

普通小麦农大 3338×京冬 6 号 DH 系群体株高 及节间长度的 QTL 分析

逯腊虎^{1,2} 魏强^{1,2} 王飞^{1,2} 刘刚^{1,2} 秦丹丹^{1,2} 关攀锋^{1,2}
倪中福^{1,2} 姚颖垠^{1,2} 孙其信^{1,2} 彭惠茹^{1,2*}

(1. 中国农业大学 农学与生物技术学院/农业生物技术国家重点实验室/杂种优势研究与利用教育部重点实验室/
作物基因组与遗传改良农业部重点实验室/作物遗传改良北京市重点实验室,北京 100193;
2. 国家植物基因研究中心,北京 100193)

摘要 采用普通小麦农大 3338 和京冬 6 号的组合构建的包含 216 个株系的 DH 系为材料,以包含 379 个标记的高密度遗传连锁图谱为基础,利用复合区间作图法,通过一年两点田间试验,对株高及其组成成分不同节间长度的 QTL 进行分析。结果表明,一年两点最终株高共定位到 8 个 QTL,分布在染色体 2D,4B,4D,5A,6D,7A 上,共解释株高变异为 91.86%(北京)、92.63%(临汾)。各节间表型数据总共定位到 28 个 QTL,分布在染色体 2B,2D,3B,4A,4B,4D,5A,6A,6D,7A 上。这些 QTL 基本包括了影响最终株高的 8 个位点,各节间长度还有部分特有的 QTL。上述结果为在育种中实现对株高、穗下节长和其他节间长度的精细遗传操作及深入解析株高性状形成的遗传学基础提供了理论依据。

关键词 小麦;株高;节间长度;数量性状位点;加倍单倍体系

中图分类号 S 512 文章编号 1007-4333(2014)01-0001-08 文献标志码 A

QTL mapping for plant height and internode lengths in Nongda3338 × Jingdong6 DH populations of wheat (*Triticum aestivum* L.)

LU La-hu^{1,2}, WEI Qiang^{1,2}, WANG Fei^{1,2}, LIU Gang^{1,2}, QIN Dan-dan^{1,2}, GUAN Pan-feng^{1,2},
NI Zhong-fu^{1,2}, YAO Ying-yin^{1,2}, SUN Qi-xin^{1,2}, PENG Hui-ru^{1,2*}

(1. College of Agronomy and Biotechnology/State Key Laboratory for Agrobiotechnology/Key Laboratory of Crop Heterosis and Utilization (MOE) /Key Laboratory of Crop Genomics and Genetic Improvement (MOA) /Beijing Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, China Agricultural University, Beijing 100193, China;
2. National Plant Gene Research Centre, Beijing 100193, China)

Abstract A double haploid line(DHL) population with 216 lines derived from a cross of Nongda 3338 and Jingdong 6 was used to identify the quantitative trait loci(QTL) for plant height and internode length in wheat(*Triticum aestivum* L.). Based on the high density genetic linkage map with 379 markers, eight QTLs were detected by composite interval mapping(LOD > 2.5) using two locations phenotype data of plant height in the same year, and distributed on chromosomes 2D,4B,4D,5A,6D,7A respectively. The total QTL effects detected for the plant height accounted for 91.86%(Beijing)and 92.63%(Linfen) of the phenotypic variation in two locations. And 28 QTLs were detected using two locations phenotype data of five internodes length in the same year, and distributed on chromosomes 2B,2D,3B,4A,4B,4D,5A,6A,6D and 7A. Many QTLs for internode length are overlapping with the QTLs for plant height, indicating

收稿日期: 2013-05-14

基金项目: 北京农业育种基础研究创新平台项目(YZPT01-05); 国家“863”计划项目(2012AA10A309)

第一作者: 逯腊虎, 博士研究生, E-mail: Lahulu@cau.edu.cn

通讯作者: 彭惠茹, 教授, 博士生导师, 主要从事小麦遗传育种与基因定位研究, E-mail: penghuiru@cau.edu.cn

the high level of relevance between plant height and internode length. The present data are useful for wheat genetic manipulations through molecular marker-assisted selection (MAS), and provides new insights into understanding the genetic basis of plant height in wheat.

Key words wheat; plant height; internode length; quantitative trait locus (QTL); double haploid line (DHL)

株高性状是小麦重要的育种目标之一,对于构建合理株型、增强抗倒伏性及产量形成具有重要意义。同时,株高与其他性状相比,构成因素简单,容易观察和测量,可作为一种模式性状来进行数量性状遗传机理的研究。

自20世纪60年代农林10号矮秆基因被用于小麦育种以来,矮化育种在世界范围内对小麦产量的提高起了关键作用,育种家应用少数几个矮源培育了大批丰产潜力大的半矮秆品种。我国目前生产上所用品种的矮秆亲本主要具有水源86、St2422/464、农林10号、辉县红、岫包及阿夫等的血缘,贾继增等^[1]采用系谱法及对赤霉素(GA)敏感性的特点对其进行了鉴定。

株高的遗传机理研究也越来越受重视。目前正式命名的矮秆基因(Reduced height genes, Rht)有21个^[2],个别主效基因已经克隆,如绿色革命基因 *Rht-B1* 和 *Rht-D1*。而 *Rht* 基因的进一步克隆将取决于株高 QTL 定位的研究进展。近年来,通过构建分子遗传连锁图谱,已经定位了50多个控制株高性状的 QTL^[3-17]。小麦21条染色体上均有影响株高的 QTL。但上述株高的定位研究多以最终性状为基础,而株高的形成是一个动态积累的过程,涉及遗传信息表达与调控等多个重要环节。朱军^[18]提出计算 $t-1$ 到 t 时刻的株高净增长量(条件表现型值),结合分子标记连锁图谱,估算特定时段内 QTL 的净效应。这为分析农艺性状不同发育阶段 QTL 的动态变化和特定时段内基因的表达情况提供了有效手段。运用该方法,Wang 等^[19]对小麦不同发育阶段株高进行 QTL 分析,揭示了株高 QTL 的动态表达特点。

株高是由数个节间长决定,不同节间在发育的不同时期伸长,它们对产量性状的影响也不相同。但对于各节间性状的遗传控制模式、株高发育过程中各节间 QTL 的变化却很少涉及。本研究以普通小麦农大3338和京冬6号为亲本构建的包含216个株系的加倍单倍体(DH)群体为研究材料,对控制小麦株高及其构成因子——节间长度的 QTL,解析株高性状形成的遗传基础,为株高的遗传操纵奠

定基础。

1 材料与方法

1.1 材料群体及分子标记遗传图谱

本研究的供试材料为中国农业大学小麦组构建的加倍单倍体(DH)群体。其构建过程为:以普通小麦农大3338为母本,京冬6号为父本配制杂交组合,种植 F_1 ,进行花药培养,再经染色体加倍获得216个稳定 DH 系。提取亲本及群体 DNA,进行 SSR 标记分析,采用 Mapmaker version 3.0 构建了一张覆盖小麦21条染色体包含379个标记的遗传连锁图谱(结果另发表),本研究以该图谱为基础对株高 QTL 进行解析。

1.2 田间试验及性状调查

216个 DH 系群体及其亲本于2007年分别种植于中国农业大学上庄和山西省临汾市两个实验站。试验采用随机区组设计,双行区,行长2 m,行距20 cm,3次重复,按常规栽培技术进行管理。2008年,每个品系选10个代表性植株,测量其株高及各节间长度,自上而下测量第1节间长~第5节间长(cm),得到株高及构成因素的性状观测值,取10个单株的平均值。

1.3 数据分析及 QTL 定位

数据分析采用 Excel 和 SPSS 软件,株高及构成因素的 QTL 定位基于已构建的遗传图谱,将 Mapmaker 软件生成的 maps 文件和 raw 文件导入 QTL Cartographer 2.5 软件中,用复合区间 CIM 作图法^[20-21]进行单位点 QTL 检测,设定函数为 Kosambi, LOD 阈值为 2.5。计算出相应 QTL 位点相关的加性效应和该位点对性状表型变异的贡献率。

2 结果与分析

2.1 普通小麦农大3338×京冬6号 DH 群体株高及各节间长度的表型分析

本试验利用一年两点(2008年,北京与山西临汾)的株高及各节间的表型数据进行 QTL 定位分析。结果表明,亲本间株高存在显著差异,DH 群体

株高变幅较大,从 43.9 到 104.0 cm(表 1),各性状在群体中基本符合正态分布,适合进行 QTL 分析。

对株高和各节间的遗传力进行了分析发现,除第 5 节间外,其他节间和株高遗传力都在 80%以上。

表 1 DH 系群体株高和节间长度性状分析

Table 1 Phenotypic analysis of plant height and length of internodes in wheat DH population

环境 Environment	性状 Trait	亲本 Parents		DH 群体 DH population				遗传力/% Heritability
		农大 3338 Nongda3338	京冬 6 号 Jingdong6	均值 Mean	方差 Variance	最小值 Max	最大值 Min	
北京 Beijing	PH	55.86	80.15	72.51	13.80	43.90	104.00	87.4
	IN1	16.77	28.39	23.84	4.23	15.91	33.65	86.0
	IN2	11.64	19.47	15.50	3.35	8.45	23.61	89.6
	IN3	7.95	12.92	11.37	2.97	4.58	17.69	89.9
	IN4	5.34	8.75	8.03	2.23	3.07	14.47	83.3
	IN5	3.34	3.53	4.59	1.35	1.17	8.54	56.3
临汾 Linfen	PH	52.67	80.67	67.00	13.37	40.00	99.00	94.1
	IN1	17.30	27.13	22.79	4.45	14.37	33.87	92.0
	IN2	11.33	20.30	15.18	3.39	8.23	23.17	89.8
	IN3	8.03	13.63	11.25	2.63	5.57	18.40	89.4
	IN4	5.53	8.97	7.38	1.74	3.70	11.50	85.5
	IN5	3.03	4.60	3.91	1.02	1.33	6.43	57.8

注:PH 代表株高,IN1-IN5 分别代表第 1 至第 5 节间,下同。

Note:PH representatives plant height,IN1-IN5 representative the trait from 1st internode to 5th internode respectively.

2.2 普通小麦农大 3338×京冬 6 号 DH 群体株高和各节间长度之间的相关分析

对株高和 5 个节间长度进行简单相关分析,由表 2 可以看出,株高及 5 个节间长度两两之间均存

在极显著正相关关系,株高与第 2 节间的相关系数最高,在北京和临汾两地分别为 0.964 和 0.948,与第 5 节间的相关系数明显较低,各性状间相关系数最低的是第 5 节间与第 1 节间为 0.580。

表 2 两个环境中株高和各节间长度的相关系数

Table 2 Correlations between plant height and length of internodes in two environments

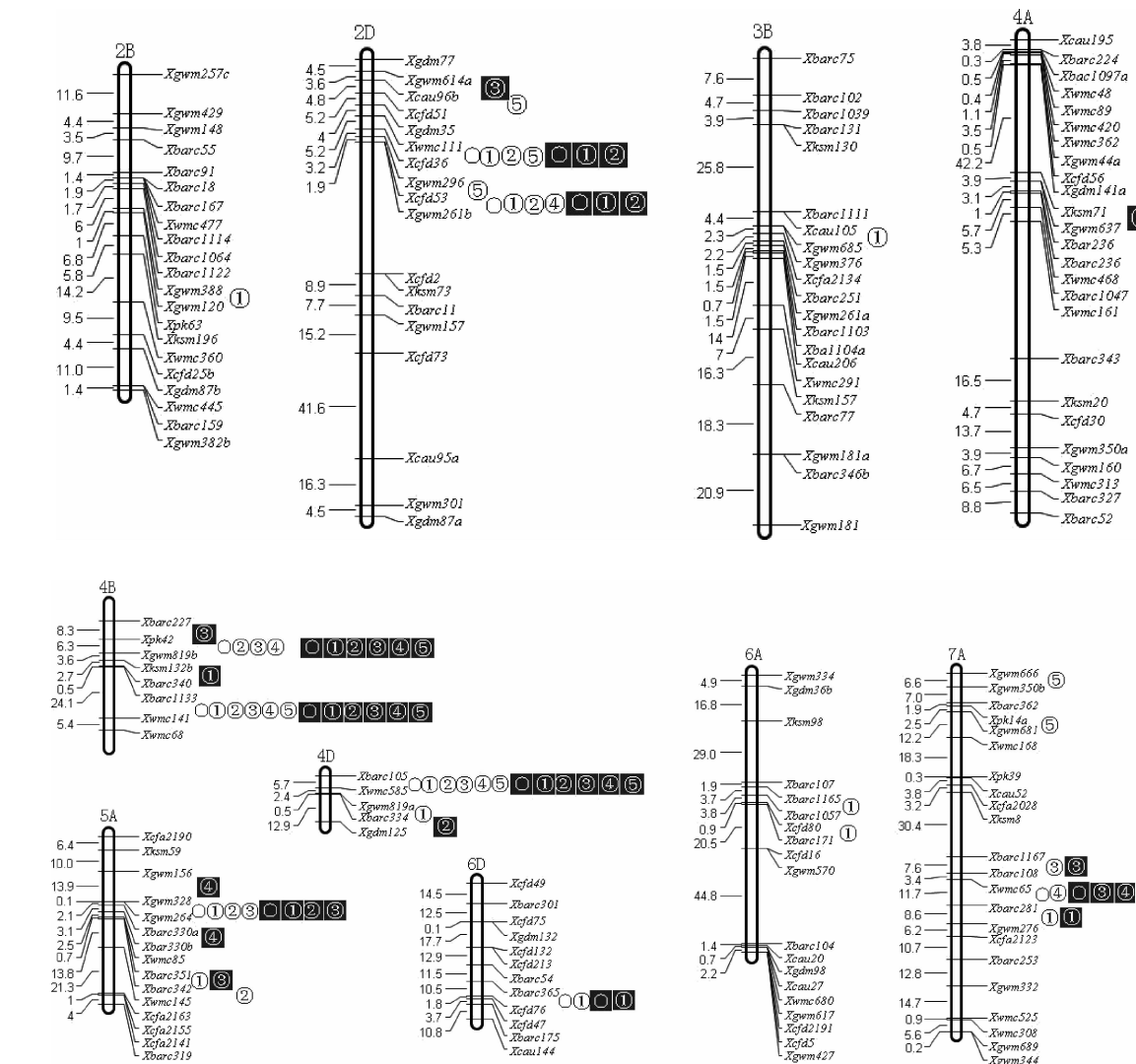
环境 Environment	性状 Trait	PH	IN1	IN2	IN3	IN4	IN5
北京 Beijing	PH						
	IN1	0.904**					
	IN2	0.964**	0.832**				
	IN3	0.916**	0.706**	0.932**			
	IN4	0.941**	0.752**	0.928**	0.948**		
	IN5	0.802**	0.580**	0.769**	0.817**	0.863**	
临汾 Linfen	PH						
	IN1	0.940**					
	IN2	0.948**	0.852**				
	IN3	0.938**	0.797**	0.953**			
	IN4	0.929**	0.763**	0.922**	0.956**		
	IN5	0.786**	0.688**	0.852**	0.859**	0.901**	

注:** 存在显著性相关($P < 0.01$)。Note:** Correlation is significant at the 0.01 significance level(2-tailed).

2.3 小麦农大3338×京冬6号DH群体株高QTL定位结果

利用一年两点的株高表型数据总共定位到8个控制株高QTL,且这8个位点在两地都同时检测到,分布在染色体2D(2个)、4B(2个)、4D、5A、6D、7A上(图1),各位点解释的表型变异在2.96%~44.02%之间(表3和表4)。8个位点分别是 $QPhT-2D.1$ 、 $QPhT-2D.2$ 、 $QPhT-4B.1$ 、 $QPhT-4B.2$ 、 $QPhT-4D.1$ 、 $QPhT-5A.1$ 、 $QPhT-6D$ 、 $QPhT-7A.1$,其中 $QPhT-4B.1$ 、 $QPhT-4B.2$ 和 $QPhT-4D.1$ 所

解释的表型变异较大,北京分别为10.49%、41.86%和17.85%,临汾分别为10.53%、44.02%和18.18%,这3个位点均由来自母本农大3338的等位基因起减效作用,其效应值分别为4.66、9.18和6.04 cm(北京),4.53、9.10和5.91 cm(临汾)(表3和表4)。 $QPhT-2D.1$ 、 $QPhT-2D.2$ 、 $QPhT-5A.1$ 和 $QPhT-6D$ QTL均由来自母本农大3338的等位基因起增效作用,其效应值在2.46~3.63 cm之间,贡献率在2.96%~5.62%之间; $QPhT-7A.1$ 由来自母本农大3338的等位基因起减效作用。



○, ①-⑤分别代表北京考察的株高和第1至第5节间; ◼, ①-⑤分别代表临汾考察的株高和第1至第5节间。

○, ①-⑤ indicate plant height and internodes measured in Beijing, ◼, ①-⑤ indicate plant height and internodes measured in Linfen.

图1 小麦DH系群体株高和5个节间的QTL图示

Fig. 1 QTLs for plant height and internodes in wheat DH population

表3 北京DH群体株高和节间QTL位置、效应及贡献率
Table 3 Interval, LOD score, Additive effects and contributions of QTL for PH and internodes in DH population grown in Beijing

QTL	标记区间 Mapping loci	株高 height																	
		第1节间 No.1		第2节间 No.2		第3节间 No.3		第4节间 No.4		第5节间 No.5									
		LOD	A ^a	R ² % ^b	LOD	A	R ² %	LOD	A	R ² %	LOD	A	R ² %	LOD	A	R ² %			
QPht2B	Xgwm388-Xgwm120			2.65	0.78	3.06													
QPht2D.1	Xwmc111-Xcfd36	4.22	3.08	4.91	3.26	0.88	4.24	4.19	0.75	4.89				4.78	0.35	6.66			
QPht2D.2	Xcfd53-Xgwm261b	3.06	3.63	3.74	3.40	1.36	4.59	2.26	0.80	2.78	1.39	0.43	1.84						
QPht2D.4	Xcan966b-Xcfd51													3.92	0.34	5.96			
QPht2D.5	Xgwm296-Xcfd53													3.48	0.32	5.42			
QPht3B	Xbarc111-Xgwm685			2.68	0.79	3.17													
QPht4B.1	Xpk42-Xgwm819b	7.07	-4.66	10.49			9.73	-1.22	13.32	13.87	-1.33	18.70	8.48	-0.87	13.90	7.52	-0.51	13.55	
QPht4B.2	Xbarc133-Xwmc141	19.98	-9.18	41.86	7.85	-1.74	16.31	20.39	-2.29	43.46	9.65	-1.66	24.26	19.24	-1.51	42.88	12.52	-0.75	28.87
QPht4D.1	Xbarc105-Xwmc585	13.03	-6.04	17.85	11.91	-1.72	15.86	12.34	-1.44	17.18	12.07	-1.25	17.17	10.52	-0.93	16.25	5.41	-0.40	8.34
QPht4D.2	Xgwm819a-Xbarc334			8.84	-1.52	11.78													
QPht5A.1	Xgwm328-Xgwm264	4.77	3.47	5.62	5.73	1.18	7.15	3.61	0.71	4.21	2.56	0.56	3.03						
QPht5A.2	Xbarc351-Xbarc342			3.77	0.96	4.72													
QPht5A.5	Xbarc342-Xwmc145						2.69	0.73	4.40										
QPht6A.1	Xbarc1165-Xbarc1057			5.02	-1.11	6.38													
QPht6A.2	Xcfd80-Xbarc171			4.66	-1.00	5.31													
QPht6D	Xbarc365-Xcfd476	2.71	2.46	2.96	4.27	1.00	5.31												
QPht7A.1	Xwmc65-Xbarc281	2.90	-2.98	4.43							2.95	-0.53	5.42						
QPht7A.2	Xbarc281-Xgwm276			2.83	-0.86	3.94													
QPht7A.3	Xbarc1167-Xgwm108						2.91	-0.60	4.00										
QPht7A.4	Xgwm666-Xgwm350													2.52	-0.27	3.55			
QPht7A.5	Xpk14-Xgwm681													3.61	-0.31	4.97			

表4 临汾DH群体节间QTL位置、效应及贡献率
Table 4 Interval, LOD score, Additive effects and contributions of QTL for PH and internodes in DH population grown in Linfen

QTL	标记区间 Mapping loci	株高 Height		第1节间 No.1		第2节间 No.2		第3节间 No.3		第4节间 No.4		第5节间 No.5							
		LOD	A ^a	R ² % ^b	LOD	A	R ² %	LOD	A	R ² %	LOD	A	R ² %	LOD	A	R ² %			
QPht2D.1	Xwcm111-Xcfd36	3.48	2.73	4.11	4.55	1.06	5.58	2.85	0.63	3.37									
QPht2D.2	Xcfd53-Xgwm261b	2.97	3.31	3.65	4.19	1.40	5.43	2.03	0.71	2.54									
QPht2D.3	Xgwm614a-Xcau96b							2.60	0.46	2.92									
QPht4A	Xgdm141-Xgwm637							2.51	-0.58	2.83									
QPht4B.1	Xpk42-Xgwm819	7.17	-4.53	10.53	5.01	-1.26	7.64	10.50	-1.41	15.93	15.42	-1.37	26.14	7.08	-0.57	9.85	4.10	-0.29	7.83
QPht4B.2	Xbarc133-Xwmc141	20.97	-9.10	44.02	12.29	-2.23	23.89	19.98	-2.27	42.86	7.42	-1.28	18.32	15.96	-1.08	36.93	10.59	-0.52	24.67
QPht4B.3	Xbarc227-Xpk42							12.74	-1.51	18.42									
QPht4B.4	Xksml32b-Xbarc340							9.01	-1.58	11.42									
QPht4D.1	Xbarc105-Xwmc585	13.04	-5.91	18.18	13.31	-1.94	17.99	12.74	-1.51	18.42	9.94	-1.00	14.05	11.28	-0.75	17.81	5.23	-0.31	8.84
QPht4D.3	Xbarc334-Xgdm125							4.64	-1.01	8.38									
QPht5A.1	Xgwm328-Xgwm264	4.00	3.06	4.76	4.32	1.06	5.22	3.06	0.68	3.75	5.47	0.73	6.81						
QPht5A.2	Xbarc351-Xbarc342							4.21	0.63	5.20									
QPht5A.3	Xgwm156-Xgwm328													5.99	0.54	9.17			
QPht5A.4	Xbarc330a-Xbarc330b													5.27	0.50	7.96			
QPht6D	Xbarc365-Xcfd76	2.90	2.48	3.22	4.76	1.10	5.72												
QPht7A.1	Xwmc65-Xbarc281	2.71	-2.80	4.16				2.84	-0.57	4.63	2.86	-0.41	5.37	3.67	-0.28	7.34			
QPht7A.2	Xbarc281-Xgwm276							2.70	-0.85	3.46									
QPht7A.3	Xbarc1167-Xgwm108							2.66	-0.53	3.86									

注:a:加性效应,正号表示来自亲本3338的等位基因起增效作用;b:单个QTL所解释的表型变异。

Note:a: positive values of the additive effect indicate that 3338 alleles increasing the plant height;b: indicates that single QTL explain variety.

QTL 贡献率最大的分布在染色体 4B 和 4D 上,并且这 3 个 QTL 均由来自母本农大 3338 的等位基因起减效作用,其效应值在 4.53~9.18 cm,其平均值为 6.57 cm,解释的表型变异在 10.49%~44.02%之间,其中 *QPh4B.2* 减效作用最大,其效应值在 9.0 cm 以上,解释表型变异在 40% 以上。2D,5A,6D 染色体上的 QTL 效应值和解释的表型变异相对比较小,都是来自于母本农大 3338 的等位基因起增效作用。推测本群体株高性状主要由 *QPh4B.1*、*QPh4B.2*、*QPh4D.1* 基因控制。8 个 QTL 累加起来可解释的最终株高变异的 91.86%(北京)、92.63%(临汾),基本涵盖了控制株高的所有 QTL。

2.4 小麦农大 3338×京冬 6 号 DH 群体各节间的 QTL 定位

在北京和临汾两地对株高构成因子——各节间长度进行了 QTL 定位,自下而上共检测了 5 个节间长度,总共定位到 28 个 QTL,其中北京定位了 21 个控制各节间长度的 QTL,临汾定位了 18 个 QTL,分布在染色体 2B(1 个),2D(5 个),3B(1 个),4A(1 个),4B(4 个),4D(3 个),5A(5 个),6A(2 个),6D(1 个),7A(5 个)上(图 1),两地点重复检测到的位点有 11 个。各节间长度定位结果有重合,11 个 QTL 由两个或两个以上的节间同时定位到,相邻节间定位的 QTL 重合的比例高(见图 1 和表 3、表 4),这与性状相关的研究结果相符。其中 *QPh4B.2* 和 *QPh4D.1* 在各节间性状中都同时检测到;*QPh2D.1* 和 *QPh2D.2* 在第 1 和 2 节间同时检测到;*QPh4B.1* 在第 2、3、4 和 5 节间同时检测到;*QPh5A.1* 在第 1、2 和 3 节间同时检测到;*QPh6D* 在株高和第 1 节间同时检测到。

各节间长度是株高的构成因素,所以本研究获得的 8 个控制株高的 QTL 全部能在各节间检测到,但存在株高中没有而在节间长度中被检测到的 QTL,如:*QPh5A.2*、*QPh7A.2*、*QPh7A.3* 等。

综合株高和各节间定位结果,影响株高的基因主要集中在 2D、4B、4D、5A 和 7A 上,其中 4B、4D 和 7A 染色体上定位的 6 个 QTL 都是来自于亲本农大 3338 的等位基因起减效作用,并且 *QPh4B.2* 在株高和 5 个节间的增效作用和解释的表型变异都是最大的。2D、5A 和 6D 染色体上定位的 8 个 QTL 都是来自于母本农大 3338 的等位基因起增效作用,其效应值和解释的表型变异相对来说比较小。

3 讨论

3.1 小麦株高 QTL 比较

小麦株高是与小麦生产力密切相关的重要性状之一,与小麦株型、抗倒伏性及收获指数密切相关,其研究颇受国内外研究者关注。利用染色体代换系的研究表明,小麦 21 条染色体上均有影响株高的基因分布^[22]。目前共有 21 个矮秆基因被鉴别,50 多个 QTL 被定位^[2-17]。本研究通过一年两点试验共定位了 8 个影响株高的 QTL,分别位于 2D、4B、4D、5A、6D 和 7A 等 6 条染色体上。前人对小麦株高定位的结果显示,在其他群体中这些染色体上也高频率的检测到影响株高的相应的 QTL。本研究检测到的效应最大的 QTL 是在 4B 染色体上的 *QPh4B.2*,解释变异达到 40% 以上,降低株高的 QTL 来自亲本农大 3338,研究表明,亲本农大 3338 是对赤霉素不敏感的,推测该矮秆基因为 *Rht-B1*。4D 染色体上的 *QPh4D* 与 *Rht-D1* 的位置相对应。本研究中位于 2D 染色体上的 *QPh2D.1* 位于区间 *Xwmc111-Xgwm296*,这个位点刚好同抗条锈病的 *Lr39* 位于同一个区间段内^[23],有可能一因多效或紧密连锁。Korzun 等^[4]报道的矮化基因 *Rht8* 和王岩等^[16]报道的 *QPh2D* 均与标记 *Xgwm261* 连锁,同本试验的 *QPh2D.2* (区间为 *Xcfd53-Xgwm261b*) 结果一致。本试验检测出的 8 个与小麦株高有关的 QTL,共解释了株高全部变异的 91.86%(北京)、92.63%(临汾),说明影响该群体最终株高的 QTL 位点已基本包含在内。

3.2 小麦各节间长度的 QTL 定位

对株高性状的 QTL 解析,可以在 3 个层次进行:一是直接对成熟期的最终株高进行 QTL 分析;二是将最终株高剖分为多个构成因子——各节间长度,分别进行 QTL 分析,以了解各个构成因素的遗传基础,彼此间的关系及其对株高的贡献;三是对不同发育阶段的株高净增量进行 QTL 分析,用于了解性状的发育与形态建成是否为 QTL 选择性表达的结果。本研究对株高及构成因素——节间长度进行 QTL 定位,为探明控制小麦株高性状发育的遗传基础提供依据。

本研究于 2008 年在北京和临汾对株高构成因子——各节间长度进行了 QTL 定位,一年两点的 5 个节间长度总共定位到 28 个 QTL,分布在染色体 2B(1 个),2D(5 个),3B(1 个),4A(1 个),4B(4

个),4D(3个),5A(5个),6A(2个),6D(1个),7A(5个)上。影响株高和节间长度的 QTL 定位在相同染色体的同一区域,这可能是节间长度作为株高的组成部分在遗传基础上的反映。但也有 QTL 在株高中没有检测到,而在各节间长度中能够定位到,说明株高构成因素的遗传基础也有相对独立的一面。有 11 个 QTL 由两个或两个以上的节间同时定位到,相邻节间定位的 QTL 重合的比例高,本研究的相关分析结果显示,相邻节间的相关系数更高,也进一步证实相邻的节间长度具有更为一致的遗传基础。总的来看,株高与构成因素,各构成因素之间的遗传基础既有相互联系的一面,也有相对独立的一面:相同的 QTL 对可能控制不同的节间长度,从而产生遗传相关,而各节间长度却还可能有其特有的 QTL。本研究获得的上述结果和结论,将为在小麦育种中实现对株高、穗下节长和其他节间长度的精细遗传操作提供理论依据。

参 考 文 献

- [1] 贾继增,丁寿康,李月华,等. 中国小麦的主要矮秆基因及矮源的研究[J]. 中国农业科学,1992,25(1):1-5
- [2] McIntosh R A, Hart G E, Gale M D. Catalogue of gene symbols for wheat [C]// Li Z S, Xin Z Y. eds. Proc 8th Int Wheat Genet Symp. Beijing: China Sciencetech Press,1995:1333-1500
- [3] McCartney C A, Somers D J, Humphreys D G, et al. Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452x'AC Domain'[J]. Genome,2005,48(5):870-883
- [4] Korzun V, Röder M S, Ganal M W, et al. Genetic analysis of the dwarfing gene(*Rht8*) in wheat. Part I. Molecular mapping of *Rht8* on the short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet,1998,96(8):1104-1109
- [5] Börner A, Schumann E, Fürste A, et al. Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet,2002,105(6/7):921-936
- [6] Ellis M H, Rebetzke G J, Azaña F, et al. Molecular mapping of gibberellin-responsive dwarfing genes in bread wheat [J]. Theor Appl Genet,2005,111(3):423-430
- [7] Marza F, Bai G H, Carver B F, et al. Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population Ning7840 × Clark[J]. Theor Appl Genet,2006,112(4):688-698
- [8] Eriksen L, Borum F, Jahoor A. Inheritance and localisation of resistance to *Mycosphaerella graminicola* causing septoria tritici blotch and plant height in the wheat (*Triticum aestivum* L.) genome with DNA markers[J]. Theor Appl Genet,2003,107(3):515-527
- [9] Huang X Q, Coster H, Ganal M W, et al. Advanced backcross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet,2003,106(8):1379-1389
- [10] Keller M, Karutz C H, Schmid J E, et al. Quantitative trait loci for lodging resistance in a segregating wheat × spelt population [J]. Theor Appl Genet,1999,98(6/7):1171-1182
- [11] Verma V, Worland A J, Sayers E J, et al. Identification and characterization of quantitative trait loci related to lodging resistance and associated traits in bread wheat [J]. Plant Breeding,2005,124:234-241
- [12] Huang X Q, Cloutier W, Lycar L, et al. Molecular detection of QTLs for agronomic and quality traits in a doubled haploid population derived from two Canadian wheats (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet,2006,113(4):753-766
- [13] Cadalen T, Sourdille P, Charmet G, et al. Molecular markers linked to genes affecting plant height in wheat using a doubled-haploid population [J]. Theor Appl Genet,1998,96(6/7):933-940
- [14] Sourdille P, Charmet G, Trottet M, et al. Linkage between RFLP molecular markers and the dwarfing genes *Rht-B1* and *Rht-D1* in wheat [J]. Hereditas,1998,128:41-46
- [15] Kao K, Miura H, Sawada S. QTL mapping of genes controlling ear emergence time and plant height on chromosome 5A of wheat [J]. Theor Appl Genet,1999,98(3/4):472-477
- [16] 王岩,李卓坤,田纪春. 利用永久 F₂ 群体定位小麦株高的 QTL [J]. 作物学报,2009,35(6):1038-1043
- [17] 刘冬成,高睦枪,关荣霞,等. 小麦株高性状的 QTL 分析 [J]. 遗传学报,2002,29(8):706-711
- [18] 朱军. 遗传模型分析方法 [M]. 北京:中国农业出版社,1997:163-170
- [19] Wang Z, Wu X, Ren Q, et al. QTL mapping for developmental behavior of plant height in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Euphytica,2010,174(4):447-458
- [20] Zeng Z B. Theoretical basis for separation of multiple linked genes effects in mapping quantitative trait loci [J]. Proc Natl Acad Sci USA,1993,90:10972-10976
- [21] Zeng Z B. Precision mapping of quantitative trait loci [J]. Genetics,1994,136:1457-1468
- [22] Snape J W, Law C N, Worland A J. Whole chromosome analysis of height in wheat [J]. Heredity,1977,38:25-36
- [23] Singh S, Franks C D, Huang L, et al. *Lr41*, *Lr39*, and a leaf rust resistance gene from *Aegilops cylindrica* may be allelic and are located on wheat chromosome 2DS [J]. Theor Appl Genet,108(4):586-591