

黑龙江小麦春化和光周期主要基因组成分析

刘文林,张宏纪,刘东军,郭怡璠,孙 岩,马淑梅,宋凤英,杨淑萍

(黑龙江省农业科学院作物育种研究所,哈尔滨 150086)

摘要:选取黑龙江省小麦品种 126 份,对其春化和光周期基因型及农艺性状进行研究。结果表明,春化和光周期基因位点显性等位变异组合在黑龙江省小麦中分布频率明显不同。含有显性基因组合 *Vrn-A1/Vrn-D1* 的分布频率最高,为 26.2%,其次是显性基因 *Vrn-A1/Vrn-B1* 和 *Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1*,分布频率分别为 23.8% 和 23.0%,最低的是 *Vrn-B1* 基因,分布频率为 0.8%,*Vrn-B3* 位点在黑龙江小麦中不存在显性等位变异。光周期基因 *Ppd-D1* 位点的检测结果表明,53 个小麦品种携带有 *Ppd-D1a* 基因型,表明光钝型小麦占 42%,73 个品种携带 *Ppd-D1b* 基因型,表明光敏型小麦占 58%。结合田间性状调查分析春化和光周期基因对农艺性状的影响,发现在黑龙江省小麦品种中,光周期基因型对小麦的抽穗期有影响,*Ppd-D1a* 的抽穗期比 *Ppd-D1b* 的抽穗期提前 1~5d;春化和光周期基因等位变异组合对苗期习性有影响。

关键词:黑龙江省春小麦;春化基因;光周期基因

Distribution of Allelic Variation for Vernalization and Photoperiod Genes in the Wheat Varieties from Heilongjiang

LIU Wen-lin, ZHANG Hong-ji, LIU Dong-jun, GUO Yi-fan, SUN Yan, MA Shu-mei,

SONG Feng-ying, YANG Shu-ping

(Brief Introduction of Crop Breeding Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086)

Abstract: In order to study influence on agronomic traits of vernalization gene and photoperiod gene, 126 wheat varieties from Heilongjiang were selected in the study. The results showed that dominant mutation frequencies of vernalization and photoperiod allelic loci combinations were significantly different in the wheat varieties tested. Combination of vernalization and photoperiod gene *Vrn-A1/Vrn-D1* was the most, accounting for 26.2%, then followed by *Vrn-A1/Vrn-B1* and *Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1*, accounting for 23.8% and 23.0%, *Vrn-B1* gene was the minimal, accounting for 0.8%. In *Vrn-B3* site, all of 126 wheat varieties had recessive gene *vrn-B3*. The detection of photoperiod gene *Ppd-D1* showed that 53 varieties contained allelic gene *Ppd-D1a*, accounting for 42%, 73 varieties contained allelic gene *Ppd-D1b*, accounting for 58%. The effect of vernalization and photoperiod gene on agronomic traits was analysed. The result showed that the wheat varieties contained *Ppd-D1a* gene was headed earlier 1-5 days than that contained *Ppd-D1b* gene. But stolon characteristic was affected by vernalization and photoperiod gene.

Key words: spring wheat in Heilongjiang province; vernalization gene; photoperiod gene

小麦是典型的长日照植物,在生长发育过程中需要一定的温度、光照、水分、养分等综合的外部条件,才能从营养生长进入到生殖生长,正常开花授

粉、形成子粒和灌浆成熟。在小麦的发育过程中,春化阶段和光照阶段是决定小麦从营养生长到生殖生长的 2 个重要时期^[1]。随着植物分子遗传学的发

收稿日期:2014-01-10 修回日期:2014-03-10 网络出版日期:2014-10-16

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20141016.1517.005.html>

基金项目:国家“863”项目(2012AA101202-1)

第一作者研究方向为小麦遗传育种及生物技术。E-mail: yzslw2013@163.com

通信作者:张宏纪,研究方向为小麦遗传育种及生物技术。E-mail: fumai@163.com

展,一系列生长发育相关基因被分离鉴定,已经明确了春化作用和光周期反应特性是影响小麦生长发育的重要因素。小麦的春化和光周期特性受到其自身基因的控制,不同温光特性小麦适宜于不同生态区域种植^[2]。

目前,被遗传定位且开发出 PCR 分子标记的小麦春化和光周期基因主要包括 *Vrn-A1*、*Vrn-B1*、*Vrn-D1*、*Vrn-B3*、*Ppd-D1a* 和 *Ppd-D1b*。国内外学者利用这些标记检测了不同生态区域小麦的基因型组成^[3-9]。黑龙江省地域广阔,生态类型复杂,从 20 世纪 30 年代起,已累计选育推广了 170 多个品种。但这些品种的春化和光周期主要基因组成分还不清楚,特别是春化基因、光周期基因和小麦农艺性状之间的关系还不明确。为此,本研究利用近年来开发的 PCR 标记对黑龙江省春麦区 126 份小麦品种的 4 个春化基因位点和光周期 *Ppd-D1* 位点进行分子检测,分析各位点等位基因在本省小麦品种中的组成情况和分布频率,并结合田间性状调查与分析小麦品种农艺性状和基因型之间的关系,为黑龙江省小麦种植和新品种选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

选用黑龙江省育成的春小麦品种 126 份,涵盖省内 7 家育种单位,其中龙辐麦系列 20 份(黑龙江省农业科学院作物育种研究所育成,本研究室保存),龙麦系列 11 份(黑龙江省农业科学院作物育种研究所育成,张春利研究员提供),克字系列 55 份(黑龙江省农业科学院克山分院育成,邵立刚研究员提供),垦红系列 9 份(黑龙江省农垦总局红兴隆科研所育成,胡广彪研究员提供),垦大系列 9 份(黑龙江八一农垦大学育成,何元龙教授提供),东农系列 11 份(东北农业大学育成,李卓夫教授提供),其他垦字系列 11 份(黑龙江省农垦总局九三科研所和北大荒垦丰种业股份有限公司育成,郭彦泰研究员提供)。供试品种数量占目前本省所有成品种总数的 70% 以上。试验品种具有广泛性和代表性,基本反映了黑龙江省麦区育种和生产现状。选用已知春化和光周期基因型的品种辽春 10 号(*Vrn-A1a*、*Vrn-B1*、*Vrn-D1*、*Vrn-B3*、*Ppd-D1a*)和中国春(*vrn-A1*、*vrn-B1*、*Vrn-D1*、*vrn-B3*、*Ppd-D1b*)作为对照。中熟对照品种为克旱 19(黑龙江省小麦品种推广试验中熟组对照),晚熟对照品种

为垦九 10(国家春小麦品种区域试验东北晚熟组对照品种),根据对照品种确定各供试品种的熟期。

1.2 农艺性状的调查

供试材料分别种植在黑龙江省农业科学院民主科技园区和黑龙江省农业科学园艺分院试验地内,2 次重复。每个品种种植 2 行,行长 1 m,人工点播,行距 15 cm,株距 5 cm,调查每个品种的苗期习性、抽穗期和成熟期。

1.3 供试材料 DNA 的提取

采用 CTAB 法^[10]分别提取各个供试材料的基因组 DNA,用紫外分光光度计检测 DNA 纯度与浓度。为了增加检测结果的准确性,每份材料至少提取 3 株叶片的 DNA,分别用于检测其春化和光周期基因型。

1.4 春化和光周期基因的分子标记检测

本研究选用目前已开发公布的特异性引物^[2-3,11](表 1),并由上海生工生物工程公司合成。PCR 反应体系均为 25 μ L,模板 DNA 50 ng,10 \times buffer 2 μ L,dNTP(25 μ mol/L)0.2 μ L,上游和下游引物(5 μ mol/L)各 1 μ L,*Taq* DNA 聚合酶 1 U,用无菌蒸馏水补充反应体系至 25 μ L。PCR 反应程序为 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,50 ~ 60 $^{\circ}$ C 退火 45 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s,35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min;4 $^{\circ}$ C 保存。在 1.5% ~ 2.0% 琼脂糖凝胶中进行电泳分离,采用缓冲体系为 1 \times TAE 溶液,120 V 电压电泳 30 ~ 60 min,凝胶成像系统照相后统计结果。

2 结果与分析

2.1 小麦供试材料的春化基因型检测

2.1.1 *Vrn-A1* 位点检测 *Vrn-A1* 位点有 3 个显性等位基因和 1 个隐性等位基因,在引物 VRN1AF 和 VRN1-INT1R 的检测结果中,显性基因 *Vrn-A1a* 出现 876 bp 和 965 bp 两个条带,显性基因 *Vrn-A1b* 出现 714 bp 的条带,显性基因 *Vrn-A1c* 和隐性基因 *vrn-A1* 出现 734 bp 的条带。对 126 份小麦品种的 *Vrn-A1* 位点进行了检测,结果如图 1 所示,116 份小麦品种扩增出 876 bp 和 965 bp 两个条带,与对照辽春 10 号相同,说明这些材料含有显性基因 *Vrn-A1a*,10 份小麦品种扩增出 734 bp 的条带,说明其中含有显性基因 *Vrn-A1c* 或者隐性基因 *vrn-A1*。

表 1 春化和光周期基因引物和 PCR 检测结果

Table 1 Primers for vernalization and photoperiod gene and PCR band sizes for target genes

位点	等位基因	引物	序列(5′-3′)	长度(bp)
Locus	Allele	Primer	Sequence	Length
VRN-A1	VRN-A1 <i>a</i>	VRNA1F	GAAAGGAAAAATTCTGCTCG	965/876
	VRN-A1 <i>b</i>	VRN1-INT1R	GCAGGAAATCGAAATCGAAG	714
	VRN-A1 <i>c</i>			734
	<i>vrn-A1</i>		734	
	VRN-A1 <i>c</i>	Intr1/A/F2	AGCCTCCACGGTTTGAAAGTAA	1170
		Intr1/A/R3	AAGTAAGACAACACGAATGTGAGA	
	<i>vrn-A1</i>	Intr1/C/F	GCACTCCTAACCCACTAACC	1068
		Intr1/AB/R	TCATCCATCATCAAGGCAAA	
VRN-B1	VRN-B1	Intr1/B/F	CAAGTGGAAACGGTTAGGACA	709
		Intr1/B/R3	CTCATGCCAAAAATTGAAGATGA	
	<i>vrn-B1</i>	Intr1/B/F	CAAGTGGAAACGGTTAGGACA	1149
		Intr1/B/R4	CAAATGAAAAGGAATGAGAGCA	
VRN-D1	VRN-D1	Intr1/D/F	GTTGTCTGCCTCATCAAATCC	1671
		Intr1/D/R3	GGTCACTGGTGCTCTGTGC	
	<i>vrn-D1</i>	Intr1/D/F	GTTGTCTGCCTCATCAAATCC	997
		Intr1/D/R4	AAATGAAAAGGAACGAGAGCG	
VRN-B3	VRN-B3	VRN4-B-INS-F	CATAATGCCAAGCCGGTGAGTAC	1200
		VRN4-B-INS-R	ATGTCTGCCAATTAGCTAGC	
	<i>vrn-B3</i>	VRN4-B-NOINS-F	ATGCTTTTCGCTTGCCATCC	1140
		VRN4-B-NOINS-R	CTATCCCTACCGGCCATTAG	
Ppd-D1	Ppd-D1 <i>a</i>	2D-Ins-R1	TGTTGGTTCAAACAGAGAGC	288
	Ppd-D1 <i>b</i>	2D-Ins-R2	CACTGGTGTAGCTGAGATT	414
		2D-Ins-F1	ACGCCTCCCACTACACTG	

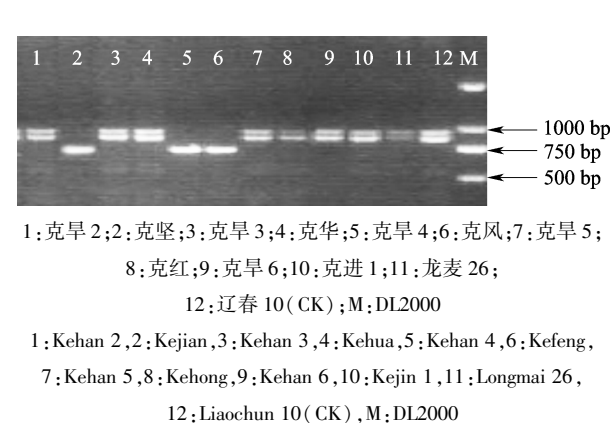


图 1 部分供试小麦品种 *Vrn-A1* 位点检测的电泳图谱

Fig. 1 Electrophoretogram of detecting *Vrn-A1* locus in wheat cultivars

为了进一步区分显性基因 *Vrn-A1c* 和隐性基因 *vrn-A1* 在 10 份小麦品种的分布,利用引物 Intr1/A/F2 与 Intr1/A/R3、Intr1/C/F 与 Intr1/AB/R 做进一步检测,显性基因 *Vrn-A1c* 在引物 Intr1/A/F2 与 Intr1/A/R3 检测结果中有 1170 bp 的条带,隐性基因

vrn-A1 在引物 Intr1/C/F 与 Intr1/AB/R 的扩增结果中有 1068 bp 的条带。在引物 Intr1/A/F2 与 Intr1/A/R3 检测结果中,10 份品种中都没有扩增出条带。在引物 Intr1/C/F 与 Intr1/AB/R 的检测结果中,10 份品种都扩增出 1068 bp 条带(图 2),与对照品种中国春相同,说明 10 个品种均有隐性基因 *vrn-A1*。

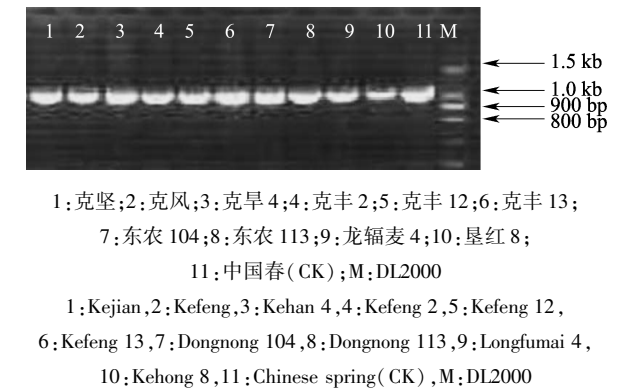
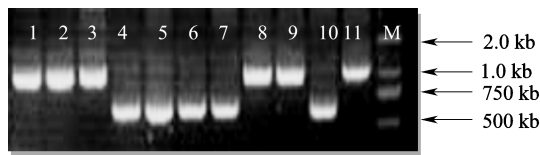


图 2 部分供试小麦品种 *Vrn-A1* 位点检测的电泳图谱

Fig. 2 Electrophoretogram of detecting *Vrn-A1* locus in wheat cultivars

2.1.2 *Vrn-B1* 位点检测 *Vrn-B1* 位点有显性基因和隐性基因两种类型,利用两对引物 Intr1/B/F 与 Intr1/B/R3、Intr1/B/F 与 Intr1/B/R4 检测 *Vrn-B1* 基因型,显性基因 *Vrn-B1* 在引物 Intr1/B/F 与 Intr1/B/R3 的扩增结果中有 709 bp 的条带,隐性基因在引物 Intr1/B/F 与 Intr1/B/R4 的扩增结果中有 1149 bp 的条带。对 126 份小麦品种进行了检测,结果如图 3 所示,60 份品种中扩增出 709 bp 的条带,与对照品种辽春 10 号相同,说明这些品种含有显性基因 *Vrn-B1*,66 份品种扩增出 1149 bp 的条带,与对照品种中国春相同,说明这些品种含有隐性基因 *vrn-B1*。



1:克珍;2:克早9;3:新克早9;4:克早10;5:克早13;
6:克早14;7:克早15;8:克早19;9:克早12;10:辽春10(CK);
11:中国春(CK);M:DL2000

1:Kezhen,2:Kehan 9,3:Xinkehan 9,4:Kehan 10,5:Kehan 13,
6:Kehan 14,7:Kehan 15,8:Kehan 19,9:Kehan 12,
10:Liaochun10(CK),11:Chinese spring(CK),M:DL2000

图3 部分供试小麦品种 *Vrn-B1* 位点检测的电泳图谱

Fig.3 Electrophoretogram of detecting *Vrn-B1* locus in wheat cultivars

2.1.3 *Vrn-D1* 位点检测 *Vrn-D1* 位点有显性基因和隐性基因两种类型,利用两对引物 Intr/D/F 与 Intr1/D/R3 和 Intr/D/F 与 Intr1/D/R4 检测该位点基因型,显性基因 *Vrn-D1* 在引物 Intr/D/F 与 Intr1/D/R3 的检测结果中有 1671 bp 的条带,隐性基因 *vrn-D1* 在引物 Intr/D/F 与 Intr1/D/R4 的扩增结果中有 997 bp 的条带。对 126 份小麦品种进行检测,结果如图 4 所示,72 份材料扩增出 1671 bp 的条带,



1:克早15;2:东农115;3:东农123;4:东农125;5:垦大4;
6:东农126;7:垦大6;8:垦大7;9:垦红6;10:垦红8;
11:垦红10;12:垦红11;M:DL2000

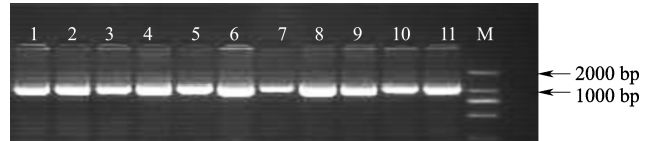
1:Kehan 15,2:Dongnong 115,3:Dongnong 123,4:Dongnong 125,
5:Kenda 4,6:Dongnong 126,7:Kenda 6,8:Kenda 7,9:Kenhong 6,
10:Kenhong 8,11:Kenhong 10,12:Kenhong 11,M:DL2000

图4 部分供试小麦品种 *Vrn-D1* 位点检测的电泳图谱

Fig.4 Electrophoretogram of detecting *Vrn-D1* locus in wheat cultivars

与对照辽春 10 号相同,说明这些品种含有显性基因 *Vrn-D1*,54 份品种扩增出 997 bp 的条带,说明这些品种含有隐性基因 *vrn-D1*。

2.1.4 *Vrn-B3* 位点检测 *Vrn-B3* 位点有显性基因和隐性基因两种类型,利用两对引物可以检测出该位点上的基因型,显性基因 *Vrn-B3* 在引物 VRN4-B-INS-F 和 VRN4-B-INS-R 中可以扩增出 1200 bp 的条带,隐性基因 *vrn-B3* 在引物 VRN4-B-NOINS-F 和 VRN4-B-NOINS-R 中可以扩增出 1140 bp 的条带。对 126 份小麦品种进行了检测,在引物 VRN4-B-INS-F 和 VRN4-B-INS-R 的检测结果中没有条带,这表明不存在显性基因 *Vrn-B3*。在引物 VRN4-B-NOINS-F 和 VRN4-B-NOINS-R 的扩增结果中,126 份品种均扩增出 1140 bp 的条带,结果如图 5 所示,与对照品种中国春相同。说明这些品种在此位点基因型都为隐性。

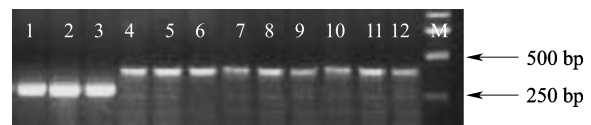


1:克珍;2:克钢;3:克华;4:克风;5:克健;6:克进4;7:克进6;
8:克早1;9:克早2;10:克早8;11:中国春(CK);M:DL2000
1:Kezhen,2:Kegang,3:Kehua,4:Kefeng,5:Kejian,6:Kejin 4,
7:Kejin 6,8:Kezao 1,9:Kezao 2,10:Kehan 8,
11:Chinese spring(CK),M:DL2000

图5 部分供试小麦品种 *Vrn-B3* 位点检测的电泳图谱

Fig.5 Electrophoretogram of detecting *Vrn-B3* locus in wheat cultivars

2.1.5 光周期基因 *Ppd-D1* 位点检测 光周期 *Ppd-D1* 位点有光钝型基因 *Ppd-D1a* 和光敏型基因 *Ppd-D1b* 两种类型,利用引物 2D-Ins-R1、2D-Ins-R2 和 2D-Ins-F1 可以检测出该位点基因类型,光钝型基因 *Ppd-D1a* 可以扩增出 288 bp 的条带,光敏型基因 *Ppd-D1b* 可以扩增出 414 bp 的条带。对 126 份小麦品种的光周期基因进行检测,结果如图 6 所示,53



1:垦红6;2:垦红8;3:垦红10;4:垦大13;5:垦大12;
6:垦大10;7:垦大7;8:垦大6;9:东农111;
10:东农115;11:东农123;12:中国春(CK);M:DL2000;
1:Kenhong 6,2:Kenhong 8,3:Kenhong 10,4:Kenda 13,5:Kenda 12,
6:Kenda 10,7:Kenda 7,8:Kenda 6,9:Dongnong 111,10:Dongnong 115,
11:Dongnong 123,12:Chinese spring(CK),M:DL2000

图6 部分供试小麦品种 *Ppd-D1* 位点检测的电泳图谱

Fig.6 Electrophoretogram of detecting *Ppd-D1* locus in wheat cultivars

份品种有 288 bp 的条带,与对照辽春 10 号相同,说明这些品种有光钝型基因 *Ppd-D1a*;73 份品种扩增出 414 bp 的条带,与对照品种中国春相同,说明这些品种含有 *Ppd-D1b* 基因。

2.2 春化和光周期显性等位基因组合在黑龙江小麦品种中的分布

在 126 份黑龙江春小麦品种中,春化基因显性等位变异组合分布频率明显不同(表 2)。其中以 *Vrn-A1/Vrn-D1* 分布频率最高,分布频率为 26.2%,其次为显性基因 *Vrn-A1/Vrn-B1*、*Vrn-A1/Vrn-B1/*

Vrn-D1 和 *Vrn-A1* 基因,分布频率为 23.8%、23.0% 和 19.0%,最低的是 *Vrn-B1* 基因,分布频率为 0.8%,而显性基因 *Vrn-B3* 在黑龙江省小麦品种中没有分布,均为隐性基因 *vrn-B3*。在光周期基因 *Ppd-D1* 位点上,光钝型基因型 *Ppd-D1a* 的分布频率为 42%,光敏型基因 *Ppd-D1b* 的分布频率为 58%。在黑龙江省小麦中,存在 13 种春化和光周期显性基因变异组合(表 3)。其中以 *Vrn-A1/Vrn-D1/Ppd-D1b* 分布频率最高,分布频率为 20.6%。

表 2 春化和光周期基因显性等位变异在黑龙江省春小麦品种中的分布

Table 2 Distribution of dominant alleles at gene loci of vernalization and photoperiod in Heilongjiang spring wheat

显性基因 Dominant allele	A1	A1 + B1	B1	B1 + D1	D1	A1 + D1	A1 + B1 + D1	B3	a1 + b1 + d1
数目 No. of cultivars	24	30	1	6	2	33	29	0	1
频率(%) Frequency	19.0	23.8	0.8	4.8	1.6	26.2	23.0	0	0.8

A1;*Vrn-A1*, A1 + B1;*Vrn-A1/Vrn-B1*, B1;*Vrn-B1*, B1 + D1;*Vrn-B1/Vrn-D1*, D1;*Vrn-D1*, A1 + D1;*Vrn-A1/Vrn-D1*, A1 + B1 + D1;*Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1*, B3;*Vrn-B3*, a1 + b1 + d1;*vrn-A1/vrn-B1/vrn-D1*, the same as below

在黑龙江省 7 家小麦育种单位之间,所培育品种的显性春化和光周期等位基因分布频率也存在明显差异(表 3)。在北部育种单位中(克山分院和九三科研所),其品种的光周期基因型 *Ppd-D1b* 分布频率高于 *Ppd-D1a* 基因型频率。而在南部育种单位中(东北农业大学、黑龙江省农业科学院作物育种研究所),其品种的光周期基因型 *Ppd-D1a* 分布频率高于 *Ppd-D1b* 基因型频率。在东部的

小麦育种单位(红兴隆科研所)光周期基因型 *Ppd-D1a* 比 *Ppd-D1b* 分布频率高,而同为东部的黑龙江八一农垦大学的品种与之相反,其光周期基因型 *Ppd-D1b* 较 *Ppd-D1a* 分布频率高。上述结果表明,省内育种单位所处的地理位置对其所培育品种的光周期基因型有影响;光周期基因型 *Ppd-D1b* 更偏向存在于高纬度地区选育单位的春小麦品种中。

表 3 春化和光周期基因显性等位变异在黑龙江省不同育种单位之间的分布

Table 3 Distribution of dominant alleles at gene loci of vernalization and photoperiod in Heilongjiang breeding unit

育种单位 Breeding unit	A1		B1		D1		A1 + B1		A1 + D1		B1 + D1		A1 + B1 + D1		a1 + b1 + d1		a	b
	a	b	a	b	a	b	a	b	a	b	a	b	a	b	a	b		
克字系列	2	4	0	0	0	1	1	2	3	22	2	2	4	11	0	1	12	43
东农系列	0	2	0	0	1	0	3	3	1	0	1	0	0	0	0	0	6	5
垦大系列	0	2	0	0	0	0	0	2	1	3	0	0	1	0	0	0	2	7
垦红系列	3	1	1	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	1
垦字系列	2	0	0	0	0	0	2	3	0	0	0	0	1	3	0	0	5	6
龙麦系列	2	0	0	0	0	0	3	0	1	0	0	0	2	3	0	0	8	3
龙辐麦系列	5	1	0	0	0	0	3	4	1	1	1	0	2	2	0	0	12	8
分布数目 No. of distribution	14	10	1	0	1	1	16	14	7	26	4	2	10	19	0	1	53	73
分布频率(%) Frequency distribution	11.1	7.9	0.8	0	0.8	0.8	12.7	11.1	5.6	20.6	3.2	1.6	7.9	15.1	0	0.8	42	58

a;*Ppd-D1a*, b;*Ppd-D1b*

2.3 小麦春化和光周期基因等位变异组合与苗期习性的关系

根据苗期习性将小麦分为直立、半匍匐和匍匐三种类型。田间调查发现(表4),直立、半匍匐和匍匐三种类型中小麦品种数分别为53份、44份和29份,所占比例分别为42.1%、34.9%和23.0%。由表4发现三类生长习性在不同春化基因型组合中均有分布。但主要集中于 *Vrn-A1/vrn-B1/vrn-D1*、*Vrn-A1/vrn-B1/Vrn-D1*、*Vrn-A1/Vrn-B1/vrn-D1* 和 *Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1*。结合光周期基因型分析发现,在表现为匍匐性的上述4种春化基因组合中,所检测光周期等位基因的分布有差异。在 *Vrn-A1/vrn-B1/*

vrn-D1 和 *Vrn-A1/vrn-B1/Vrn-D1* 中主要以 *Ppd-D1b* 为主,分别是83.3%和100%;而在 *Vrn-A1/Vrn-B1/vrn-D1* 中 *Ppd-D1b* 是42.9%、在 *Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1* 中 *Ppd-D1b* 是55.6%。这表明,春化和光周期基因等位变异组合对苗期习性有影响。虽然在 *vrn-A1/vrn-B1/Vrn-D1*、*vrn-A1/Vrn-B1/vrn-D1* 和 *vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1* 三种基因型组合中也有品种分布,但其数量较少,且其具有匍匐习性的品种数量仅仅分别为1个,因此,初步判断具有 *Vrn-A1 + Ppd-D1b* 基因型组合的春小麦品种可能更倾向于表现出苗期匍匐性。

表4 不同春化、光周期基因及其组合与苗期性状的关系

Table 4 The relationship of seedling characters between dominant allelic combinations of different vernalization and photo-period

春化基因类型 Vernalization allelic types	品种数 No. of cultivars	分布频率(%) Frequency	直立 Erect type	半匍匐 Half creeping type	匍匐 Creeping type	匍匐性状所占比例(%) Creeping type proportion	
						<i>Ppd-D1a</i>	<i>Ppd-D1b</i>
<i>Vrn-A1/vrn-B1/vrn-D1</i>	24	19.0	9	9	6	16.7	83.3
<i>vrn-A1/vrn-B1/Vrn-D1</i>	2	1.6	0	1	1	0	100
<i>vrn-A1/Vrn-B1/vrn-D1</i>	1	0.8	0	0	1	100	0
<i>vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1</i>	6	4.8	3	2	1	100	0
<i>Vrn-A1/vrn-B1/Vrn-D1</i>	33	26.2	16	14	3	0	100
<i>Vrn-A1/Vrn-B1/vrn-D1</i>	30	23.8	14	9	7	57.1	42.9
<i>Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1</i>	29	23.0	11	8	10	44.4	55.6
<i>vrn-A1/vrn-B1/vrn-D1</i>	1	0.8	0	1	0	0	0
总计 Total	126	100	53	44	29	37.9	62.1

2.5 小麦春化和光周期基因显性等位变异组合与抽穗期的关系

在黑龙江省126份春小麦品种中(其中有1份材料为春化基因位点全为隐性),*Vrn-A1*、*Vrn-A1/Vrn-D1*、*Vrn-A1/Vrn-B1* 和 *Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1* 四种基因组合占主导地位,在仅显性基因 *Vrn-A1* 组合中,光钝型比光敏型的抽穗期早1d,在显性基因 *Vrn-B1/Vrn-D1* 组合中,光钝型比光敏型基因早4d。在显性基因 *Vrn-A1/Vrn-B1* 组合中,光钝型基因比光敏型基因早3d,在显性基因 *Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1* 组合中,光钝型基因比光敏型基因抽穗期早5d。表明在相同春化基因组合中,光钝型基因比光敏型基因抽穗期早1~5d(表5)。

3 讨论

本研究对黑龙江省126份春小麦品种的春化基因型进行了检测,发现4个显性基因(*Vrn-A1*、*Vrn-B1*、*Vrn-D1* 和 *Vrn-B3*)以不同分布频率存在,但未检测到 *Vrn-B3* 显性等位变异(图5)。其中在 *Vrn-1* 位点上以春化反应最不敏感显性等位变异的 *Vrn-A1* 基因型为主,另外2个春化位点上 *Vrn-B1* 和 *Vrn-D1* 基因型也以不同的比值出现,由此表明黑龙江省小麦不需要强春化作用,在正常播种条件下都能顺利通过春化阶段,开花和结实。但是在126份供试材料中也有例外,克山分院所育成的克风品种在 *Vrn-A1*、*Vrn-B1*、*Vrn-D1* 和 *Vrn-B3* 位点上的基因型检测结

表 5 不同春化、光周期显性基因及其组合与抽穗期的关系

Table 5 The relationship between heading stage and dominant allelic combinations of different vernalization and photoperiod

春化基因类型 Vernalization allelic types	品种数 No. of cultivars	分布频率(%) Frequency	含 <i>Ppd-D1a</i> 的抽穗期(月/日) Heading stage with <i>Ppd-D1a</i>	含 <i>Ppd-D1b</i> 的抽穗期(月/日) Heading stage with <i>Ppd-D1b</i>
<i>Vrn-A1/vrn-B1/vrn-D1</i>	24	19.0	6/7 ~ 6/16	6/8 ~ 6/16
<i>vrn-A1/vrn-B1/Vrn-D1</i>	2	1.6	6/17	
<i>vrn-A1/Vrn-B1/vrn-D1</i>	1	0.8	6/14	
<i>vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1</i>	6	4.8	6/11 ~ 6/16	6/15 ~ 6/16
<i>Vrn-A1/vrn-B1/Vrn-D1</i>	33	26.2	6/9 ~ 6/16	6/9 ~ 6/16
<i>Vrn-A1/Vrn-B1/vrn-D1</i>	30	23.8	6/9 ~ 6/17	6/9 ~ 6/20
<i>Vrn-A1/Vrn-B1/Vrn-D1</i>	29	23.0	6/5 ~ 6/16	6/10 ~ 6/16
<i>vrn-A1/vrn-B1/vrn-D1</i>	1	0.8	6/17	
总计 Total	126	100	6/5 ~ 6/17	6/9 ~ 6/20

果都为隐性,冬春习性上应当归于冬性。但是该品种田间表现为春性,抽穗期和成熟期与黑龙江省小麦品种推广试验对照品种克旱 16 基本无差异。这种基因型组成与生态习性间的差异可能与该品种存在其他春化基因或基因组相关区域存在等位变异进而影响其春化特性有关,有待进一步研究。

本研究在光周期基因检测中,42% 的品种携带光周期反应不敏感基因 *Ppd-D1a*,有 58% 的品种携带光敏感基因 *Ppd-D1b*。光周期等位基因在黑龙江省不同育种单位之间的分布频率不同(表 3)。如黑龙江省北部育种单位(黑龙江省农科院克山分院和黑龙江省农垦九三科研所)育成品种的光周期基因型 *Ppd-D1b* 较 *Ppd-D1a* 分布频率高。黑龙江省南部育种单位(东北农业大学、黑龙江省农业科学院作物育种研究所)育成品种的光周期基因型 *Ppd-D1a* 较 *Ppd-D1b* 分布频率高。黑龙江省东部育种单位(黑龙江八一农垦大学)的光周期基因型 *Ppd-D1b* 比 *Ppd-D1a* 分布频率高,而同为东部地区的黑龙江省红兴隆农科所的 *Ppd-D1a* 较 *Ppd-D1b* 分布频率高。这些结果又表明,供试小麦品种的光周期敏感基因型分布更倾向存在于高纬度地区选育单位的品种中。其原因可能在于小麦生物特性上为长日照植物,其光周期敏感性有随地理纬度增高更敏感的趋势。

本研究分析了黑龙江省年推广面积 100 万亩以上(克全、克群、克壮、克旱 6、克旱 7、克旱 8、龙麦 26)和 1000 万亩以上(克丰 3、克旱 9)小麦品种的春化和光周期基因分布情况,结果发现在这些品种中,都存在 *Vrn-A1* 显性基因,并与 *Vrn-B1*、*Vrn-D1* 显

性基因并存,田间表现为弱春性,且光周期基因都是光敏型 *Ppd-D1b* 小麦材料。这与张春利等^[21]的结果基本相一致,表明黑龙江省大面积主栽品种具备光敏感特性,对环境有很大的适应性,是小麦适应生态条件选择的结果。

通过对供试品种的春化和光周期基因检测(表 5),发现隐性基因 *Vrn-A1* 主要存在于抽穗晚熟品种中,表明隐性基因 *Vrn-A1* 对抽穗期有影响,可使抽穗期延迟。同时也说明 *Vrn-A1* 对 *Vrn-D1* 和 *Vrn-B1* 具有上位作用,携带显性 *Vrn-A1* 等位变异可使抽穗期提前。光周期 *Ppd-D1a* 在抽穗期早的品种中分布比例高,而在抽穗期晚的品种中分布比例低,说明 *Ppd-D1a* 也可使抽穗期提前。光周期 *Ppd-D1b* 在抽穗期晚的品种中分布比例高,说明 *Ppd-D1b* 可使抽穗期推迟。这与杨芳萍等^[8]分析春化显性等位变异可以促进抽穗,光周期不敏感型 *Ppd-D1a* 较敏感型 *Ppd-D1b* 材料提早抽穗的结果相一致。

春化和光周期基因等位变异组合对苗期习性有影响。具有 *Vrn-A1* + *Ppd-D1b* 基因型组合的春小麦更多的表现出匍匐习性(表 4)。黑龙江省小麦生长季节的气候特点是春旱秋涝,苗期抗旱非常重要,小麦苗期表现匍匐性状的品种,根系发达,抗旱性好^[1]。因此,在新品种培育过程中,选择具有 *Vrn-A1* + *Ppd-D1b* 基因型组合的品种可能更能适应本地区的气候特点,进而为农业生产服务。

参考文献

- [1] 肖步阳. 春小麦生态育种[M]. 北京:中国农业出版社,2006: 250-252
- [2] 祁适雨,肖志敏,李仁杰. 中国东北强筋春小麦[M]. 北京:中

- 国农业出版社,2007:70-90
- [3] Yan L, Helguera M, Kato K, et al. Allelic variation at the *VRN-1* promoter region in polyploid wheat[J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109(8): 1677-1686
- [4] Yan L, Fu D, Li C, et al. The wheat and barley vernalization gene *VRN3* is an orthologue of *FT*[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2006, 103(51): 19581-19586
- [5] Fu D, Dunbar M, Dubcovsky J, et al. Wheat *VIN3*-like PHD finger genes are up-regulated by vernalization[J]. *Mol Genet Genomics*, 2007, 277(3): 301-313
- [6] 张志红, 张晓科, 孙道杰, 等. 春化和光周期基因在陕西小麦品种中的分布[J]. *麦类作物学报*, 2009(3): 401-408
- [7] 刘兴舟. *Vrn*, *Ppd-D1* 和 *Lr34/Yr18* 基因在山东小麦品种中的分子检测和分布的研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2009
- [8] 杨芳萍, 韩利明, 阎俊, 等. 春化和光周期基因等位变异在 23 个国家小麦品种中的分布[J]. *作物学报*, 2011, 37(11): 1917-1925
- [9] 黄琼瑞, 王永玖, 张海萍, 等. 中国主要小麦品种春化基因的 STS 标记鉴定[J]. *分子植物育种*, 2009(6): 1106-1112
- [10] 张宏纪, 刁艳玲, 孙连发, 等. 航天诱变新品种龙辐麦 18 的选育及其主要特征特性分析[J]. *核农学报*, 2008, 22(3): 243-247
- [11] Cockram J, Jones H, Leigh F J, et al. Control of flowering time in temperate cereals: genes, domestication, and sustainable productivity[J]. *J Exp Bot*, 2007, 58(6): 1231-1244
- [12] Beales J, Laurie D A, Devos K M. Allelic variation at the linked *AP1* and *PhyC* loci in hexaploid wheat is associated but not perfectly correlated with vernalization response[J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 110(6): 1099-1107
- [13] Cockram J, Jones H, Leigh F J, et al. Control of flowering time in temperate cereals: genes, domestication, and sustainable productivity[J]. *J Exp Bot*, 2007, 58(6): 1231-1244
- [14] Dubcovsky J, Loukoianov A, Fu D, et al. Effect of photoperiod on the regulation of wheat vernalization genes *VRN1* and *VRN2*[J]. *Plant Mol Biol*, 2006, 60(4): 469-480
- [15] Loukoianov A, Yan L, Blechl A, et al. Regulation of *VRN-1* vernalization genes in normal and transgenic polyploid wheat[J]. *Plant Physiol*, 2005, 138(4): 2364-2373
- [16] 姜莹. 小麦育成及地方品种春化基因的分子检测及其农艺与根系性状分析[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2010
- [17] Zhang X K, Xiao Y G, Zhang Y. Allelic variation at the vernalization genes and in chinese wheat cultivars and their association with growth habit[J]. *Crop Sci*, 2008, 48(2): 458
- [18] 田芳慧, 阳霞, 刘路平, 等. 黄淮麦区小麦品种春化光周期基因型及其与产量性状的相关性[J]. *麦类作物学报*, 2013, 33(4): 647-665
- [19] 刘东军, 张宏纪, 郭长虹, 等. 小麦春化突变系 T128 的获得及变异分析[J]. *黑龙江省农业科学*, 2013(7): 1-4
- [20] 袁秀云, 李永春, 尹钧. 低温积累与光周期对小麦发育特性调控的分子机理研究进展[J]. *中国农学通报*, 2010(3): 55-58
- [21] 张春利, 杨芳萍, 宋庆杰, 等. 黑龙江省小麦品种穗发芽及光周期的分子检测[J]. *麦类作物学报*, 2008, 28(6): 930-934
- [22] 李莉, 王俊峰, 颜延进, 等. 基于 SSR 标记的山东省小麦 DNA 指纹图谱的构建[J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(3): 537-541
- [23] 雷昊, 张悦, 林志珊, 等. 利用分子标记将 2Ai-2 染色体转移到小麦 *ph1b* 遗传背景的研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2012, 13(5): 838-842

2011 - 2014 年优秀审稿专家名单

1. 优秀栏目主审

常汝镇 郑殿升 贾继增 王晓鸣 叶兴国 张增艳 韩龙植 宗绪晓 李学勇 雷财林
黎 裕 徐兆师 张学勇 李洪杰

2. 优秀审稿专家(审稿数量和质量较好、及时反馈审稿意见)

韩龙植 杨庆文 洪德林 汤圣祥 郑家奎 王晓鸣 徐正进 李斯深 钱 前 严 长
赵久然 程永安 李桂英 田 静 张金凤 郑用琏 朱振东 宗绪晓 高爱农 刘志勇
明 军 姚玉新 张凤兰 张宗文 赵兰勇 宗 娜 曹 干 陈 亮 李洪杰 沈火林
宋宪亮 王克晶 王文和 杨佑明 张相岐 张学昆 邓晓建 李 悦 刘青林 潘会堂
祁建民 王天宇 曾亚文 张孟臣 楚秀生 戴陆园 胡英考 江 玲 姜慧芳 梁荣奇
刘庆忠 刘伟华 秦民坚 徐建龙 于 卓 郑王义 朱列书 庄杰云 柴 岩 陈建华
程式华 高中山 郭小丁 韩粉霞 胡胜武 李英慧 刘庆昌 栾非时 毛 龙 宁海龙
彭定祥 师尚礼 王才林 王传堂 许 勇 晏月明 杨光宇 张革民 陈受宜 邓祖湖
范楚川 冯宗云 傅永福 管延安 雷财林 梁 燕 刘崇怀 卢新雄 庞晓明 杨铁钊
张桂权 周瑞阳 陈学森 陈学珍 李义文 郑勇奇 刘宏伟 倪中福 张冰冰 张增艳

另外衷心感谢其他审稿专家对本刊的大力支持, 由于有些稿件属于边缘学科, 稿件数量较少, 审稿数量亦偏少, 但审稿质量并未降低, 篇幅有限, 在此不一一列举。