

周森平, 张 鹏, 杨学明, 等. 扬麦 158/西风重组自交系群体千粒重 QTL 的初步定位[J]. 江苏农业学报, 2025, 41(1):1-8.
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2025.01.001

扬麦 158/西风重组自交系群体千粒重 QTL 的初步定位

周森平, 张 鹏, 杨学明, 张平平, 宋桂成, 何 漪

(江苏省农业科学院粮食作物研究所, 江苏 南京 210014)

摘要: 千粒重是影响小麦产量的重要因素, 该性状遗传率高, 所以研究者可以通过分子标记辅助选择有效提高小麦千粒重。为了挖掘更多与小麦千粒重密切相关的数量性状基因座(QTL)并用于标记辅助育种, 本研究采用长江中下游曾经大面积推广的品种扬麦 158 与引进品种西风组配重组自交系群体, 利用 55 K 芯片技术分析重组自交系群体基因型, 结合 3 年的群体千粒重表型资料, 对影响小麦千粒重的 QTL 进行初步分子定位。结果共检测到 22 个可重复的 QTL, 这些 QTL 分布于 20 条染色体, 其中 12 个 QTL 只在 2 个年度被发现; 10 个 QTL 能在 3 个年度重复检测到, 为稳定 QTL。10 个稳定 QTL 位于染色体 1B、2A、4A、4B、4D、5A、5D、7A(2 个 QTL) 和 7D 共 9 条染色体上, 其中位于染色体 4B、5A、5D、7A、7D 上的 QTL 为新发现的千粒重相关 QTL。在稳定 QTL 中, 9 个来自高千粒重亲本扬麦 158, 1 个来自低千粒重亲本西风。位于染色体 4B、4D、5A 的稳定 QTL, 在 3 个年度的表型解释率均超过 10.0%, 为主效 QTL, 并且增加千粒重的性状均来自亲本扬麦 158, 这些 QTL 可以在今后提高小麦千粒重的标记辅助育种研究中发挥重要作用。

关键词: 小麦; 千粒重; 重组自交系; 数量性状基因座

中图分类号: S330; S512.1

文献标识码: A

文章编号: 1000-4440(2025)01-0001-08

Preliminary QTL mapping for thousand kernel weight in Yangmai 158/Xifeng recombinant inbred line population

ZHOU Miaoping, ZHANG Peng, YANG Xueming, ZHANG Pingping, SONG Guicheng, HE Yi

(*Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China*)

Abstract: Thousand kernel weight (TKW) is an important factor affecting wheat yield. This trait has a high heritability and can be effectively improved by molecular marker-assisted selection. In order to explore more quantitative trait loci (QTLs) closely related to TKW of wheat for marker-assisted breeding, the recombinant inbred line (RIL) population was prepared by using the large-scale promotion variety Yangmai 158 in the middle and lower reaches of the Yangtze River and the introduced variety Xifeng. The genotype of the RIL population was analyzed by 55 K chip technology, and the QTLs affecting the TKW of wheat were preliminarily mapped by combining the three-year TKW phenotypic data of the population. The results showed that a total of 22 repeatable QTLs were detected, which were distributed on 20 chromosomes, of which

12 QTLs were found only in two years. Ten QTLs could be detected repeatedly in three years, which were stable QTLs. Ten stable QTLs were located on nine chromosomes, including 1B, 2A, 4A, 4B, 4D, 5A, 5D, 7A (two QTLs) and 7D. Among them, QTLs on 4B, 5A, 5D, 7A and 7D were newly discovered QTLs related to TKW. Among the stable QTLs, nine QTLs were derived

收稿日期: 2024-06-25

基金项目: 国家小麦产业体系基金项目(CARS-03-57); 江苏省重点研发计划项目(BE2021375); 江苏省农业科技自主创新基金项目[CX(19)1001]

作者简介: 周森平(1968-), 男, 江苏兴化人, 硕士, 研究员, 主要从事小麦遗传育种研究。(E-mail) mpzhou2000@163.com

from the high TKW parent Yangmai 158, and one QTL was derived from the low TKW parent Xifeng. Stable QTLs located on chromosomes 4B, 4D, and 5A, with phenotypic explanations exceeding 10.0% in all three years, were the major QTLs, and the traits increasing TKW were all derived from the parent Yangmai 158. These QTLs can play an important role in improving wheat TKW through marker assisted breeding in the future.

Key words: wheat; thousand kernel weight; recombinant inbred lines; quantitative trait locus

小麦是中国第三大粮食作物,也是国民的主食。近几年,中国每年的小麦种植面积维持在 2.36×10^7 hm^2 左右,随着人们生活水平的不断提高,小麦的年消费量也越来越高,对小麦总产量增加的需求愈发迫切。目前,小麦种植面积已不太可能大幅增加,因而提高单产成为增加小麦总产量的主要措施,这也是中国小麦育种工作者的重要目标。小麦单产主要取决于单位面积穗数、每穗粒数以及千粒重。单位面积穗数与每穗粒数呈显著负相关,而千粒重则相对独立,在稳定单位面积穗数与每穗粒数的基础上提高小麦千粒重可有效提高小麦产量,这也是目前小麦生产和育种中提高单产的主要手段。由于小麦千粒重受环境影响小,遗传率高,可早世代选择,因而备受育种工作者青睐。小麦千粒重在其形成过程中受遗传因子、内源激素代谢、外界环境等诸多因素影响,小麦的很多基因都与千粒重相关,这些基因主要包括淀粉蔗糖合成类基因、泛素蛋白酶体途径类基因、丝裂原活化蛋白类基因、G 蛋白信号类基因、激酶信号类基因、植物激素感知类基因以及一些转录因子等^[1],据 WheatOmics 网站不完全统计,目前已经克隆的与小麦千粒重相关的基因有 55 个^[2],根据部分基因序列开发的分子标记已经开始应用到提高小麦千粒重的标记辅助育种中。

小麦千粒重是受主基因与微效基因共同控制的复杂数量性状。除了已克隆的与小麦千粒重相关的基因外,国内外研究人员还采用分子数量遗传学方法定位了许多与小麦千粒重密切相关的数量性状基因座(QTL)位点,这些位点分布在小麦的 21 条染色体上,对千粒重的贡献大小不同^[1,3]。但这些 QTL 位点目前用于小麦辅助育种的很少,究其原因,主要有以下几点:第一,QTL 定位群体亲本多是遗传材料,很多不利性状与目标 QTL 连锁,即使可以通过标记辅助选择等方法打破连锁关系,但转育也需很长时间;第二,小麦千粒重受多基因控制,大部分被定位的相关 QTL 位点表型解释率低,利用价值不大,累积和聚合的效率低;第三,部分 QTL 定位没有

按照生产或育种要求的栽培条件进行分析,导致定位的 QTL 多数只在单次试验中出现,重复性较差,很难在生产实践中使用。因此,有必要采用一些育种骨干亲本构建遗传分析群体,开发和定位更多与小麦千粒重密切相关的基因或主效 QTL,直接用于以骨干亲本组配的杂交组合的后代标记辅助选择,进一步提高优质、高产小麦品种的选育效率。

本研究拟采用长江中下游曾经大面积推广的小麦品种扬麦 158 以及宁麦 13 的父本西风为亲本,构建重组自交系群体,采用 55 K 芯片技术分析群体基因型,按照育种要求的栽培条件测定千粒重表型资料,定位与小麦千粒重密切相关且能重复检测到的稳定 QTL 位点,以期为今后开展长江中下游麦区标记辅助育种提供指导和帮助。

1 材料与方法

1.1 重组自交系群体的创制和遗传连锁图的构建

重组自交系群体母本为长江中下游麦区曾经大面积推广的小麦品种扬麦 158,由江苏里下河地区农业科学研究所提供;父本为引进品种西风,由江苏省农业科学院种质资源与生物技术研究所提供,该品种也是目前长江中下游麦区仍大面积推广小麦品种宁麦 13 的父本。父母本杂交后采用单粒传方法构建重组自交系群体,该群体含有 281 个家系,其中 270 个家系用于本研究分析。

采用中玉金标记(北京)生物技术股份有限公司 55 K 单核苷酸多态性(SNP)芯片进行重组自交系群体及其亲本的基因型检测,遗传连锁图的构建参照周森平等^[4]的方法,该连锁图含有 3 830 个 SNP 标记。构建了 24 个连锁群,这些连锁群分布于 21 条染色体,其中染色体 3D 含 2 个连锁群,染色体 6A 含 3 个连锁群,其他染色体均为 1 个连锁群,全部连锁图覆盖小麦基因组的 2 784.9 cM。

1.2 重组自交系群体及其亲本千粒重的测定和分析

重组自交系群体及其亲本按育种株行播种密度

分别于2016–2017 年度(2017 年)、2017–2018 年度(2018 年)和2018–2019 年度(2019 年)种植于江苏省农业科学院六合试验基地(南京市竹镇镇金磁村),行长 1.60 m,行距 0.25 m,每行均匀播种 80 粒种子,田间管理按常规方法进行,种子成熟时收获、晒干,随机挑选1 000粒称重,重复 3 次,取平均值作为该行家系千粒重。

重组自交系群体及亲本千粒重数据处理、相关性分析以及方差分析和 t 检验均采用 Excel 2016 进行。千粒重的遗传力参照 Boehm 等^[5]的方法计算。

1.3 重组自交系群体的千粒重 QTL 定位和分析

采用 MapQTL5.0 软件进行千粒重 QTL 定位分析,根据软件推荐,先采用区间作图分析方法进行千粒重 QTL 的初步定位,对可能存在 QTL 的区域再用复合区间作图方法(MQM mapping)进行详细分析,共因子(Cofactor)由软件辅助筛选,定位结果采用置换检测推荐的最大似然值(LOD)判定是否存在 QTL。

对能够重复检测的千粒重 QTL 进行记录分析,对 3 年均能检测到的稳定 QTL 采用 WheatOmics 网站的工具,根据与千粒重 QTL 紧密连锁 SNP 的基因组定位信息,与已克隆的千粒重相关基因或已报道的千粒重相关 QTL 的染色体物理位置进行比较,分析是否为相同 QTL。

表 1 重组自交系群体及其亲本千粒重

Table 1 Thousand kernel weight of recombinant inbred line population and its parents

年份	亲本千粒重(g)		重组自交系群体千粒重				
	西风	扬麦 158	最小值(g)	最大值(g)	平均值(g)	偏度	超额峰度
2017 年	37.62	48.53	29.94	52.26	40.00	0.22	-0.21
2018 年	39.47	51.07	34.39	52.96	42.11	0.50	0.30
2019 年	40.37	50.22	33.63	56.93	43.86	0.06	-0.31

2.2 重组自交系群体千粒重相关 QTL 的定位

采用软件 MapQTL5.0,综合 3 个年度小麦群体千粒重表型资料以及遗传连锁图信息,对与小麦千粒重密切相关的 QTL 进行定位,共检测到 22 个可重复的 QTL,这些 QTL 分布于小麦除染色体 6A 外的其他 20 条染色体上,染色体 3A 和染色体 7A 各含有 2 个 QTL,其余染色体均只有 1 个 QTL(表 2)。12 个 QTL 在 2 个年度可检测到,这些 QTL 受一定环境因素影响,可能只在特定条件下才能发挥作用;

2 结果与分析

2.1 重组自交系群体及其亲本的千粒重

表 1 显示,在 2017 年、2018 年、2019 年,重组自交系群体母本扬麦 158 千粒重的变化范围为 48.53~51.07 g,父本西风千粒重的变化范围为 37.62~40.37 g,同年度父本和母本的千粒重相差 9.85~11.60 g, t 检验结果表明两者存在极显著差异($P<0.01$)。由于亲本间差异明显,组配的重组自交系家系间千粒重性状应该分离明显,有利于群体千粒重相关 QTL 的定位。群体方差分析结果也表明,群体家系间千粒重的差异极显著($F=4.47$, $df=269$, $P<0.01$);家系千粒重的分布存在超亲现象,千粒重变化范围为 29.94~56.93 g。从群体分布的偏度和超额峰度看,3 个年度基本都接近正态分布,表明千粒重是多基因控制的数量性状。

对不同年份群体千粒重进行相关性分析,2017 年群体千粒重与 2018 年、2019 年群体千粒重的相关系数分别为 0.51 和 0.52;2018 年群体千粒重与 2019 年群体千粒重的相关系数稍高,为 0.60。相关性分析结果表明,各家系千粒重虽受不同年份环境因素的影响,但影响相对较小,较为稳定,根据方差分析结果计算,千粒重的遗传力为 0.54,与已报道结果^[1]基本相似。

另外 10 个 QTL 在 3 个年度均可检测出,受环境影响小,为稳定 QTL,可在小麦育种中发挥重要作用。

稳定的 QTL 分布于 1B、2A、4A、4B、4D、5A、5D、7A、7D 这 9 条染色体上(图 1、图 2),染色体 7A 检测到 2 个稳定的 QTL。单个稳定 QTL 可解释 4.0%~19.1% 的表型变异,其中位于染色体 4B、5A、5D、7A、7D 上的 QTL 为新发现的千粒重相关 QTL。从增加千粒重的效应看,9 个 QTL 来自高千粒重亲本扬麦 158 的基因型,1 个 QTL 来自低千粒重亲本西风的基因型(表 2)。

表 2 小麦千粒重相关数量性状基因座 (QTL) 分析结果

Table 2 Analysis of the quantitative trait loci associated with thousand kernel weight in wheat

QTL 名称	连锁图位置 (cM)	染色体位置 (Mb)	QTL 区间	2017 年			2018 年			2019 年		
				LOD	表型解 释率 (%)	加性 效应	LOD	表型解 释率 (%)	加性 效应	LOD	表型解 释率 (%)	加性 效应
QTKW.jaas-1A	12.72~14.04	581.83~582.66	AX-110394989~AX-109346246	2.42	4.1	0.81	-	-	-	3.28	5.5	1.02
QTKW.jaas-1B	76.96~80.36	657.18	AX-110578323~AX-111592977	2.46	4.2	0.82	3.40	5.8	0.87	3.73	6.2	1.09
QTKW.jaas-1D	44.50~57.05	2.94~72.44	AX-110429596~AX-109384599	3.23	6.9	1.18	3.15	5.0	0.80	-	-	-
QTKW.jaas-2A	67.61~76.70	608.87	AX-109622666~AX-109290429	5.22	8.6	1.08	3.77	6.4	0.91	2.38	4.0	0.88
QTKW.jaas-2B	43.09~51.17	81.40~134.24	AX-111534641~AX-110673669	2.89	4.9	0.89	2.37	4.1	0.73	-	-	-
QTKW.jaas-2D	23.07~24.30	617.64~619.31	AX-108858130~AX-111576783	3.54	5.9	0.97	3.24	5.5	0.84	-	-	-
QTKW.jaas-3A.1	138.74~143.98	23.19	AX-110941705~AX-108954219	-	-	-	4.60	8.2	-2.03	3.42	5.8	-2.10
QTKW.jaas-3A.2	144.67~145.39	20.00	AX-111574256~AX-111449972	-	-	-	3.08	5.1	-1.22	2.52	4.2	-1.35
QTKW.jaas-3B	30.66~33.65	26.21	AX-109612490~AX-109988875	4.36	9.8	1.42	4.03	9.0	1.24	-	-	-
QTKW.jaas-3D	0.43~15.87	153.08	AX-110555702~AX-108951432	-	-	-	2.64	4.5	0.77	2.28	3.8	0.86
QTKW.jaas-4A	96.34~109.80	621.78	AX-109456475~AX-111479307	2.12	4.2	0.88	2.98	5.6	0.92	2.98	5.1	0.98
QTKW.jaas-4B	39.00~39.13	414.05~426.13	AX-111487821~AX-110020293	6.82	11.0	1.33	8.93	14.4	1.37	10.86	16.9	1.80
QTKW.jaas-4D	100.08~100.64	132.96	AX-109519900~AX-108920279	6.54	13.3	1.65	9.73	19.1	1.72	10.49	18.2	1.95
QTKW.jaas-5A	43.93~44.85	29.74~30.86	AX-111472634~AX-109937099	8.25	13.4	1.46	6.45	10.7	1.17	6.65	10.8	1.43
QTKW.jaas-5B	22.26~22.49	38.39~40.56	AX-108881152~AX-109981797	-	-	-	4.27	7.2	0.96	2.66	4.4	0.92
QTKW.jaas-5D	143.84~149.48	45.21	AX-111159274~AX-94426668	4.75	8.6	1.24	4.29	7.9	1.04	2.84	4.9	0.98
QTKW.jaas-6B	91.23~94.15	184.62	AX-111683522~AX-111688542	2.96	6.2	1.11	-	-	-	2.51	5.5	1.29
QTKW.jaas-6D	114.62~114.77	457.28	AX-111143770~AX-110833215	-	-	-	3.67	6.2	0.90	2.92	4.9	0.97
QTKW.jaas-7A.1	109.34~109.35	84.31~84.32	AX-109822272~AX-111495047	2.77	4.4	-1.38	3.64	6.1	-1.46	2.79	4.5	-1.52
QTKW.jaas-7A.2	115.08~117.25	80.84	AX-111587421~AX-109600915	4.43	7.7	1.13	2.61	4.4	0.76	3.23	5.4	1.00
QTKW.jaas-7B	120.39~120.63	741.98~744.39	AX-111569563~AX-108907713	4.64	7.7	1.11	3.13	5.3	0.83	-	-	-
QTKW.jaas-7D	127.05~129.01	77.18	AX-94618504~AX-94723060	6.05	13.1	1.62	2.86	6.4	1.02	3.31	7.6	1.34

加性效应为正值表示基因型来自于亲本扬麦 158;加性效应为负值表示基因型来自亲本西凤。-表示未检测到 QTL。LOD:最大似然值。

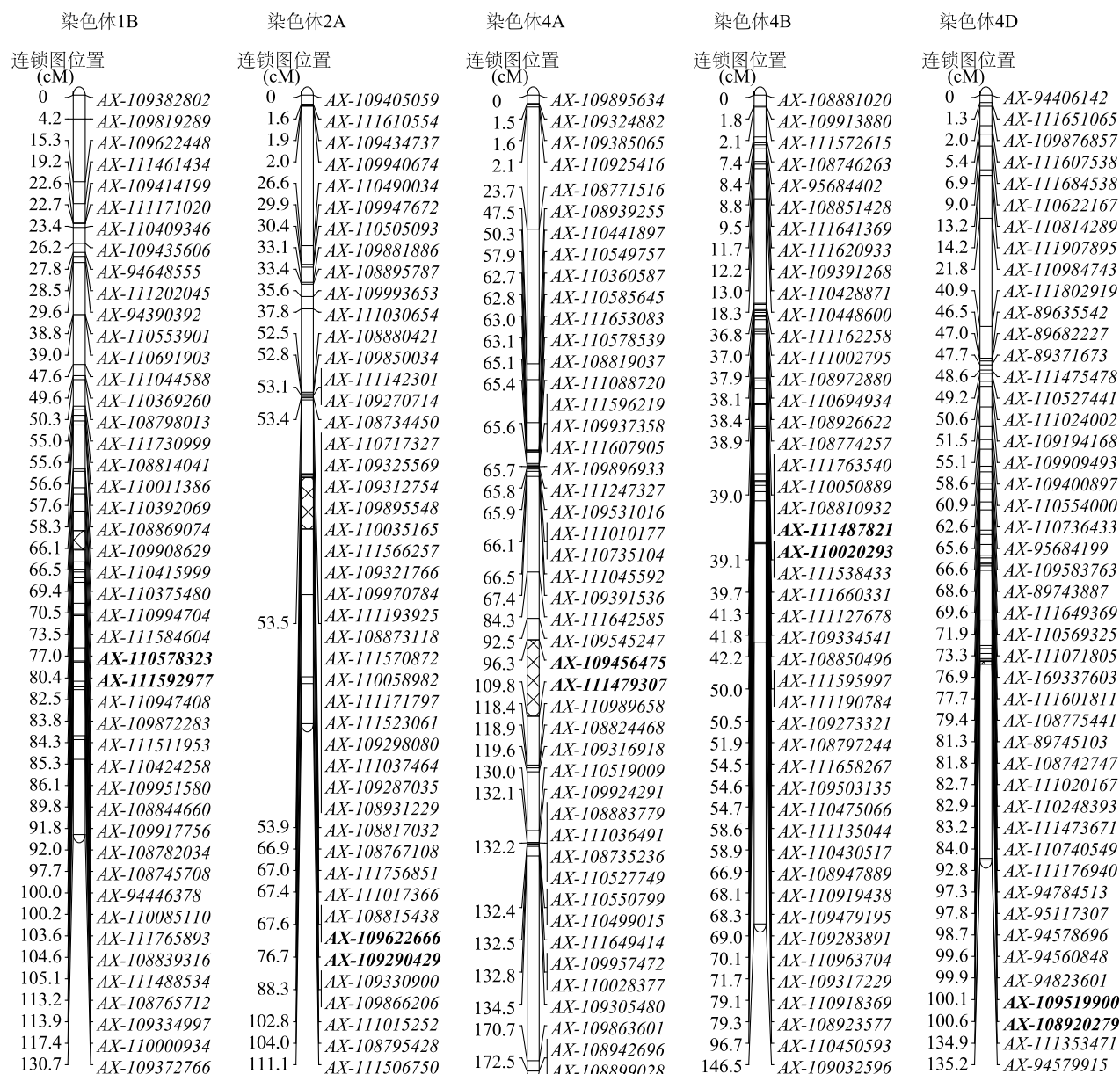
位于染色体 4B、4D 和 5A 上的稳定 QTL,在 3 个年度的表型解释率均超过 10.0%,为主效 QTL,其增加千粒重的贡献均来自亲本扬麦 158 的基因型。结合 QTL 位点群体基因型资料以及 3 个年度千粒重表型资料进行综合分析,在 2017 年、2018 年、2019 年,含有 3 个主效 QTL 位点重组自交系群体的平均千粒重比不含有主效 QTL 位点重组自交系群体的平均千粒重分别提高了 14.19%、12.90%和 12.65%。含有所有稳定 QTL 位点重组自交系群体的平均千粒重比不含有这些稳定 QTL 位点的重组自交系群体的平均千粒重只提高了 16.63%(表 3)。表明 3 个主效 QTL 在提高重组自交系群体千粒重中发挥重要作用,可以在今后提高小麦千粒重的标记辅助育种研究中重点关注。

3 讨论

小麦千粒重是与小麦产量密切相关的重要农艺

性状,倍受国内外学者关注,已有研究结果^[1-2]表明,该性状受多基因控制,迄今为止,已经克隆和定位了几十个与千粒重紧密相关的基因和 QTL,这些基因或 QTL 遍及小麦 21 条染色体,与我们的研究结果相似。本研究发现的与千粒重相关的可重复检测的 QTL 分布于小麦除 6A 外的所有染色体上,染色体 6A 之所以未能检测到与千粒重相关的 QTL,极有可能与我们构建的遗传连锁图染色体 6A 覆盖率低有很大关系,染色体 6A 图谱含有 3 个片段^[4],只覆盖了 82.8 cM,有可能漏检了部分 QTL。本研究也发现 12 个与千粒重相关的 QTL 只能在 2 个年度重复检测到,表明小麦千粒重虽然遗传率相对较高,但环境影响仍需重视,与千粒重相关的稳定的 QTL 或基因对维持小麦千粒重至关重要。

本研究定位到的在 3 个年度均能检测到的与千粒重紧密相关的稳定 QTL 可以在今后小麦标记辅



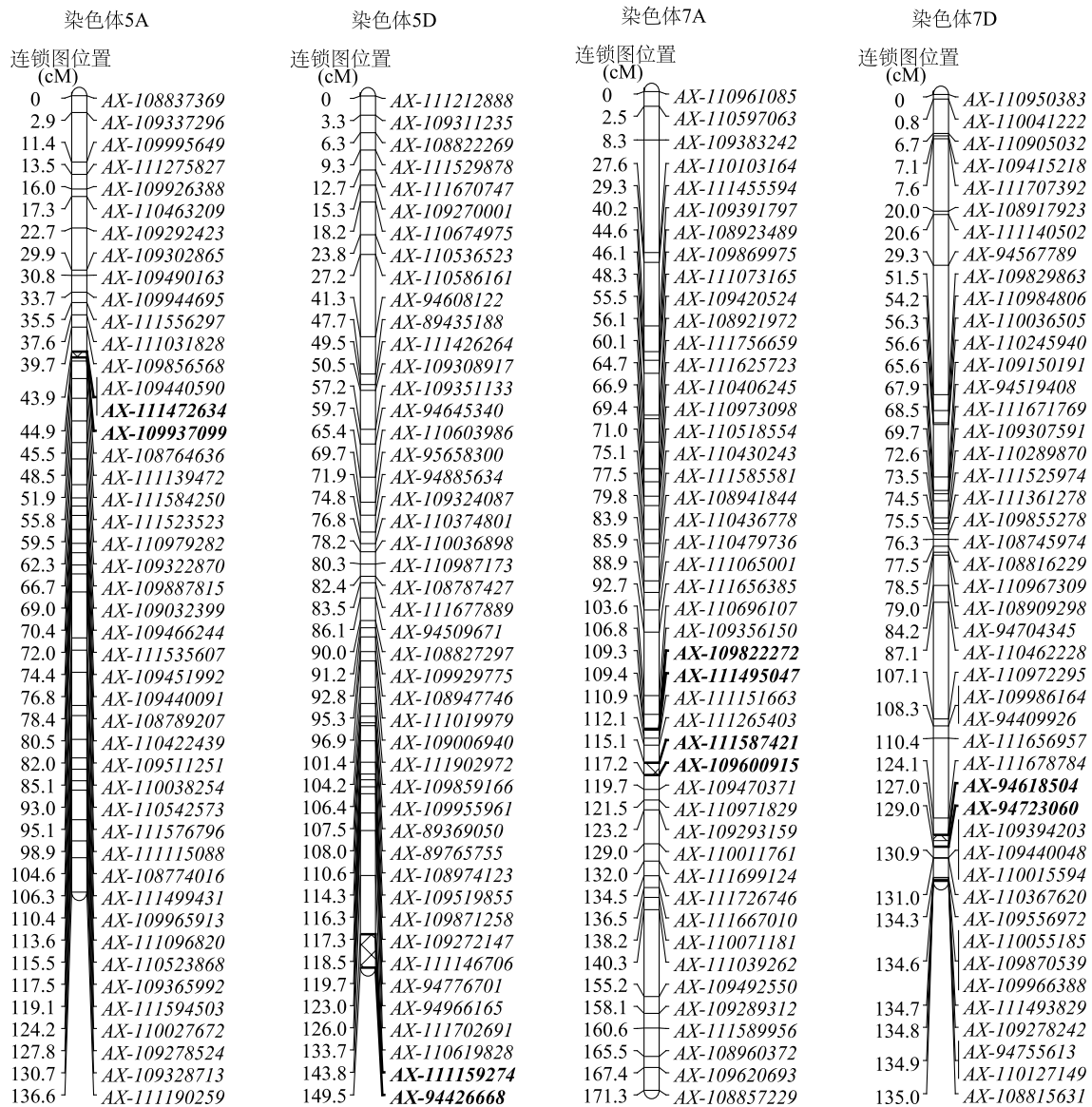
图中加粗标注的单核苷酸多态性 (SNP) 标记为稳定数量性状基因座 (QTL) 区间两侧标记。

图 1 千粒重相关稳定的 QTL 在染色体 1B、2A、4A、4B、4D 上的分布

Fig.1 Distribution of stable quantitative trait loci related to thousand kernel weight on chromosome 1B, chromosome 2A, chromosome 4A, chromosome 4B and chromosome 4D

选育种中发挥作用,根据中国春小麦参考基因组 (IWGSC RefSeq v1.0) 以及分子标记和基因的相关定位信息,可以将本研究发现的稳定 QTL 与已发现的千粒重相关 QTL 或已克隆的与千粒重相关的基因进行基因组位置比较,初步判断它们之间的关系。比较结果表明,位于染色体 1B、2A、4A、4D 的 QTL 与已报道 QTL 位置接近,可能为相同 QTL,位于染色体 4B、5A、5D、7A、7D 的 QTL 与已报道千粒重相

关 QTL 或已克隆相关基因染色体位置均不同,为新发现 QTL。在染色体 1B 上,已克隆了与千粒重相关的基因 *TaPGS1-1B-1* 和 *TaPGS1-1B-2*,报道了 7 个与千粒重相关的 QTL^[6-11],本研究发现的 QTKW.jaas-1B 位于染色体 1B 的 657.18 Mb 位置,与 Zheng 等^[8]、Cui 等^[10]以及姜朋等^[11]发现的 QTL 位置接近,可能是同一 QTL。在染色体 2A 上,先后克隆了 *TaSus2*、*TaCwi*、*TaARF12*、*TaSTT3b*、*TaCYP78A5*、*GW7*、



图中加粗标注的单核苷酸多态性 (SNP) 标记为稳定数量性状基因座 (QTL) 区间两侧标记。

图2 千粒重相关稳定的 QTL 在染色体 5A、5D、7A、7D 上的分布

Fig.2 Distribution of stable quantitative trait loci related to thousand kernel weight on chromosome 5A, chromosome 5D, chromosome 7A and chromosome 7D

表3 稳定的数量性状基因座 (QTL) 对重组自交系群体千粒重的影响

Table 3 Effects of the stable quantitative trait loci on thousand kernel weight of recombinant inbred line population

QTL	2017 年千粒重(g)		2018 年千粒重(g)		2019 年千粒重(g)		平均千粒重(g)	
	含有	不含	含有	不含	含有	不含	含有	不含
主效 QTL	42.32	37.06	44.29	39.23	46.58	41.35	44.40	39.21
主效 QTL+其余稳定 QTL	45.57	36.38	43.83	38.98	47.56	42.07	45.65	39.14

主效 QTL: QTKW.jaas-4B、QTKW.jaas-4D、QTKW.jaas-5A; 其余稳定 QTL: QTKW.jaas-1B、QTKW.jaas-2A、QTKW.jaas-4A、QTKW.jaas-5D、QTKW.jaas-7A.1、QTKW.jaas-7A.2、QTKW.jaas-7D。

TaNAC100 等与千粒重相关的基因,同时报道了 13 个与千粒重相关的 QTL^[6,10,12-20],本研究发现的

QTKW.jaas-2A位于 608.87 Mb 位置,与 McCartney 等^[13]以及刘胜男等^[17]发现的 OTL 位置邻近,可能

属于相同 QTL。在染色体 4A 上也克隆了 *TaCwi* 基因,报道了 9 个与千粒重相关的 QTL^[3,8,10-11,13,15-16,21-22],本研究发现的 QTKW.jaas-4A 位于 621.78 Mb 位置,与 McCartney 等^[13]、Zheng 等^[8]、Cui 等^[15] 和陈佳慧等^[16] 检出的 QTL 位置相邻,可能是相同 QTL。在染色体 4B 上先后定位了 13 个与千粒重相关的 QTL^[1,7,13,21,23-29],本研究定位的 QTKW.jaas-4B 位于染色体 414.05~426.13 Mb 位置,与之前发现的 QTL 位置均不同,为新发现 QTL。在染色体 4D 上发现了 6 个与千粒重相关的 QTL^[12-13,23,29-31],本研究发现的 QTKW.jaas-4D 位于 132.96 Mb 位置,与我们以前报道的 QTL 位置重叠^[30],为同一 QTL。在染色体 5A 上已经克隆了 *TaARF25* 和 *TaGL3* 等与千粒重相关的基因,报道了 13 个与千粒重相关的 QTL^[1,6-8,18,24-25,27-28,32-34],本研究检测出的 QTKW.jaas-5A 位于 29.74~30.86 Mb,与已克隆基因和 QTL 位置均不一致,为新发现 QTL。在染色体 5D 上也克隆有 *TaARF25* 和 *TaCwi* 等与千粒重相关的基因,并且发现了 5 个与千粒重相关的 QTL^[15,21,29,35-36],本研究定位的 QTKW.jaas-5D 位于 45.21 Mb 位置,与以往发现的千粒重相关基因和 QTL 位置均不一致,为新发现 QTL。在染色体 7A 上已克隆与千粒重相关基因 *TaZIM*、*TaPIN1* 和 *TaIAA21*,另定位了 10 个与千粒重相关的 QTL^[7,10-12,14-15,28,34,37],本研究定位的 QTKW.jaas-7A.1 和 QTKW.jaas-7A.2 与已克隆的基因和已报道的 QTL 位置均不一致,为新发现 QTL。在染色体 7D 上也克隆了 *TaZIM*、*TaPIN1*、*TaIAA21* 同源基因以及 *TaGS-D1* 基因,另报道了 4 个与千粒重相关的 QTL^[12,20,28,38],本研究发现的 QTKW.jaas-7D 位于 77.18 Mb 位置,与已克隆的基因和已报道的 QTL 位置均不一致,为新发现 QTL。

以往定位与千粒重相关的 QTL 多采用粒重差异较大的品种(系)作为遗传分析群体的亲本,未考虑育种实际的需求,部分亲本或配组的配合力差或携带有其他不利性状,转育较为困难,造成大部分定位到的千粒重相关 QTL 未能在小麦生产中发挥作用。本研究采用大面积推广的品种或其亲本来构建遗传群体,群体母本为曾经在长江中下游麦区大面积推广的小麦品种扬麦 158,该品种广适性好,综合抗病性强;群体父本为引进品种西风,该品种是宁麦 13 的父本,宁麦 13 自 2005 年审定后推广近 20 年,

仍在长江中下游麦区大面积种植,该品种产量高,对赤霉病抗性强。目前,扬麦 158 和宁麦 13 仍是长江中下游麦区小麦育种骨干亲本,因此本研究定位的与小麦千粒重相关的 QTL 可直接用于这 2 个亲本及其衍生系组配杂交组合后代的标记辅助育种中,特别是位于染色体 4B、4D、5A 的主效 QTL,稳定性好,提高千粒重效应高,可在今后长江中下游麦区标记辅助育种中发挥重要作用。

参考文献:

- [1] LI T, DENG G B, SU Y, et al. Genetic dissection of quantitative trait loci for grain size and weight by high-resolution genetic mapping in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2022, 135(1): 257-271.
- [2] MA S W, WANG M, WU J H, et al. WheatOmics: a platform combining multiple omics data to accelerate functional genomics studies in wheat [J]. Molecular Plant, 2021, 14(12): 1965-1968.
- [3] ECHEVERRY-SOLARTE M, KUMAR A, KIANIAN S, et al. New QTL alleles for quality-related traits in spring wheat revealed by RIL population derived from supernumerary × non-supernumerary spikelet genotypes [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(5): 893-912.
- [4] 周森平,杨学明,张 鹏,等. 基于重组自交系群体的小麦籽粒硬度 QTL 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(5): 1380-1388.
- [5] BOEHM J D, IBBA M I, KISZONAS A M, et al. Genetic analysis of kernel texture (grain hardness) in a hard red spring wheat (*Triticum aestivum* L.) bi-parental population [J]. Journal of Cereal Science, 2018, 79: 57-65.
- [6] WANG R X, HAI L, ZHANG X Y, et al. QTL mapping for grain filling rate and yield-related traits in RILs of the Chinese winter wheat population Heshangmai × Yu8679 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 118(2): 313-325.
- [7] SUN X C, MARZA F, MA H X, et al. Mapping quantitative trait loci for quality factors in an inter-class cross of US and Chinese wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 120(5): 1041-1051.
- [8] ZHENG B S, LE GOUIS J, LEFLON M, et al. Using probe genotypes to dissect QTL × environment interactions for grain yield components in winter wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 121(8): 1501-1517.
- [9] 王瑞霞,张秀英,吴 科,等. 多个环境下小麦千粒重 QTL 定位的稳定性分析 [J]. 麦类作物学报, 2012, 32(1): 1-6.
- [10] CUI F, ZHAO C H, DING A M, et al. Construction of an integrative linkage map and QTL mapping of grain yield-related traits using three related wheat RIL populations [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2014, 127(3): 659-675.
- [11] 姜 朋,张 旭,吴 磊,等. 宁麦 9 号/扬麦 158 重组自交系

- 群体产量性状的遗传解析[J]. 作物学报, 2021, 47(5): 869-881.
- [12] HUANG X Q, CÖSTER 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]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 106(8): 1379-1389.
- [13] MCCARTNEY C A, SOMERS D J, HUMPHREYS D G, et al. Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452 × 'AC Domain' [J]. Genome, 2005, 48: 870-883.
- [14] TSILO T J, HARELAND G A, SIMSEK S, et al. Genome mapping of kernel characteristics in hard red spring wheat breeding lines [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 121(4): 717-730.
- [15] CUI F, DING A M, LI J, et al. Wheat kernel dimensions; how do they contribute to kernel weight at an individual QTL level? [J]. Journal of Genetics, 2011, 90(3): 409-425.
- [16] 陈桂慧, 兰进好, 王 晖, 等. 小麦籽粒形态及千粒重性状的 QTL 初步定位 [J]. 麦类作物学报, 2011, 31(6): 1001-1006.
- [17] 刘胜男, 甘剑锋, 张海萍, 等. 小麦 RILs 群体叶绿素含量和千粒重相关分析及 QTL 定位 [J]. 安徽农业大学学报, 2013, 40(4): 570-574.
- [18] 吴旭江, 臧淑江, 程 凯, 等. 扬麦 9 号/CI12633RIL 群体中控制小麦粒重 QTL 位点的初步分析 [J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2015, 36(4): 90-95.
- [19] MANGINI G, BLANCO A, NIGRO D, et al. Candidate genes and quantitative trait loci for grain yield and seed size in durum wheat [J]. Plants, 2021, 10(2): 312.
- [20] 张泽源, 李 玥, 赵文莎, 等. 小麦粒重相关性状的 QTL 定位及分子标记的开发 [J]. 中国农业科学, 2023, 56(21): 4137-4149.
- [21] CUI F, FAN X L, CHEN M, et al. QTL detection for wheat kernel size and quality and the responses of these traits to low nitrogen stress [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2016, 129(3): 469-484.
- [22] 郭元世, 梅 佳, 罗德祥, 等. 基于扬麦 158/CI12633 重组自交系群体的籽粒千粒重 QTL 分析 [J]. 安徽农业科学, 2022, 50(11): 98-100, 105.
- [23] HUANG X Q, CLOUTIER S, 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]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113(4): 753-766.
- [24] GEGAS V C, NAZARI A, GRIFFITHS S, et al. A genetic framework for grain size and shape variation in wheat [J]. The Plant Cell, 2010, 22(4): 1046-1056.
- [25] WANG J S, LIU W H, WANG H, et al. QTL mapping of yield-related traits in the wheat germplasm 3228 [J]. Euphytica, 2011, 177(2): 277-292.
- [26] 师翠兰, 郑菲菲, 陈建省, 等. 山农 01-35×藁城 9411 重组自交系遗传图谱构建及粒重 QTL 分析 [J]. 作物学报, 2012, 38(8): 1369-1377.
- [27] HUANG Y L, KONG Z X, WU X Y, et al. Characterization of three wheat grain weight QTLs that differentially affect kernel dimensions [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(12): 2437-2445.
- [28] KUMAR A, MANTOVANI E E, SEETAN R, et al. Dissection of genetic factors underlying wheat kernel shape and size in an elite 'Nonadapted' cross using a high density SNP linkage map [J]. The Plant Genome, 2016, 9(1). DOI: 10.3835/plantgenome2015.09.0081.
- [29] 周 锋, 杨 斌, 吕栋云, 等. 减源处理下小麦粒重稳定性 QTL 的定位分析 [J]. 麦类作物学报, 2022, 42(4): 424-432.
- [30] 周森平, 任丽娟, 张 旭, 等. 小麦产量性状的 QTL 分析 [J]. 麦类作物学报, 2006, 26(4): 35-40.
- [31] 姚 琴, 周荣华, 潘昱名, 等. 小麦品种偃展 1 号与品系早穗 30 重组自交系群体遗传连锁图谱构建及重要农艺性状的 QTL 分析 [J]. 中国农业科学, 2010, 43(20): 4130-4139.
- [32] BRESEGHIELLO F, SORRELLS M E. Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars [J]. Genetics, 2006, 172(2): 1165-1177.
- [33] SU Q N, ZHANG X L, ZHANG W, et al. QTL detection for kernel size and weight in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using a high-density SNP and SSR-based linkage map [J]. Frontiers in Plant Science, 2018, 9: 1484.
- [34] CUTHBERT J L, SOMERS D J, BRÛLÉ-BABEL A L, et al. Molecular mapping of quantitative trait loci for yield and yield components in spring wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2008, 117(4): 595-608.
- [35] ELHADI G M I, KAMAL N M, GORAFI Y S A, et al. Exploitation of tolerance of wheat kernel weight and shape-related traits from *Aegilops tauschii* under heat and combined heat-drought stresses [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2021, 22(4): 1830.
- [36] CHENG X J, CHAI L L, CHEN Z Y, et al. Identification and characterization of a high kernel weight mutant induced by gamma radiation in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. BMC Genetics, 2015, 16: 127.
- [37] 丁安明, 李 君, 崔 法, 等. 利用小麦关联 RIL 群体定位产量相关性状 QTL [J]. 作物学报, 2011, 37(9): 1511-1524.
- [38] 李文福, 刘 宾, 彭 涛, 等. 利用 DH 和 IF₂ 两个群体进行小麦粒重、粒型和硬度的 QTL 分析 [J]. 中国农业科学, 2012, 45(17): 3453-3462.

(责任编辑: 王 妮)