	7
济南 4 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	北京 11	Null	7 + 9	2 + 12	6
石家庄 54	Null	7 + 8	2 + 12	7	北京 13	Null	7 + 8	2 + 12	7
昌乐 5 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	石品 83	Null	7 + 8	2 + 12	7
济南 5 号	Null	7 + 8	5 + 12	—	三代				
青春 2 号	1	7 + 8	2 + 12	8	洛夫林 10 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
陕农 17	1	6 + 8	2 + 12	7	洛夫林 13	Null	7 + 9	2 + 12	6
54405	Null	7 + 8	2 + 12	7	洛夫林 18	1	7 + 9	5 + 10	9
济南 8 号	2 *	7 + 8	2 + 12	7.5	矮秆早	Null	7 + 8	2 + 12	7
德选 1 号	Null	7 + 9	2 + 12	6	鲁麦 2 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
二代					京花 1 号	Null	7 + 9	5 + 10	8
阿勃	1	7 + 8	2 + 12	8	京旺 9 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
欧柔	1	6 + 8	2 + 12	7	丰抗 1 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
亥恩·亥德	Null	6 + 8	2 + 12	6	丰抗 2 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
农大 45	Null	7 + 9	5 + 10	8	丰抗 5 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
舒瓦齐星	Null	7 + 8	2 + 12	7	丰抗 4 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
农大 183	Null	7 + 8	5 + 12	—	京冬 1 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
尤皮 1 号	Null	6 + 8	2 + 12	6	济南 14	1	7 + 9	5 + 12	—
维尔	Null	7 + 8	2 + 12	7	临汾 10 号	1	7 + 8	2 + 12	8
北京 6 号	Null	7 + 8	5 + 12	—	石 4414	Null	7 + 8	2 + 12	7
西峰 1 号	2 *	7 + 8	5 + 10	9.5	长丰 1 号	Null	7 + 8	2 + 12	7
济宁 3 号	1	7 + 8	2 + 12	8	有芒红 7 号	Null	7 + 8	2 + 12	7
鲁沾 1 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	四代				
冀麦 23	Null	7 + 8	2 + 12	7	丰抗 7 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
卫东 8 号	1	7 + 8	2 + 12	8	丰抗 8 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
泰山 1 号	Null	7 + 8	2 + 12	7	丰抗 10 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
农大 198	Null	7 + 9	2 + 12	6	丰抗 15	Null	7 + 9	2 + 12	6
有芒白 4 号	1	7 + 9	5 + 10	9	丰抗 11	Null	7 + 9	2 + 12	6

续表

品种					品种				
<i>Glu-1</i>					<i>Glu-1</i>				
Cultivar	A1	B1	D1	Score	Cultivar	A1	B1	D1	Score
代 179	Null	7 + 8	2 + 12	7	京双 16	Null	7 + 9	2 + 12	6
有芒白 15	Null	7 + 8	5 + 10	9	丰抗 9 号	Null	7 + 9	2 + 12	6
有芒红 8 号	Null	7 + 8	5 + 10	9	京 411	Null	7 + 8	2 + 12	7
北京 16	Null	7 + 8	2 + 12	7	京 437	1	14 + 15	2 + 12	8.5
有芒红 18	Null	7 + 8	2 + 12	7	北京 8694	Null	7 + 9	2 + 12	6
京作 208	Null	7 + 8	2 + 12	7	冀麦 30	Null	7 + 9	2 + 12	6
京作 210	Null	7 + 8	2 + 12	7	冀麦 36	1	14 + 15	2 + 12	8.5
京作 236	Null	6 + 8	2 + 12	6	平阳 27	Null	7 + 8	2 + 12	7
北京 14	Null	6 + 8	2 + 12	6	临汾 5064	1	7 + 8	5 + 12	—
红良 4 号	Null	6 + 8	2 + 12	6	五代				
红良 5 号	Null	6 + 8	2 + 12	6	农大 139	Null	14 + 15	2 + 12	7.5
冀麦 1 号	Null	6 + 8	2 + 12	6	北京 841	Null	7 + 9	2 + 12	6
冀麦 2 号	Null	6 + 8	2 + 12	6					

黑体为每代中间亲本品种,早洋麦同时是 1 代和 2 代品种的亲本;北京 6 号同时是 2 代和 3 代品种的亲本;洛夫林 10 号同时是 3 代和 4 代品种的亲本。一为缺少评分标准

表 2 供试材料不同世代 *Glu-1* 位点等位变异类型和频率

Table 2 Alleles and their frequencies on the *Glu-1* loci in all accessions and different generations

位点 Locus	等位变异 Allele	子代等位变异频率(%) Frequency of alleles in different generations				所有品种等位变异频率(%) Frequency of alleles in all accessions
		1	2	3	4	
<i>Glu-A1</i>	Null	76.9	84.6	84.6	78.6	79.8
	1	15.4	12.8	15.4	21.4	16.2
	2*	7.7	2.6	0	0	4.0
<i>Glu-B1</i>	7 + 8	84.6	64.1	30.8	21.4	51.5
	7 + 9	7.7	12.8	69.2	64.3	31.3
	6 + 8	7.7	23.1	0	0	14.1
	14 + 15	0	0	0	14.3	3.0
<i>Glu-D1</i>	2 + 12	84.6	89.7	84.6	92.9	84.8
	5 + 10	0	10.3	7.7	0	8.1
	5 + 12	15.4	0	7.7	7.1	7.1

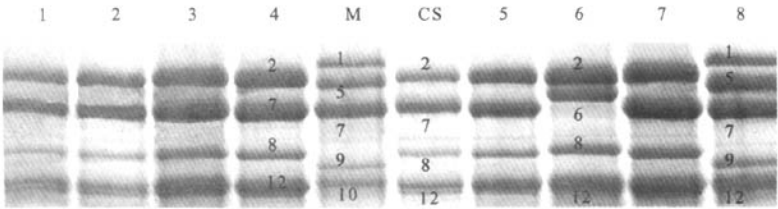


图 1 部分品种 HMW-GS 电泳图谱

Fig. 1 Pattern of HMW-GS for some cultivars by SDS-PAGE

1:卫东 7 号;2:冀麦 23;3:鲁沾 1 号;4:向阳 4 号;5:泰山 1 号;6:吕滩 18;7:济南 12;8:济南 14;M:Marquia;CS:中国春

2.2 碧蚂 4 号 HMW-GS 组成的世代演变分析

碧蚂 4 号 HMW-GS 组成分别为 Null、7+8、2+12。在 *Glu-B1* 位点,一代衍生品种的 3 个亲本早洋麦、尤皮 2 号和苏联早熟 1 号的亚基均与碧蚂 4 号不同,分别为 7+9、6+8 和 7+9,碧蚂 4 号的 7+8 亚基在衍生一代中的遗传受到了显著的选择,遗传频率达到 84.6%。例如,碧蚂 4 号和早洋麦杂交产生的 8 个一代品种全部含有碧蚂 4 号的 7+8 亚基,并且在二代仍被保留下来(图 2)。11 个二代衍生品种亲本中有 6 个含有与碧蚂 4 号相同的 7+8 亚基,该子代 7+8 亚基的遗传频率仍表现为最高,达到了 64.1%。而三代和四代衍生品种的 5 个亲本中只有北京 6 号和矮秆早含有 7+8 亚基,这两个世

代 7+8 亚基分布频率均较低,分别为 33.3% 和 20.0%。在 *Glu-A1* 和 *Glu-D1* 位点,分别有 11(占有中间亲本品种的 64.7%)个中间亲本具有与碧蚂 4 号相同的亚基,它们分布于不同子代涉及的中间亲本品种中。碧蚂 4 号的 Null 和 2+12 亚基在衍生一代中同样受到了不同程度选择,例如,在与早洋麦杂交产生的 8 个一代品种,碧蚂 4 号的 Null 和 2+12 亚基分别遗传到 8 和 6 个品种中,并均可遗传到二代(图 2)。Null 和 2+12 亚基在不同世代的遗传频率均最高,在 4 个世代品种中 Null 亚基的遗传频率分别为 76.9%、84.6%、83.3% 和 80.0%,2+12 分别为 84.6%、89.7%、83.3% 和 93.3%。

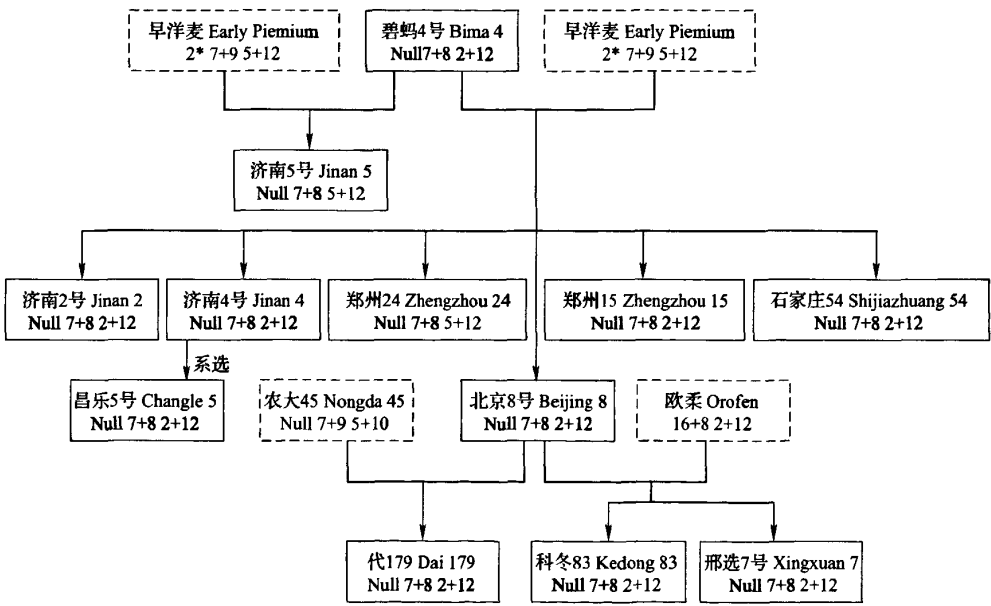


图 2 *Glu-B1* 位点碧蚂 4 号等位变异在部分衍生品种中的遗传

Fig. 2 Genotype graph of alleles at *Glu-B1* loci in Bima 4 and some accessions included in the pedigree

黑体表示碧蚂 4 号 *Glu-B1* 位点等位变异 Bold indicated the allele in *Glu-B1* loci in Bima 4

研究也发现,碧蚂 4 号的 6 个姊妹系品种 HMW-GS 组成表现一致,它们在 *Glu-B1* 位点的 7+8 亚基均来自亲本蚂蚱麦。表明碧蚂 4 号在 *Glu-B1* 位点的 7+8 亚基很可能与重要的性状相关而被不断选择下来。

2.3 中间亲本 HMW-GS 组成在衍生品种的遗传分析

系谱分析发现,中间亲本的 HMW-GS 组成在不同世代均可遗传到后代,遗传频率总体呈增加的趋势。衍生一、二代品种以碧蚂 4 号 HMW-GS 组成为主,不同中间亲本中与碧蚂 4 号不同的 HMW-GS 组

成仅遗传到个别后代品种,例如,13 个一代品种仅郑州 24 和济南 5 号继承了早洋麦的 5+12 亚基,频率仅为 15.4% (图 2)。而在衍生三、四代,中间亲本 HMW-GS 组成遗传频率显著增加,三代中分别 69.23%、69.23% 和 53.8% 的亚基,四代中分别 14.3%、71.4% 和 14.3% 的亚基来自于中间亲本,其中以洛夫林 10 的 Null、7+9、2+12 亚基为主,洛夫林 13、洛夫林 18 和矮秆早等中间亲本的亚基仅遗传到个别后代。在 *Glu-B1* 位点,碧蚂 4 号的 7+8 亚基丧失了优势地位,而洛夫林 10 号的 7+9 成为

主要类型,频率分别达到了 69.2% 和 64.3%,五代品种北京 841 具有与洛夫林 10 号相同的 HMW-GS,表明洛夫林 10 号的引入对系谱品种的 HMW-GS 组成也进行了选择。

进一步的品质评分发现,碧蚂 4 号衍生的 4 个世代品种的平均得分分别为 7.05、6.99、6.64 和 6.50,其中一代和二代的分值基本一致,而三代和四代的分值略有降低,这也与洛夫林 10 号的引入密切相关。

### 3 讨论

大量研究表明 *Glu-A1* 位点的 1 和 2\* 亚基优于 Null; *Glu-B1* 位点的 7+8、17+18、13+16 和 14+15 优于其他亚基类型; *Glu-D1* 位点的 5+10 优于 2+12 亚基。本研究的小麦骨干亲本碧蚂 4 号是我国在 20 世纪 50 年代推广的优良小麦品种,它的衍生后代基本都是 20 世纪 80 年代后期以前育成的品种。由于缺乏有效的品质评价和鉴定技术,对于品质相关的 *Glu-1* 位点不存在直接的选择压力。所以,尽管在一代和二代衍生品种的 5 (占一代和二代亲本的 38.5%) 个中间亲本品种含有优质亚基 1 和 2\*,但它们很少被积累下来。

条锈病抗性和丰产性状是碧蚂 4 号系谱品种主要选育目标,其衍生后代均具有较高的条锈病抗性和其他丰产性状,例如,北京 8 号(碧蚂 4 号/早洋麦)、济南 2 号(碧蚂 4 号/早洋麦)是 20 世纪 60 年代推广的条锈病抗性品种,泰山 1 号(碧蚂 4 号/苏联早熟 1 号//欧柔)是 70 年代推广的条锈病抗性品种,同时它们也是大面积推广品种,其中泰山 1 号是 20 世纪 70 至 80 年代年种植面积最大的品种,达 374.2 万  $\text{hm}^2$ <sup>[3]</sup>。本研究发现,在 *Glu-B1* 位点,碧蚂 4 号的 7+8 亚基在一代和二代衍生品种表现高频率遗传,三代和四代品种中在引入洛夫林 10 号同时,1BL 上的 *Glu-B1* 位点(7+9)也被选择下来。可以看出, *Glu-1* 位点虽然不是育种中的主要选择目标,但对于骨干亲本所具有的抗病性和丰产性等重要性状的选择也间接的对 *Glu-1* 位点进行了选择。在 *Glu-A1* 和 *Glu-D1* 位点,Null 和 2+12 亚基在 4 个世代品种和中间亲本出现频率均较高表明这两个位点很可能与多数系谱品种共有的性状相关。

Pestsova 等<sup>[4]</sup>利用 *Xgwm261* 标记对日本小麦骨干亲本 Akakomugi 的 *Rht8* 基因所在染色体片段进行系谱追踪,发现育种过程中育种家在不断选择 *Rht8* 的同时也选择了其周围一定的染色体区域,表

现连锁不平衡遗传的染色体片段不小于 28cM。一些蛋白编码基因、抗病基因和控制其他性状的基因往往相互连锁形成基因簇。例如, *Yr10* 与麦醇溶蛋白基因 *Gli-B1*、谷蛋白 *Glu-B1* 以及控制小麦红色颖壳基因 *Rgl* 连锁,交换值分别为  $5 \pm 2.2\%$ 、 $47 \pm 5.0\%$  和  $2 \pm 0.3\%$ ,这些基因在 1B 染色体上的排列顺序是: *Yr10/Rgl-Gli-B1-Rf3* (细胞质雄性不育恢复基因)——*Gli-B3-Nor-B1*——*cent-Glu-B1*<sup>[4]</sup>; 高温成株条锈病抗性基因 *Yr36* 与增加谷物子粒蛋白含量基因 *Gpc-B1* 紧密连锁<sup>[15]</sup>。李硕碧等<sup>[16]</sup>也发现,在 *Glu-B1* 位点,1BL/1RS 品种亚基 7+9 和 17+18 出现频率显著高于非 1BL/1RS 品种,而 7+8 亚基的频率显著低于非 1BL/1RS 品种。前人研究表明 1A、1B 和 1D 的染色体上已定位了涉及小麦叶锈病、条锈病、白粉病等多种病害的抗性基因<sup>[17-20]</sup>,千粒重<sup>[21]</sup>和穗长<sup>[6,22]</sup>等产量性状 QTL 以及早熟性<sup>[23]</sup>相关基因。对于 *Glu-1* 位点是否与骨干亲本的重要农艺性状基因紧密连锁,还有待于进一步研究。

### 参考文献

- [1] Payne P I, Holt L M, Worland A J, et al. Structural and genetical studies on the high-molecular-weight subunits of wheat glutenin [J]. *Theor Appl Genet*, 1982, 63: 129-138
- [2] Payne P I, Law C N, Mudd E E. Control by homologous group 1 chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm [J]. *Theor Appl Genet*, 1980, 58: 113-120
- [3] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2003
- [4] Pestsova E, Röder M. Microsatellite analysis of wheat chromosome 2D allows the reconstruction of chromosomal inheritance in pedigrees of breeding programmes [J]. *Theor Appl Genet*, 2002, 106: 84-91
- [5] Ma Z Q, Zhao D M, Zhang C Q, et al. Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized  $F_2$  populations [J]. *Mol Genet Genomics*, 2007, 277: 31-42
- [6] 王瑞, 廖祥政, 杨学举, 等. 人工合成小麦 Am3 大穗多粒 QTL 的发掘与利用 [J]. *植物遗传资源学报*, 2008, 9(3): 277-282
- [7] 郭晋杰, 陈景堂, 祝丽英, 等. 基于玉米导入系群体的 3 个农艺性状 QTL 分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2009, 10(1): 27-31
- [8] Russell J R, Ellis R P, Thomas W T B, et al. A retrospective analysis of spring barley germplasm development from 'foundation genotypes' to currently successful cultivars [J]. *Mol Breed*, 2000, 6: 553-568
- [9] Lorenzen L L, Boutin S, Young N, et al. Soybean pedigree analysis using map-based molecular markers: I. Tracking RFLP Markers in cultivars [J]. *Crop Sci*, 1995, 35: 1326-1336
- [10] 郑殿升. 中国小麦生产上年种植面积超 66.7 万  $\text{hm}^2$  的品种及其分析 [J]. *植物遗传资源科学*, 2001, 2(3): 49-55
- [11] 张玲丽, 李秀全, 杨欣明, 等. 小麦优良种质资源高分子量麦谷蛋白亚基组成分析 [J]. *中国农业科学*, 2006, 39(12): 2406-2414

(下转第 450 页)

- [3] 胡培松. 功能性稻米研究与开发[J]. 中国稻米, 2003(5): 3-5
- [4] 石贵玉, 陈明媚, 铭. 硒对水稻幼苗生长和生理的影响[J]. 广西植物, 2005, 25(3): 281-284
- [5] 周鑫斌, 施卫明, 杨林章. 叶面喷硒对水稻籽粒硒富集及分布的影响[J]. 土壤学报, 2007, 44(1): 73-78
- [6] 纪国成, 李秀琪, 黄洪明. 富硒增产剂在水稻上应用效果研究初报[J]. 中国稻米, 2003(6): 31-31
- [7] Zhao C Y, Ren J H, Xue C Z, et al. Study on the relationship between soil selenium and plant selenium uptake[J]. Plant and Soil, 2005, 277: 197-206
- [8] Liu Q, Wang D J, Jiang X J, et al. Effects of the interactions between selenium and phosphorus on the growth and selenium accumulation in rice (*Oryza sativa*) [J]. Environmental Geochemistry and Health, 2004, 26: 325-330
- [9] Zhang L H, Shi W M, Wang X C. Difference in selenite absorption between high-and low-selenium rice cultivars and its mechanism [J]. Plant and Soil, 2006, 282: 183-193
- [10] 江川, 王金英, 李清华, 等. 早晚季水稻精米和米皮硒含量的基因型差异研究[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(4): 448-452
- [11] 孙明茂, 杨昌仁, 李点浩, 等. 梗稻“龙锦1号/香软米1578”F3家系群糙米矿质元素含量变异及相关性分析[J]. 中国水稻科学, 2008, 22(3): 290-296
- [12] 孙明茂. 水稻籽粒铁、硒、锌、铜等矿质元素和花色苷含量的遗传及 QTL 分析[D]. 泰安: 山东农业大学, 2006
- [13] 韩龙植, 南钟浩, 全东兴, 等. 特种稻种质创新与营养特性评价[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(3): 207-213
- [14] McCouch S R, Teytelman L, Xu Y B. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.) [J]. DNA Research, 2002, 9: 199-207
- [15] 张涛. 水稻糙米蛋白质含量的 QTL 定位及香稻的资源研究[D]. 成都: 四川农业大学, 2007
- [16] Strber C W, Lincoln S E, Wolff D W, et al. Identification of genetic factors contributing to heterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular markers[J]. Genetics, 1992, 132: 823-839
- [17] Cao G, Zhu J, He C, et al. Impact of epistasis and QTL × environment interaction on the developmental behavior of plant height in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 153-160
- [18] 肖炳光, 卢秀萍, 焦芳婵, 等. 烤烟几种化学成分 QTL 初步分析[J]. 作物学报, 2008, 34(10): 1762-1769
- [19] 张坤普, 赵亮, 海燕, 等. 小麦白粉病成株抗性和抗倒伏性及穗下节长度的 QTL 定位[J]. 作物学报, 2008, 34(8): 1350-1357
- [20] Yang J, Zhu J, Williams R W. Mapping the genetic architecture of complex traits in experimental populations [J]. Bioinformatics, 2007, 23: 1527-1536
- [21] 蒋彬. 水稻富硒基因型品种选选[J]. 陕西师范大学学报(自然科学版), 2002, 30(增刊): 152-156

(上接第 444 页)

- [12] Payne P I, Lawrence G J. Catalogue of alleles for the complex gene loci, *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* which code for high-molecular-weight subunits of gluten in hexaploid wheat [J]. Cereal Res Commun, 1983, 11: 29-35
- [13] 宋建民, 吴祥云, 刘广田, 等. 小麦品质的麦谷蛋白亚基评定标准研究[J]. 作物学报, 2003, 29(6): 829-834
- [14] Payne P I, Holt L M, Johnson R, et al. Linkage mapping of four gene loci, *Glu-B1*, *Gli-B1*, *Rgl* and *Yr10* on chromosome 1B of bread wheat[J]. Genet Agraria, 1986, 40: 231-242
- [15] Uauy C, Brevis J C, Chen X M, et al. High-temperature adult-plant (HTAP) stripe rust resistance gene *Yr36* from *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* is closely linked to the grain protein content locus *Gpc-B1* [J]. Theor Appl Genet, 2005, 112: 97-105
- [16] 李硕碧, 裴阿卫, 董宝云, 等. 1BL/1RS 易位系对陕西小麦品质育种的影响[J]. 麦类作物学报, 2005, 25(6): 40-43
- [17] William M, Singh R P, Huerta-Espino J, et al. Molecular marker mapping of leaf rust resistance gene *Lr46* and its association with stripe rust resistance gene *Yr29* in wheat [J]. Phytopathology, 2003, 93: 153-159
- [18] Lin F, Chen X M. Genetics and molecular mapping of genes for race-specific and all-stage resistance and non-specific high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat cultivar Alpowa [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114: 1277-1287
- [19] Huang X Q, Röder M S. High-density genetic and physical mapping of the powdery mildew resistance gene *Pm24* on chromosome 1D of wheat [C] // Proceedings 10th International Wheat Genetics Symposium, Instituto Sperimentale per la Cerealicoltura, Rome, Italy (Pogna N E, Romano N, Pogna E A, Galterio G eds.). 2003: 961-964
- [20] 张小村, 李斯深, 赵新华, 等. 小麦纹枯病抗性的 QTL 分析和抗病基因的分子标记[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(3): 276-279
- [21] McCartney C A, Somers D J, Humphreys D G, et al. Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452 × ‘AC Domain’ [J]. Genome, 2003, 48: 870-883
- [21] Börner A, Schumann E, Fürste A, et al. Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2001, 105: 921-936
- [22] Bultrich L, Appendino M L, Tranquilli G, et al. Mapping of a thermo-sensitive earliness per se gene on *Triticum monococcum* chromosome 1Am [J]. Theor Appl Genet, 2002, 105: 585-593

# 小麦骨干亲本碧蚂4号系谱品种HMW-GS组成分析

作者: 徐鑫, 李小军, 李秀全, 杨欣明, 刘伟华, 高爱农, 李立会, XU Xin, LI Xiao-jun, LI Xiu-quan, YANG Xin-ming, LIU Wei-hua, GAO Ai-nong, LI Li-hui  
作者单位: 中国农业科学院作物科学研究所/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京, 100081  
刊名: 植物遗传资源学报   
英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES  
年, 卷(期): 2010, 11(4)

## 参考文献(23条)

1. 李硕碧;裴阿卫;董宝云 1BL/1RS易位系对陕西小麦品质育种的影响[期刊论文]-麦类作物学报 2005(06)
2. Uauy C;Brevis J C;Chen X M High-temperature adult-plant (HTAP) stripe rust resistance gene Yr36 from Triticum turgidum asp.dicoccoides is closely linked to the grain protein content locus Gpc-B1 2005
3. Payne P I;Holt L M;Johnson R Linkage mapping of four gene loci, Glu-B1, Gli-B1, Rgl and Yr10 on chromosome 1B of bread wheat 1986
4. 宋建民;吴祥云;刘广田 小麦品质的麦谷蛋白亚基评定标准研究[期刊论文]-作物学报 2003(06)
5. 王瑾;廖祥政;杨学举 人工合成小麦Am3大穗多粒QTL的发掘与利用[期刊论文]-植物遗传资源学报 2008(03)
6. Ma Z Q;Zhao D M;Zhang C O Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized F2 populations 2007
7. Pestsova E;Roder M Microsatellite analysis of wheat chromosome 2D allows the reconstruction of chromosomal inheritance in pedigrees of breeding programmes[外文期刊] 2002(1)
8. Lorenzen L L;Boutin S;Young N Soybean pedigree analysis using map-based molecular markers: I. Tracking RFLP Markers in euhivars[外文期刊] 1995(5)
9. Russell J R;Ellis R P;Thomas W T B A retrospective analysis of spring barley germplasm development from 'foundation genotypes' to currently successful cuhivars 2000
10. 郭晋杰;陈景堂;祝丽英 基于玉米导入系群体的3个农艺性状QTL分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2009(01)
11. 庄巧生 中国小麦品种改良及系谱分析 2003
12. Payne P I;Law C N;Mudd E E Control by homologous group 1 chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm 1980
13. Bullrich L;Appendino M L;Tranquilli G Mapping of a thermes-sensitive earliness per se gene on Triticum monococcum chromosome 1Am[外文期刊] 2002(4)
14. Borner A;Schumann E;Furste A Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat(Triticum aestivum L.) 2001
15. McCartney C A;Somers D J;Humphreys D G Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452 × 'AC Domain' 2003
16. 张小村;李斯深;赵新华 小麦纹枯病抗性的QTL分析和抗病基因的分子标记[期刊论文]-植物遗传资源学报 2005(03)
17. Huang X Q;Roder M S High-density genetic and physical mapping of the powdery mildew resistance gene Pm24 on chromosome 1D of wheat 2003



18. [Lin F;Chen X M Genetics and molecular mapping of genes for race-specific and all-stage resistance and non-specific high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat cultivar Alpowa](#) 2007
19. [William M;Singh R P;Huerta-Espino J Molecular marker mapping of leaf rust resistance gene Lr46 and its association with stripe rust resistance gene Yr29 in wheat](#)[外文期刊] 2003(2)
20. [Payne P I;Lawrence G J Catalogue of alleles for the complex gene loci, Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1 which code for high-molecularweight subunits of glutenin in hexaploid wheat](#) 1983
21. [张玲丽;李秀全;杨欣明 小麦优良种质资源高分子量麦谷蛋白亚基组成分析](#)[期刊论文]-[中国农业科学](#) 2006(12)
22. [郑殿升 中国小麦生产上年种植面积超66.7万hm<sup>2</sup>的品种及其分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源科学](#) 2001(03)
23. [Payne P I;Holt L M;Wodan A J Structural and genetical studies on the high-molecular-weight subunits of wheat glutenin](#)[外文期刊] 1982

本文链接: [http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical\\_zwyczyxb201004010.aspx](http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201004010.aspx)