

功能基因对小麦苗期不同氮磷水平下根系性状的影响

于海涛¹, 宋顺¹, 赵春华^{2*}, 关春晖², 崔俊鹏², 侯俞竹², 张萌娜², 刘朦朦²

(1. 山东省潍坊市农业科学院, 山东潍坊 261041; 2. 鲁东大学, 山东烟台 264000)

摘要 [目的]研究功能基因对小麦苗期不同氮磷水平下根系性状影响。[方法]以科农 9204 与京 411 构建的 KJ-RIL 群体为材料, 进行苗期低氮、低磷及对照水培。对苗期根系性状结合 10 个功能标记进行基因型分类汇总分析。[结果]高分子量麦谷蛋白 *Glu-A1*、*Glu-B1*、小麦细胞壁转化酶基因 *TaCwi-A1*、小麦黄色素含量基因 *Psy-B1* 等显著影响对照、低条件小麦苗期根系的主根长、根体积、根面积、根尖数以及总根长, 且影响不完全一致; 小麦多酚氧化酶基因 *PPO-A1* 对低磷条件下根系性状影响较大; 矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-B1a* 仅影响苗期株高, 低分子量麦谷蛋白 *Glu-A3*、小麦蔗糖合成酶基因 *TaSus2*、籽粒硬度相关基因 *Pinb* 等对根系性状无明显效应。[结论]该研究为小麦合理施肥提供理论依据。

关键词 小麦; 根系性状; 功能基因

中图分类号 S512.1 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2018)21-0055-06

Effects of Functional Genes on Root Traits of Wheat at Different Nitrogen and Phosphorus Levels at Seedling Stage

YU Hai-tao¹, SONG Shun¹, ZHAO Chun-hua² et al (1. Weifang Academy of Agricultural Sciences, Weifang, Shandong 261041; 2. Ludong University, Yantai, Shandong 264000)

Abstract [Objective] To research the effects of functional genes on root traits of wheat at different nitrogen and phosphorus levels at seedling stage. [Method] With a recombinant inbred line (RIL) population derived from two Chinese winter wheat varieties Kenong9204 and Jing411 as the research materials, we studied the root morphology at seedling stage under normal nitrogen (CK) condition, low nitrogen (LN) condition, and low phosphorus condition. Genetic effects of ten known genes on root related traits were studied using the corresponding functional markers. [Result] *Glu-A1*, *Glu-B1*, *TaCwi-A1* and *Psy-B1* were significantly correlated with root morphology including main root length, root volume, root area, tip number and the total root length under CK and LN conditions. These effects were distinct to some extent under different nutrition conditions. *PPO-A1* are significantly correlated with root morphology under LP condition. *Rht-B1b* and *Rht-B1a* were significantly correlated with the height in seedling stage. *Glu-A3*, *TaSus2* and *Pinb* did not have any effects on root morphology at seedling stage. [Conclusion] This research provided theoretical foundation for the rational fertilization of wheat.

Key words Wheat; Root traits; Functional gene

根系是小麦吸收水分和营养的主要器官, 根系的生长、根群分布、根系构型、不同发育时期的根系吸收水分和养分的活力以及不同环境条件下根系的变化, 都会影响小麦的生物发育及最终产量^[1]。小麦为异源六倍体, 基因组巨大, 80%以上为重复序列。根系作为数量性状极易受环境的影响, 给小麦根系的科学研究带来阻碍^[2-4]。目前, 对于小麦根系的研究较少, 大多限于表型或正向遗传学的研究方法。

功能标记是与表型相关的功能基因基序中功能性单核苷酸多态性位点开发而成的新型分子标记^[5]。由于不需要进一步验证就可以在不同的遗传背景下确定目标等位基因的有无, 目前功能标记已广泛应用于品种的鉴定和分子辅助育种^[6-8]。Ellis 等^[9]开发了矮秆基因 *Rht1*、*Rht2* 和 *Rht8* 的分子标记; He 等^[10]开发的多酚氧化酶 (PPO) 活性等位基因^[10]; He 等^[11-12]开发了八氢番茄红素合成酶 (PSY) 等位变异基因; Jiang 等^[13]和 Ma 等^[14]分别开发了 *TaSus2*、*TaCwi-A1* 等产量相关基因标记; 科研人员还研究了高低分子麦谷蛋白^[15-17]、籽粒硬度^[18]等品质相关性状功能标记在以科农 9204 和京 411 构建的 KJ-RIL 群体中的分离情况。在此基础上, 笔者以科农 9204 与京 411 构建的 KJ-RIL 群体为材料, 进行苗期低氮、低磷及对照水培; 对苗期根系性状结合 10 个

功能标记进行基因型分类汇总分析, 研究不同氮磷条件下各功能基因对小麦根系的影响。

1 材料与方法

1.1 试验材料 试验所用材料为科农 9204、京 411 及以两者为亲本构建的 188 个 F_{6,7} 代重组近交系群体 (简称 KJ-RIL 群体)。

1.2 试验设计 试验共设 3 个处理: 处理 T₁ 于 2012 年 11 月在北京 (116.46° E; 39.92° N) 进行, 共 21 d, 对 188 个 KJ-RIL 群体的前 1-94 家系 (KJ-RIL1-94) 分别进行正常对照 (CK)、低氮 (LN) 和低磷 (LP) 处理; 处理 T₂ 于 2012 年 12 月在北京 (116.46° E; 39.92° N) 进行, 共 28 d, 对 188 个 KJ-RIL 群体的前 1-94 家系 (KJ-RIL98-188) 分别进行正常对照 (CK)、低氮 (LN) 和低磷 (LP) 处理; 处理 T₃ 于 2014 年 11 月在石家庄 (114.51° E; 38.04° N) 进行, 共 16 d, 对 188 个 KJ-RIL 群体的 1-188 家系 (KJ-RIL1-188) 分别进行正常对照 (CK) 和低氮 (LN) 处理。

1.3 苗期根系性状的表型测定 共设置对照 (CK: 2 mmol/L NO₃⁻ + 0.2 mmol/L PO₄³⁻)、低氮 (LN: 0 mmol/L NO₃⁻ + 0.2 mmol/L PO₄³⁻) 和低磷 (LP: 2 mmol/L NO₃⁻ + 0 mmol/L PO₄³⁻) 共 3 个处理。营养液配方参考 An 等^[3] 对小麦苗期氮吸收研究中所用方法。选种时挑选饱满、均匀的小麦种子于铺有滤纸的培养皿中, 5% H₂O₂ 浸泡处理 24 h, 然后用去离子水清洗 3 次并用适量去离子水浸泡放置于常温, 待其露白后置于 4℃ 环境下 2 d, 取出置于常温。7 d 后长至一叶一心期选择生长一致的健壮幼苗去胚乳移至 1/2 营养液中缓苗

基金项目 山东省现代农业产业技术体系小麦创新团队建设项目。
作者简介 于海涛 (1984—), 男, 山东潍坊人, 农艺师, 硕士, 从事小麦遗传育种研究。* 通讯作者, 讲师, 博士, 从事小麦遗传育种研究。
收稿日期 2018-04-12; **修回日期** 2018-05-22

3 d,再换为完全培养液培养液 (pH=6.0)。培养箱放置于温室内,由吹氧机补氧(1 h/1 d),并随机调换摆放位置。保持温度夜间(125 ℃)、日间(225 ℃),相对湿度 50%~70%,每日光照 12 h,移栽后第 *n* 天取样,测其株高 (PH)、最大根长 (RL)、胚芽鞘长度 (CL);将茎叶部和根部分开,利用 Scan-Maker i800 plus 扫描仪(300 DPI 分辨率)对根部扫描后应用万深 LA-S 根系分析系统批量处理分析根系图片并逐一进行精确修正获得总长 (RL)、根表面积 (RS)、根体积 (RV)、根直径 (RD) 和根尖数 (RT) 等参数。然后把幼苗放在烘箱里 100 ℃ 杀青 20 min,80 ℃ 烘干至恒重,称量株干重 (PDW)、根干重 (RDW)、茎叶干重 (SLDW)。

1.4 DNA 的提取和 PCR 分析 采用 CTAB 法^[19] 提取供试材料的基因组 DNA,略作调整。扩增反应在 TakaRa PCR thermal cycler 上进行,25 μL 体系中加入 DNA (30 ng/μL) 2 μL,10 × Buffer 2 μL, Mg²⁺ (25 mmol/L) 1.5 μL, dNTP

(2.5 mmol/L) 1.5 μL, TaqE (5 U/μL) 0.2 μL, Primer (25 μmol/L) 1.5 μL + 1.5 μL;所有引物均使用降落 PCR (Touchdown PCR),即 94 ℃ 变性 4 min,接着 15 个循环的复性温度降落程序,每个循环 94 ℃ 变性 45 s,65 ℃ 复性 50 s (-1 ℃/循环)和 72 ℃ 延伸 55 s;最后 30 个循环的普通 PCR 程序即:94 ℃ 变性 40 s,50 ℃ 复性 40 s,72 ℃ 延伸 40 s;最后 72 ℃ 延伸 5 min;扩增结束后 10 ℃ 保存。

PCR 扩增产物用 6% 的聚丙烯酰胺非变性凝胶 (39:1) 电泳进行检测,硝酸银染色后,观察并拍照。

1.5 分子标记 该研究所用 15 个功能分子标记信息见表 1。其中小麦品质相关功基因的能标记包括 *Glu-B1*、*Ax2*^{*}、*Glu-A3*、*Psy-B1* 和 *PPO*^[10-12,15-17];产量相关功基因的能标记包括 *TaCwi-A1* 和 *TaSus2-2B*^[13-14];株高相关功基因的能标记包括 *Rht-B1a* 和 *Rht-B1b*^[9]。

表 1 试验所用 15 个功能标记
Table 1 The 15 functional markers of the research

基因位点 Gene locus	标记 Marker	引物序列信息(5'-3') Primer sequence information	等位基因 Allelomorph	目的片段 Target fragment bp	Chrom.
<i>Glu-B1</i>	ZSBY9aF1/R3	Forward: TTCTCTGCATCAGTCAGGA Reverse: AGAGAAAGCTGTGTAATGCC	<i>By9</i> <i>nonBy9</i>	662 707	1BL
<i>Ax2</i> [*]	<i>Ax2</i> [*]	Forward: ATGACTAAGCGGTTGGTTCTT Reverse: ACCTTGCTCCCTTGTCTTT	<i>Ax2</i> [*]	1319	1A
<i>Glu-A3</i>	<i>GluA3b</i>	LA3F: TTCAGATGCAGCCAAACAA SA2R: GCTGTGCTTGGATGATACTCTA	<i>Glu-A3b</i>	894	1AS
	<i>GluA3ac</i>	LA1F: AAACAGAATTATTAAGCCGG SA3R: GTGGCTGTTGTGAAAACGA	<i>Glu-A3a</i> <i>Glu-A3c</i>	573	
	<i>GluA3d</i>	LA3F: TTCAGATGCAGCCAAACAA SA4R: TGGGGTTGGGAGACACATA	<i>Glu-A3d</i>	967	
<i>TaCwi-A1</i>	CWI22	Forward: GGTGATGAGTTCATGTTAAT Reverse: AGAAGCCCAACATTAATCAAC	<i>TaCwi-A1a</i>	402	2AL
	CWI21	Forward: GTGCTGATGAGTTCATGTTAAG Reverse: AGAAGCCCAACATTAATCAAC	<i>TaCwi-A1b</i>	404	
<i>TaSus2-2B</i>	<i>Sus2-SNP-185/589H2</i>	<i>Sus2-SNP-185</i> : TAAGCGATGAATTATGGC <i>Sus2-SNP-589H2</i> : GGTCTCCTTGAGCTTCTGG	<i>Hap-H</i>	423	2BS
<i>Pinb-D1</i>		Forward: ATGAAGACCTTATTCCTCCTA Reverse: CTCATGCTCACAGCCGCC	<i>Pinb-D1a</i>	250	5DS
		Forward: ATGAAGACCTTATTCCTCCTA Reverse: CTCATGCTCACAGCCGCT	<i>Pinb-D1b</i>	250	
<i>Psy-B1</i>	YP7B-1	Forward: GCCACAACCTGAATGTGAAAC Reverse: ACTTCTTCCATTGAACCCC	<i>Psy-B1a</i> <i>Psy-B1b</i>	151 156	7BL
	YP7B-2	Forward: GCCACCCACTGATTACCACTA Reverse: CCAAGCTGAGGCTCTTCAAC	<i>Psy-B1c</i>	428	
PPO	PPO33	Forward: CCAGATACACAACCTGCTGGC Reverse: TGATCTTGAGGTTCCTCGTCG	<i>Ppo-A1a</i> <i>Ppo-A1b</i>	380	2AL
<i>Rht-B1a</i>	BF-WR1	Forward: GGTAGGGAGGCGAGAGGCGAG Reverse: CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTG	<i>Rht-B1a</i>	237	4B
<i>Rht-B1b</i>	BF-MR1	Forward: GGTAGGGAGGCGAGAGGCGAG Reverse: CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTA	<i>Rht-B1b</i>	237	

2 结果与分析

2.1 科农 9204 和京 411 的基因型分析 15 个功能标记在科农 9204 和京 411 中的扩增结果见图 1。扩增结果显示,高分子量麦谷蛋白亚基 *Glu-B1* 功能标记 ZSBY9aF1/R3 在科农 9204 中扩增出 662 bp 目的片段,在京 411 中扩增出 707 bp 的片段,结合高分子量麦谷蛋白 SDS-PAGE 结果,科农 9204 在 *Glu-B1* 的等位基因是 7+9,京 411 在 *Glu-B1* 的等位基因为 2+12。同理,科农 9204 在 *Glu-A3* 的等位基因是 *Glu-A3b*

或者 *Glu-A3d*,京 411 在 *Glu-A3* 的等位基因是 *Glu-A3a* 或者 *Glu-A3c*。科农 9204 在 *TaCwi-A1* 具有降低粒重的 *TaCwi-A1b* 等位基因,京 411 在 *TaCwi-A1* 具有增加粒重的 *TaCwi-A1a* 等位基因。科农 9204 在 *TaSus2-2B* 具有增加千粒重的优异等位基因,而京 411 在 *TaSus2-2B* 具有降低粒重的非优异等位基因。科农 9204 在小麦籽粒硬度的关键基因位点 *Pinb-D1* 等位基因为 *Pinb-D1b*,京 411 在该位点的等位基因为 *Pinb-D1a*。科农 9204、京 411 在小麦黄色素含量基因

Psy-B1 的等位基因分别是 *Psy-B1b* 和 *Psy-B1c*。而高分子谷蛋白 *Glu-A1* 亚基 AX^2 、多酚氧化酶基因 *PPO* 等位基因 *PPO33* 仅在京 411 中检测到 1250 和 380 bp 的目的片段,表明京 411 中含有高分子谷蛋白 *Glu-A1* 亚基 AX^2 和多酚氧化

酶基因 *PPO* 等位基因 *PPO33*, 科农 9204 不含两等位基因。矮秆基因功能标记 *Rht-B1b* 和 *Rht-B1a* 分别在科农 9204 和京 411 中检测到 237 和 237 bp 的目的片段,表明科农 9204 和京 411 在 *Rht-B1* 位点的等位基因分别是 *Rht-B1b* 和 *Rht-B1a*。

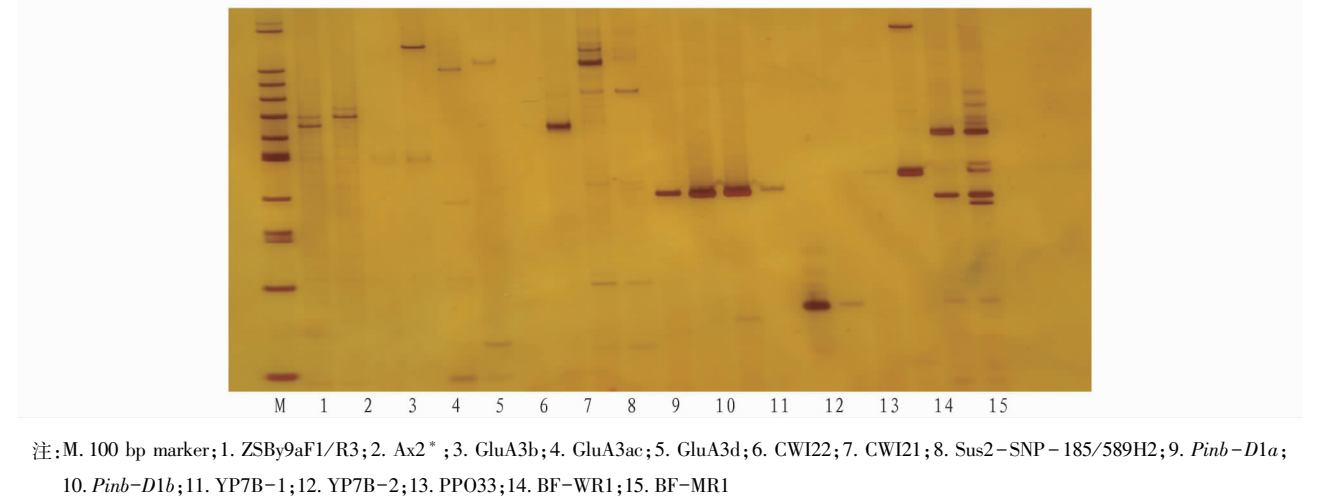


图 1 15 个功能标记在科农 9204 和京 411 中的扩增结果
Fig.1 Amplified fragementes with 15 function marker primers in KN9204 and J411

2.2 功能标记在 188 个 KJ-RIL 家系的基因型分析 由于同一基因的多个功能标记表现为共分离,以 10 个基因位点对其在 188 个 KJ-RIL 家系中基因型值分离情况进行统计分析。由表 2 可知, *Glu-B1*、 AX^2 、*Glu-A3*、*TaCwi-A1* 和 *Ta-*

Sus2-2B 位点在 188 个 KJ-RIL 家系中均符合 1:1 分离比例; *Psy-B1* 和 *PPO* 共 2 个位点在 188 个 KJ-RIL 家系中不符合 1:1 分离比例,遗传比例均偏向京 411。

表 2 10 个基因位点在 188 个 KJ-RIL 群体的基因型值统计分析
Table 2 The statistical analysis of the ten genes in the KJ-RIL population

基因 Genes	KN9204	J411	Miss	卡方值 Chi-square value	P		分离比 Segregation ratio (1:1)
					$P > 0.05$	$P < 0.01$	
<i>Glu-B1</i>	80	101	7	2.44	√		√
AX^2	81	107	0	3.59	√		√
<i>Glu-A3</i>	95	76	17	2.11	√		√
<i>TaCwi</i>	83	87	18	0.09	√		√
<i>TaSus2</i>	83	103	2	2.13	√		√
<i>Pinb</i>	98	74	16	3.35	√		√
<i>Psy-B1</i>	71	110	7	8.40		√	×
<i>PPO</i>	50	86	52	9.53		√	×
<i>Rht-B1b</i>	86	95	7	0.45	√		√
<i>Rht-B1a</i>	80	99	9	2.02	√		√

注:“√”表示对应的卡方统计学检测结果, $P > 0.05$ 表示对应的标记在 KJ-RIL 家系分离比例符合 1:1 理论分离比值,在分离比中用“√”表示; $P < 0.01$ 表示对应的标记在 KJ-RIL 家系分离比例不符合 1:1 理论分离比值,在分离比列中用“×”表示
Note: “√” indicated the detection results of corresponding Chi-square statistics, $P > 0.05$ indicated separation ratio in KJ-RIL of corresponding marker accorded with 1:1 theoretical separation ratio, which was denoted by “√”; $P < 0.01$ separation ratio in KJ-RIL of corresponding marker did not accord with 1:1 theoretical separation ratio, which was denoted by “×”

2.3 不同处理功能基因对根系性状的影响

2.3.1 高分子量麦谷蛋白 *Glu-A1*。由图 2 可知, T_3 处理 CK 条件下,来自科农 9204 *Glu-A1* 的等位基因 AX^2 显著增加小麦根系体积、根面积, LN 条件下显著增加小麦根系体积; T_1 、 T_2 处理两表基因型间虽未达显著差异,但整体趋势一致。因此,来自科农 9204 高分子量麦谷蛋白基因 *Glu-A1* 的等位基因 AX^2 增加 CK 和 LN 条件下根体积以及 LN 条件下的根面积。
2.3.2 高分子量麦谷蛋白 *Glu-B1*。由图 3 可知, T_1 和 T_3 处理 CK 条件下,来自于科农 9204 *Glu-B1* 的等位基因 7+9 相

对于京 411 的 2+12 显著降低小麦根系的总根长、根面积、根体积;另外, CK 条件下的根尖数, LN 条件下苗期株高、总根长、根面积虽仅在 T_1 处理两基因型表型间差异显著,但在 T_2 和 T_3 处理中整体趋势一致。因此,高分子量麦谷蛋白 *Glu-B1* 的等位基因 7+9 相对 2+12 显著降低 CK 条件下小麦根系总根长、根面积、根体积,以及 LN 条件下根系根尖数以及苗期株高。
2.3.3 细胞壁转化酶 *TaCwi-A1*。由图 4 可知, T_3 处理中 CK 和 LN 条件下,相对于京 411 增加粒重的 *TaCwi-A1a* 等位

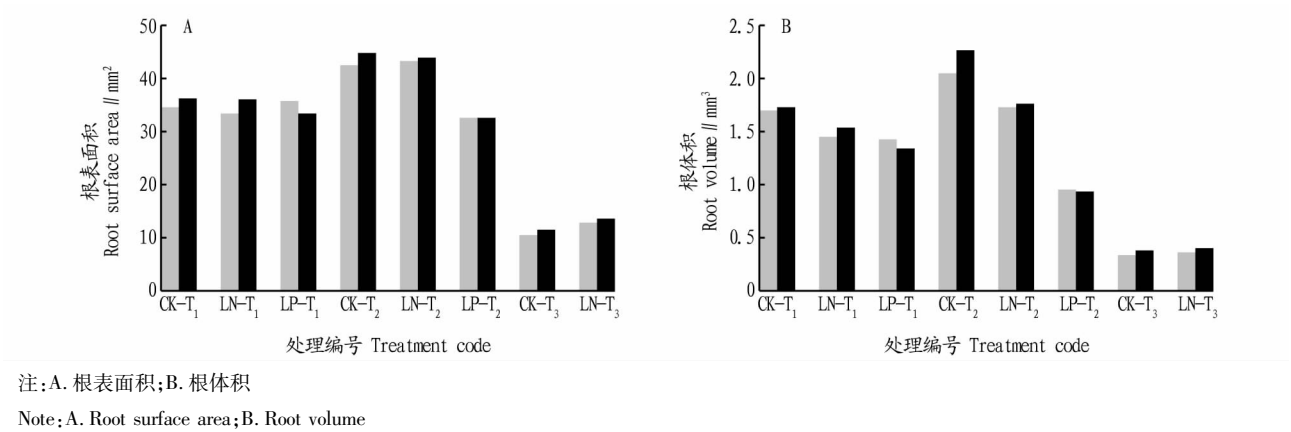


图2 不同处理高分子量麦谷蛋白 *Glu-A1* 基因对根系性状遗传效应的影响
Fig.2 Genetic effects of *Glu-A1* in different treatments on root related traits

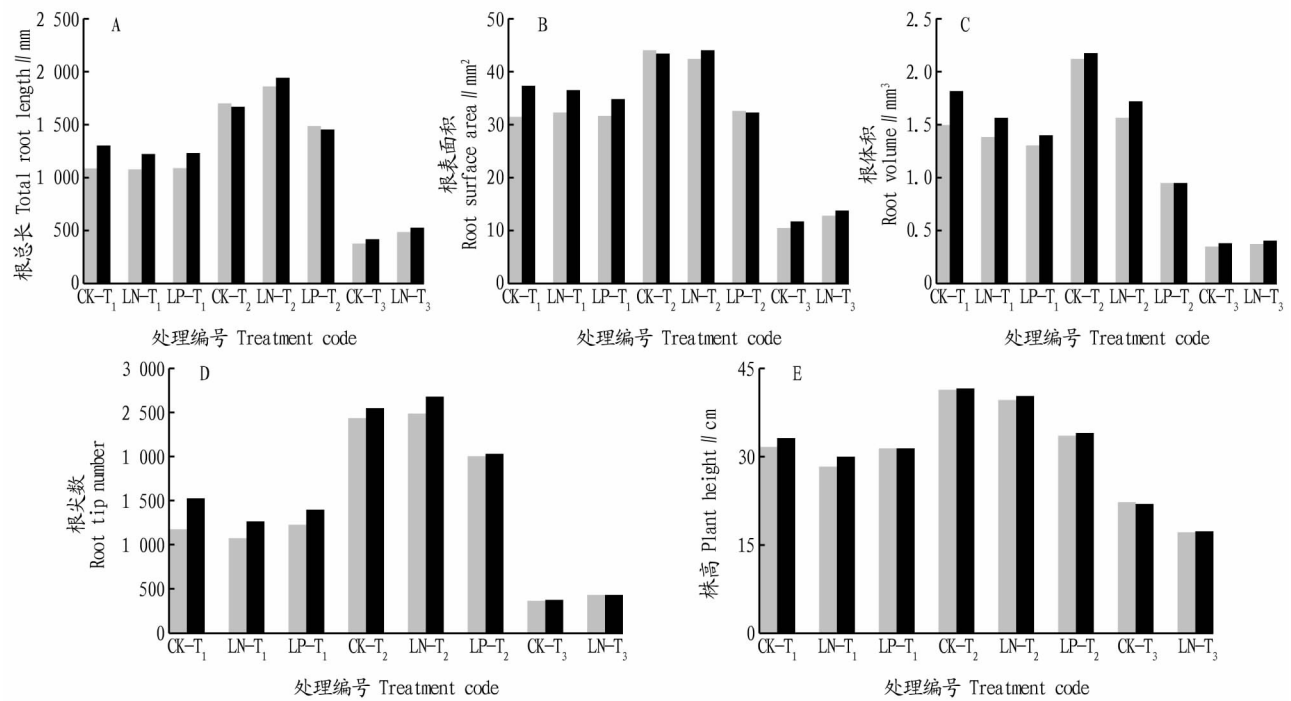


图3 不同处理高分子量麦谷蛋白 *Glu-B1* 基因对根系性状遗传效应的影响
Fig.3 Genetic effects of *Glu-B1* in different treatments on root related traits

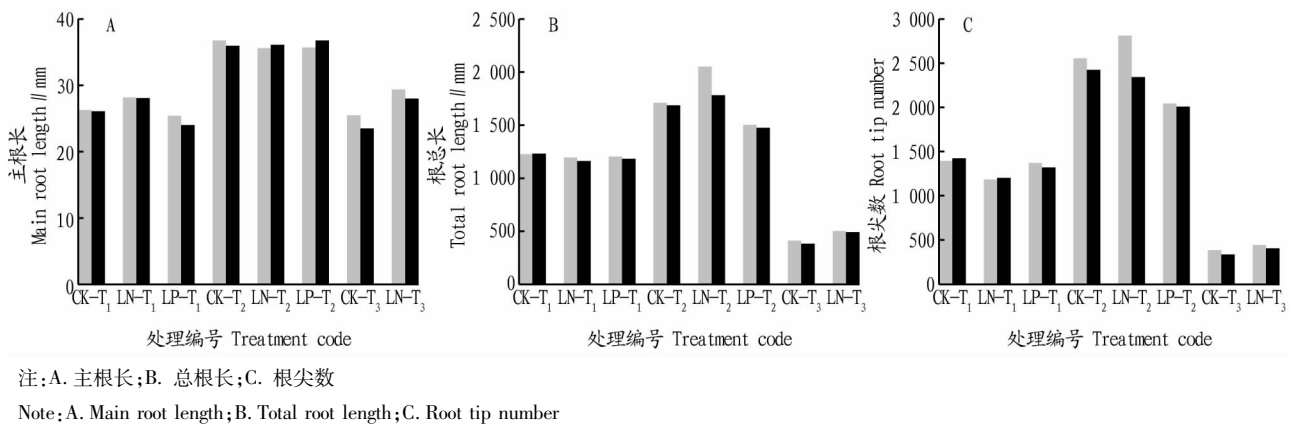


图4 细胞壁转化酶 *TaCwi-A1* 基因对根系性状遗传效应的影响
Fig.4 Genetic effects of *TaCwi-A1* in different treatments on root related traits

基因,来自于科农 9204 具有降低粒重效应的 *TaCwi-A1* 等位基因 *TaCwi-A1b* 可显著提高小麦根系根尖数和主根长,其中根尖数在 T_1 和 T_2 处理中整体趋势一致,但主根长在低氮低磷环境下表型复杂多变。 T_2 处理中 LN 条件下,*TaCwi-A1b* 相对于 *TaCwi-A1a* 可提高总根长、根尖数。因此,相对于 *TaCwi-A1a*,细胞壁转化酶 *TaCwi-A1* 等位基因 *TaCwi-A1b* 显著增加 CK 条件下的小麦根系主根长、根尖数,以及 LN 条件下的总根长、根尖数。

2.3.4 黄色素含量基因 *Psy-B1*。由图 5 可知, T_2 和 T_3 处理中 CK 和 LN 条件下,相对于来自京 411 的 *Psy-B1c*,来自于科农 9204 *Psy-B1* 的等位基因 *Psy-B1b* 显著增加小麦根系主根长。

2.3.5 多酚氧化酶 PPO。由图 6 可知,CK 条件下, T_1 处理中相对于来自于京 411 的等位基因 *Ppo-A1b*,来自于科农 9204 PPO 的等位基因 *Ppo-A1a* 显著降低根根体积,但与 T_3 处理的整体趋势不一致;LN 条件下,无明显效应;LP 条件下,相对于来自于京 411 的等位基因 *Ppo-A1b*, T_1 处理中来自于

科农 9204 PPO 的等位基因 *Ppo-A1a* 显著降低小麦根系总根长、根面积、根尖数,与 T_2 处理趋势一致。

因此,在 CK 和 LN 氮条件下,*PPO33* 对根系影响复杂,且易受环境影响;LP 条件下 *PPO* 的等位基因 *Ppo-A1a* 相对于 *Ppo-A1b* 可显著降低小麦根系总根长、根面积和根尖数。

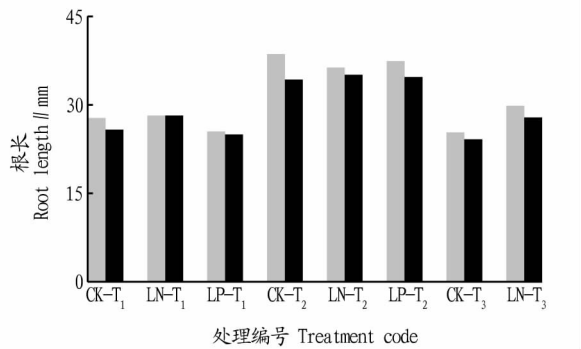
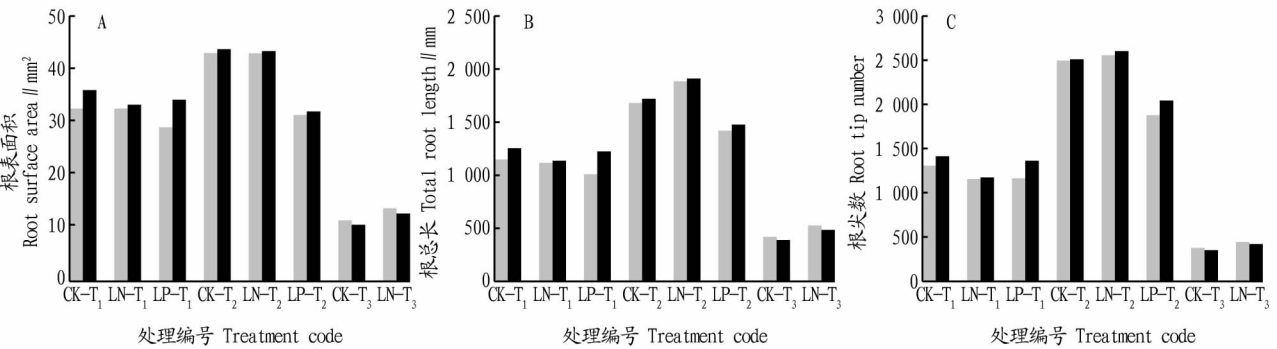


图 5 不同处理黄色素含量基因 *Psy-B1* 对根长的影响
Fig.5 Genetic effect of *Psy-B1* in different treatments on root related traits



注:A. 根表面积;B. 总根长;C. 根尖数
Note: A. Root surface area; B. Total root length; C. Root tip number

图 6 不同处理多酚氧化酶 *PPO* 基因对根系性状遗传效应的影响
Fig. 6 Genetic effects of *PPO* in different treatments on root related traits

2.3.6 矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-B1a*。由图 7 可知, T_1 、 T_2 处理中 CK、LN、LP 条件下,来自于科农 9204 的突变型 *Rht-B1a* 和来自于京 411 的野生型 *Rht-B1b* 均显著降低小麦苗期株高。

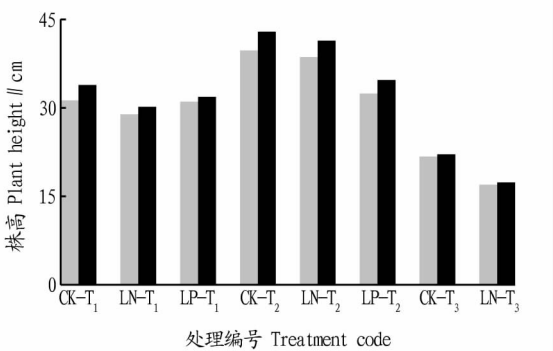


图 7 不同处理矮秆基因 *Rht-B1* 对株高的影响
Fig.7 Genetic effects of *Rht-B1* in different treatments on plant height

2.3.7 低分子量麦谷蛋白基因 *GluA3*。与来自京 411 等位基因 *Glu-A3a/Glu-A3c* 相比,CK 条件下 T_1 处理中来自科农 9204 的等位基因 *Glu-A3b/Glu-A3d* 显著增加小麦苗期株高、根系总根长、根面积、根体积; T_2 处理虽未达显著水平,但基本一致; T_3 处理的一致性较差;LN 条件下, T_1 处理增加苗期株高,但 T_2 处理降低株高;LP 条件下, T_1 、 T_2 、 T_3 处理各根系性状基因型间无显著差异。由此可见,低分子量麦谷蛋白基因 *GluA3* 对根系影响复杂,且在不同环境中表达不稳定。

2.3.8 蔗糖合成酶基因 *TaSus2*。相对于来自于京 411 无此标记的家系,在 CK 条件下 T_3 处理中含来自科农 9204 的高千粒重单倍型功能标记 *Sus2-SNP-185/589H2* 的家系主根长显著增大,与 T_2 、 T_1 处理的整体趋势不一致;

相对于来自于京 411 无此标记的家系,在 LN 和 LP 条件下 T_2 处理中含来自科农 9204 的高千粒重单倍型功能标记 *Sus2-SNP-185/589H2* 的家系小麦根系面积、根体积、总根长、根尖数显著降低, T_2 、 T_1 处理的整体趋势不一致。因此,蔗糖合成酶基因 *TaSus2* 对根系影响复杂,且在不同环境中

表达不稳定。

2.3.9 籽粒硬度 *Pinb*。在 CK、LN、LP 条件下, T_1 、 T_2 、 T_3 处理中根系各性状中均未检测到显著差异。因此, 籽粒硬度相关基因 *Pinb* 对根系无显著性影响。

3 结论与讨论

功能基因组学和生物信息学的飞速发展、基因功能标记的开发与应用为小麦等重要农作物分子育种以及品种鉴定带来了新思路、新发展。该研究基于功能基因的“一因多效”, 将标记检测信息和小麦根系性状紧密联系起来, 建立一一对应关系, 分析已知功能基因对小麦苗期根系主根长、根体积、根面积、根尖数以及总根长的遗传效应。

高分子谷蛋白 *Glu-B1* 以及 *Glu-A1* 亚基 AX^2 不同等位基因在对照、低氮处理中显著影响小麦根系总根长、根体积和根面积; 多酚氧化酶 *PPO* 等位基因 *PPO33* 在低磷处理中显著影响小麦根系的总根长、根面积和根尖数; 黄色素含量基因 *Psy-B1* 不同等位基因在正常和低氮条件下显著影响小麦根系的主根长。这表明高分子谷蛋白 *Glu-B1*、*Glu-A1*, 多酚氧化酶 *PPO*, 黄色素含量基因 *Psy-B1* 等除影响小麦高分子谷蛋白含量、多酚氧化酶活性、黄色素含量外, 对小麦根系的生长也有一定的影响。

前人有研究表明, 小麦株高与根系呈正相关, 而该试验显示多环境多处理下 *Rht-B1b* 和 *Rht-B1a* 对苗期株高均有显著影响, 但对根系一系列性状无明显遗传效应, 表明小麦根系不受矮秆基因 *Rht-1* 影响。

参考文献

- [1] 末晓巍, 吕杰, 武慧, 等. 植物根系研究进展[J]. 北方园艺, 2012(18): 206-209.
- [2] CUI F, ZHAO C H, LI J, et al. Kernel weight per spike: What contributes to it at the individual QTL level? [J]. Molecular breeding, 2012, 31(2): 265-278.
- [3] AN D G, SU J Y, LIU Q Y, et al. Mapping QTLs for nitrogen uptake in relation to the early growth of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Plant and soil, 2006, 284: 73-84.
- [4] CUI F, FAN X L, ZHAO C H, et al. A novel genetic map of wheat; Utility

for mapping QTL for yield under different nitrogen treatments[J]. BMC Genetics, 2014, 15: 1-17.

- [5] 宋伟, 王凤格, 易红梅, 等. 功能标记及在品种鉴定和辅助育种中的应用前景[J]. 分子植物育种, 2009, 7(3): 612-618.
- [6] 余利, 何方, 陈桂玲, 等. 利用 IRS 特异标记和染色体原位杂交技术鉴定小麦 1BL · 1RS 易位系[J]. 作物学报, 2010, 37(3): 563-569.
- [7] 刘迎春, 朱惠兰, 程顺和, 等. 小麦 Wx-A1 和 Wx-D1 位点的 PCR 分子标记[J]. 麦类作物学报, 2005, 25(1): 1-5.
- [8] BAGGE M, XIA X C, LÜBBERSTEDT T. Functional markers in wheat-Commentary[J]. Current opinion in plant biology, 2007, 10(2): 211-216.
- [9] ELLIS M H, SPIELMEYER W, GALE K R, et al. "Perfect" markers for the Rht-B1b and Rht-D1b dwarfing genes in wheat[J]. Theor Appl Genet, 2002, 105(6/7): 1038-1042.
- [10] HE X Y, HE Z H, ZHANG L P, et al. Allelic variation of polyphenol oxidase (PPO) genes located on chromosomes 2A and 2D and development of functional markers for the PPO genes in common wheat [J]. Theor Appl Genet, 2007, 115: 47-58.
- [11] HE X Y, HE Z H, MA W, et al. Allelic variants of phytoene synthase 1 (*Psy1*) genes in Chinese and CIMMYT wheat cultivars and development of functional markers for flour colour [J]. Molecular breeding, 2009, 23: 553-563.
- [12] HE X Y, WANG J W, AMMAR K, et al. Allelic variants at the *Psy-A1* and *Psy-B1* loci in durum wheat and their associations with grain yellowness [J]. Crop science, 2009, 49(6): 2058-2064.
- [13] JIANG Q Y, HOU J, HAO C Y, et al. The wheat (*T. aestivum*) sucrose synthase 2 gene (*TaSus2*) active in endosperm development is associated with yield traits [J]. Functional & integrative genomics, 2010, 11(1): 49-61.
- [14] MA D Y, YAN J, HE Z H, 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): 43-52.
- [15] MA W, ZHANG W, GALE K R, et al. Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat [J]. Euphytica, 2003, 134(1): 51-60.
- [16] LEI Z S, GALE K R, HE Z H, et al. Y-type gene specific markers for enhanced discrimination of high molecular weight glutenin alleles at the *Glu-B1* locus in hexaploid wheat [J]. Journal of cereal science, 2006, 43(1): 94-101.
- [17] RAGUPATHY R, NAEEM H A, REIMER E, et al. Evolutionary origin of the segmental duplication encompassing the wheat *GLU-B1* locus encoding the overexpressed Bx7 (Bx7^{OE}) high molecular glutenin subunit [J]. Theor Appl Genet, 2008, 116(2): 283-296.
- [18] LI G Y, HE Z H, PEÑA R J, et al. Identification of novel secaloin-doline-a and secaloin-doline-b alleles in CIMMYT hexaploid triticale lines [J]. Journal of cereal science, 2006, 43(3): 378-386.
- [19] 戴剑, 洪德林, 张大栋, 等. 一种快速高效的 DNA 提取方法研究[J]. 麦类作物学报, 2011, 31(3): 437-442.

科技论文写作规范——标点符号

标点符号按照 GB/T 15834—2011 执行, 每个标点占 1 格 (破折号占 2 格)。外文中的标点符号按照外文的规范和习惯。注意破折号“——”、一字线“—”(浪纹线“~”)和短横线“-”的不同用法。破折号又称两字线或双连划, 占 2 个字身位置; 一字线占 1 个字身位置, 短横线又称半字线或对开划, 占半个字身位置。破折号可作文中的补充性说明 (如注释、插入语等), 或用于公式或图表的说明文字中。一字线“—”(浪纹线“~”)用于表示标示相关项目 (如时间、地域等) 的起止。例如 1949—1986 年, 北京—上海特别旅客快车。参考文献范围号用“-”。短横线用于连接词组, 或用于连接化合物名称与其前面的符号或位序, 或用于公式、表格、插图、插图、型号、样本等的编号。外文中的破折号 (Dash) 的字身与 m 宽, 俗称 m Dash, 其用法与中文中的破折号相当。外文的连接符俗称哈芬 (hyphen)。其中, 对开哈芬的字身为 m 字身的一半, 相当于中文中范围号的用法; 三开哈芬的字身为 m 字母的 1/3, 相当于中文中的短横线的用法。