

小麦大面积种植品种与骨干亲本的遗传差异解析

徐鑫¹, 李小军², 高爱农³, 李立会³

(¹河南新乡学院, 新乡 453003; ²河南科技学院, 新乡 453003; ³中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要: 为了解小麦大面积种植品种和育种骨干亲本的遗传差异特点, 利用分布于小麦全基因组的 428 个 SSR 标记对 4 个大面积种植品种和 4 个骨干亲本进行了比较分析。结果表明, 8 个材料间的遗传距离变异范围为 0.460~1.126, 平均 0.876, 其中骨干亲本间的平均遗传距离(0.955)高于大面积种植品种(0.718)。骨干亲本中检测到的等位变异数较大面积种植品种高 16.4%, 前者的平均等位变异(2.90)也略高于后者(2.43)。从不同基因组和染色体来看, 骨干亲本在 A、B 和 D 基因组上及 19 对染色体(除了 2D 和 6D)的平均等位变异均高于大面积种植品种。以上分析表明骨干亲本的遗传异质性高于大面积种植品种。进一步比较二者的分子差异, 发现骨干亲本中有 518 个特有等位变异(在大面积品种中没有出现), 其中 Xwmc513 和 Xbarc59 为骨干亲本共有位点, 大面积品种中也检测到 315 个特有等位变异, 其中 Xp3029、Xwmc235、Xgwm518、Xgdm43、Xbarc146 和 Xcfd80 为共有位点。前人研究表明骨干亲本的一些染色体区段传递给了大面积种植品种, 在它们的形成中发挥了重要作用。本研究发现的特异位点可能是遗传研究中除了骨干亲本重要位点之外的一些需要重点关注的基因组区域, 进一步研究有助于解析一个品种是被大面积推广利用或成为骨干亲本的形成原因。

关键词: 小麦; 大面积种植品种; 骨干亲本; 遗传差异; SSR

Genetic Difference among Founder Parents and Widely Grown Cultivars Using SSR Markers in Wheat

XU Xin¹, LI Xiao-jun², GAO Ai-nong³, LI Li-hui³

(¹Xinxiang University, Xinxiang 453003; ²Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang 453003;

³Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: To understand the genomic characteristics among founder parents and widely grown cultivars in wheat, eight representative accessions, consisting of four founder parents and four widely grown cultivars, were evaluated using 428 SSR markers distributing on 21 chromosomes. The Nei's distances among the eight accessions based on SSR data varied from 0.460 to 1.126, with an average of 0.876. The mean value of Nei's distances among the four founder parents was 0.955, which was higher than that among four widely grown cultivars (0.718). The number of alleles amplified in the founder parents was over 16.4% than that in the widely grown cultivars. The mean number of alleles per SSR locus in the founder parents was 2.90, which was a little higher than that in the widely grown cultivars (2.43). On the other hand, we found that the mean number of alleles observed in the founder parents were higher than that in the widely grown cultivars on A, B and D genomes, or 19 chromosomes with the exception of 2D and 6D. Such results indicated that the genetic diversity among founder parents was more abundant than that among widely grown cultivars. Furthermore, 518 unique alleles, present in the founder parents and absent in all the widely grown cultivars, were observed. At Xwmc513 and Xbarc59 loci, the same alleles were detected in the four founder parents. On the contrary, 315 unique alleles which were found in the widely grown cultivars but absent in all the founder parents, were observed. At six loci, Xpsp3029, Xwmc235, Xgwm518, Xgdm43, Xbarc146 and Xcfd80, the same alleles were found in the widely grown cultivars. Previous studies demonstrated that genomic regions contributed by a founder parent could be traced often in widely grown cultivars, which might play an im-

收稿日期: 2013-10-28 修回日期: 2013-12-02 网络出版日期: 2014-06-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140609.1407.003.html>

基金项目: 河南省科技攻关项目(132102110031); 新乡学院博士启动项目

第一作者研究方向为小麦遗传育种。E-mail: 740254328@qq.com; 李小军为共同第一作者

portant role for their production. The SSR loci detected in this study might be other important genomic regions, which would be helpful to understand the cause of formation for founder parent or widely grown cultivar in the future study.

Key words: wheat; widely grown cultivars; founder parents; genetic difference; SSR

对于我国小麦育种和生产所取得的巨大成就,骨干亲本和大规模种植品种(年最大种植面积超过 66.67 万 hm^2) 的利用发挥了至关重要的作用。据统计,1949-2000 年我国育成小麦品种 2000 个以上,其血缘涉及 16 个骨干亲本: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。同期,我国年种植面积超过 66.67 万 hm^2 的大品种也只有 59 个,仅占种植品种总数的 3.7%^[1]。所以,分析小麦骨干亲本和大规模种植品种的遗传关系及差异特征对于小麦育种具有一定的理论意义。

在小麦^[2-6]、玉米^[7]、水稻^[8-9]和大麦^[10]等作物上,前人从骨干亲本遗传物质在衍生品种的传递特征进行了分析,发现骨干亲本含有一些特殊的与重要农艺性状密切相关的染色体位点或区段,这可能是骨干亲本形成的遗传基础。例如,韩俊等^[2]、司清林等^[3]、李琼等^[4]、袁园园等^[5]和李小军等^[6]分别利用 SSR 标记分析了小麦骨干亲本燕大 1817、阿夫、小偃 6 号、碧蚂 4 号和欧柔遗传物质在衍生品种的遗传规律。相吉山等^[11]、徐鑫等^[12]和李红琴等^[13]分析了小麦骨干亲本南大 2419、碧蚂 4 号和阿夫高分子量麦谷蛋白亚基组成在衍生品种的传递特点。陈桂玲等^[14]探讨了不同品质相关性状基因位点在小偃 6 号衍生后代传递频率存在差异的原因。陈国跃等^[15]研究发现小麦骨干亲本繁 6 的成株抗性及其控制遗传位点在后代品种选育中被定向选择。关于大规模种植品种形成的遗传基础研究多集中在重要性状的 QTL 定位。例如,D. An 等^[16]以小麦大规模种植品种鲁麦 14 为亲本构建 DH 群体,定位了氮吸收效率相关 QTL;Z. Ma 等^[17]和 F. Lin 等^[18]以小麦大规模种植品种南大 2419(也是骨干亲本)为亲本构建重组自交系作图群体,定位了与穗长、小穗数、穗密度和赤霉病抗性等性状相关的 QTL。但目前从分子水平解析大规模种植品种与骨干亲本间遗传关系的报道很少。本研究以 8 个重要小麦骨干亲本和大规模种植品种为材料,利用分布于小麦全基因组的 428 对 SSR 标记分析它们的遗传差异特征,旨在为骨干亲本和优良品种的培育提供有用信息。

1 材料与方法

1.1 供试材料

研究包括 8 个小麦品种,其中早洋麦、阿勃、欧柔和洛夫林 10 号是我国小麦育种的骨干亲本,济南 2 号、石家庄 54、泰山 1 号和冀麦 30 是年最大种植面积超过 66.67 万 hm^2 的小麦品种^[1]。

1.2 SSR 标记分析

每个品种随机选取 5~10 粒种子,培养成幼苗,每个单株等量叶片混合研磨,CTAB 法提取 DNA。PCR 反应体积为 20 μL ,含 1 \times buffer(0.01 mol/L Tris-HCl, pH 值 8.3, 0.05 mol/L KCl)、0.0015 mol/L MgCl_2 、0.2 mol/L dNTPs、50 ng 引物和 60 ng 模板 DNA。扩增:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;然后 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 1 min,50~60 $^{\circ}\text{C}$ 退火 1 min,35 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延长 10 min。扩增产物采用 8% 变性聚丙烯酰胺凝胶进行电泳,硝酸银染色。

选用分布于小麦 21 对染色体且在供试品种间表现多态的 428 对 SSR 引物,主要包括 Xgwm、Xwmc、Xbarc、Xgdm、Xcfa 和 Xcfd 等 6 种类型。所有引物相关信息见网站 GrainGenes 2.0 (<http://wheat.pw.usda.gov/>),由上海生工生物工程有限公司合成。引物中单位点标记有 376 个,A、B 和 D 基因组分别有 138、129 和 109 个。SSR 扩增带型在相同迁移率位置上有带记为 1,无带记为 0,建立 0、1 数据库。

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性及品种间遗传关系

428 对在供试品种间表现多态性的 SSR 引物,共扩增出 1556 个等位变异,单个引物等位变异范围为 1~11 个,平均 3.64 个。A、B 和 D 3 个基因组分别发现了 482、473 和 357 个等位变异,B 基因组平均每个多态性位点等位变异数为 3.67,与 A(3.49) 基因组相当,二者略高于 D(3.28) 基因组。对这些材料利用 UPGMA 法进行聚类分析,结果发现,石家庄 54、泰山 1 号、济南 2 号和早洋麦聚成一类,这主要是因为这些大面积品种多是骨干亲本早洋麦的衍生后代。洛夫林 10 号与冀麦 30 关系较近,另外 2 个骨干亲本阿勃和欧柔聚为一类(图 1)。

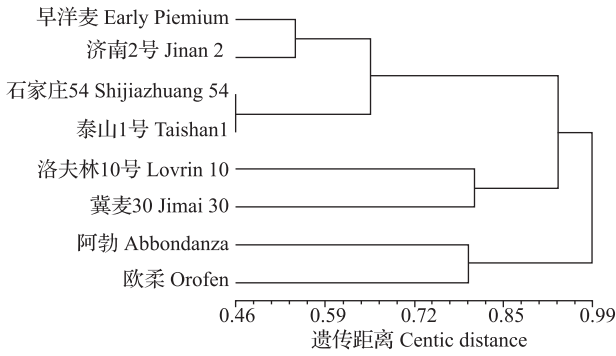


图1 8个材料的UPGMA聚类分析图

Fig.1 Dendrogram of 8 accessions based on unweighted pair-group method using arithmetic averages (UPGMA)

2.2 品种间遗传距离

从品种两两之间的遗传距离来看(表1),品种间遗传距离变异范围为0.460~1.126,成对遗传距离的平均值为0.876。其中石家庄54和阿勃之间的遗传距离最大(1.126),泰山1号和石家庄54的遗传距离最小

表1 供试品种间的遗传距离

Table 1 Nei's distance among the eight cultivars

品种 Cultivar	早洋麦 Early Piemium	阿勃 Abbondanza	欧柔 Orofen	洛夫林10号 Lovrin 10	济南2号 Jinan 2	石家庄54 Shijiazhuang 54	泰山1号 Taishan 1
阿勃 Abbondanza	1.042						
欧柔 Orofen	0.905	0.802					
洛夫林10号 Lovrin 10	0.937	1.041	1.000				
济南2号 Jinan 2	0.548	1.113	1.052	1.038			
石家庄54 Shijiazhuang 54	0.650	1.126	1.040	1.015	0.499		
泰山1号 Taishan 1	0.766	1.020	0.589	1.016	0.720	0.460	
冀麦30 Jimai 30	0.831	0.973	0.915	0.812	0.837	0.877	0.914

进一步分析大面积种植品种与骨干亲本在不同基因组和染色体的等位基因变异,结果表明(图2),骨干亲本在A、B和D基因组上的平均等位变异(分别为2.84、2.79和2.46)均略高于大面积种植品种(分别为2.28、2.33和2.24)。在21对染色体上,

(0.460)。4个骨干亲本间的平均遗传距离为0.955,而4个大面积种植品种间的遗传距离相对较小,为0.718。

2.3 大面积种植品种与骨干亲本间的遗传差异

在4个大面积种植品种中共发现1038个等位变异,SSR位点间的等位变异范围为1~4,平均2.43。大面积种植品种具有315个特有等位变异(在骨干亲本中没有出现),占总等位变异数的30.3%,其中6个SSR位点(Xpsp3029、Xwmc235、Xgwm518、Xgdm43、Xbarc146和Xcfd80)4个品种具有共同的等位变异。与大面积种植品种相比,骨干亲本的等位基因多样性相对较高,在4个骨干亲本中共发现1241个等位变异,较大面积种植品种高16.4%,SSR位点间的等位变异范围为1~4,平均2.90。在骨干亲本中也检测到518个不同于大面积种植品种的特有等位变异,占总等位变异数的41.7%,其中有2个SSR位点(Xwmc513和Xbarc59)4个品种具有共同的等位变异。

骨干亲本的平均等位变异范围在2.08~3.15,大面积种植品种在1.76~2.83。其中在2D和6D染色体上,大面积种植品种的平均等位变异略高于骨干亲本,而在其他19对染色体上,后者平均等位变异数均高于前者。

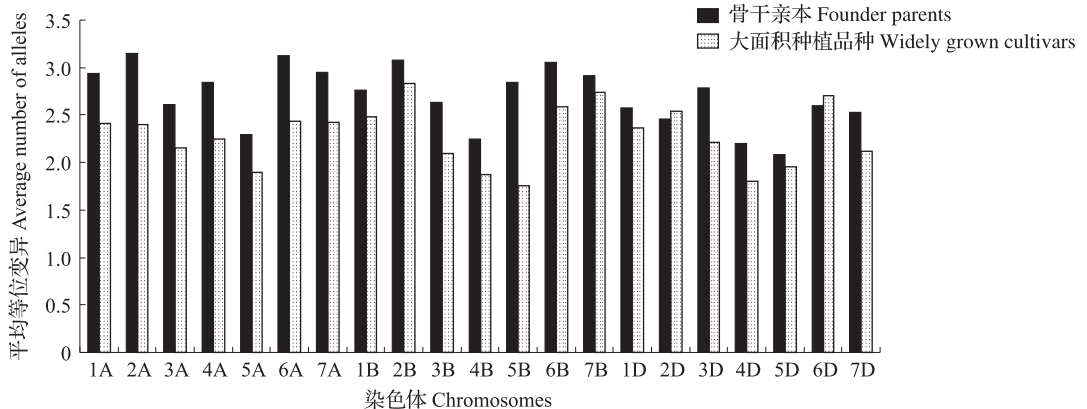


图2 21对染色体上骨干亲本与大面积种植品种的平均等位变异

Fig.2 Average number of alleles amplified in the founder parents and widely grown wheat cultivars on 21 chromosomes

3 讨论

盖红梅等^[19]对我国 66 份大面积种植小麦品种和 13 份育种骨干亲本的 481 个 SSR 位点进行基因型扫描分析,发现大面积种植品种和骨干亲本之间存在密切的血缘关系,前者多为骨干亲本的后裔。这说明骨干亲本的一些染色体区段传递给了大面积种植品种,其可能在骨干亲本与大面积种植品种的形成中发挥了重要作用。但是,育种实践中经常会发现,有的品种虽被大面积推广种植但并不一定能成为一个很好的育种亲本,同样,有的品种是很好的育种亲本但推广种植面积却不大,而另有些品种既是大面积种植品种也是骨干亲本。所以,大面积种植品种除了继承骨干亲本重要位点外,其之所以不同于骨干亲本,可能还存在一些自身的特异位点(不一定来自骨干亲本)。同样,与大面积种植品种相比,骨干亲本可能也有一些自身的特异位点。鉴于此,大面积种植品种(尤其是年种植面积超过 66.67 万 hm^2)与骨干亲本间的遗传关系及分子差异都值得进一步研究。

盖红梅等^[19]发现骨干亲本间的遗传距离(0.43 ~ 0.70)高于大面积种植品种间的遗传距离(0.21 ~ 0.67),而本研究发现骨干亲本和大面积种植品种间的平均遗传距离分别为 0.955 和 0.718,二者结果均表明骨干亲本的遗传异质性高于大面积种植品种。另外,盖红梅等^[19]发现大面积种植品种每个位点的平均等位变异数(7.10)高于骨干亲本(4.01),但是它们的遗传多样性指数相当,分别为 0.53 和 0.49,认为这主要是由于研究中所使用的大面积种植品种数多于骨干亲本数造成的;相对于样本数更多的大面积种植品种而言,样本数较少的骨干亲本拥有的遗传多样性更高。本研究在骨干亲本中检测到的等位变异数较大面积种植品种高 16.4%,前者的平均等位变异(2.90)也略高于后者(2.43),这也与他们的分析结果一致。

小麦大面积种植品种多源自骨干亲本^[19],表明二者具有不同于其他品种的遗传组成,那么是否存在一些基因组位点决定了一个品种是被大面积推广利用还是成为骨干亲本还有待于研究。本研究通过比较大面积种植品种和骨干亲本的遗传组成,发现 4 个大面积种植品种在 6 个 SSR 位点具有共有但不同于骨干亲本的等位变异,而 4 个骨干亲本也具有 2 个特异的染色体位点,它们也许是遗传研究中除了骨干亲本重要位点之外的一些需要重点关注的基

因组区域。与已定位的 QTL 相比,发现这些 SSR 位点集中了许多与产量和抗病等性状相关的基因。例如,在 6 个大面积种植品种共有染色体位点中,5B 染色体上的 Xwmc235 与小麦腥黑穗病基因距离较近^[20]、Xbarc146 位点区域存在与千粒重性状相关的 QTL^[21]、Xcfd80 区段存在控制小穗数性状相关基因^[17],而在 4 个骨干亲本特异标记位点 Xbarc59 附近也发现存在与小穗数相关基因^[17]。这些特异基因组区域可能在骨干亲本和大规模种植品种形成中发挥了重要作用。同样,X. J. Li 等^[22]利用 537 对 SSR 标记比较了小麦骨干亲本北京 8 号与来自相同组合的大面积种植品种石家庄 54 和济南 2 号的遗传差异,发现北京 8 号有 59 个特异染色体位点;王庆专等^[23]利用 513 对多态性引物对我国播种面积最大的小麦品种碧蚂 1 号、骨干亲本碧蚂 4 号及其他 3 个姊妹系的遗传差异进行了比较分析,发现碧蚂 4 号有 188 个特异染色体位点;李小军等^[24]明确了大面积种植小麦品种百农 AK58 的遗传构成,发现百农 AK58 具有不同于姊妹系丰收 60 和百农 4330 的特异染色体位点和区段。通过对比已报道的小麦农艺性状基因或 QTL 位点信息,以上研究者均发现这些特异位点上富集了许多与小麦产量、抗病和适应性等重要农艺性状相关的基因,应深入研究。

参考文献

- [1] 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
- [2] 韩俊,张连松,李静婷,等. 小麦骨干亲本“胜利麦/燕大 1817”杂交组合后代衍生品种遗传构成解析[J]. 作物学报,2009,35(8):1395-1404
- [3] 司清林,刘新伦,刘智奎,等. 阿夫及其小麦衍生品种的(系)的 SSR 分析[J]. 作物学报,2009,35(4):615-619
- [4] 李琼,王长有,刘新伦,等. 小偃 6 号及其衍生品种(系)遗传多样性的 SSR 分析[J]. 麦类作物学报,2008,28(6):950-955
- [5] 袁园园,王庆专,崔法,等. 小麦骨干亲本碧蚂 4 号的基因组特异位点及其在衍生后代中的传递[J]. 作物学报,2010,36(1):9-16
- [6] 李小军,徐鑫,刘伟华,等. 利用 SSR 标记探讨骨干亲本欧柔在衍生品种的遗传[J]. 中国农业科学,2009,42(10):3397-3404
- [7] 赵峰,孟祥兵,李卫华,等. 玉米骨干亲本黄早四抗病基因遗传传递规律的初步研究[J]. 玉米科学,2008,1(6):15-18
- [8] 刘怀年,王世全,邓其明,等. 水稻骨干亲本蜀恢 527 产量相关性状关键区段分析[J]. 农业生物技术学报,2011,19(3):393-406
- [9] 刘华招. 抗病基因 *Pi-ta* 在骨干亲本及其衍生品种的传递[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(4):699-703
- [10] Sjakste T G, Rashed I, Röder M S. Inheritance of microsatellite alleles in pedigrees of Latvian barley varieties and related European ancestors[J]. Theor Appl Genet,2003,106:539-549