

网络出版时间:2024-09-25

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.s.20240924.1635.008

新疆冬小麦种质资源粒重基因的分布与育种适用性分析

曹俊梅,周安定,刘娜,哈力旦·依克热木,张新忠,刘联正

(新疆农业科学院粮食作物研究所/农业部西北地区小麦抗旱耐盐生物学科学观测实验站/

新疆小麦产业技术体系乌鲁木齐试验站,新疆乌鲁木齐 830000)

摘要:小麦粒重是重要的产量构成因素之一,也是受遗传因素影响的数量性状。为了解粒重基因在新疆小麦的分布及相关分子标记在育种上的适用性,以253份新疆冬小麦品种为试验材料,利用KASP(竞争性等位基因特异性PCR)标记进行基因型检测,并与2个年份的株高、穗长、穗粒数、千粒重、粒长、粒宽等育种选择性状进行关联分析。结果表明,优异等位基因*TaSus1-7A-Hap1*、*TaCwi-A1b*、*TaTGW-7Aa*、*TaGS5-A1b*、*TaGS2-A1b*、*TaGS-D1a*、*TaSus2-2B-HapH*、*TaTGW6-A1a*、*TaGW2-6B-Hap3*和*TaSus2-2A-HapA*在参试材料的分布频率分别为100%、100%、84.98%、56.92%、51.78%、39.13%、33.20%、11.07%、3.16%和1.58%;14对等位基因在参试材料中共出现118种组合;标记GS5-2334-SNP、TaGS2-A1-239IND2、TGW7-986-SNP和GW2-6B-721SNP可应用于小麦粒重的辅助选择;被检测标记的连锁基因均与1个或1个以上育种性状显著相关;GS5-2334-SNP连锁基因*TaGS5-A1*对粒宽的效应达36.65%,对千粒重效应次之(27.76%),GS5-2334-SNP连锁基因*TaGS5-A1*对株高和穗粒重、GW2-6B-721SNP连锁基因*TaGW2-6B*和TGW7-986-SNP连锁基因*TaTGW7*对粒长、Sus2-2A-20SNP连锁基因*TaSus2-2A*对穗粒重、千粒重和粒宽的效应均达到10%以上。本研究结果可为分子标记辅助育种奠定基础。

关键词:新疆;小麦;粒重;KASP;基因分布;育种适用性

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)01-0037-08

Distribution and Analysis of Breeding Applicability of Grain Weight Genes in Xinjiang Winter Wheat Germplasm Resources

CAO Junmei, ZHOU Anding, LIU Na, Halidan · Yikeremu, ZHANG Xinzhong, LIU Lianzheng

(Research Institute of Food Crops, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Northwest wheat Drought and Salt Tolerance Biological Observation Station Ministry of Agriculture, Xinjiang Wheat Industry Technology System Urumqi Experimental Station, Urumqi, Xinjiang 830091, China)

Abstract: Wheat grain weight is one of the important yield components and a quantitative trait influenced by genetic factors. To clarify the distribution of grain weight genes in Xinjiang wheat and the applicability of related molecular markers in breeding, 253 Xinjiang winter wheat varieties were used as experimental materials. KASP (competitive allele specific PCR) markers were used for genotype detection, and association analysis was conducted with breeding selection traits such as plant height, spike length, grain number per spike, thousand-grain weight, grain length, and grain width in two years. The results showed that the distribution frequencies of excellent alleles *TaSus1-7A-Hap1*, *TaCwi-A1b*, *TaTGW-7Aa*, *TaGS5-A1b*, *TaGS2-A1b*, *TaGS-D1a*, *TaSus2-2B-HapH*, *TaTGW6-A1a*,

收稿日期:2024-04-29

修回日期:2024-07-24

基金项目:新疆维吾尔自治区重大科技专项(2022A03004-3, 2022A02003-1, 2021A02001-1);新疆维吾尔自治区自然科学基金面上项目(2023D01A94);科技创新2030-重大项目子课题(2023ZD0402602);农业科技创新稳定支持项目(xjnkjwdzc-2023001-24);自治区公益性科研院所基本科研业务经费资助项目(KY2023029);新疆农业科学院青年科技骨干创新能力培养项目(xjnkq-2023001)

第一作者 E-mail:caojm0508@126.com(曹俊梅)

通讯作者 E-mail:zxinzhong1031@163.com(张新忠);lzhliu1985@163.com(刘联正)

TaGW2-6B-Hap3, and *TaSus2-2A-HapA* in the test materials were 100%, 100%, 84.98%, 56.92%, 51.78%, 39.13%, 33.20%, 11.07%, 3.16%, and 1.58%, respectively. There were 118 combinations of the 14 alleles in the test materials; GS5-2334-SNP, TaGS2-A1-239IND2, TGW7-986-SNP, and GW2-6B-721SNP can be applied for marker assisted selection of wheat grain weight. The detected linkage genes are significantly correlated with one or more breeding traits. The GS5-2334-SNP linkage gene *TaGS5-A1* has 36.65% effect on grain width, followed by 27.76% effect on thousand-grain weight. The GS5-2334-SNP linkage gene *TaGS5-A1* has an effect on plant height and grain weight per ear; the GW2-6B-721SNP linkage genes *TaGW2-6B* and TGW7-986-SNP linkage genes *TaTGW7* have an effect on grain length; the Sus2-20-20SNP linkage gene *TaSus2-2A* has an effect on grain weight per ear, thousand-grain weight, and grain width, and their effects all reach over 10%. This study can lay the foundation for molecular marker assisted breeding for wheat.

Keywords: Xinjiang; Wheat; Grain weight; KASP; Genes distribution; Breeding applicability

小麦是世界重要的粮食作物之一,是人类所依赖的重要食物来源,全球约有 35%~40%的人口以小麦为主要口粮,小麦产量的稳定和提升对于保障全球粮食安全具有至关重要的作用。中国在小麦主产国中占据着核心地位,小麦年产量 1.37 亿吨,占世界总产量的 18%。随着生产水平的提高,中国小麦单产不断增长,高产技术是主要的推动力,其中提高粒重是小麦增产的重要途径^[1]。

粒重作为小麦产量三要素之一,是小麦育种中改良最为显著的产量性状。高新欢等^[2]通过对中国北部冬麦区区试材料的产量演变规律进行研究,发现粒重和有效穗数对近 20 年小麦增产贡献较大;张会芳等^[3]认为,黄淮冬麦区南片近 20 年小麦品种粒重上升较大,产量的增加主要来自于粒重的提高;李润芳等^[4]研究结果显示,近 60 年山东省主推品种的粒重呈极显著的增加趋势,每次品种更替千粒重平均增加 1.26 g;孙刚等^[5]研究发现,中国 4 个主要育种阶段不同麦区小麦品种的粒重呈增加趋势;许为刚等^[6]认为,陕西关中地区 20 世纪 90 年代以前产量的提高主要来源于粒重的增加,之后,粒重和穗粒数则均有较大幅度增加。上述研究结果均表明,粒重的增加对中国不同麦区小麦产量的提升发挥着重要的作用,迄今为止,粒重的改良依然是现代小麦育种的核心目标之一。

粒重是由多基因控制的数量性状,主要受遗传因素影响^[7],其遗传基础和分布特征一直是育种研究的热点。目前,小麦的 21 条染色体上几乎都检测到了相当数量与粒重相关的 QTL^[8-9],包括 *TGW6-A1*^[9]、*TaGW2*^[10-12]、*TaCwi-A1*^[13]、*TaCwi-4A*^[14]、*TaCwi-5D*^[14]、*TaGS5-A1*^[15-16]、

TaGS3-D1^[17]、*TaSus1*^[18]、*TaSus2*^[18]、*TaSus2-2A*^[19]、*TaSus1-7B*^[19]、*TaCYP78-A3*^[20]、*TaCYP78-A5*^[21]和 *TaCKX6-D1*^[22]等,这些基因被用于种质资源的筛选,辅助小麦新品种选择和定向改良,取得了很好的效果。张业猛等^[23]在研究中发现,青海高原春小麦品种中 *TaCwi-A1* 位点的等位变异对粒重影响显著。张维军等^[24]研究表明, *TaGW2-6B*、*TaGASR* 和 *TaCwi-4A* 能够较好地地区分小麦粒重大小,可用于宁夏引黄灌区粒重性状选择;宋晓朋等^[25]发现, *TaSus-7A*、*TaGW2-6B*、*TaTGW6-4A* 优异等位基因在陕西小麦育种亲本中分布比例较高,育成种质携带 *TaSus1-7B*、*TaSus2-2A*、*TaSus2-2B*、*TaGS-D1*、*TaGW5-A1* 优异等位基因的分布比例较高,而地方种质中 *TaCwi-A1*、*TaGASR7-A1*、*TaGW2-6A* 优异等位基因的比例较高;杜莹莹等^[19]对江苏淮北麦区小麦品种(系)的粒重基因分析发现, *TaSus1-7B*、*TaSus2-2A*、*TaGS3-D1*、*TGW6-A1*、*TaGW2-6A*、*TaCwi-A1*、*TaCwi-4A* 和 *TaCwi-5D* 的高粒重等位变异材料占供试小麦的 60% 以上。通过小麦粒重基因及分子标记的研究与应用,含有粒重优异基因的育种资源不断被挖掘。但由于基因表达受环境和遗传因素共同影响,分子标记在不同麦区小麦中应用的有效性不尽相同,应结合表型性状及关联性分析对其在不同区域小麦适用性进行判断,使分子标记更加科学和有效地服务小麦品种选育及种质资源研究。

随着现代化农业技术的不断发展,对冬小麦品种资源的鉴定和应用成为提高产量的关键,了解小麦粒重相关基因的分布和效应分析,有助于高千粒重小麦品种的选育,对于提升单产、稳定总

产具有重要意义。新疆作为中国重要的粮食生产基地,冬小麦的种植面积和产量均居全国前列。目前,新疆小麦粒重基因的研究相对较少^[26-28],综合多个小麦粒重基因并进行育种适用性研究还未见报道。本研究利用 14 个粒重相关的 KASP 标记对 253 份新疆小麦进行检测,旨在明确新疆小麦主要育种性状和粒重相关等位基因的分布频率,分析这些标记在新疆小麦资源中应用的有效性,以期分子标记辅助选择育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料共 253 份,由新疆农业科学院粮食作物研究所和品种资源研究所提供,其中新疆育成品种(CVIX)56 份,新疆地方材料(LVIX)117 份,国外引进品种(IVFA)80 份,均为冬小麦。供试材料于 2019 年和 2020 年两个年度种植于新疆农业科学院安宁渠综合试验场(87.49°E, 43.95°N)。试验小区 2 行区,行长 1.2 m,2 次重复,行距 0.2 m,播量 225 kg·hm⁻²,田间管理同大田。

1.2 试验方法

1.2.1 育种相关性状检测

供试材料成熟期每品种随机取 10 株,调查株高、穗长、每穗小穗数和不育小穗数、小穗粒数、穗

粒数、穗粒重、千粒重。粒长、粒宽用万深考种仪(SC-G)进行测量,设定测定籽粒数为 500 粒,重复 2 次。

1.2.2 KASP 标记检测

本研究 KASP 相关标记检测委托中玉金标记(北京)生物技术股份有限公司完成,标记详细信息见表 1。

1.3 数据分析

利用 Excel 2003 进行数据整理,用 SPSS 20.0 进行方差分析、多重比较和相关性分析。

2 结果与分析

2.1 粒重相关基因在新疆小麦种质资源中的分布和组合

利用 14 个 KASP 标记对 253 份小麦材料的检测结果显示,等位基因 *TaGS5-A1a* 和 *TaGS5-A1b* 的分布频率分别为 39.92% 和 56.92%;优异基因型 *TaGS5-A1b* 在新疆地方品种中的分布占主导地位(92.31%),在育成品种和国外品种中分布较低(32.14%、22.50%)。等位基因 *TaGS-D1a* 和 *TaGS-D1b* 的分布频率分别为 39.13% 和 52.57%,优异基因型 *TaGS-D1a* 在新疆小麦资源(包括地方品种和育成品种)中的分布频率较低(29.91%、33.93%),在国外引进材料的分布频率

表 1 KASP 标记信息

Table 1 Details of KASP marker

基因 Gene	标记名称 Marker name	染色体 Chromosome	FAM 等位基因 FAM allele	HEX 等位基因 HEM allele	FAM 表型 FAM phenotype	HEX 表型 HEX phenotype
<i>TaGS5-A1</i>	GS5-2334-SNP	1A	<i>TaGS5-A1a</i>	<i>TaGS5-A1b</i>	HTKW	LTKW
<i>TaGS-D1</i>	TaGS-D1-SNP	1D	<i>TaGS-D1a</i>	<i>TaGS-D1b</i>	HTKW	LTKW
<i>TaGS2-A1</i>	TaGS2-A1-239IND2	1A	<i>TaGS2-A1a</i>	<i>TaGS2-A1b</i>	LTKW	HTKW
<i>TaGW2-6B</i>	GW2-6B-721SNP	6B	<i>Hap3</i>	<i>Hap4</i>	HTKW	LTKW
<i>TaTGW6-A1</i>	TGW6-1050-AL1	1A	<i>TaTGW6-A1a</i>	<i>TaTGW6-A1b</i>	HTKW	LTKW
<i>TaTGW7</i>	TGW7-986-SNP	7A	<i>TaTGW-7Aa</i>	<i>TaTGW-7Ab</i>	HTKW	LTKW
<i>TaSus2-2A</i>	Sus2-2A-20SNP	2A	<i>HapA</i>	<i>HapG</i>	HTKW	LTKW
<i>TaSus2-2B</i>	TaSus2-2B-SNP	2B	<i>HapH</i>	<i>HapL</i>	HTKW	LTKW
<i>TaCwi-5D</i>	Cwi-5D-312	5D	<i>HapC</i>	<i>HapG</i>	HTKW	LTKW
<i>TaGW2-6B</i>	GW2-6B-1709SNP	6B	<i>Hap1</i>	<i>Hap2</i>	HTKW	LTKW
<i>TaGW2-6B</i>	GW2-6B-83SNP	6B	<i>Hap1</i>	<i>Hap3</i>	HTKW	LTKW
<i>TaCwi-A1-1</i>	TaCwi	2AL	<i>TaCwi-A1b</i>	<i>TaCwi-A1a</i>	HTKW	LTKW
<i>TaSus1-7A</i>	Sus1-7A-1185SNP	7A	<i>Hap1</i>	<i>Hap2</i>	HTKW	LTKW
<i>TaSus1-7B</i>	Sus1-7B-2932IND	7B	<i>HapT</i>	<i>HapC</i>	HTKW	LTKW

HTKW:高千粒重型;LTKW:低千粒重型。下同。

HTKW: High thousand-grain weight genotype; LTKW: Low thousand-grain weight genotype. The same in table 2.

为 56.25%。等位基因 *TaGS2-A1a* 和 *TaGS2-A1b* 分布频率分别为 47.04% 和 51.78%，优异基因型 *TaGS2-A1b* 在地方品种中仅占 23.93%，在育成品种和国外引进品种中的频率分别达到 80.36% 和 72.50%。单倍型 *TaGW2-6B-Hap3* 和 *TaGW2-6B-Hap4* 分布频率分别为 3.16% 和 96.05%，优异单倍型 *TaGW2-6B-Hap3* 在地方品种的分布频率为 6.84%，在育成品种和国外引进品种中均没有检测到。等位基因 *TaTGW6-A1a* 和 *TaTGW6-A1b* 的分布频率分别为 11.07% 和 81.82%，高粒重基因型 *TaTGW6-A1a* 在地方品种和国外引进品种中分别占 8.55% 和 22.50%，育成品种中未检出。等位基因 *TaTGW-7Aa* 和 *TaTGW-7Ab* 分布频率分别为 84.98% 和 9.49%，优异基因型 *TaTGW-7Aa* 在地方品种和育成品种中的频率分别为 70.94% 和 94.64%，国外引进品种纯合基因型均为 *TaTGW-7Aa*。单倍型 *TaSus2-2A-HapA* 和 *TaSus2-2A-HapG* 分布频率分别为 1.58% 和 97.63%，地方品种和育成品种中优异单倍型 *TaSus2-2A-HapA* 的占比较低，分别为 1.71% 和 3.57%，国外引进品种无该优异单倍型的分布。单倍型 *TaSus2-2B-HapH* 和 *TaSus2-2B-HapL* 的分布频率分别为 33.20% 和 27.27%，优异单倍型 *TaSus2-2B-HapH* 在地方品种和育成品种的分布频率分别为 38.46% 和 48.21%，国外引进品种均为优异单倍型。优异等位变异 *TaCwi-A1b*、*TaSus1-7A-Hap1* 和非优异等位变异 *TaCwi-5D-HapG*、*TaGW2-6B-Hap2*、*TaGW2-6B-Hap3*、*TaSus1-7B-HapC* 在所有参试材料中均呈单态分布 (表 2)。

14 对粒重相关的等位基因在参试材料中共出现 118 种组合类型，其中地方品种、育成品种和国外引进品种的组合数分别是 54 份、35 份和 37 份，组合类型 *TaCwi-5D-HapG* + *TaGS5-A1b* + *TaGW2-6B-Hap2* + *TaGW2-6B-Hap4* + *TaGW2-6B-NaN* + *TaTGW-7Aa* + *TaGS-D1a* + *TaSus2-2B-HapH* + *TaTGW6-A1b* + *TaCwi-A1a* + *TaSus1-7A-Hap2* + *TaSus2-2A-HapG* + *TaGS2-A1a* + *TaSus1-7B-HapC* 出现频率最高，有 14 份材料是该基因型组合。

2.2 粒重等位基因对新疆小麦相关性状的影响

8 个具有多态性的基因型对新疆小麦性状效应的分析结果表明，具有等位变异 *TaGS5-A1b* 的材料在株高和穗长上极显著 ($P < 0.01$) 高于含

TaGS5-A1a 的材料，具有 *TaGS5-A1a* 的材料在小穗粒数、穗粒重和粒宽上极显著 ($P < 0.01$) 高于 *TaGS5-A1b* 基因型材料。*TaGS-D1b* 基因型品种的株高极显著高于含 *TaGS-D1a* 的材料。携带 *TaGS2-A1a* 的材料株高 ($P < 0.01$)、穗长 ($P < 0.05$) 和粒长 ($P < 0.05$) 显著高于携带 *TaGS2-A1b* 的材料，含 *TaGS2-A1b* 的材料的不育小穗数 ($P < 0.01$)、小穗粒数 ($P < 0.01$)、穗粒重 ($P < 0.01$) 和粒宽 ($P < 0.05$) 显著高于含 *TaGS2-A1a* 的材料。具有 *TaGW2-6B-Hap4* 单倍型材料的株高 ($P < 0.05$)、每穗小穗数 ($P < 0.01$)、不育小穗数 ($P < 0.01$) 和穗粒数 ($P < 0.01$) 显著高于具有 *TaGW2-6B-Hap3* 的材料，具有 *TaGW2-6B-Hap3* 单倍型的材料的千粒重、粒长和粒宽极显著高于具有 *TaGW2-6B-Hap4* 的材料。含 *TaTGW6-A1b* 的材料在穗粒数和粒宽上显著高于具有 *TaTGW6-A1a* 的材料，具有 *TaTGW6-A1a* 的材料粒长极显著高于具有 *TaTGW6-A1b* 的材料。具有 *TaTGW-7Aa* 的材料株高 ($P < 0.05$)、每穗小穗数 ($P < 0.01$)、不育小穗数 ($P < 0.01$) 和穗粒数 ($P < 0.01$) 显著高于具有 *TaTGW-7Ab* 的材料，携带 *TaTGW-7Ab* 等位变异的材料的穗粒重、千粒重、粒长和粒宽较含有 *TaTGW-7Ab* 的材料具有优势。*TaSus2-2A-HapG* 单倍型材料的千粒重 ($P < 0.01$)、粒长 ($P < 0.05$) 和粒宽 ($P < 0.05$) 显著高于具有 *TaSus2-2A-HapA* 单倍型的材料。*TaSus2-2B-HapL* 单倍型材料在穗粒重、千粒重和粒宽上极显著高于含 *TaSus2-2B-HapH* 的材料 (表 3)。

2.3 粒重基因对新疆小麦不同性状的效应

对不同标记的基因型与表型进行相关性分析发现，GS5-2334-SNP、TaGS2-A1-239IND2、GW2-6B-721SNP 和 TGW7-986-SNP 4 个标记的连锁基因与多个农艺性状有极显著 ($P < 0.01$) 的相关性；其中 GS5-2334-SNP 连锁基因 *TaGS5-A1* 对粒宽的效应最高，达 36.650%，对千粒重效应次之 (27.756%)；此外，GS5-2334-SNP 连锁基因 *TaGS5-A1* 对株高、穗粒重的效应为 10.659% 和 14.451%，GW2-6B-721SNP 连锁基因 *TaGW2-6B* 和 TGW7-986-SNP 连锁基因 *TaTGW7* 对粒长的效应分别是 11.456% 和 11.224%，TaGS2-A1-239IND2 连锁基因 *TaGS2-A1* 对穗粒重、千粒重和粒宽的效应分别为 10.675%、12.408% 和 13.497% (图 1 和 2)。

表 2 新疆小麦品种粒重相关等位基因分布频率
Table 2 Distribution frequency of grain weight related alleles in Xinjiang wheat varieties

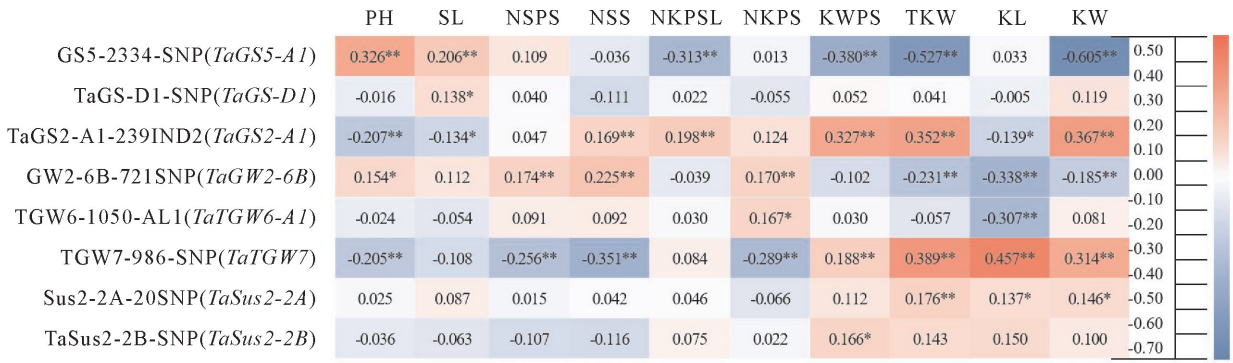
标记 Marker	等位基因 Allele	表型 Phenotype	材料数量 Number of test materials	分布频率 Distribution frequency/%	地方品种 Local Varieties		育成品种 Cultivated varieties		国外引进品种 Imported varieties from abroad	
					数量 Number	分布频率 Distribution frequency/%	数量 Number	分布频率 Distribution frequency/%	数量 Number	分布频率 Distribution frequency/%
GS5-2334-SNP	<i>TaGS5-A1a</i>	LTKW	101	39.92	4	3.42	36	64.29	61	76.25
	<i>TaGS5-A1b</i>	HTKW	144	56.92	108	92.31	18	32.14	18	22.50
TaGS-D1-SNP	<i>TaGS-D1a</i>	HTKW	99	39.13	35	29.91	19	33.93	45	56.25
	<i>TaGS-D1b</i>	LTKW	133	52.57	63	53.85	35	62.50	35	43.75
TaGS2-A1-239IND2	<i>TaGS2-A1a</i>	LTKW	119	47.04	86	73.50	11	19.64	22	27.50
	<i>TaGS2-A1b</i>	HTKW	131	51.78	28	23.93	45	80.36	58	72.50
GW2-6B-721SNP	<i>Hap3</i>	HTKW	8	3.16	8	6.84	0	0.00	0	0.00
	<i>Hap4</i>	LTKW	243	96.05	107	91.45	56	100	80	100
TGW6-1050-AL1	<i>TaTGW6-A1a</i>	HTKW	28	11.07	10	8.55	0	0.00	18	22.50
	<i>TaTGW6-A1b</i>	LTKW	207	81.82	94	80.34	51	91.07	62	77.50
TGW7-986-SNP	<i>TaTGW-7Aa</i>	HTKW	215	84.98	83	70.94	53	94.64	79	98.75
	<i>TaTGW-7Ab</i>	LTKW	24	9.49	21	17.95	3	5.36	0	0.00
Sus2-2A-20SNP	<i>HapA</i>	HTKW	4	1.58	2	1.71	2	3.57	0	0.00
	<i>HapG</i>	LTKW	247	97.63	114	97.44	54	96.43	79	98.75
TaSus2-2B-SNP	<i>HapH</i>	HTKW	84	33.20	45	38.46	27	48.21	12	15.00
	<i>HapL</i>	LTKW	69	27.27	41	35.04	28	50.00	0	0.00
Cwi-5D-312	<i>HapC</i>	HTKW	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
	<i>HapG</i>	LTKW	249	100	114	100	54	100	78	100
GW2-6B-1709SNP	<i>Hap1</i>	HTKW	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
	<i>Hap2</i>	LTKW	152	100	114	100	22	100	15	100
GW2-6B-83SNP	<i>Hap1</i>	HTKW	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
	<i>Hap3</i>	LTKW	81	100	2	100	0	0.00	79	100
TaCwi	<i>TaCwi-A1b</i>	HTKW	200	100	113	100	45	100	40	100
	<i>TaCwi-A1a</i>	LTKW	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
Sus1-7A-1185SNP	<i>Hap1</i>	HTKW	242	100	107	100	54	100	78	100
	<i>Hap2</i>	LTKW	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
Sus1-7B-2932IND	<i>HapT</i>	HTKW	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
	<i>HapC</i>	LTKW	252	100	114	100	56	100	79	100

表 3 粒重相关标记等位基因性状差异
Table 3 Phenotypic differences in breeding traits of grain weight related marker alleles

标记 Marker	等位基因 Allele	PH/cm	SL/cm	NSPS	NSS	NKPSL	GKPS	KWPS/g	TKW/g	KL/mm	KW/mm
GS5-2334-SNP	<i>TaGS5-A1a</i>	99.69B	11.05B	20.44	1.21	3.96A	49.20	2.06A	41.67A	6.68	3.36A
	<i>TaGS5-A1b</i>	110.75A	11.72A	20.83	1.17	3.68B	49.42	1.70B	33.67B	6.70	3.00B
TaGS-D1-SNP	<i>TaGS-D1a</i>	105.20	11.08B	20.49	1.25	3.84	49.53	1.87	37.64	6.66	3.16
	<i>TaGS-D1b</i>	105.14	11.68A	20.79	1.12	3.80	48.73	1.88	37.52	6.70	3.20
TaGS2-A1-239IND2	<i>TaGS2-A1a</i>	109.66A	11.67a	20.57	1.08B	3.71B	48.28	1.69B	34.31B	6.75a	3.04B
	<i>TaGS2-A1b</i>	102.66B	11.24b	20.74	1.28A	3.88A	50.30	2.00A	39.63A	6.65b	3.26A
GW2-6B-721SNP	<i>Hap3</i>	105.69b	11.42	20.59B	1.16B	3.80	48.91B	1.86	37.47A	6.72A	3.17A
	<i>Hap4</i>	120.58a	12.45	22.35A	1.90A	3.70	57.01A	1.58	27.59B	6.05B	2.86B
TGW6-1050-AL1	<i>TaTGW6-A1a</i>	105.82	11.42	20.53	1.16	3.79	48.61b	1.85	37.45	6.75A	3.13B
	<i>TaTGW6-A1b</i>	104.58	11.16	21.03	1.33	3.83	52.74a	1.89	36.14	6.44B	3.39A
TGW7-986-SNP	<i>TaTGW-7Aa</i>	113.31a	11.81	21.73A	1.66A	3.71	54.38A	1.65b	30.65B	6.37B	2.96B
	<i>TaTGW-7Ab</i>	104.67b	11.38	20.48B	1.13B	3.81	48.81B	1.89a	38.14A	6.75A	3.19A
Sus2-2A-20SNP	<i>HapA</i>	106.24	11.44	20.66	1.18	3.79	49.27	1.84	36.91B	6.69b	3.15b
	<i>HapG</i>	109.64	12.57	20.88	1.38	3.95	44.83	2.27	47.48A	7.07a	3.49a
TaSus2-2B-SNP	<i>HapH</i>	108.41	11.68	20.92	1.26	3.70	48.80	1.69B	34.94B	6.69	3.05B
	<i>HapL</i>	104.49	11.40	20.58	1.14	3.82	49.36	1.94A	38.46A	6.73	3.21A

PH:株高;SL:穗长;NSPS:每穗小穗数;NSS:不育小穗数;NKPSL:小穗粒数;NKPS:穗粒数;KWPS:穗粒重;TKW:千粒重;KL:粒长;KW:粒宽;下同。相同标记同列数据后不同大小写字母分别代表在 0.01 和 0.05 水平上差异显著。

PH: Plant height; SL: Spike length; NSPS: Number of spikelets per spike; NSS: Number of sterile spikelets; NKPSL: Number of kernels per spikelet; NKPS: Number of grains per spike; KWPS: Kernel weight per spike; TKW: 1 000-kernel weight; KL: Kernel length; KW: Kernel width; The same in figures 1 and 2. Different capital and normal letters following data within the same column and marker represent significant differences at 0.01 and 0.05 levels, respectively.



* 和 ** 表示相关性在 $P < 0.05$ 和 $P < 0.01$ 水平上显著。

* and ** indicate significant correlation at 0.05 and 0.01 levels, respectively.

图 1 粒重基因与新疆小麦不同性状的相关性

Fig. 1 Correlation between grain weight genes and traits of Xinjiang wheat varieties

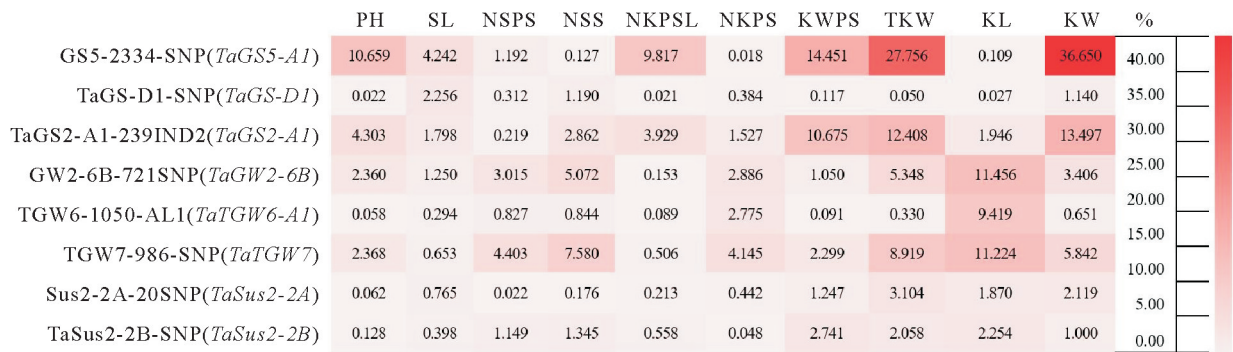


图 2 粒重基因对新疆小麦不同性状的效应

Fig. 2 Effect of grain weight genes on traits of Xinjiang wheat resources

3 讨论

本研究中, 优异等位变异 *TaCwi-A1b*、*TaSus1-7A-Hap1* 在新疆小麦中的分布具有绝对优势(分布频率 100%), *TaTGW-7Aa*、*TaGS5-A1b* 和 *TaGS2-A1b* 的分布相对较高(分布频率 > 50%); *TaGS2-A1b*、*TaTGW-7Aa*、*TaSus2-2B-HapH* 在育成品种中较地方品种分布频率明显升高, 说明在小麦育种过程中, 产量受到重视, 优异基因不断被导入小麦品种中; 也有一些优异等位基因, 如 *TaCwi-5D-HapC*、*TaGW2-6B-Hap1*、*TaSus1-7B-HapC* 和 *TaTGW6-A1a* 等在新疆育成品种中未检测到, 但在其他省份的小麦资源中分布频率较高, 例如 *TaGW2-6B-Hap1* 在宁夏引黄灌区和山东小麦区试材料中分布频率分别为 62.44% 和 88.89%^[24,29], *TaGW6-A1a* 在漯河地区小麦高产品种中占比 92.30%^[30], *TaSus1-7B-HapC* 在陕西育成品种中为 95.77%^[25], 说明新疆小麦品种粒重优异等位基因的优化和改善还存在很大空

间, 可以加强利用优异基因型种质资源进行定向选择和导入, 充分发挥优异等位基因对小麦产量的贡献。

小麦粒重基因多为微效基因, 粒重相关分子标记的有效应用是育种选择的关键问题, 综合不同标记对应的等位基因与表型的差异性、相关性和效应值来看, GS5-2334-SNP、TaGS2-A1-239IND2、TGW7-986-SNP 和 GW2-6B-721SNP 的连锁基因与新疆小麦育种资源的粒重表型密切相关并且效应显著, 可以作为辅助育种手段促进小麦粒重的提升与改良。同时, 这些 KASP 标记还具有潜在的应用价值^[31], GS5-2334-SNP、TaGS2-A1-239IND2、GW2-6B-721SNP 和 TGW7-986-SNP 可以用于新疆小麦品种株高的筛选; GS5-2334-SNP、TaGS-D1-SNP 和 TaGS2-A1-239IND2 可以对材料的穗长进行区分; GW2-6B-721SNP 和 TGW7-986-SNP 有助于筛选每穗小穗数较多的材料; TaGS2-A1-239IND2、GW2-6B-721SNP 和 TGW7-986-SNP 可以用于不育小穗数性状的选

择;GS5-2334-SNP 和 TaGS2-A1-239IND2 能够对小麦小穗粒数性状进行区分;GW2-6B-721SNP、TGW7-986-SNP 和 TGW6-1050-AL1 可以鉴定小麦穗粒数的差异;GW2-6B-721SNP、TGW6-1050-AL1、TGW7-986-SNP、TaGS2-A1-239IND2 和 Sus2-2A-20SNP 可用于小麦籽粒长度性状的筛选;GS5-2334-SNP、TaGS2-A1-239IND2、GW2-6B-721SNP、TGW6-1050-AL1、TGW7-986-SNP、Sus2-2A-20SNP 和 TaSus2-2B-SNP 适用于小麦粒宽的筛选,这些结果与许多一因多效的前人研究结果一致^[32-34]。

4 结论

本研究利用 14 个与粒重基因相关的 KASP 标记对在新疆小麦遗传材料进行检测,发现优异等位变异 *TaSus1-7A-Hap1*、*TaCwi-1b*、*TaTGW-7Aa*、*TaGS5-1b*、*TaGS2-1b*、*TaGS-D1a*、*TaSus2-2B-HapH*、*TaTGW6-1a*、*TaGW2-6B-Hap3*、*TaSus2-2A-HapA* 的分布频率分别为 100%、100%、84.98%、56.92%、51.78%、39.13%、33.20%、11.07%、3.16% 和 1.58%;*TaCwi-5D-HapC*、*TaGW2-6B-Hap1*、*TaGW2-6B-Hap2*、*TaSus1-7B-HapT* 未被检测到;14 对等位变异在参试材料中共出现 118 种组合,出现频率最高的等位基因组合是 *TaCwi-5D-HapG* + *TaGS5-1b* + *TaGW2-6B-Hap2* + *TaGW2-6B-Hap4* + *TaGW2-6B-NaN* + *TaTGW-7Aa* + *TaGS-D1a* + *TaSus2-2B-HapH* + *TaTGW6-1b* + *TaCwi-1a* + *TaSus1-7A-Hap2* + *TaSus2-2A-HapG* + *TaGS2-1a* + *TaSus1-7B-HapC*, 有 14 份材料是这种基因型组合类型。

综合来看,标记 GS5-2334-SNP、TaGS2-A1-239IND2、TGW7-986-SNP 和 GW2-6B-721SNP 可应用于小麦粒重的辅助选择;参试分子标记的连锁基因均与 1 个或 1 以上育种性状显著相关,其中效应最高是 GS5-2334-SNP 连锁基因 *TaGS5-1*,对粒宽的效应达 36.65%,对千粒重效应次之(27.76%);此外,GS5-2334-SNP 连锁基因 *TaGS5-1* 对株高、穗粒重,GW2-6B-721SNP 连锁基因 *TaGW2-6B* 和 TGW7-986-SNP 连锁基因 *TaTGW7* 对粒长,Sus2-2A-20SNP 连锁基因 *TaSus2-2A* 对穗粒重、千粒重和粒宽的效应均达到 10% 以上。

参考文献:

- [1] 相吉山,穆培源,桑伟,等.小麦粒重基因 *TaCwi-1* 功能标记 CWI22、CWI21 的验证及应用[J].中国农业科学,2014,47(13):2671.
XIANG J S, MU P Y, SANG W, *et al.* Validation and application of function markers CWI22 and CWI21 of *TaCwi-1* gene related to wheat kernel weight [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2014, 47(13): 2671.
- [2] 高新欢,张胜全,马巧云,等.北部冬麦区水地小麦品种的演变规律[J/OL].分子植物育种. <https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20231204.1739.030>
GAO X H, ZHANG S Q, MA Q Y, *et al.* Evolution rule of wheat varieties in irrigated-land of northern winter wheat zone [J]. *Molecular Plant Breeding*. <https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20231204.1739.030>
- [3] 张会芳,张建红,刘海礁,等.近 20 年黄淮冬麦区南片小麦种质性状演变及其育种价值评价[J].中国农业科技导报,2023,25(11):28.
ZHANG H F, ZHANG J H, LIU H J, *et al.* Evolution of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm traits and evaluation of breeding value in southern Huang-Huai winter wheat region in recent 20 years [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2023, 25(11): 28.
- [4] 李润芳,张晓冬,王栋,等.山东省近 60 年来主推小麦品种主要农艺性状演变规律[J].中国农学通报,2019,35(7):20.
LI R F, ZHANG X D, WANG D, *et al.* Evolution characteristics of major agronomic characters of main planting wheat varieties in Shandong Province in 60 years [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, 35(7): 20.
- [5] 孙刚,陈佳静,姚明明,等.宁夏春麦区小麦资源株高、籽粒性状及抗病性分析[J].植物遗传资源学报,2023,24(4):954.
SUN G, CHEN J J, YAO M M, *et al.* Analysis of wheat resources for plant height, grain traits, and diseases resistance cultivated in Ningxia spring wheat region [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(4): 954.
- [6] 许为钢,胡琳,吴兆苏,等.关中地区小麦品种产量与产量结构遗传改良的研究[J].作物学报,2000,26(3):352.
XU W G, HU L, WU Z S, *et al.* Studies on genetic improvement of yield and yield components of wheat cultivars in mid Shaanxi area [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26(3): 352.
- [7] GIURA A, SAULESCU N N. Chromosomal location of genes controlling grain size in a large grained selection of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Euphytica*, 1996, 89(1): 77.
- [8] 刘青元.青海省农作物品种志:1983—2005[M].西宁:青海人民出版社,2008.
LIU Q Y. Crop variety records of Qinghai Province: 1983—2005 [M]. Xining: Qinghai People's Publishing House, 2008.
- [9] MOHLER V, ALBRECHT T, CASTELL A, *et al.* Considering causal genes in the genetic dissection of kernel traits in common wheat [J]. *Journal of Applied Genetics*, 2016, 57(4): 467.
- [10] YANG Z, BAI Z, LI X, *et al.* SNP identification and allelic-specific PCR markers development for *TaGW2* a gene linked to wheat kernel weight [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 125(5): 1057.
- [11] GENG J, LI L, LV Q, *et al.* *TaGW2-6A* allelic variation contributes to grain size possibly by regulating the expression of cytokinins and starch-related genes in wheat [J]. *Planta*,

- 2017,246(6):1153.
- [12] QIN L, HAO C, HOU J, *et al.* Homologous haplotypes, expression, genetic effects and geographic distribution of the wheat yield gene *TaGW2* [J]. *BMC Plant Biology*, 2014, 14:107.
- [13] MA D, YAN J, HE Z, *et al.* Characterization of a cell wall invertase gene *TaCwi-A1* on common wheat chromosome 2A and development of functional markers [J]. *Molecular Breeding*, 2012, 29(1):43.
- [14] JIANG Y, JIANG Q, HAO C, *et al.* A yield-associated gene *TaCW1*, in wheat; Its function, selection and evolution in global breeding revealed by haplotype analysis [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2015, 128(1):131.
- [15] WANG S, ZHANG X, CHEN F, *et al.* A single-nucleotide polymorphism of *TaGS5* gene revealed its association with kernel weight in Chinese bread wheat [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2015, 6:1166.
- [16] WANG S, YAN X, WANG Y, *et al.* Haplotypes of the *TaGS5-A1* gene are associated with thousand-kernel weight in Chinese bread wheat [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7:783.
- [17] ZHANG Y, LIU J, XIA X, *et al.* *TaGS-D1*, an ortholog of rice *OsGS3*, is associated with grain weight and grain length in common wheat [J]. *Molecular Breeding*, 2014, 34(3):1097.
- [18] JIANG Q, HOU J, HAO C, *et al.* The wheat (*Triticum aestivum* L.) sucrose synthase 2 gene (*TaSus2*) active in endosperm development is associated with yield traits [J]. *Functional & Integrative Genomics*, 2011, 11(1):49.
- [19] 杜莹莹, 顾正中, 周羊梅, 等. 江苏淮北小麦品种(系)重要性状功能基因的 KASP 检测[J]. 麦类作物学报, 2023, 43(3):279.
- DU Y Y, GU Z Z, ZHOU Y M, *et al.* KASP detection of functional genes related to important traits in wheat varieties (lines) in Huaibei Region of Jiangsu Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023, 43(3):279.
- [20] MA M, WANG Q, LI Z, *et al.* Expression of *TaCYP78A3*, a gene encoding cytochrome P450 CYP78A3 protein in wheat (*Triticum aestivum* L.), affects seed size [J]. *The Plant Journal*, 2015, 83(2):312.
- [21] JAISWAL V, GAHLAUT V, MATHUR S, *et al.* Identification of novel SNP in promoter sequence of *TaGW2-6A* associated with grain weight and other agronomic traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *PLoS One*, 2015, 10(6):e0129400.
- [22] ZHANG L, ZHAO Y L, GAO L F, *et al.* *TaCKX6-D1*, the ortholog of rice *OsCKX2*, is associated with grain weight in hexaploid wheat [J]. *New Phytologist*, 2012, 195(3):574.
- [23] 张业猛, 朱丽丽, 郭仁世, 等. 3 个粒重基因在青海高原春小麦品种中的分布[J]. 麦类作物学报, 2022, 42(10):1200.
- ZHANG Y M, ZHU L L, GUO R S, *et al.* Distribution of three grain weight genes in Qinghai Plateau spring wheat cultivars [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(10):1200.
- [24] 张维军, 赵俊杰, 何进尚, 等. 宁夏小麦种质资源粒重基因 KASP 标记检测及验证[J]. 植物遗传资源学报, 2022, 23(2):493.
- ZHANG W J, ZHAO J J, HE J S, *et al.* Detection and validation of grain weight related genes using KASP assays in Ningxia wheat germplasm [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2022, 23(2):493.
- [25] 宋晓朋, 孔子明. 107 份小麦育种亲本重要农艺性状基因的 KASP 检测[J]. 种子, 2023, 42(9):132.
- SONG X P, KONG Z M. KASP detection of genes for important agronomic traits in 107 wheat breeding parents [J]. *Seed*, 2023, 42(9):132.
- [26] 时佳, 白璐, 任毅, 等. 新疆小麦 *TaGW2-6A*、*TaCwi-A1*、*TaSus2-2B* 等位变异对粒重的影响及应用[J]. 分子植物育种, 2018, 16(3):848.
- SHI J, BAI L, REN Y, *et al.* Effects and application of allelic variation of *TaGW2-6A*, *TaCwi-A1* and *TaSus2-2B* on grain weight of Xinjiang wheat [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2018, 16(3):848.
- [27] 张芳, 任毅, 严勇亮, 等. 小麦 *TaGS-D1* 与 *TaFlo2-A1* 等位变异对粒重的影响[J]. 麦类作物学报, 2020, 40(5):14.
- ZHANG F, REN Y, YAN Y L, *et al.* Effect of allelic variations in *TaGS-D1* and *TaFlo2-A1* on thousand kernels weight of wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(5):14.
- [28] 简大为, 周阳, 刘宏伟, 等. 利用功能标记揭示新疆小麦改良品种与地方品种的遗传变异[J]. 作物学报, 2018, 44(5):657.
- JIAN D W, ZHOU Y, LIU H W, *et al.* Functional markers reveal genetic variations in wheat improved cultivars and landraces from Xinjiang [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, 44(5):657.
- [29] 李玮, 张敏, 宋国琦, 等. 2019—2020 山东小麦区试品系 55 个基因的等位基因分布[J]. 核农学报, 2023, 37(1):17.
- LI W, ZHANG M, SONG G Q, *et al.* Allele distribution of 55 genes in wheat lines participating in 2019—2020 Shandong trial [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2023, 37(1):17.
- [30] 张中州, 望俊森, 鲁进恒, 等. 漯河地区小麦高产品种(系)农艺性状的 KASP 标记检测[J]. 江苏农业科学, 2024, 52(1):34.
- ZHANG Z Z, WANG J S, LU J H, *et al.* KASP marker detection of agronomic traits of high-yield wheat varieties (lines) in Luohe area [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2024, 52(1):34.
- [31] MAKHOUL M, RAMBLA C, VOSS-FELS K P, *et al.* Overcoming polyploidy pitfalls: A user guide for effective SNP conversion into KASP markers in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2020, 133(8):2413.
- [32] SUN C, ZHANG F, YAN X, *et al.* Genome-wide association study for 13 agronomic traits reveals distribution of superior alleles in bread wheat from the Yellow and Huai Valley of China [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2017, 15(8):953.
- [33] MORA F, CASTILLO D, LADO B, *et al.* Genome-wide association mapping of agronomic traits and carbon isotope discrimination in a worldwide germplasm collection of spring wheat using SNP markers [J]. *Molecular Breeding*, 2015, 35(2):69.
- [34] LI F, WEN W, LIU J, *et al.* Genetic architecture of grain yield in bread wheat based on genome-wide association studies [J]. *BMC Plant Biology*, 2019, 19(1):168.