

同名小麦地方品种小红芒和小红芒麦形态学和 HMW-GS 组成的演变分析

谢 炜^{1,2}, 郭青云¹, 郭小敏², 杨欣明², 李秀全², 李立会²

(¹青海大学, 西宁 810016; ²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:为了研究来自不同麦区的 61 份同名小麦地方品种小红芒和 6 份小红芒麦的遗传演变趋势, 对与 6 个产量相关的农艺性状和高分子量麦谷蛋白亚基(high molecular weight glutenin subunits, HMW-GS)组成的变异进行了分析。结果表明, 无论是在形态学水平还是蛋白质水平, 小红芒和小红芒麦均存在丰富的遗传变异。在形态学水平上, 供试材料的变异系数在株高、穗长、有效分蘖数、小穗数、穗粒数和千粒重等农艺性状上的变化范围分别为 0.03~0.11、0.06~0.22、0.20~0.65、0.04~0.18、0.14~0.44 和 0.05~0.29。通过形态学数据计算小红芒和小红芒麦品种内多样性指数和品种间多样性指数, 发现前者(0.804)占总多样性指数(0.842)的 95.5%, 而后者仅占 4.5%, 可见形态学变异主要来源于品种内而非品种间, 说明这些同名材料是由一个品种演变而来。在 HMW-GS 组成上, 共发现了 20 种亚基组合类型, 其中 null,7+8,2+12 和 null,7+8,2+10 2 种亚基组合出现的频率最高, 分别为 64.48% 和 20.00%。比较不同麦区种植的小红芒和小红芒麦的遗传多样性水平, 发现无论是在形态学水平还是在蛋白质水平, 春麦区材料的遗传多样性均普遍高于冬麦区, 并且来自西北春麦区和北部春麦区的材料不仅遗传多样性较高, 而且变异来源丰富, 其中来自西北春麦区的甘肃天祝一带材料多样性最高, 且其所处地理位置便于农作物的传播, 故甘肃天祝地区有可能是小红芒的最初种植地点, 然后再引种到其他种植区。

关键词:小麦地方品种; 小红芒; 小红芒麦; 形态学; 高分子量麦谷蛋白亚基; 遗传演变

Evolution on Morphology and HMW-GS Composition of Wheat Landraces Xiaohongmang and Xiaohongmangmai

XIE Wei^{1,2}, GUO Qing-yun¹, GUO Xiao-min², YANG Xin-ming², LI Xiu-quan², LI Li-hui²

(¹ Qinghai university, Xining 810016; ² National Key Facility for Crop Gene Resources and
Genetic Improvement/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: Evolution in six morphological traits and the composition of the high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS) of 61 wheat landrace accessions named Xiaohongmang and 6 accessions named Xiaohongmangmai were studied in order to reveal the trends of these materials in genetic evolution. The results indicated that the materials exhibit high genetic diversity both in morphology and HMW-GS compositions. Morphological analysis showed that the range of coefficient of variation (CV) in plant height, spike length, effective tillers, spikelets, kernel number per spike and 1000-kernel weight were 0.03~0.11, 0.06~0.22, 0.20~0.65, 0.04~0.18, 0.14~0.44 and 0.05~0.29, respectively. The diversity index within varieties accounted for 95.5% of total diversity index while the index among varieties only accounted for 4.5%, which demonstrated within varieties was the mainly variation. It indicated that the materials in the present study derived from same variety. 20 types of subunit compositions and the predominant were null,7+8,2+12 and null,7+8,2+10 with frequency of 64.48% and 20.00%, respectively. Genetic diversity of accessions from spring wheat growth areas is higher than that from winter wheat growth areas.

收稿日期: 2010-03-30 修回日期: 2010-12-08

基金项目: 国家“973”项目(2006CB100201)

作者简介: 谢炜, 在读硕士。E-mail: redchina200@yahoo.com.cn

通讯作者: 郭小敏, 博士, 主要从事植物遗传资源研究。E-mail: xmguo@caas.net.cn

Accessions from northwest spring wheat growth areas and northern spring wheat growth areas possess not only the highest genetic diversity, but also a rich source of variation. Especially the accessions from Tianzhu of Gansu province in northwest spring wheat growth areas showed the highest genetic diversity among all the accessions, and the geographic location of it facilitate the spread of crops. Gansu Tianzhu area may be the origin center of "Xiaohongmang" and "Xiaohongmangmai".

Keywords: Wheat landraces; Xiaohongmang; Xiaohongmangmai; Morphology; High molecular weight glutenin subunits; Genetic variation

小麦在中国的栽培历史可追溯到4000年前。关于中国小麦的起源,有本土起源说和西亚传入论两种认识。本土起源说认为普通小麦的起源和变异中心是黄河中上游及其高原地带,大概在史前传入欧洲,导致普通小麦的兴起和普及。西亚传入论认为中国是小麦的次生起源中心,普通小麦由西亚传入,自原始社会晚期在新疆青海种植,大约在夏代传至陕西关中,汉代在北方普及种植^[1]。

小麦在长期的引种和种植过程中,因不同的自然环境和耕作制度,形成了丰富多样的地方品种。由于地方品种具有的广泛适应性,同一地方品种可在不同的生态环境下种植。因此,在地方品种的收集和保存过程中,出现了一批来自不同生态种植区的同名地方品种,同名不同来源的地方品种很可能是由一个品种逐步引种到不同生态种植区所形成的^[2],此类品种的演化趋势可从一定程度上反映出中国小麦的起源和演化历史。本研究所选取的材料正是这样一个具有代表性的群体,故有可能为中国小麦的起源,尤其是小麦在中国境内的演化提供新的证据。

遗传多样性最高的地方往往是一个品种驯化形成或最初被引入的地方,因此可以依据遗传多样性的丰富程度进行起源、演化方面的研究^[1]。国内外研究表明,小麦地方品种农艺性状表现出丰富的多样性^[3-5],高分子量麦谷蛋白亚基(high molecular weight glutenin subunits, HMW-GS)各位点也存在丰富的遗传变异^[6-7],因此可利用农艺性状和麦谷蛋白对供试材料的遗传演变趋势进行研究和推测。本研究利用61份小红芒和6份小红芒麦为研究材料,从形态学和HMW-GS组成上揭示其变异水平,从而为小红芒和小红芒麦的起源演变提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料为来源于不同地区的61份小红芒和

6份小红芒麦,这些材料分布于黄淮冬麦区、北部冬麦区、长江中下游冬麦区、北部春麦区、新疆冬春麦区、西北春麦区和东北春麦区的不同省份(表1)。材料由中国农科院作物科学研究所种质资源研究中心小麦室保存并提供。

1.2 方法

1.2.1 形态学观察 供试材料2008年于中国农业科学院作物科学研究所昌平基地田间种植,采用随机区组试验设计,每个品种5行,行长2.0m,行距0.3m,每行点播20粒,重复2次。选取中间3行的10个单株进行调查。考察的性状包括株高、穗长、有效分蘖数、小穗数、穗粒数和千粒重等。计算各个性状的平均值、标准差和变异系数。分别计算来自不同生态区材料的总遗传多样性指数、品种内平均遗传多样性指数和品种间遗传多样性指数。计算多样性指数时采用如下方法进行数据分级:先计算参试材料体平均数(\bar{x})和标准差 σ ,然后划分为10级,从第一级 $[x_i < (\bar{x} - 2\sigma)]$ 到第10级 $[x_i > (\bar{x} + 2\sigma)]$,每0.5 σ 为一级。利用公式 $D = 1 - \sum p_i^2$ 计算多样性指数^[8](Simpson指数D), p_i 为该性状各级别内观察值频率。

1.2.2 HMW-GS组成分析 每份材料取30粒种子,共取2010粒种子进行分析。每粒种子研碎后加入50%的异丙醇于60~65℃水浴30min,取出于室温冷却,离心,去掉上清液,重复2次。然后加入麦谷蛋白提取液,60℃水浴浸提2h,离心,取上清液点样。采用SDS不连续缓冲系统,10%分离胶和5%浓缩胶电泳。用1倍的Tris-甘氨酸电极缓冲液稳压200v电泳2h。以10%三氟乙酸和0.05%考马斯亮蓝染色24h,蒸馏水漂洗24h后拍照。采用Payne等^[9]的命名方法对高分子量麦谷蛋白亚基进行命名。对照品种采用中国春(null,7+8,2+12)、Marquis(1,7+9,5+10)和Neepawa(2*,7+9,5+10)。按照公式 $D = 1 - \sum p_i^2$ 计算Glu-1位点的遗传多样性指数^[8], p_i 为该位点各等位基因出现频率。

表 1 供试材料及原产地

Table 1 Materials and origin areas

麦区 编号 Code	麦区名称 Areas name	材料数 No. of accessions	国家统一编号 Unify No.					
1	黄淮冬麦区	33	ZM000232	ZM000247	ZM000253	ZM000363	ZM000369	ZM000374
			ZM000592	ZM000701	ZM000709	ZM000770	ZM000771	ZM000854
			ZM000885	ZM001907	ZM001998	ZM002008	ZM002026	ZM002553
			ZM002593	ZM002608	ZM002667	ZM002697	ZM002917	ZM003277
			ZM006264	ZM011096	ZM017512	ZM017513	ZM017514	ZM017516
			ZM020072	ZM001902	ZM017518			
2	北部冬麦区	13	ZM000029	ZM000044	ZM000261	ZM000262	ZM000328	ZM000551
			ZM000656	ZM000658	ZM000724	ZM001345	ZM001394	ZM017515
			ZM003603					
3	长江中下游冬麦区	6	ZM003455	ZM005880	ZM005926	ZM006105	ZM010809	ZM011224
4	北部春麦区	9	ZM004499	ZM004509	ZM004510	ZM004581	ZM004582	ZM017517
			ZM020063	ZM010670	ZM010671			
5	新疆冬春麦区	3	ZM005186	ZM012984	ZM012985			
6	西北春麦区	2	ZM012777	ZM020767				
7	东北春麦区	1	ZM004429					

2 结果与分析

2.1 形态学分析

考察包括株高、穗长、有效分蘖数、小穗数、穗粒数和千粒重在内的 6 个农艺性状(表 2)。从表 2 可以看出,供试材料在上述 6 个形态学性状上的平均值变化范围分别是 106.15 ~ 140.77cm、6.43 ~ 12.19cm、11.25 ~ 25.25 个、16.58 ~ 24.55 个、24.67 ~ 54.77 粒、18.06 ~ 33.87g,变异系数变化范围分别是 3% ~ 11%、6% ~ 22%、20% ~ 65%、4% ~ 18%、14% ~ 44%、5% ~ 29%。在所考察的 6 个农艺性状中,株高性状的变异系数和变化范围最小,这可能与种植过程中的人工选择有关系,人工选择造成了各品种株高整

齐度的增加。有效分蘖和穗粒数 2 个性状的变异系数和变化范围较大,说明这些不易直观考察的性状受人工选择的影响较小,保留了较多的遗传变异。

根据形态学数据计算小红芒和小红芒麦品种间多样性指数、品种内多样性指数和总的多样性指数,结果表明,小红芒和小红芒麦总的遗传多样性指数为 0.842,品种内多样性指数为 0.804,占总多样性指数的 95.5%,而品种间多样性指数仅占 4.5%,可见,形态学变异主要来源于品种内,来源于品种间的变异很小。材料间在形态学上表现出了相对的一致性,这说明供试材料是由一个品种经驯化演变而来,经过长时间环境和人为的选择,形成了在形态学水平品种内具有较高多样性的群体。

表 2 供试材料 6 个形态学性状的平均值、标准差、变异系数范围

Table 2 Average value, standard deviation (s) and coefficient of variation (CV) for the six morphological traits of the accessions

性状 Trait	平均值 Average value	标准差 s	变异系数 CV (%)
株高 (cm) Plant height	106.15 ~ 140.77	4.05 ~ 12.29	3 ~ 11
穗长 (cm) Spike length	6.43 ~ 12.19	0.49 ~ 2.37	6 ~ 22
有效分蘖数 Effective tillers	11.25 ~ 25.25	2.81 ~ 11.20	20 ~ 65
小穗数 Spikelets	16.58 ~ 24.55	0.91 ~ 4.32	4 ~ 18
穗粒数 (粒) Kernel number per spike	24.67 ~ 54.77	4.48 ~ 17.49	14 ~ 44
千粒重 (g) 1000-kernel weight	18.06 ~ 33.87	1.39 ~ 7.62	5 ~ 29

按照不同麦区,分别计算6个农艺性状的总遗传多样性指数、品种内平均遗传多样性指数和品种间的多样性指数(表3)。经比较发现:(1)株高以东北春麦区、西北春麦区和新疆冬春麦区遗传多样性较高;(2)对于穗长,东北春麦区、新疆冬春麦区和北部春麦区遗传多样性较高;(3)对于有效分蘖数,东北春麦区、新疆冬春麦区和长江中下游冬麦区遗传多样性较

高;(4)对于小穗数,东北春麦区、西北春麦区和北部春麦区遗传多样性较高;(5)对于穗粒数,长江中下游冬麦区、新疆冬春麦区和东北春麦区遗传多样性较高;(6)对于千粒重,北部春麦区、西北春麦区和黄淮冬麦区遗传多样性较高。通过以上分析可知各性状遗传多样性较高的材料几乎都来自春麦区,尤其是西北春麦区、东北春麦区和新疆冬春麦区。

表3 形态学性状在不同麦区的总遗传多样性指数、品种内平均遗传多样性指数和品种间遗传多样性指数

Table 3 Total diversity index, diversity index within varieties and diversity index among varieties in different growth areas in morphology

麦区编号 Area code	性状 Trait	D ₁	D ₂	D ₃	麦区编号 Area code	性状 Trait	D ₁	D ₂	D ₃
1	a	0.860	0.804	0.056	5	e	0.854	0.795	0.059
	b	0.855	0.805	0.050		f	0.862	0.829	0.032
	c	0.850	0.807	0.042		a	0.836	0.815	0.020
	d	0.803	0.728	0.076		b	0.836	0.829	0.007
	e	0.851	0.808	0.043		c	0.822	0.821	0.001
	f	0.851	0.815	0.036		d	0.815	0.735	0.079
2	a	0.844	0.802	0.042	6	e	0.853	0.818	0.035
	b	0.848	0.806	0.043		f	0.860	0.811	0.049
	c	0.826	0.815	0.011		a	0.851	0.828	0.024
	d	0.806	0.763	0.043		b	0.838	0.788	0.050
	e	0.860	0.813	0.047		c	0.851	0.810	0.041
	f	0.842	0.803	0.039		d	0.825	0.770	0.055
3	a	0.842	0.810	0.032	7	e	0.800	0.773	0.027
	b	0.857	0.809	0.047		f	0.821	0.815	0.006
	c	0.845	0.826	0.019		a	0.855	0.855	0.000
	d	0.819	0.744	0.076		b	0.848	0.848	0.000
	e	0.846	0.820	0.026		c	0.840	0.840	0.000
	f	0.852	0.809	0.042		d	0.800	0.800	0.000
4	a	0.846	0.814	0.031		e	0.815	0.815	0.000
	b	0.864	0.815	0.049		f	0.790	0.790	0.000
	c	0.831	0.798	0.033					0.842 ^a
	d	0.819	0.766	0.052					0.804 ^b

D₁:总遗传多样性指数;D₂:品种内平均遗传多样性指数;D₃:品种间遗传多样性指数;a:株高;b:穗长;c:有效分蘖数;d:小穗数;e:穗粒数;f:千粒重;*:所有材料总多样性指数;^b:所有材料品种内平均多样性指数。下同

D₁:Total diversity index;D₂:Diversity index within Varieties;D₃:Diversity index among varieties;a:Plant height;b:Spike length;c:Effective tillers;d:Spikelets;e:Kernel number per spike;f:1000-kernel weight. *:Total diversity index of all accessions;^b:Average diversity index within breeds of all accessions. The same as below

2.2 HMW-GS 变异分析

通过 SDS-PAGE 分析,发现在编码 HMW-GS 的 *Glu-1* 位点存在丰富的等位变异(图1)。在供试材料中发现了20种亚基组合类型:1,7+8,10;1,7+

8,11;1,7+8,2+10;1,7+8,2+12;2*,7+8,10; null,7,2;null,7,2+12;null,20,2+12;null,13+8,2+12;null,17+8,2+12;null,6+8,2+10;null,7+8,2;null,7+8,1.5+12;null,7+8,2+10;null,7+

8,2+12;null,7+8,2+3+12;null,7+8,2+4+12;null,7+8,3+12;null,7+8,4+12;null,7+9,2+12。在所有 2010 个样品中 null,7+8,2+12 和 null,7+8,2+10 2 种亚基组合出现频率较高,分别为 64.48% 和 20.00%,同时亚基组合 1,7+8,10 频率达到 7.41%,亚基组合 null,7,2+12 频率达到 2.79%。就每个位点而言,*Glu-A1* 位点 3 种亚基类

型: null、1、2^{*},其中亚基 null 出现频率最高,为 90.90%;*Glu-B1* 位点 7 种:7、20、13+8、17+8、6+8、7+8、7+9,亚基 7+8 出现频率最高,为 95.47%;*Glu-D1* 位点 10 种:2、10、11、1.5+12、2+10、2+12、2+3+12、2+4+12、3+12、4+12,亚基 2+12 出现频率最高,为 69.15%,其次是亚基 2+10,频率为 21.00%,亚基 10 频率为 7.46%。

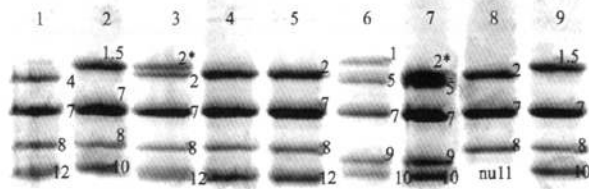


图 1 部分供试材料高分子量麦谷蛋白亚基组成图谱

Fig. 1 HMW-GS patterns for a part of wheat landraces investigated

1: ZM004429; 2: ZM004499; 3: ZM004499; 4: ZM012777; 5: ZM012985; 6: Chinese Spring; 7: Marquis; 8: Neebawa; 9: ZM017513; 10: ZM017513; 11: ZM010670; 12: ZM010670.

通过高分子量麦谷蛋白不同亚基出现的频率,按麦区计算供试材料的总多样性指数、品种内平均的多样性指数和品种间多样性指数(表 4)。结果表明,各麦区材料的变异来源不同,其中黄淮冬麦区、北部冬麦区、长江中下游冬麦区和新疆冬麦区材料变异主要来源于品种间,以上各麦区品种间多样性指数占总多样性指数的比例分别为:84%、84%、100%、69%;北部春麦区和西北春麦区材料变异来源更为丰富,品种间和品种内都存在较高的遗传多样性,西北春麦区材料品种内和品种间多样性指数占总多样性指数的比例分别为 60% 和 40%,北部春麦区材料品种内和品种间多样性指数占总多样性指数的比例分别为 38% 和 62%。

表 4 HMW-GS 在不同麦区的总遗传多样性指数、品种内平均遗传多样性指数和品种间遗传多样性指数

Table 4 Total diversity index, diversity index within varieties and diversity index among varieties for HMW-GS in different growth areas

麦区编号 Area code	D ₁	D ₂	D ₃
1	0.14	0.02	0.12
2	0.24	0.04	0.20
3	0.09	0.00	0.09
4	0.36	0.14	0.22
5	0.30	0.09	0.21
6	0.33	0.20	0.13
7	0.02	0.02	0.00

比较各麦区参试材料的总遗传多样性、品种内平均遗传多样性和品种间遗传多样性可知:对于总遗传多样性,西北春麦区和北部冬麦区遗传多样性较高;对于品种内遗传多样性,西北春麦区和北部冬麦区遗传多样性较高;对于品种间遗传多样性,北部春麦区和新疆冬春麦区遗传多样性较高。

比较每份材料的多样性指数发现,来源于西北春麦区,原产甘肃天祝的材料 ZM012777 多样性指数最高(0.40),其次为来源于北部春麦区,原产内蒙古萨拉齐的材料 ZM010671 (0.36)、ZM004582 (0.33),然后为来源新疆冬春麦区,原产新疆青河的材料 ZM012984 (0.26),黄淮冬麦区多样性最高的材料为 ZM000363 (0.15),北部冬麦区多样性最高的材料为 ZM000044 (0.15),东北春麦区仅一份材料 ZM004429 (0.02),长江中下游冬麦区材料内无多样性(表 5)。

3 讨论

本研究在形态学和贮藏蛋白 2 个水平上分析了同名品种小红芒和小红芒麦的遗传多样性情况,以期对其遗传演变趋势进行初步的推断。形态学研究表明,供试材料在形态学水平存在着较大的遗传差异,这与前人关于小麦地方品种形态学研究结果相一致^[10-11]。然而通过多样性指数的分析发现变异主要来源于品种内,品种间在形态学上表现出了一致性,可以推断地方品种小红芒和小红芒麦最初来源于同一地区,经引种逐渐传播到其他地区。

表 5 每份材料 HMW-GS 多样性指数

Table 5 Diversity index in HMW-GS for each accession

材料 Accessions	多样性指数 Diversity index	材料 Accessions	多样性指数 Diversity index	材料 Accessions	多样性指数 Diversity index
ZM000029	0.06	ZM001394	0.02	ZM006264	0.00
ZM000044	0.15	ZM001907	0.00	ZM010809	0.00
ZM000232	0.02	ZM001998	0.00	ZM011096	0.00
ZM000247	0.02	ZM002008	0.00	ZM012777	0.40
ZM000253	0.00	ZM002026	0.00	ZM012984	0.26
ZM000261	0.00	ZM002553	0.02	ZM012985	0.02
ZM000262	0.04	ZM002593	0.02	ZM017512	0.00
ZM000328	0.00	ZM002608	0.00	ZM017513	0.08
ZM000363	0.15	ZM002667	0.00	ZM017514	0.00
ZM000369	0.04	ZM002697	0.00	ZM017515	0.00
ZM000374	0.00	ZM002917	0.00	ZM017516	0.00
ZM000551	0.00	ZM003277	0.00	ZM017517	0.00
ZM000592	0.14	ZM003455	0.00	ZM020063	0.04
ZM000656	0.00	ZM004429	0.02	ZM020072	0.00
ZM000658	0.02	ZM004499	0.00	ZM020767	0.00
ZM000701	0.02	ZM004509	0.09	ZM001902	0.00
ZM000709	0.06	ZM004510	0.00	ZM003603	0.00
ZM000724	0.14	ZM004581	0.21	ZM010670	0.19
ZM000770	0.00	ZM004582	0.33	ZM010671	0.36
ZM000771	0.00	ZM005186	0.00	ZM011224	0.00
ZM000854	0.08	ZM005880	0.00	ZM017518	0.00
ZM000885	0.12	ZM005926	0.00		
ZM001345	0.06	ZM006105	0.00		

麦谷蛋白分析表明,在 *Glu-1* 位点主要由 null, 7 + 8 和 2 + 12 组成,其出现频率分别为 90.90%、95.47%、69.15%,亚基组合类型 (null, 7 + 8, 2 + 12) 出现频率最高,为 64.48%,这与张学勇等^[12-14] 人的研究结果基本一致。但是本研究的材料在 *Glu-D1* 位点发现了更为丰富的变异,例如亚基 2 + 10 的出现频率达到 21.00%,亚基 10 的出现频率达到 7.46%。亚基组合类型也并非 (null, 7 + 8, 2 + 12) 一种组合占绝对优势,亚基组合 (null, 7 + 8, 2 + 10) 占到所有 2010 份样品的 20.00%,亚基组合 (1, 7 + 8, 10) 频率达 7.41%,亚基组合 (null, 7, 2 + 12) 频率达 2.79%,尤其值得注意的是,不同亚基和亚基组合不仅仅出现在材料间,在材料内部也大量存在,这为利用遗传多样性来研究其遗传演变趋势提供了充分的基础条件。

通过对小麦地方品种小红芒和小红芒麦形态学性状和 HMW-GS 组成变异分析发现:从形态学水平来看,无论是总遗传多样性、品种内遗传多样性还是品种间遗传多样性,来源于春麦区的材料都普遍高于来源于冬麦区的材料,由此可看出小红芒可能具

有由春麦区向冬麦区引种和传播的趋势;蛋白质水平多样性分析发现了与形态学相同的演化趋势,即春麦区材料多样性普遍高于冬麦区,其中西北春麦区和北部春麦区的总遗传多样性指数、品种内平均遗传多样性指数明显的高于其他生态区;此外,来自西北春麦区和北部春麦区材料的变异不仅仅集中于品种内或品种间,品种内和品种间都存在较为丰富的变异。

高水平的遗传多样性和丰富的变异来源说明西北春麦区和北部春麦区有可能是小红芒的多样性中心,小红芒可能起源于这 2 个生态区。

蛋白质水平多样性分析中还发现,来源于西北春麦区,原产甘肃天祝的材料 ZM012777 在所有供试材料中表现出了最高的多样性,来源于北部春麦区,原产内蒙古萨拉齐的材料 ZM010671、ZM004582 也表现出较高的多样性,但是低于材料 ZM012777。从地理位置来看,甘肃天祝素有“河西走廊门户”之称,且是古丝绸之路的咽喉要地,商贾过往频繁,这为农作物的传播和引种提供了非常便利的条件。可见,西北春麦区的甘肃天祝地区不但具有较高的多

样性还拥有便利的传播条件,因此可进一步推断小红芒起源于西北春麦区甘肃天祝一带,通过长期的引种传播和自然人工选择形成了具有遗传差异的同名品种。

遗传多样性高的地区往往是一个品种形成或较早种植的地方^[1],通过遗传多样性比较分析和材料来源地的地理位置可对其演化趋势路线做出简单推测。原产甘肃天祝的材料 ZM012777 的 HMW-GS 多样性指数为 0.40,在所有收集材料中最高,所以,小红芒和小红芒麦可能是在西北春麦区的甘肃天祝

地区驯化形成或最早种植,然后传播到新疆冬春麦区的新疆青海地区和北部春麦区的内蒙古萨拉齐地区,而后由内蒙古萨拉齐地区传播到北部冬麦区的北京及河北任丘地区,然后再传播到黄淮冬麦区的河北巨鹿、沙河、蠡县地区,再由河北巨鹿等地传播到长江中下游冬麦区的河南固始及江苏苏州等地区,东北春麦区的材料可能是由北京及河北任丘地区传播而来,亦有可能是直接由内蒙古萨拉齐地区传播而来(图 2)。

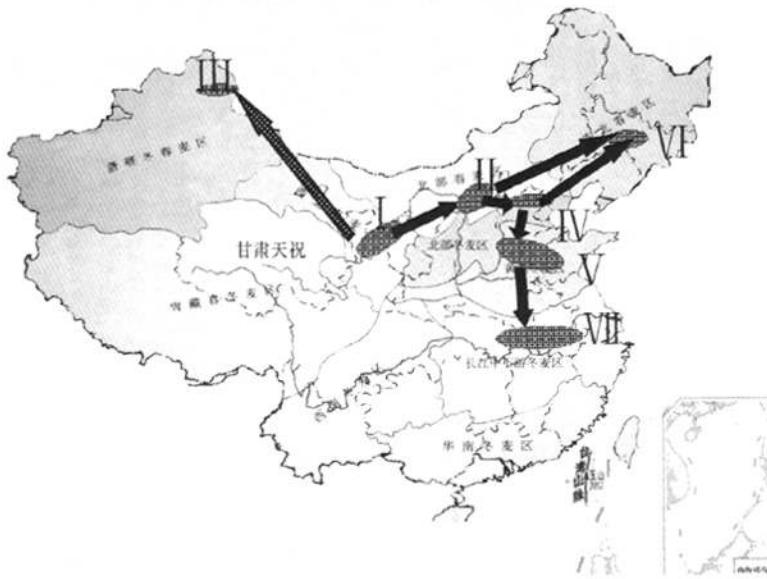


图 2 小红芒遗传演化路线图

Fig. 2 Evolutionary path of Xiaohongmang

图中椭圆阴影表示各麦区遗传多样性指数较高材料的来源地; I. 西北春麦区,甘肃天祝地区; II. 北部春麦区,内蒙古萨拉齐地区; III. 新疆冬春麦区,新疆青海地区; IV. 北部冬麦区,北京及河北任丘地区; V. 黄淮冬麦区,河北巨鹿、沙河、蠡县地区; VI. 东北春麦区,吉林; VII. 长江中下游冬麦区,河南固始、江苏苏州等地区(无多样性)

The elliptical shade in the map represented area of accessions with high diversity index; I. Northwest spring wheat region, Gansu Tianzhu area; II. Northern spring wheat region, Inner Mongolia Salayi area; III. Xinjiang winter and spring wheat region, Xinjiang Qinghe area; IV. Northern winter wheat region, Beijing and Hebei Renqiu area; V. Huanghui winter wheat region, Hebei Julu, Shahe, Lixian area; VI. Northeast spring wheat region, Jilin; VII. Middle and lower reaches of the Changjiang river winter wheat Region, Henan Gushi and Jiangsu Suzhou area (D=0)

形态学水平研究结果和蛋白质水平研究结果相一致,即材料在 2 个水平表现出的演化趋势相同,而且蛋白质水平分析可以进一步推断出其起源中心和大致演化趋势路线。从材料来源地的地理位置和中国地形情况也可以得到一些佐证,因为农作物的引种和传播是人为造成的,与人口的流动或迁移有密切关系,人口流动或迁移则与当时交通状况分不开。由于古时工程技术的限制,无论是官道还是民间通道只能依地形变化而修筑,所以地形也是影响农作物传播的重要因素。如果由甘肃天祝地区向西传播到新疆

青海一带,从地形上来看,最可能的路线是首先沿开阔的河西走廊向西,进而沿天山北麓传播到阿尔泰山南麓的新疆青海地区。如果从甘肃天祝地区向东传播,从地形上来看,最可能的路线是首先沿着贺兰山以西向北,然后沿着阴山南麓和黄河北岸的狭长地带向东传播到内蒙古萨拉齐地区,再由内蒙古萨拉齐地区传播到北京及河北任丘等地区,然后由北京及河北任丘地区逐步传播到地处华北平原的河北巨鹿、沙河等地和地处长江中下游平原的河南江苏等地。甘肃天祝地区与北京及河北等地之间有贺兰山、吕梁山和

太行山三大南北走向的山脉阻隔,故从地形上来讲,由甘肃天祝地区直接传播到东部广大平原地区的可

能性极小。东北春麦区的材料可能由北京地区传入,亦有可能直接由内蒙古萨拉齐地区传入(图3)。

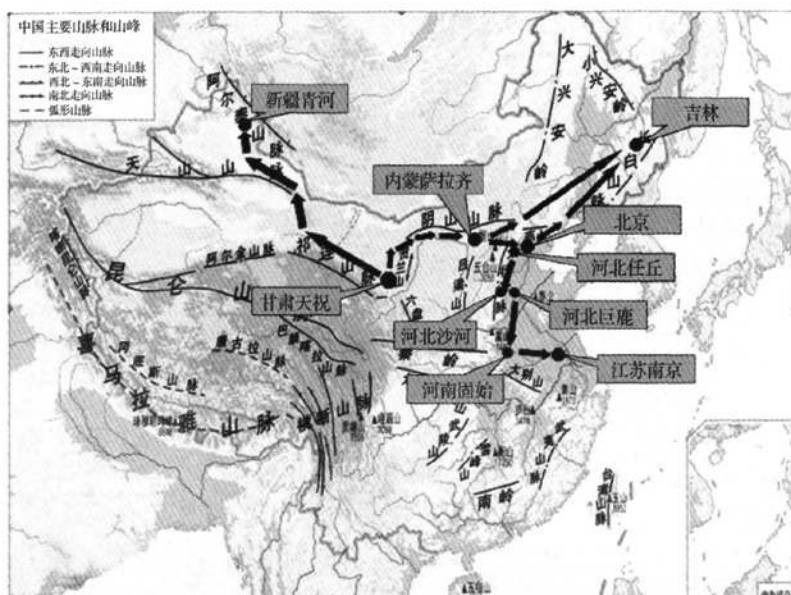


图3 小红芒地理传播图

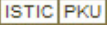
Fig.3 Spreading path of Xiaohongmang

另外,本研究只是在形态学和蛋白水平对供试材料小红芒和小红芒麦的遗传演化趋势做了初步的研究和推断,地理位置及地形情况与引种传播关系的分析只是作为其演化趋势路线的旁证,尚存在不完善之处。在分子水平对供试材料做分子系统地理学方面的分析可得到更为科学的结论。

参考文献

- [1] 董玉琛,郑殿升,中国小麦遗传资源[M].北京:中国农业出版社,2000:65-68
- [2] 张玲丽,王辉,李立会,等.中国小麦地方品种大青芒遗传多样性研究[J].中国农业科学,2007,40(8):1579-1586
- [3] Poiarkova H, Blum A. Landraces of wheat from the northern Negev in Israel[J]. Euphytica,1983,32:257-271
- [4] Moghaddam M, Ehdai B, Waines J C. Genetic variation and interrelationships of agronomic characters in landraces of bread wheat from southeastern Iran[J]. Euphytica,1997,95:361-369
- [5] 刘三才,郑殿升,曹永生,等.中国小麦选育品种与地方品种的遗传多样性[J].中国农业科学,2000,33(4):20-24
- [6] Nakamura H. Genetic diversity of high-molecular-weight glutenin subunit compositions in landraces of hexaploid wheat from Japan [J]. Euphytica,2001,120:227-234
- [7] Xu L L, Li W, Wei Y M, et al. Genetic diversity of HMW glutenin subunits in diploid, tetraploid and hexaploid *Triticum* species[J]. Genet Resour Crop Evol,2009,56:377-391
- [8] Frankel O H, Hawkes J G. Crop genetic resource for today and tomorrow[J]. New Phytol,1977,78:752-753
- [9] Payne P I, Holt L M, Law C N. Structural and genetically studies on the high molecular weight glutenin [J]. Theor Appl Genet, 1981,60:229-236
- [10] Alptekin K, Nusret Zencirci. Variation in wheat (*Triticum* spp.) landraces from different altitudes of three regions of Turkey[J]. Genet Resour Crop Evol,2005,52:775-785
- [11] Tranquillini G, Appendino L, Pfluger L A, et al. Morphoagronomic and biochemical variation in an Argentinean landrace of wheat [J]. Genet Resour Crop Evol,2000,47:281-284
- [12] 张学勇,庞斌双,游光霞,等.中国小麦品种资源 *Clu-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
- [13] 陈晓杰,王亚娟,申磊,等.西北春麦区小麦地方品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析[J].植物遗传资源学报,2009,10(1):42-45
- [14] 李博,张荣琦,王亚娟,等.黄淮麦区部分小麦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(3):483-486

同名小麦地方品种小红芒和小红芒麦形态学和HMW-GS组成的演变分析

作者: 谢炜, 郭青云, 郭小敏, 杨欣明, 李秀全, 李立会, XIE Wei, GUO Qing-yun, GUO Xiao-min, YANG Xin-ming, LI Xiu-quan, LI Li-hui
作者单位: 谢炜, XIE Wei (青海大学, 西宁, 810016; 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), 郭青云, GUO Qing-yun (青海大学, 西宁, 810016), 郭小敏, 杨欣明, 李秀全, 李立会, GUO Xiao-min, YANG Xin-ming, LI Xiu-quan, LI Li-hui (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): 2011, 12(3)

参考文献(14条)

1. 李博;张荣琦;王亚娟 黄淮麦区部分小麦地方品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析 2007(03)
2. 陈晓杰;王亚娟;申磊 西北春麦区小麦地方品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析 2009(01)
3. 张学勇;庞斌双;游光霞 中国小麦品种资源Glu-1位点组成概况及遗传多样性分析 2002(11)
4. Tranquillil G;Appendino L;Pflugler L A Morphoagronomic and biochemical variation in an Argentinean landrace of wheat 2000
5. Alptekin K;Nusret Zencirci Variation in wheat (Triticum spp.) landraces from different altitudes of three regions of Turkey 2005
6. Payne P I;Holt I M;Law C N Structural and genetically studies on the high molecular weight glutenin 1981
7. Frankel O H;Hawkes J G Crop genetic resource for today and tomorrow 1977
8. Xu L L;Li W;Wei Y M Genetic diversity of HMW glutenin subunits in diploid, tetraploid and hexaploid Triticum species 2009
9. Nakamura H Genetic diversity of high-molecular-weight glutenin subunit compositions in landraces of hexaploid wheat from Japan 2001
10. 刘三才;郑殿升;曹永生 中国小麦选育品种与地方品种的遗传多样性 2000(04)
11. Moghaddam M;Ehdaie B;Waines J C Genetic variation and interrelationships of agronomic characters in landraces of bread wheat from southeastern Iran 1997
12. Poiarkova H;Blum A Landraces of wheat from the northern Negev in Israel 1983
13. 张玲丽;王辉;李立会 中国小麦地方品种大青芒遗传多样性研究 2007(08)
14. 董玉琛;郑殿升 中国小麦遗传资源 2000

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201103008.aspx