

裸燕麦子粒性状的 QTL 分析

宋高原¹, 霍朋杰¹, 吴 斌¹, 张宗文^{1,2}

(¹中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; ²CAAS-Bioversity 农业生物多样性研究与发展中心, 北京 100081)

摘要:以六倍体裸燕麦 578(大粒品种)和三分三(小粒品种)为亲本进行杂交, 构建包含 202 个家系的 F₂ 遗传作图群体。由 172 个 SSR 标记构建出包含 21 个连锁群的遗传连锁图谱。采用复合区间作图对子粒性状进行 QTL 定位, 共检测到 17 个控制子粒长度、宽度、千粒重的 QTL 位点。其中, 6 个与子粒长度相关的 QTL 位点表型的贡献率为 0.70% ~ 12.83%, 5 个与子粒宽度相关的 QTL 位点表型的贡献率为 0.77% ~ 12.92%, 6 个与子粒千粒重相关的 QTL 位点表型的贡献率为 0.58% ~ 10.64%。在这些 QTLs 中有 4 个的贡献率达到了 10% 以上, 分别是与子粒长有关的 *qGL-2* (12.83%)、与子粒宽有关的 *qGW-5* (12.92%) 以及与千粒重有关的 *qTGW-3* (10.64%) 和 *qTGW-4* (10.05%), 被认为是主效基因所在位点。而且 *qGL-2* 和 *qTGW-4* 位于连锁群的相同位置上。还发现第 3 号连锁群上 AM1089 ~ AM1512 区段分别与子粒长度、宽度和千粒重相关, 同时 3 号连锁群 AM86-2 ~ AM1044 区间分别与子粒长度和千粒重相关, 而位于第 21 号连锁群 AM3217 ~ AM965 区段分别与子粒宽度和千粒重相关。这一研究为燕麦子粒性状的深入研究和相关标记开发以及分子辅助选择研究奠定了基础。

关键词: 燕麦; 子粒性状; QTL; 主效基因

Study on QTLs for Grain Traits in Hexaploid Naked Oat

SONG Gao-Yuan¹, HUO Peng-Jie¹, WU Bin¹, ZHANG Zong-Wen^{1,2}

(¹Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; ²CAAS-Bioversity Centre of Excellence for Agrobiodiversity Research and Development, Beijing 100081)

Abstract: The F₂ mapping population including 202 lines derived from the cross between 578 (large grain) and Sanfensan (small grain) were used in present study. A genetic linkage map covering 21 linkage groups (LG) was created with 172 SSR markers. The method of CIM was used to detect QTLs related with grain traits. A total of 17 QTLs were identified, of which 6 for grain length (GL) explaining 0.70% - 12.83% of the phenotypic variation, 5 for grain width (GW) explaining 0.77% - 12.92% of the phenotypic variation, 6 for 1000-grain weight (TGW) explaining 0.58% - 10.64% of the phenotypic variation. Four QTLs with over 10% contribution to phenotypic variation were considered as major genes, i. e. *qGL-2* (12.83%) for grain length, *qGW-5* (12.92%) for grain width, *qTGW-3* (10.64%), and *qTGW-4* (10.05%). It was interested that *qGL-2* and *qTGW-4* were located the same location of the linkage group. In addition, we detected that the interval between AM1089 and AM1512 on linkage group 3 was associated with the grain length, grain width, and 1000-grain weight. Meanwhile, the interval between AM86-2 and AM1044 on linkage group 3 was related to the grain length and 1000-grain weight, and the interval between AM3217 and AM965 was relative with the grain width and 1000-grain weight. The outputs of this research would pave the way for studying oat grain traits and developing marker assistant selection for naked oats.

Key words: oat; grain traits; QTL; major genes

收稿日期: 2014-03-13 修回日期: 2014-04-15 网络出版日期: 2014-08-07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140807.1021.015.html>

基金项目: 农作物种质资源保护专项 (NB2012-2130135-25-06); 国家燕麦荞麦产业体系 (CARS-08-A-3); 科技支撑项目 (2013BAD01B05-2); 中国农业科学院科技创新工程

第一作者主要从事燕麦种质评价研究。E-mail: songgycaas@163.com

通信作者: 张宗文, 主要从事燕麦种质评价研究。E-mail: z. zhang@cgiar.org

裸燕麦又称莠麦 (*Avena nuda* L.) 起源于我国^[1], 种质资源十分丰富。裸燕麦营养丰富, 蛋白质含量高达 15% 以上, 并含有多种有益成分^[2], 受到人们的广泛青睐。但是裸燕麦产量较低, 一直是种植推广的主要限制因素, 提高裸燕麦产量是育种的首要目标。构成裸燕麦的产量因子主要有粒重、每穗粒数、每株穗数, 而粒重主要取决于子粒的大小和形状, 其主要性状是子粒长度、宽度和千粒重等, 这些性状不仅影响裸燕麦子粒的重量, 同时还影响外观品质和加工品质。

近些年来, 基于遗传连锁图谱对燕麦的数量性状进行 QTL 定位, 为燕麦的研究提供了新的途径, 取得的研究成果为燕麦的遗传育种和性状改良提供了有力支撑。1997 年 S. C. K. Milach 等^[3]用 4 个均含有不同矮秆基因的亲本 OT207、NC2469-3、AV17/3/10、AV18/2/4 与高秆亲本 Kanota 杂交构建了 4 个 F₂ 群体, 然后分别进行燕麦株高 QTL 定位, 发现了 4 个与株高相关的主效 QTL 位点。2003 年 S. Zhu 等^[4]用 152 个 F₆ (Ogle × MAM17-5) 群体对燕麦的大麦黄矮病进行 QTL 分析, 发现了 4 个 QTL 位点与该性状有关, 分别分布在 1、4、7、24 号连锁群上。2004 年 D. L. Koeyer 等^[5]用皮燕麦 Terra 和裸燕麦 Marion 杂交, 对 F₆ 后代群体的 16 个相关农艺性状进行 QTL 定位, 共发现 34 个主效 QTLs, 主要包括产量、粒重、倒伏、开花期、β-葡聚糖含量、脂肪含量、蛋白质含量等。2005 年 C. P. Wright 等^[6]用 4 个 F_{2,3} 群体对燕麦的抗冠锈病基因 *Pc38*、*Pc39*、*Pc48* 进行 QTL 定位, 分别发现 3 个与 *Pc39*、10 个与 *Pc38* 相关的标记, 为相关基因的克隆奠定了基础。2011 年 C. A. McCartney 等^[7]以 F₇ (Soli-Fi × HiFi) 群体对抗冠锈病基因 *Pc91* 进行定位并成功开发了 5 个与该基因紧密连锁的 SCAR 标记。2010 年 P. Tanhuanpää 等^[8]用 DH 群体, 对燕麦的株高、单产、脂肪含量、蛋白质含量等 10 个农艺性状进行 QTL 定位, 分别发现 1~8 个与各个农艺性状相关的 QTL 位点, 包括 2 个与产量相关的 QTLs, 4 个与千粒重相关的 QTLs, 同时还发现 2 个与燕麦叶斑病相关的 QTLs。2012 年 C. N. Itamar 等^[9]利用 2 个 RIL 群体对燕麦的花期进行 QTL 定位, 分别发现 7 个和 11 个与花期相关的 QTLs。2012 年 V. Mohler 等^[10]用 F₃ 群体 (Kanota × Rollo) 对燕麦抗白粉病基因 *Eg-3* 进行定位, 确定了 1 个 AFLP 标记与该基因紧密连锁。2001 年 S. Groh 等^[11]用 2 个 RIL 群体对燕麦的子粒长度、宽度、千粒重等进行 QTL 定位研究, 分别

发现 1~5 个 QTLs。

与国外相比, 国内对燕麦数量性状基因定位研究起步较晚, 尤其是对燕麦子粒相关性状的 QTL 研究还未见报道。本试验以 578 和三分三为亲本进行杂交, 构建了包含 202 个家系的 F₂ 遗传作图群体, 通过对燕麦子粒长度、宽度和千粒重等子粒性状的 QTL 定位研究, 为发掘其相关基因、开发相关分子标记和开展分子标记辅助选择研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 F₂ 群体的构建

选用河北坝上农科所育成品种 578 (大粒) 为父本和来自山西的农家品种三分三 (小粒) 为母本进行杂交获得 F₁, 种植 F₁ 并收获单株的全部种子, 然后种植 F₁ 形成包含有 202 个家系的 F₂ 群体。

1.2 F₂ 群体表型鉴定

于 2011 年 3 月份在北京延庆播种, 共 202 株, 行距 35 cm, 株距 25 cm。同年 8 月份收获, 每株分 3 次, 随机挑选 50 粒种子, 采用加拿大 Regent 仪器公司的 WinSEEDLE 软件和配套扫描仪, 分别对每粒种子的长度、宽度进行测量, 然后取其平均数进行分析。每个家系分 3 次随机选取 100 粒种子称重, 每 2 次称重的误差不能超过 0.2 g, 取其平均数换算成千粒重进行分析。

1.3 DNA 的提取及 SSR 基因型分析

苗期分别取亲本和 F₂ 群体各单株新鲜叶片, 于 -80℃ 冷冻保存。采用 CTAB 法^[12] 提取亲本和 F₂ 群体各单株 DNA。

SSR 引物由本实验室的吴斌博士开发设计^[13], 利用 3400 对 SSR 引物对亲本 578 和三分三进行全基因组多态性筛选, 共筛选出 201 对具有多态性的 SSR 引物, 用于群体基因型检测。PCR 扩增采用 20 μL 体系, 含有 DNA 模板 1 μL、10 × buffer 2 μL、2.5 mmol/L dNTP 1.6 μL、2.5 U/L *Taq* DNA 聚合酶 0.4 μL、10 μmol/L 双向引物各 0.6 μL、ddH₂O 13.8 μL。PCR 反应程序为 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 60 s, 30 个循环, 72℃ 延伸 10 min, 4℃ 保存。PCR 扩增产物在 8% 非变性聚丙烯酰胺上电泳检测, 然后银染显色。

1.4 数据分析

采用 SAS 9.1 软件对子粒的长度、宽度和千粒

重进行方差分析,显著水平为 0.01。SSR 为共显性标记,标记类父本记 A,类母本记 B,杂合状态记 H,缺失或者带型模糊不清的记作 -。首先对分离数据进行 χ^2 检验分析,确定是否符合孟德尔分离比。采用 JoinMap 4.0 进行遗传连锁图谱的构建^[14],利用软件 Windows QTL Cartographer 2.5 进行 QTL 定位分析^[15],QTL 定位 LOD 值选为 2.5。

2 结果与分析

2.1 亲本及 F₂ 群体的性状表现

父本 578 子粒平均长度为 10.42 mm、宽度为 2.43 mm,属于大粒,千粒重为 30.467 g;母本三分三子粒平均长度为 7.54 mm、宽度为 2.26 mm,属于小粒,千粒重为 15.94 g。两亲本在子粒长度、宽度、千粒重间均存在显著差异。

F₂ 群体中,子粒长度的变异范围为 6.04 ~ 8.385 mm,多数介于两亲本之间,少数个体表型差于母本。偏度为 -0.616,偏正态分布,表型倾向于大粒品种。子粒宽度的变异范围为 1.813 ~ 2.356 mm,峰度和偏度分别为 0.183 和 -0.214,基本符合正态分布。子粒千粒重的变异范围为 12.88 ~ 23.873 g,峰度和偏度分别为 0.206 和 -0.13,基本符合正态分布(图 1)。子粒长度和宽度与子粒千粒重均为极显著正相关,相关系数分别为 0.734 和 0.768。子粒长度和宽度极显著正相关,相关系数为 0.611。

2.2 遗传连锁图谱的构建

从 3400 对引物中筛选出 232 对 SSR 多态性引物,用于分离群体的基因型鉴定,有 36 对 SSR 引物无多态性或在群体中存在严重偏分离,约占 15.52%,将这部分引物淘汰。有 21 对引物有 2 处多态性,约占 9.05%,最终获得 217 个多态性标记。通过 JoinMap 4.0 软件分析构建了包括 172 个 SSR 标记、覆盖 1643.81 cM、由 21 个连锁群组成的遗传连锁图。最大的连锁群上含有 22 个 SSR 标记,最小的连锁群上有 2 个 SSR 标记,每个连锁群平均约有 8.18 个标记。连锁群上两标记间的最小图距为 0.53 cM,最大图距为 46.08 cM,两标记间的平均图距为 9.56 cM,符合 QTL 作图要求。

2.3 QTL 定位分析

用软件 WinQTL Cart 2.5 中的复合区间作图(CIM, composite interval mapping)功能,取 LOD 临界值为 2.5,对子粒性状包括长度、宽度和千粒重进行 QTL 定位,共检测到 17 个 QTL 位点,分布在第 1、3、

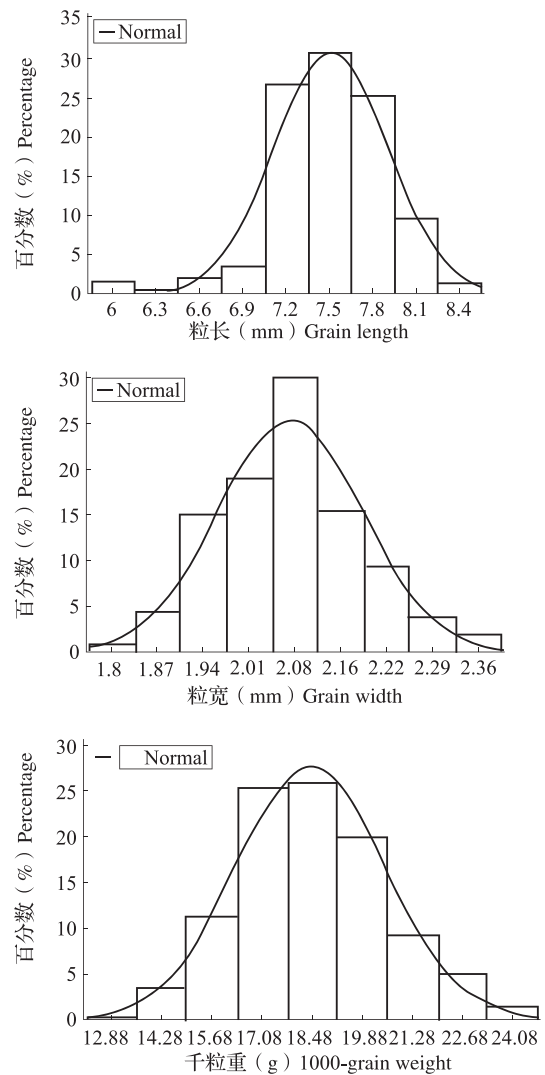


图 1 F₂ 群体中子粒长度、宽度及千粒重表型分布
Fig. 1 Frequency distributions of the grain length, grain width, and 1000-grain weight in F₂ population

6、9、21 号连锁群上(图 2,表 1)。其中与子粒长度相关的 6 个 QTL 分别为 *qGL-1*、*qGL-2*、*qGL-3*、*qGL-4*、*qGL-5*、*qGL-6*;与子粒宽度相关的 5 个 QTL 分别为 *qGW-1*、*qGW-2*、*qGW-3*、*qGW-4*、*qGW-5*;与子粒千粒重相关的 6 个 QTL 分别为 *qTGW-1*、*qTGW-2*、*qTGW-3*、*qTGW-4*、*qTGW-5*、*qTGW-6*。

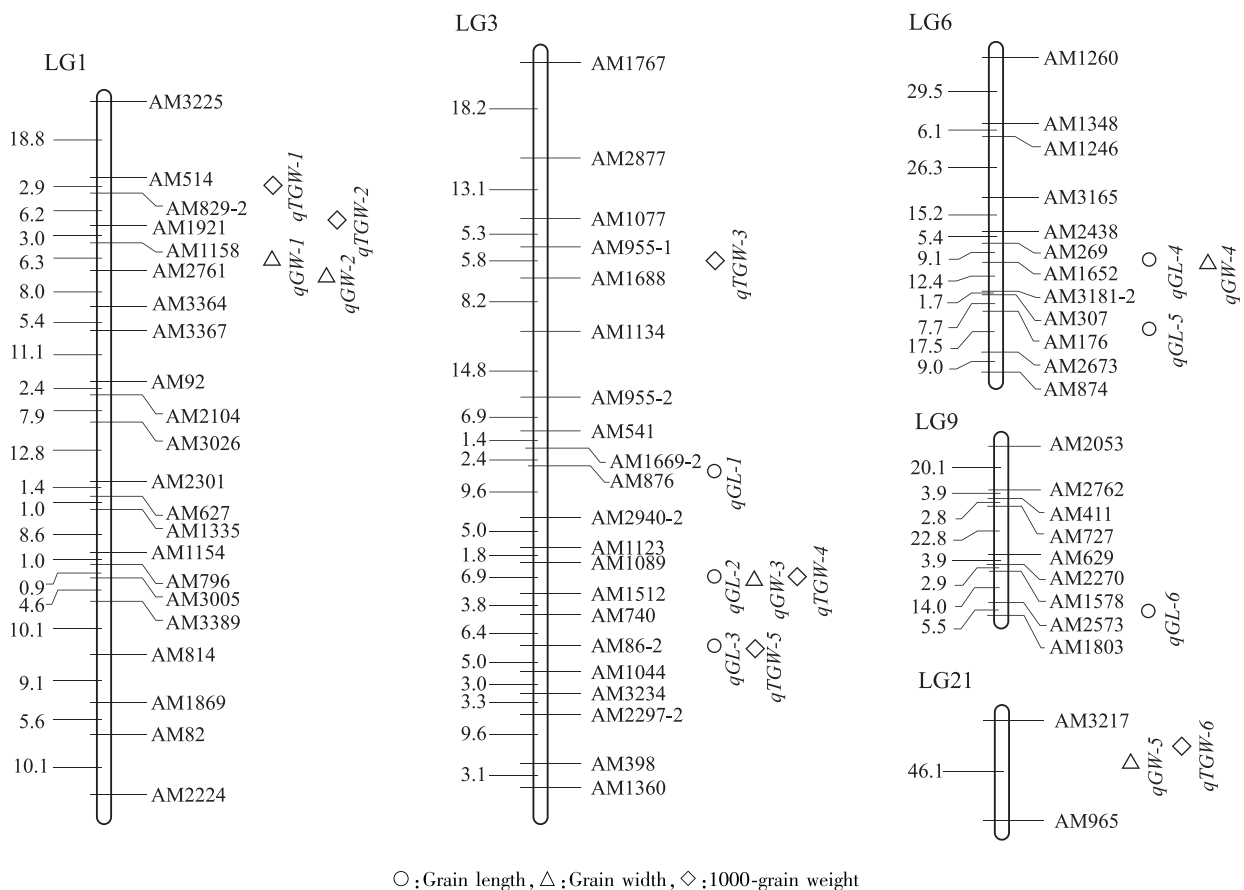
2.3.1 子粒长度 与子粒长度相关的 QTL 位点(图 2、表 1)分别分布在第 3 连锁群(*qGL-1*、*qGL-2*、*qGL-3*)、LG6(*qGL-4*、*qGL-5*)、LG9(*qGL-6*)。其中 *qGL-2* 位于第 3 连锁群上 AM1089 ~ AM1512 之间,对子粒长度的表型贡献率为 12.83%,其加性效应和显性效应分别为 0.2338 和 -0.0312,为主效 QTL 位点。*qGL-1* 在第 3 连锁群上与标记 AM876 的位置重合,对表型的贡献率为 4.26%。*qGL-3*、*qGL-4*、

$qGL-5$ 和 $qGL-6$ 对子粒长度的表型贡献率分别为 0.70%、3.50%、9.12% 和 9.61%。

2.3.2 子粒宽度 与子粒宽度相关的 QTL 位点(图 2、表 1)分别分布在 1 号连锁群($qGW-1$ 、 $qGW-2$)、3 号连锁群($qGW-3$)、6 号连锁群($qGW-4$)、21 号连锁群($qGW-5$)。其中 $qGW-5$ 位于第 21 号连锁群 AM3217 ~ AM965 之间,对子粒宽度的贡献率为 12.92%,其加性效应和显性效应分别为 0.0474 和 -0.0319,为主效基因所在位置。其余 4 个 QTL 位点 $qGW-1$ 、 $qGW-2$ 、 $qGW-3$ 、 $qGW-4$ 对表型的贡献率分别为 6.58%、4.19%、9.61%、0.77%。

2.3.3 子粒千粒重 与子粒千粒重相关的 QTL 位

点(图 2、表 1)分别分布在 1 号连锁群($qTGW-1$ 、 $qTGW-2$)、3 号连锁群($qTGW-3$ 、 $qTGW-4$ 、 $qTGW-5$)和 21 号连锁群($qTGW-6$),其中 $qTGW-3$ 、 $qTGW-4$ 位于第 3 连锁群上 AM955-1 ~ AM1688 和 AM1089 ~ AM1512 之间,对表型的贡献率分别为 10.64% 和 10.05%,2 个 QTL 位点的加性效应分别为 0.7337、0.9250,显性效应分别为 -0.5546 和 -0.2341,均为主效 QTLs 所在位置。 $qTGW-2$ 的位置与 1 号连锁群上标记 AM1921 位置重合,该位点对表型的贡献率为 0.77%。 $qTGW-1$ 、 $qTGW-5$ 、 $qTGW-6$ 对子粒千粒重的表型贡献率分别为 4.67%、0.58% 和 9.10%。



○: Grain length, △: Grain width, ◇: 1000-grain weight

图 2 燕麦子粒性状 QTL 定位分布

Fig. 2 Distribution of QTLs for grain traits on oat genetic linkage map

3 讨论

本研究构建了一张与六倍体裸燕麦子粒性状相关的遗传连锁图谱,图谱总长度为 1643.81 cM,包含 21 个连锁群,标记间的平均距离为 9.56 cM。图谱覆盖长度约占燕麦基因组总长度的 57% (L. S. O' Donoughue 等^[16]估计燕麦图谱总长度约 2900 cM)。与前人研究相比,其图谱能覆盖相对较长的长度,大

于 S. Zhu 等^[17]所构建的图谱,其图谱覆盖 1396.7 cM,包含 28 个连锁群;大于 V. A. Portynako 等^[18]构建的图谱,其覆盖 1509 cM,包含 30 个连锁群;也大于徐微等^[19]构建的裸燕麦遗传连锁图谱,其覆盖 1544.8 cM,包含 19 个连锁群。本图谱小于 C. P. Wright 等^[6]所构建图谱,其长度为 1890 cM,包含 28 个连锁群;与 P. Tanhuanpä 等^[8]构建的图谱相当,其图谱覆盖 1688 cM,包含 34 个连锁群。本图谱部分

表 1 子粒长度、宽度和千粒重 QTL 分析

Table 1 QTL analysis of the grain length, grain width, and 1000-grain weight

子粒性状	QTL 名称	连锁群	LOD 值	加性效应	显性效应	贡献率 (%)
Grain trait	QTL name	Linkage group	LOD score	Additive	Dominance	PVE
子粒长度 Grain length	<i>qGL-1</i>	LG3	2.7963	0.0221	-0.1675	4.26
	<i>qGL-2</i>	LG3	6.5053	0.2338	-0.0312	12.83
	<i>qGL-3</i>	LG3	4.3234	-0.1357	-0.3784	0.70
	<i>qGL-4</i>	LG6	4.3682	-0.2458	-0.1253	3.50
	<i>qGL-5</i>	LG6	5.3039	0.2005	0.0347	9.12
	<i>qGL-6</i>	LG9	3.3244	0.2260	0.0212	9.61
子粒宽度 Grain width	<i>qGW-1</i>	LG1	2.6196	-0.0463	-0.0008	6.58
	<i>qGW-2</i>	LG1	2.5587	-0.0625	-0.0251	4.19
	<i>qGW-3</i>	LG3	3.8831	0.0476	-0.0175	9.61
	<i>qGW-4</i>	LG6	4.2412	-0.0354	-0.0750	0.77
	<i>qGW-5</i>	LG21	3.7646	0.0474	-0.0319	12.92
千粒重 1000-grain weight	<i>qTGW-1</i>	LG1	3.0113	-0.7516	-0.0911	4.67
	<i>qTGW-2</i>	LG1	2.7531	-0.4098	-1.0948	0.77
	<i>qTGW-3</i>	LG3	3.5139	0.7337	-0.5546	10.64
	<i>qTGW-4</i>	LG3	4.8166	0.9250	-0.2341	10.05
	<i>qTGW-5</i>	LG3	4.3370	-1.2163	-1.5113	0.58
	<i>qTGW-6</i>	LG21	2.8342	0.7004	-0.8608	9.10

标记间的距离略大,这可能和标记数量不足有关,同时也可能在此区段染色体片段缺少多样性。连锁群上所有的 172 个位点中,有 44 个位点不符合孟德尔分离比例(0.01 的显著水平),约占 26%。这可能和群体数量有关或由所选用的亲本材料在遗传上的差异引起。同时也可能是受到孢子和配子选择以及环境的影响,如在授粉期间的高温作用等^[20-21]。但标记间的平均距离小于 10 cM,符合 QTL 定位的基本要求。前人研究中多使用多种分子标记类型如 RFLP、AFLP、SCAR、DaRT 和少数的 SSR 等,本试验中只选用 SSR 标记进行燕麦的子粒性状遗传图谱构建,丰富了燕麦的遗传图谱类型,同时保证了 QTL 定位结果的可靠性。

在国外燕麦 QTL 研究中,对燕麦抗病性以及对外燕麦子粒成分含量的报道较多,并成功发现了一些与燕麦秆锈病、冠锈病、黑粉病等抗病性状相关的 QTL 位点,如 *Pg-3*、*Pc38*、*Pc39*、*Pc48*、*Eg-3*、*Pc91*、

BYD 等,还发现了一些与其紧密连锁的分子标记^[4,6-7,10,22]。另外研究者对燕麦脂肪含量、蛋白质含量以及β-葡聚糖含量等 QTL 定位研究也有相关报道^[5,8],但是与燕麦产量尤其是子粒相关性状的报道很少。S. Groh 等^[11]在 Kanota × Ogle 的杂交群体中,检测到 2 个与子粒长度相关的主效 QTLs,对子粒长度的贡献率分别为 17.8% 和 21.9%;4 个与子粒宽度相关的主效 QTLs,对子粒宽度的表型贡献率在 11.3% ~ 15.9% 之间。同时在另一个杂交群体(Kanota × Marion)中发现了 4 个与子粒长度相关的主效 QTLs,对表型的贡献率在 12.4% ~ 24.2% 之间,检测到与子粒宽度相关的 QTL,但不是主效 QTL 位点。本研究中分别检测到 6 个与子粒长度和 5 个与子粒宽度相关的 QTL,各有一个主效 QTL(*qGL-2*、*qGW-5*),对表型的贡献率分别为 12.83% 和 12.92%,相比之下,发现的 QTL 位点数较多,但主效基因的贡献率不是很高,这可能和所选用的材料差异有关。S. Groh 等^[11]利用 RIL 群体,经过多年自交,基因的纯合频率较高,对表型的贡献率相对比较集中,而本研究所用的 F₂群体其基因型杂合度比较高,分布比较分散。另外 S. Groh 等^[11]在同一亲本供体两个杂交后代群体检测出的 QTL 中,分别发现一个与子粒宽度相关的 QTL 位点。D. L. Koeper 等^[5]用皮燕麦(Terra)和裸燕麦(Marion)杂交群体进行子粒性状的 QTL 定位时分别检测到一个与子粒长度和宽度相关的 QTL 位点,与 S. Groh 等^[11]的结果相同。这也说明子粒性状是由多基因参与调控,材料的差异会带来 QTL 定位结果的多样性。同时由于研究中所用的分子标记类型不同,为试验结论的相互比较和验证带来一定的困难,但是却丰富了 QTL 位点。

本研究中发现了 6 个与子粒千粒重相关的 QTL 位点,其中 2 个为主效 QTL 位点(*qTGW-3*、*qTGW-4*),对表型的贡献率分别为 10.64% 和 10.05%。P. Tanhuanpā 等^[8]对 DH 群体在 2 个环境下的千粒重性状进行 QTL 定位,分别检测到 4 个和 1 个与之相关的 QTL,对表型的贡献率在 9% ~ 11% 之间。同时在 2 个环境中只检测到 1 个稳定的 QTL 与子粒千粒重相关,但贡献率有差异。这说明子粒千粒重性状除了受多基因的调控外,还受环境因素的影响较大。由于所用材料和分子标记类型不同,多角度诠释了与子粒千粒重相关的 QTL 位点。

本研究还发现 3 个区间同时与 2 个或 3 个性状相关。其中 *qGL-2*、*qGW-3* 和 *qTGW-4* 位于第 3 号连

锁群的标记 AM1089 ~ AM1512 之间,并且距离标记 AM1089 均只有 0.1cM。同时 *qGL-2*、*qTGW-3* 分别为控制子粒长度和千粒重的主效 QTL 位点,*qGW-3* 对子粒宽度的贡献率为 9.61%,该区间 QTL 可能是控制子粒性状的一个关键区域。另外本研究还发现 *qGL-2* 和 *qTGW-5* 以及 *qGW-5* 和 *qTGW-6* 均位于同一区间,且相距较近。这与燕麦子粒性状表型之间显著相关是吻合的。在小麦研究中也类似发现,P. Ramya 等^[23]在运用 SSR 标记构建小麦遗传图谱的基础上,对小麦子粒性状进行了 QTL 定位,发现位于 4B 染色体 Xwc617 ~ Xwc710 之间并与小麦子粒长度、宽度以及千粒重均相关的 QTL。陈佳慧等^[24]在小麦 2A 染色体的 Xgwm448 ~ Xgwm7399 之间发现了 1 个控制子粒宽度和千粒重的 QTL。另外本研究还发现 *qGL-1* 和 *qTGW-2* 所在位置分别与标记 AM876 和 AM1921 位置重合,很可能子粒长度和千粒重与这 2 个标记紧密连锁,但是仍需要进一步的论证。

裸燕麦作为异源六倍体(AACCDD,2n=42),基因组庞大且遗传背景复杂,给燕麦的科学研究带来一定的困难。燕麦基因组大小约为 2900 cM,本遗传连锁图总长度为 1643.81cM,覆盖了全基因组约 57%,未能完全覆盖燕麦的全基因组,因此会导致一些控制子粒性状的 QTL 被遗漏,这需要对燕麦子粒性状的图谱进一步加密和完善,以挖掘更多的 QTL 位点。

本研究首次以六倍体裸燕麦大粒品种和小粒品种的杂交后代 F₂ 分离群体为作图群体,用 SSR 分子标记构建了一张与燕麦子粒性状相关的遗传连锁图,同时对子粒性状进行了 QTL 分析,发现 4 个与子粒长度、宽度和千粒重相关的主效 QTL 位点。检测到第 3 连锁群的 AM1089 ~ AM1512 区间与子粒的长度、宽度和千粒重均相关。本研究为后期裸燕麦子粒性状的精细定位、基因克隆和分子辅助选择研究奠定了基础。

参考文献

- [1] 郑殿升,张宗文.大粒裸燕麦(莜麦)(*Avena nuda* L.)起源及分类问题的探讨[J].植物遗传资源学报,2011,12(5):667-670
- [2] 董玉琛,刘旭.中国作物及其野生近缘植物 粮食作物卷[M].北京:中国农业出版社,2006:250-251
- [3] Milach S C K, Rines H W, Phillips R L. Molecular genetic mapping of dwarfing gene in oat[J]. Theor Appl Genet, 1997, 95: 783-790
- [4] Zhu S, Kolb F L, Kaeppler H F. Molecular mapping of genomic regions underlying barley yellow dwarf tolerance in cultivated oat (*Avena sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2003, 106: 1300-1306
- [5] Koeyer D L, Tinker N A, Wight C P, et al. A molecular linkage map with associated QTLs from a hulless × covered spring oat population[J]. Theor Appl Genet, 2004, 108: 1285-1298
- [6] Wright C P, O'moughue L S, Chong J, et al. Discovery, localization, and sequence characterization of molecular markers for the crown rust resistance genes *Pc38*, *Pc39* and *Pc48* in cultivated oat (*Avena sativa* L.) [J]. Mol Breeding, 2004, 14: 349-361
- [7] McCartney C A, Stonehouse R G, Rossnagel B G, et al. Mapping of the oat crown rust resistance gene *Pc91* [J]. Theor Appl Genet, 2011, 122: 317-325
- [8] Tanhuanpää P, Manninen O, Kiviharju E. QTLs for important breeding characteristics in the doubled haploid oat progeny [J]. Genome, 2010, 53: 482-493
- [9] Itamar C N, Wight C P, Marcelo T P, et al. Tagging and mapping candidate loci for vernalization and flower initiation in hexaploid oat [J]. Mol Breeding, 2012, 30: 1295-1312
- [10] Mohler V, Zeller F J, Hsam S L K. Molecular mapping of powdery mildew resistance gene *Eg-3* in cultivated oat [J]. J Appl Genet, 2012, 53: 145-148
- [11] Groh S, Kiaian S F, Phillips R L, et al. Analysis of factors influencing milling yield and their association to other traits by QTL analysis in two hexaploid oat populations [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 1-18
- [12] 王珍,方宣钧.植物 DNA 分离[J].分子植物育种,2003,1(2):281-288
- [13] Wu B, Lu P, Zhang Z. Recombinant microsatellite amplification: a rapid method for developing simple sequence repeat markers [J]. Mol Breeding, 2012, 29: 53-59
- [14] Van O J W. JoinMap 4.0, software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations [M]. Wageningen: Plant Research International, 2006
- [15] Wang S, Basten C J, Zeng Z B. Windows QTL cartographer 2.5. department of statistics [M]. Raleigh: North Carolina State University, 2007
- [16] O'Donoghue L S, Kianian S F, Rayapati P J. A molecular linkage map of cultivated oat [J]. Genome, 1995, 38: 368-380
- [17] Zhu S, Kaeppler H F. A genetic linkage map for hexaploid cultivated oat (*Avena sativa* L.) based on intraspecific cross "Ogla/MAM17-5" [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107: 26-35
- [18] Portyanko V A, Hoffman D, Lee M, et al. A linkage map of hexaploid oat based on grass anchor DNA clones and its relationship to other oat maps [J]. Genome, 2001, 44: 249-265
- [19] 徐微,张宗文,张恩来,等.大粒裸燕麦(*Avena nuda* L.)遗传连锁图谱构建[J].植物遗传资源学报,2013,14(4):673-678
- [20] 严建兵,汤华,黄益勤,等.玉米 F₂ 群体分子标记偏分离的遗传分析[J].遗传学报,2003,30(10):913-918
- [21] Knox M R, Ellis T H N. Excess heterozygosity contributes to genetic map expansion in pea recombinant inbred population [J]. Genetics, 2002, 162: 861-873
- [22] Poner G A, Chong J, Levesque-Lemay M, et al. Identification of a RAPD marker linked to the oat stem rust gene *Pg3* [J]. Theor Appl Genet, 1993, 85: 702-705
- [23] Ramya P, Chaubal A, Kulkarni K, et al. QTL mapping of 1000-kernel weight, kernel length, and kernel width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. J Appl Genet, 2010, 51: 421-429
- [24] 陈佳慧,兰进好,王晖,等.小麦籽粒形态及千粒重性状的 QTL 初步定位[J].麦类作物学报,2011,31(6):1001-1006