

# 青海省小麦品种阿勃高分子量麦谷蛋白遗传多样性

王晓辉<sup>1</sup>, 李凤珍<sup>2</sup>, 王丹<sup>1</sup>, 李高原<sup>1</sup>, 马晓岗<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>青海省农林科学院, 西宁 810016; <sup>2</sup>青海大学生态环境工程学院, 西宁 810016)

**摘要:** 为了研究小麦品种阿勃在青海省不同生态区种植的广适性, 本试验采用十二烷基硫酸钠聚丙烯酰胺凝胶电泳 (SDS-PAGE) 技术, 以青海省不同生态区 15 份阿勃为材料进行高分子量麦谷蛋白亚基 (HMW-GS) 的遗传多样性分析。结果表明: 阿勃 HMW-GS 的亚基组合类型有 8 种, 主要为 1/7 + 8/2 + 12; 有 11 种亚基, 各个亚基出现的频率范围 6.67% ~ 100%; *Glu-B1* 位点遗传多样性指数较大, 为 0.239; 供试材料群体间 GS 的变化范围为 0.35 ~ 1.00, 平均为 0.675, 所有阿勃聚为 3 类, 其中 13 份阿勃材料聚在第 I 类, 另 2 份分别聚在第 II 类和第 III 类, 说明在青海不同生态区本土种植保留下的阿勃 HMW-GS 遗传多样性丰富。

**关键词:** 小麦阿勃; 麦谷蛋白; 遗传多样性

## Genetic Diversity of HMW-GS in Wheat Abodanza from Qinghai

WANG Xiao-hui<sup>1</sup>, LI Feng-zhen<sup>2</sup>, WANG Dan<sup>1</sup>, LI Gao-yuan<sup>1</sup>, MA Xiao-gang<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Qinghai Academy of Agricultural and Forestry Science, Xining 810016;

<sup>2</sup>Ecological Environment Engineering College of Qinghai University, Xining 810016)

**Abstract:** In order to study the wide adaptation and detect the genetic diversity of Abodanza (*Triticum aestivum* L.) in different ecological areas of Qinghai, HMW-GS subunit compositions of 15 Abodanza materials were analyzed by SDS-PAGE. The results described that a total of 8 allele combinations were observed in the 15 Abodanza materials and the predominant type was 1, 7 + 8, and 2 + 12. There were 11 alleles on *Glu-1* locus with the frequencies varied from 6.67% to 100%. The *D* values of the *Glu-B1* loci were higher. The result showed that genetics similarities ranged from 0.35 to 1 with an average of 0.675. All materials were divided into 3 groups and 13 wheat Abodanza materials were clustered into the first group while another two materials were respectively clustered into the second group and the third group. These results indicated that Abodanza materials had abundant genetic diversity.

**Key words:** wheat Abodanza; HMW-GS; genetic diversity

小麦属于禾本科 (Poaceae) 小麦属 (*Triticum*), 是一种在世界各地广泛种植的禾本科植物, 在我国已有 4000 多年的栽培历史。春小麦品种阿勃 (*T. aestivum* L.) 原产于意大利, 20 世纪 50 年代引入我国, 自引进以来一直在青海省春麦区的水地和高位山旱地大面积种植<sup>[1]</sup>, 迄今仍为青海小麦产区的主栽品种之一。1949 年至今, 我国小麦品种经历了 4 ~ 5 次大的品种更换<sup>[2]</sup>, 然而青海省阿勃在经过长期高原干旱冷凉逆境生态的自然及人工选择下, 形成了青海省独特的阿勃强适应生态类型, 这种阿

勃现象在我国小麦产区也实属罕见。鉴于阿勃在高原地区强适应的优异特性, 本研究选取 15 份青海省不同生态区群众和生产部门自种自留的当地阿勃小麦种质材料, 利用 SDS-PAGE 技术, 研究不同生态区阿勃 HMW-GS 遗传多样性, 以期探讨和揭示阿勃在青海省广适性种植的原因, 并且为小麦种质资源的研究和利用提供依据。

麦谷蛋白是小麦种子的主要蛋白之一, 与醇溶蛋白一起称为贮藏蛋白, 是小麦及其亲缘植物的主要种子贮藏蛋白, 其组成不受发育时期生理条件及外界环

收稿日期: 2013-05-15 修回日期: 2013-07-03 网络出版日期: 2013-12-19

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20131219.1113.007.html>

基金项目: 作物种质资源保护项目 (NB2013-2130135-19); 青海省普通高等学校研究生创新研究项目 (青学委[2012])

第一作者研究方向为作物种质资源研究。E-mail: wysqhu053j@163.com

通信作者: 马晓岗, 研究方向为作物种质资源保护与利用。E-mail: mxg5988@sina.com

境因子的影响,其电泳带纹特征完全受基因控制,因此能真实地反映出基因表达上的差异。理想条件下六倍体普通小麦应该有 6 条 HMW-GS 表达,但是由于部分基因处于沉默或不表达状态,在 SDS-PAGE 电泳图谱上,大多数小麦品种只有 3~5 条带<sup>[3]</sup>。近 10 多年来,国内外已将麦谷蛋白和醇溶蛋白电泳分析应用到遗传育种和种子生产上,如品种鉴定、种子纯度检验、亲缘关系分析、异源种质鉴定等方面<sup>[4]</sup>,依据 HMW-GS 组成指导育种,可有效提高品质改良效率<sup>[5]</sup>。

# 1 材料与方法

## 1.1 材料

以 2011 年在青海省不同生态区收集的 15 份阿勃为供试材料,以小麦品种中国春为对照(表 1)。

表 1 试验材料

Table 1 Experimental materials

编号	幼苗习性	苗色	粒色	粒质	收集地点
Num-ber	Seedling type	Seedling color	Kernel color	Kernel texture	Collection site
CK	半匍匐	浅绿	红	半硬	
Q01	半匍匐	绿	红	软	平安县三合镇三合村
Q02	半匍匐	绿	红	半硬	平安县小峡乡柳湾村
Q03	半匍匐	绿	红	软	湟中县田家寨镇黄蒿台村
Q04	半匍匐	绿	红	半硬	海南共和县龙羊峡镇多隆沟村
Q05	半匍匐	绿	红	软	乐都县马厂乡马厂村
Q06	半匍匐	深绿	红	软	平安县平安镇上滩村
Q07	半匍匐	绿	红	硬	中期库保存近 20 年
Q08	半匍匐	绿	红	硬	贵德拉西瓦镇罗汉堂村
Q09	半匍匐	绿	红	半硬	海南贵德县新街乡陆切村
Q10	半匍匐	绿	红	软	尖扎县坎布拉镇杂吾昂村
Q11	半匍匐	深绿	红	半硬	民和县巴州镇下宣村
Q12	半匍匐	深绿	红	半硬	尖扎县种子站
Q13	半匍匐	深绿	红	软	尖扎县措周乡俄什佳村
Q14	匍匐	深绿	红	硬	乐都县亲仁乡晁家村
Q15	半匍匐	绿	红	软	黄南同仁县保安镇浪加村

## 1.2 方法

1.2.1 阿勃 HMW-GS 的提取 每份材料随机选取 50 粒种子构建群体,依据 A. M. Mackie 等<sup>[6]</sup>的 HMW-GS 提取方法研究群体内与群体间 HMW-GS。

1.2.2 SDS-PAGE 电泳 SDS-PAGE 电泳参照颜泽洪<sup>[7]</sup>的方法。用考马斯亮蓝染色 3 h,清水脱色 24 h,拍照保留<sup>[8-9]</sup>。

1.2.3 数据处理 利用 Gel 2.0<sup>[10]</sup> 软件识别出电泳条带,条带存在时赋值为 1,否则赋值为 0,将所有材料的麦谷蛋白带转换成 (0,1) 矩阵后,形成麦谷蛋白原始数据,再用 NTSYS 2.10 进行统计和聚类分析,用 M. Nei<sup>[11]</sup>的方法计算材料间的遗传相似系数。根据公式  $D = 1 - \sum P_i^2$  来计算 *Glu-1* 位点的多样性指数(Simpson 指数  $D$ ),式中  $P_i$  为种的个体数占群落中总个体数的比例。

# 2 结果与分析

## 2.1 阿勃群体间 HMW-GS 组成及分布

P. I. Payne 等<sup>[12]</sup>以中国春为标准对高分子量麦谷蛋白复等位基因给予了统一的基因符号和亚基谱带号码(图 1)。本研究所用的 15 份青海省不同生态区阿勃材料中,HMW-GS 组合类型为 1/7 + 8/2 + 12 共 13 份(Q01-Q11、Q13 和 Q15),出现频率为 86.67%;HMW-GS 组合类型为 Null/7 + 9/3 + 10 的 1 份(Q12),出现频率为 6.67%;HMW-GS 组合类型为 Null/7/3 + 10 的 1 份(Q14),出现频率为 6.67%,其中 *Glu-A1* 编码 1 和 Null 亚基,出现 2 个等位基因,*Glu-B1* 编码 7 + 8、7、7 + 9 共 3 种亚基,出现 3 个等位基因,*Glu-D1* 编码了 3 + 10 和 2 + 12 共 2 种亚基,出现 2 个等位基因(表 2)。

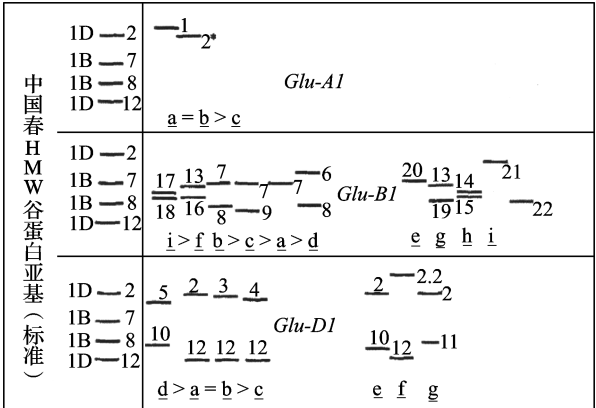


图 1 高分子量谷蛋白亚基中等位基因的变异

Fig. 1 Allelic variation at the HMW-glutenin subunits at the three gene loci

表 2 阿勃群体间 HMW-GS 等位变异

Table 2 HMW-GS alleles of Abodanza materials among groups		
材料	亚基组合类型	出现频率(%)
Materials	Subunit composition	Variation frequency
Q01-Q11、Q13、Q15	1/7 + 8/2 + 12	86.67
Q12	Null/7 + 9/3 + 10	6.67
Q14	Null/7/3 + 10	6.67

2.2 阿勃材料群体间 *Glu-1* 位点 HMW-GS 的类型及其分布频率

15 份阿勃材料中,出现 7 种 HMW-GS 类型。*Glu-A1* 位点上 1 亚基出现频率为 86.67%,较 Null 亚基(13.30%)高出许多。*Glu-B1* 位点上 7 + 8 亚基类型出现频率最高为 86.67%,7 亚基和 7 + 9 亚基类型出现频率为 6.67%,仅在 1 份材料中出现。*Glu-D1* 位点上,2 + 12 亚基类型出现频率为 86.67%,13 份材料均有出现。3 + 10 亚基类型出现频率为 13.33%,2 份材料中出现(图 2、表 3)。

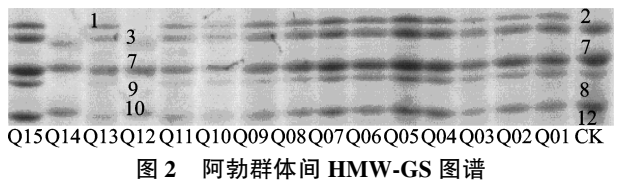


图 2 阿勃群体间 HMW-GS 图谱

Fig. 2 HMW-GS patterns of Abodanza materials among groups

表 3 阿勃群体间 HMW-GS 的亚基分布频率

Table 3 The HMW-GS frequencies of Abodanza materials among groups				
位点	等位变异	亚基	出现频率(%)	多样性指数
Loci	Allele	Subunit	Frequency	D
<i>Glu-A1</i>	a	1	86.67	0.231
	b	Null	13.33	
<i>Glu-B1</i>	a	7	6.67	0.239
	b	7 + 8	86.67	
	c	7 + 9	6.67	
<i>Glu-D1</i>		2 + 12	86.67	0.231
		3 + 10	13.33	
<i>Glu-1</i>				0.239

由表 3 还可知, *Glu-A1*、*Glu-B1*、*Glu-D1* 3 个位点的 Simpson 指数(*D*)分别为 0.231、0.239、0.231,平均值为 0.234。可以看出,3 个位点中 *Glu-B1* 位点遗传多样性最丰富,*Glu-A1* 和 *Glu-D1* 位点遗传多样性相同。15 份阿勃材料群体间 *Glu-1* 位点组成的 Simpson 指数(*D*)为 0.239。

2.3 阿勃群体内麦谷蛋白等位变异

15 个阿勃群体中,9 个阿勃群体内 HMW-GS 类型(Q1 ~ Q5、Q9 ~ Q11 和 Q15)均为 1/7 + 8/2 + 125 条带亚基类型,无麦谷蛋白等位变异(图 3)。6 个阿勃群体内均有 HMW-GS 等位变异的发生,群体内 HMW-GS 组合类型变异幅度为 4.00% (Null/7 + 8/2 + 12) ~ 84.00% (Null/7/3 + 10)(图 4 和表 4)。与群体间亚基类型相比较, HMW-GS 亚基类型有所增加,新出现了 2 \*、2 + 10、3 + 12、12 共 4 个亚基。Simpson 指数(*D*)变化范围是 0.077 ~ 0.650(表 4),与群体间 Simpson 指数(*D*)0.239 相比较,材料 Q06、Q12、Q13、Q14 4 份材料群体内有更丰富的多样性。

2.4 供试阿勃小麦种质材料 HMW-GS 聚类分析

15 份阿勃群体间的聚类结果见图 5。由图可知,材料群体间 GS 的变化范围为 0.35 ~ 1.00,平均为 0.675;使用 Gel 2.0 和 NTSYS 软件进行聚类分析,在 GS 为 0.90 处所有供试材料聚为 3 类:第 I 类包括 13 份阿勃材料;第 II 类包括的 1 份阿勃材料为收集自青海省尖扎种子站的 Q12;第 III 类包括的 1 份材料为收集自青海省乐都县亲仁乡晁家村的 Q14。13 份阿勃在 GS 为 1.00 时聚在第 I 类,表明 13 份阿勃 HMW-GS 遗传多样性未发生变异;Q12 和 Q14 与第 I 类材料相聚较远,可能是在长期的栽培过程中,由于种植环境和人为选择而造成这一结果。

3 讨论

研究表明,我国小麦地方品种在 *Glu-1* 位点组成较单一,主要为 Null/7 + 8/2 + 12 亚基组合类型,遗传多样性不够丰富<sup>[13]</sup>。而本研究发现青海省不

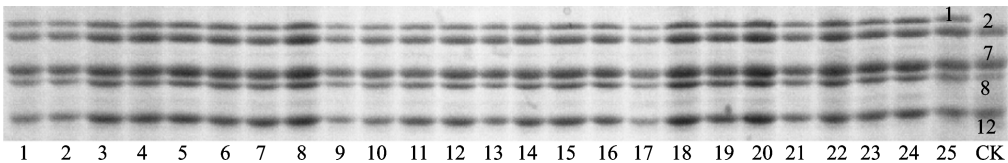


图 3 青海乐都阿勃(Q05)群体内的部分 HMW-GS 谱带

Fig. 3 HMW-GS patterns of some Abodanza materials lines from Ledu, Qinghai

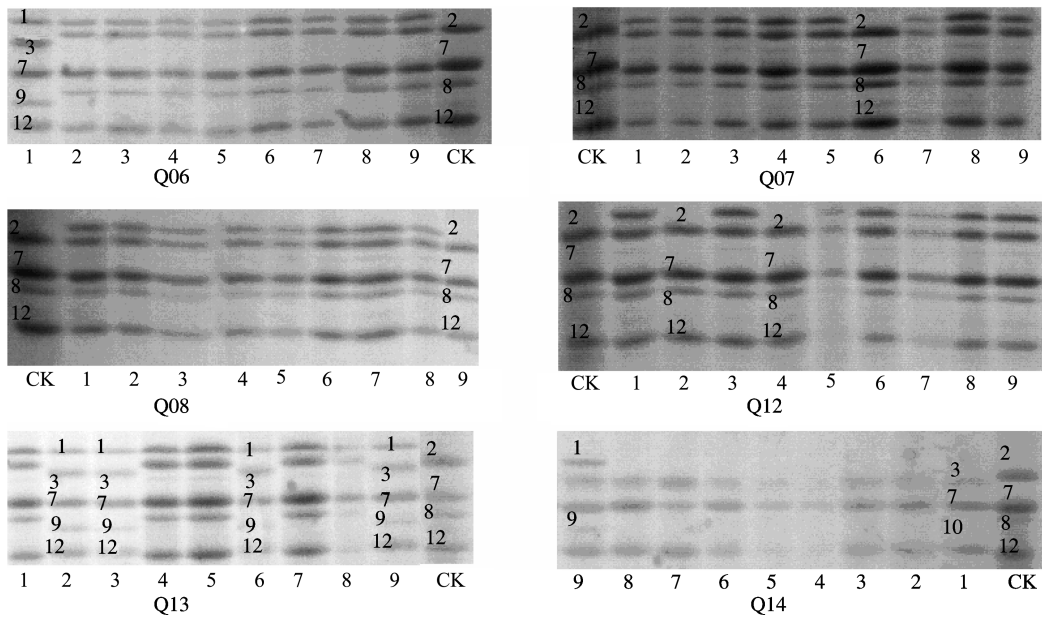


图 4 Q06、Q07、Q08、Q12、Q13 和 Q14 群体内的部分 HMW-GS 谱带

Fig. 4 HMW-GS patterns of some Abodanza materials lines including Q06, Q07, Q08, Q12, Q13, and Q14

表 4 阿勃群体内 HMW-GS 等位变异

Table 4 HMW-GS alleles of Abodanza materials group			
材料 Materials	亚基组合类型 Subunit composition	变异频率(%) Variation frequency	多样性指数 D
Q06	Null/7 + 9/2 + 10	12.00	0.442
	1/7 + 9/3 + 12	16.00	
Q07	Null/7 + 8/2 + 12	8.00	0.147
Q08	Null/7 + 8/2 + 12	4.00	0.077
Q12	Null/7 + 8/2 + 12	20.00	0.403
	Null/7 + 9/3 + 10	8.00	
Q13	1/7 + 9/3 + 12	44.00	0.650
	2*/7 + 9/12	28.00	
Q14	Null/7/3 + 10	84.00	0.267
	1/7 + 9/3 + 10	16.00	

同来源的阿勃含有丰富的 HMW-GS 等位基因,多达 11 种。在 *Glu-1* 位点共发现了 8 种不同的亚基组合形式,其中 1、7 + 8 和 2 + 12 是优质亚基,其亚基频率均为 86.67%,高于中国小麦地方品种中 7 + 8 亚基的频率(81.70%);而 2 + 12 的亚基频率亦高于中国小麦地方品种中 2 + 12 的亚基频率<sup>[14]</sup>。在 *Glu-A1* 位点优质亚基(1)的频率和 *Glu-D1* 位点优质亚基(2 + 12)的频率均为 86.67%,远远高于全国地方品种中的优质亚基频率(13.0%和 7.0%)<sup>[15]</sup>,在 *Glu-B1* 位点优质亚基(7 + 8)的频率为 86.67%,

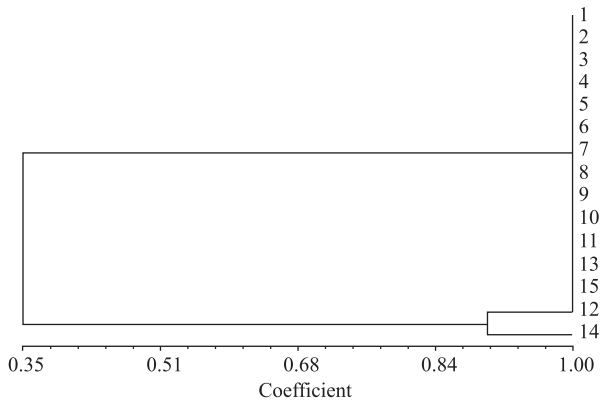


图 5 15 份阿勃材料的 HMW-GS 聚类图

Fig. 5 The clusters of 15 Abadanza materials based on HMW-GS band patterns

亦高于全国优质亚基的频率(76.50%)。刘琦等<sup>[16]</sup>对青海省 71 份小麦品种的 HMW-GS 进行 SDS-PAGE 研究发现, *Glu-A1* 和 *Glu-D1* 位点上的优质亚基频率显著提高,本试验结果与其一致。丰富的优质亚基组合和较高的优质亚基利用频率可能是小麦品种阿勃在青海省具有广泛的适应性和良好的丰产性、历经 60 多年经久不衰的主要原因之一。

金广慧等<sup>[17]</sup>对 107 份小麦材料研究发现在 *Glu-B1* 位点亚基 6 + 8、20 和 7 + 8 出现的频率最高,而在本试验中亚基 7 + 8 出现频率最高。在 *Glu-B1* 位点有 3 种等位变异,均高于 *Glu-A1* 和 *Glu-D1* 的 2 种等位变异,这与前人试验结果一致<sup>[18]</sup>。丛花等<sup>[19]</sup>对源自新疆地区的 282 份小麦研究发现 Null/7 +



8/2 + 12 为优质亚基组合类型,本试验中阿勃的优质亚基组合为 1/7 + 8/2 + 12,初步判断可能是阿勃在青海省长期适应过程中经过自然和人工选择形成的特定亚基组合。

本研究发现青海省不同生态区阿勃小麦材料中富含丰富的 1/7 + 8 和 2 + 12 优质亚基,此外 1 份阿勃材料中出现了 Null/7 + 9/3 + 10 的亚基组合类型,1 份材料中出现了 Null/7/3 + 10 的亚基组合类型,说明阿勃在保持稳定遗传的同时又有一定程度的变异,为其适应不同的环境提供较丰富的基因源并保持了自身的稳定性,这也是阿勃在青海省广适性强的一个可能原因。阿勃之所以在青海历经数十载,5 ~ 6 代的品种更替,仍然能保持极强的广适性和持久性,还有其较深层次的原因。鉴于本研究的局限性,只从高分子量麦谷蛋白一个方面做了初步的研究和结论,从本质上彻底揭示阿勃广适性原因还有待于从农家保护、阿勃抗逆性及分子方面做进一步的研究工作。

#### 参考文献

- [1] 巩爱歧. 青海省农作物种子标准汇编[M], 1 版. 青海: 青海省种子管理站, 2007: 342-343
- [2] 张嘉楠, 昌小平, 郝晨阳, 等. 北方冬麦区小麦抗旱种质资源遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(3): 253-259
- [3] 刘胜利, 曾兴权, 王亚娟, 等. 西藏野生小麦高分子量麦谷蛋白亚基遗传多样性分析[J]. 西北农业学报, 2010, 19(4): 51-57
- [4] 赵继新, 武军, 陈新宏, 等. 几种小麦族亲缘植物麦谷蛋白和醇溶蛋白研究[J]. 河北农业大学学报, 2008, 31(6): 1-6
- [5] 徐鑫, 李小军, 李秀全, 等. 小麦骨干亲本碧蚂 4 号系谱品种 HMW-GS 组成分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(4): 439-444, 450
- [6] Mackie A M, Lagudah E S, Sharp P J, et al. Molecular and biochemical characterization of HMW glutenin subunits from *T. tauschii* and the D genome of hexaploid wheat[J]. Cereal Sci, 1996, 23: 213-225
- [7] 颜泽洪. 粗山羊草高分子量麦谷蛋白新型亚基的筛选和克隆[J]. 四川农业大学学报, 2001, 19(3): 197-199
- [8] 曾兴权, 次仁卓嘎, 次珍, 等. 西藏小麦品种资源高分子量麦谷蛋白亚基组成及其与蛋白质含量和沉淀值的关系[J]. 麦类作物学报, 2005, 27(2): 250-254
- [9] 朱炎辉, 吉万全, 王亚娟, 等. 西南冬麦区地方品种 HMW-GS 遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(4): 401-405
- [10] 赵伟, 邵景侠, 张改生. 麦醇溶蛋白技术在杂交小麦种子纯度鉴定中的应用[J]. 麦类作物学报, 2007, 27(2): 223-225
- [11] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1973, 70(12): 3321-3323
- [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 the high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat[J]. Cereal Res Commun, 1983, 11: 29-35
- [13] 陈晓杰, 吉万全, 王亚娟. 新疆冬春麦区小麦地方品种贮藏蛋白遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(4): 522-528
- [14] 张学勇, 庞斌双, 游光霞, 等. 中国小麦品种资源 *Glu-1* 位点组成概况及遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2002, 35(11): 1302-1310
- [15] 董永梅, 杨欣明, 柴守诚, 等. 中国小麦代表性地方品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析[J]. 麦类作物学报, 2007, 27(5): 820-824
- [16] 刘琦, 张怀刚, 刘宝龙, 等. 青海省审定的小麦品种高分子量麦谷蛋白亚基遗传多样性研究[J]. 新疆农业科学, 2010, 47(11): 2121-2127
- [17] 金广慧, 杜向红, 谭秀芳, 等. 硬粒小麦和野生二粒小麦高分子量麦谷蛋白亚基的遗传多样性[J]. 麦类作物学报, 2010, 30(2): 227-232
- [18] Degaonkar A M, Tamhankar S A, Rao V S. An assessment of cultivated emmer germplasm for gluten proteins[J]. Euphytica, 2005, 145: 49-55
- [19] 丛花, 池田达哉, 王宏飞, 等. 新疆小麦地方品种资源高分子量麦谷蛋白亚基(HMW-GS)的遗传多样性组成分析[J]. 农业生物技术学报, 2009, 17(6): 1070-1074