

小麦旗叶长、宽及面积的 QTL 分析

常 鑫,李法计,张兆萍,张晓晨,刘路平,阳 霞,孙道杰*

(西北农林科技大学 农学院,陕西杨陵 712100)

摘要:以小麦品种‘小偃 81’和‘西农 1376’构建的含 236 个家系的自交重组系(RIL)群体($F_{2,7}$ 、 $F_{2,8}$ 代)为研究材料,采用完全随机区组设计,连续 2 年在陕西杨陵、河南驻马店和山东济南于灌浆期(花后 20 d)随机取每个株系 10 株测量旗叶长、宽,并利用 172 个 SSR 标记构建了遗传连锁图谱,通过基于完备区间作图法的 QTL IciMapping V3.2 软件,对控制小麦旗叶长、宽和面积的数量性状位点(QTL)进行了加性效应分析。结果发现:(1)9 个旗叶长 QTLs 位于 1A、4A、3B、5D 和 7D 染色体上,单个 QTL 可解释 5.10%~16.44% 的表型变异;10 个旗叶宽 QTLs 位于 1A、3A、5A、7A、3B 和 5D 染色体上,单个 QTL 可解释 4.63%~14.24% 的表型变异;12 个旗叶面积 QTLs 位于 1A、4A、3B、2D 和 5D 染色体上,单个 QTL 可解释 4.25%~22.67% 的表型变异。(2)控制小麦旗叶长、宽和面积的 QTLs 存在差异,同一 QTL 在不同性状中的遗传贡献率也不同。(3)同一性状在同一年份,不同地点和在不同年份,相同地点下检测到的 QTLs 有的相同,但有的差异明显。(4)有些控制不同性状的 QTLs 在染色体的同一标记区间,表现一因多效。研究表明:位于 1A 和 5D 染色体上的 2 个加性 QTLs 都同时控制旗叶长、宽和面积,且前者为主效基因,后者遗传贡献率也较大,可用于标记辅助育种和分子聚合育种。

关键词:小麦;旗叶;形态性状;QTL;RIL 群体

中图分类号:Q343.1¹⁺⁷ 文献标志码:A

Mapping QTLs for Flag Leaf Length, Width and Area in Wheat

CHANG Xin, LI Faji, ZHANG Zhaoping, ZHANG Xiaocheng,

LIU Luping, YANG Xia, SUN Daojie*

(College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: In the present study, a population of 236 RIL(F_7 and F_8 generation) derived from two elite Chinese wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars ‘Xiaoyan 81’ and ‘Xinong 1376’, were used in an experimental study in Yangling of Shaanxi Province, Zhumadian of Henan Province and Jinan of Shandong Province for two consecutive years. The genetic linkage map was constructed with 172 SSR markers and the additive QTLs for the flag leaf length, width and area in wheat were analyzed through the software QTL IciMapping V3.2 which is based on the inclusive composite interval mapping. The results showed that: (1) 9 QTLs for flag leaf length were located on chromosomes 1A, 4A, 3B, 5D and 7D, single QTL explaining 5.10%~16.44% of the phenotypic variances. 10 QTLs were located on chromosomes 1A, 3A, 5A, 7A, 3B and 5D, detected for flag leaf width, single QTL explaining the phenotypic variations from 4.63%~14.24%. 12 QTLs for flag leaf area were mapped on 1A, 4A, 3B, 2D and 5D chromosomes, accounting for 4.25%~22.67% of the phenotypic variations. (2) QTLs for flag leaf length, width and area were different and the genetic contribution of the same QTL were also variant in different phenotypic traits. (3) Among the QTLs for the same trait in the same year in different locations and those in the different years in the same location, some were the same but the others were different. (4) Some QTLs for different traits were located at

收稿日期:2013-12-19;修改稿收到日期:2014-04-08

基金项目:国家 973 计划项目(2014CB138100);国家自然科学基金(31071408);国家 863 计划项目(2012AA101105)

作者简介:常 鑫(1987—),男,在读硕士研究生,主要从事作物遗传育种研究。E-mail:changxindyx@163.com

* 通信作者:孙道杰,博士,副研究员,主要从事小麦遗传育种研究。E-mail:chinawheat@hotmail.com

the same marker interval of a chromosome and they performed pleiotropy. The results suggested that 2 QTLs detected on chromosomes 1A and 5D controlled the flag leaf length, width and area in wheat together. Besides, the former was the main effect gene and the phenotypic variation of latter was significant so that they could be used in marker-assisted selection breeding and polymerization breeding.

Key words: common wheat (*Triticum aestivum* L.); flag leaf; morphological trait; quantitative trait loci (QTL); recombinant inbred lines population (RIL)

小麦地上部分干物质的积累大多来自光合作用,而小麦旗叶对光合作用的贡献率占不同层次叶片贡献率总和的 45%~58%^[1]。有研究表明旗叶给籽粒的充实提供了 41%~43% 的碳水化合物^[2],因此,旗叶是小麦籽粒碳水化合物的主要来源之一。而旗叶的形态学性状(如旗叶长、宽、面积)直接影响其光合效率,所以研究旗叶形态学性状的遗传机理对提高小麦籽粒产量具有重要的意义。

目前,人们对于水稻和大麦旗叶形态学性状的 QTL 研究较多^[3-6],而小麦旗叶的却是很少。2013 年,Jia 等^[7]在小麦 5A 染色体上定位到了控制旗叶宽的 QTL: Qflw. nau-5A, 可解释 25% 的表型变异。张坤普^[8]对小麦旗叶长等叶部 10 个性状检测到 31 个加性 QTLs, 单个 QTL 可解释 1.17%~21.91% 的表型变异。张秋^[9]检测到了影响小麦旗叶长、宽和面积的 6 个 QTLs, 分别位于 1A、1D、6D、4B 和 6D 染色体上, 可分别解释 9.18%~13.87% 的表型变异。由于目前国内学者对小麦旗叶长、宽和面积的 QTL 定位较少, 本研究通过对旗叶的长、宽及面积进行 QTL 分析, 以期为小麦分子标记辅助选择和基因聚合育种提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 植物材料

研究群体为由‘小偃 81’和‘西农 1376’构建的含 236 个家系的 RIL 群体($F_{2,7}$ 、 $F_{2,8}$ 代)。‘小偃 81’是李振声院士选育的高产、优质、抗病半冬性多穗型中熟品种;‘西农 1376’是半春性早熟品种,具有矮秆、抗倒伏和早熟等可增强抗逆性的重要性状。

1.2 田间试验

2011~2013 年连续 2 个小麦生长季,在陕西杨陵、山东济南及河南驻马店种植 236 个以‘小偃 81’和‘西农 1376’为亲本构建的重组自交系群体 $F_{2,7}$ 及 $F_{2,8}$ 代。采用完全随机区组设计,3 次重复,单行区,行长 2 m, 行距 0.25 m, 株距 2 cm。田间管理与当地一般生产田相同。

灌浆期(花后 20 d)每个株系随机取 10 株测量

旗叶长和旗叶宽,取其平均值进行数据分析,并计算旗叶面积。旗叶面积=叶长×叶宽×0.83^[10]

1.3 数据统计和 QTL 分析及命名

利用 SPSS 21.0 软件对旗叶相关性状进行数据统计分析。利用基于逐步回归线性模型的 QTL IciMapping V3.2 软件的完备区间作图法^[11]进行 QTL 分析。以 LOD 阈值为 2.5, 逐步回归概率 $P < 0.001$, 步进区间为 1 cM 进行加性 QTL 定位。将检测到的所有加性 QTL 整合到一个全 QTL 图谱中,并计算了每个 QTL 的效应值和贡献率。

采用 McCouche 等^[12]的方法,即按 QTL+性状+染色体的方法命名 QTL,旗叶长命名为 Qll,旗叶宽命名为 Qlw,旗叶面积命名为 Qla。

2 结果与分析

2.1 遗传图谱的构建

本研究利用 QTL IciMapping V3.2^[13] 软件和由‘小偃 81’/‘西农 1376’的 RIL 群体($F_{2,7}$ 代)构建了含 172 个多态性分子标记的遗传连锁图谱,这些标记覆盖小麦 21 条染色体,连锁图总长度为 3 435.03 cM, 2 个标记间的平均距离为 19.97 cM, 标记间最小遗传距离为 0.86 cM^[14]。

2.2 旗叶长、宽及面积表型变异的分析

由表 1 可知,在杨陵、济南及驻马店 3 个环境下,父本‘西农 1376’在旗叶长、宽和面积上均表现为高值亲本,且这些性状在双亲中差异明显。这 3 个性状在 RIL 群体中的偏度和峰度的绝对值都小于 1,说明该群体分离符合正态分布,表现出典型的数量性状的遗传特点,适合进行 QTL 定位分析^[15]。

2.3 旗叶长、宽及面积的 QTL 分析结果

如表 2、表 3、表 4 和图 1 所示,在 2 年 3 地材料中共检测到 31 个加性 QTLs, 分布在小麦的 8 条染色体上。其中 11 个加性 QTLs 遗传贡献率较大(超过 10%), 属主效基因, 其余 20 个加性 QTLs 遗传贡献率较小(小于 10%), 属微效基因^[8]。

旗叶长共检测出 9 个 QTLs, 分布在 1A、4A、3B、5D 和 7D 染色体上, 解释表型变异 5.10%~

16.44%，其中位于5D染色体上的Qll-5D-1遗传贡献率最大，为16.44%，但其只在杨陵1年被检测到，推测该QTL遗传不稳定，受环境影响大。位于1A上的Qll-1A-1在杨陵2年都被检测到，遗传贡献率分别为5.96%和8.2%；Qll-1A-2于2012~2013年分别在杨陵、济南和驻马店都被检测到，遗传贡献率分别为8.14%、8.41%和8.22%；Qll-3B-1于2012~2013年在杨陵和驻马店被检测到，遗传

贡献率分别为6.84%和5.69%。2011~2012年Qll-4A-1和Qll-5D-2在杨陵被检测到，遗传贡献率分别为7.16%和14.4%；Qll-7D-1在济南被检测到，遗传贡献率为5.1%；Qll-4A-2在驻马店被检测到，遗传贡献率为8.07%。Qll-1A-3于2012~2013年在济南被检测到，遗传贡献率为7.07%（表2）。

旗叶宽有关的QTLs共检测出10个，分布在1A、3A、7A、3B和5D染色体上，解释表型变异4.63%

表1 旗叶长、宽及面积在3地的表现

Table 1 Evaluation of flag leaf length, width and area of wheat in three sites

性状 Trait	地点 Site	年份 Year	亲本 Parent			RIL群体 RIL population		
			小偃81 Xiaoyan 81	西农1376 Xinong 1376	平均值 Mean	标准差 SD	范围 Range	偏度 Skewness
旗叶长 Flag leaf length/cm	杨陵 Yangling	2011~2012	12.91	21.64	19.12	3.16	12.0~29.0	0.35
		2012~2013	14.56	19.65	19.36	3.3	12.5~29.0	0.31
	驻马店 Zhumadian	2011~2012	16.12	18.31	17.95	2.75	11.8~24.0	0.17
		2012~2013	14.68	19.02	17.8	2.58	11.5~23.1	-0.12
	济南 Ji'nan	2011~2012	14.54	19.98	19.17	3.38	12.0~29.0	0.34
		2012~2013	14.23	19.62	19.5	3.47	12.4~29.0	0.39
旗叶宽 Flag leaf width/cm	杨陵 Yangling	2011~2012	1.11	1.62	1.65	0.2	1.15~2.20	-0.33
		2012~2013	1.15	1.61	1.67	0.2	1.12~2.20	-0.06
	驻马店 Zhumadian	2011~2012	1.26	1.57	1.6	0.19	1.20~2.10	-0.39
		2012~2013	1.12	1.68	1.61	0.21	1.11~2.20	0.53
	济南 Ji'nan	2011~2012	1.14	1.63	1.66	0.2	1.30~2.2	-0.51
		2012~2013	1.19	1.62	1.67	0.12	1.2~2.2	-0.34
旗叶面积 Flag leaf area/cm ²	杨陵 Yangling	2011~2012	14.33	35.06	27.6	7.37	13.9~50.4	-0.16
		2012~2013	16.74	31.64	27.18	6.76	14.5~50.5	-0.25
	驻马店 Zhumadian	2011~2012	20.31	28.75	23.94	5.44	13.4~39.8	0.45
		2012~2013	16.44	31.95	23.94	5.61	12.4~39.7	-0.28
	济南 Ji'nan	2011~2012	17.32	32.01	26.75	7.21	13.9~48.1	0.68
		2012~2013	16.6	31.8	27.36	7.38	14.4~50.5	0.19

表2 旗叶长的加性QTL分析

Table 2 Analysis of the additive QTLs for flag leaf length

年份 Year	性状 Trait	地点 Site	QTL	位置 Site	区间 Interval	LOD值 LOD value	加性效应 Add effective	贡献率 PVE/%
2011~2012	旗叶长 Flag leaf length	杨陵 Yangling	Qll-1A-1	36	barc213-cfa2147	4.030 7	-0.680 5	5.96
			Qll-4A-1	211	barc236-cfd88	4.652 8	0.746 4	7.16
			Qll-5D-1	41	barc44-barc144	5.325 9	1.132 4	16.44
			Qll-5D-2	220	cfd7-barc140	8.108 4	-1.062 3	14.40
		济南 Ji'nan	Qll-7D-1	24	barc172-cfd14	3.23 8	0.719 7	5.10
		驻马店 Zhumadian	Qll-4A-2	33	Xgwm160-barc78	4.246 2	4.753 4	8.07
2012~2013	旗叶长 Flag leaf length	杨陵 Yangling	Qll-1A-1	36	barc213-cfa2147	5.446 1	-0.938 8	8.2
			Qll-1A-2	211	cf65-barc119	3.862 5	0.941 5	8.14
			Qll-3B-1	132	barc290-Xgwm340	3.009 4	-0.853 3	6.84
		济南 Ji'nan	Qll-1A-3	40	cfa2219-Xgwm497	3.826	-0.906 8	7.07
			Qll-1A-2	211	cf65-barc119	3.316 7	0.998 3	8.41
		驻马店 Zhumadian	Qll-1A-2	205	cf65-barc119	2.755 8	0.879 6	8.22
		驻马店 Zhumadian	Qll-3B-1	127	barc290-Xgwm340	2.906 2	-0.714	5.69

表 3 旗叶宽的加性 QTLs 分析

Table 3 Analysis of the additive QTLs for flag leaf width

年份 Year	性状 Trait	地点 Site	QTL	位置 Site	区间 Interval	LOD 值 LOD value	加性效应 Add effective	贡献率 PVE/%
2011~2012	旗叶宽 Flag leaf width	杨凌 Yangling	Qlw-3A-1	53	cfa2183-Xgwm155	3.768 7	-0.041	5.97
			Qlw-5D-1	8	gdm3-barc143	2.979 2	0.035 9	4.63
			Qlw-5D-2	224	cf7-barc140	6.349 1	-0.054 5	10.55
		济南 Ji'nan	Qlw-3A-2	221	wmc264-cnl127	3.252 9	0.053 5	9.74
			Qlw-3A-3	112	wmc273-cfa2193	3.330 8	-0.055 4	10.46
			Qlw-5A-1	0	barc151-ksum137	4.491 1	0.044 6	6.77
	旗叶宽 Flag leaf width	驻马店 Zhumadian	Qlw-5D-2	213	cf7-barc140	5.201 1	-0.049 6	8.27
			Qlw-1A-1	7	barc17-barc213	8.765 4	-0.066	14.24
			Qlw-3A-1	56	cfa2183-Xgwm155	3.768 7	-0.075 2	13.97
		杨凌 Yangling	Qlw-3B-1	33	wmc1-swes240	4.678 6	0.048 2	5.03
			Qlw-1A-2	216	cf65-barc119	3.387 2	0.051	6.46
			Qlw-1A-2	215	cf65-barc119	3.636 1	0.055 6	7.08
2012~2013	旗叶宽 Flag leaf width	济南 Ji'nan	Qlw-1A-2	216	cf65-barc119	4.876 3	0.062 4	8.30
			Qlw-7A-1	0	wmc83-cfa2028	4.227	-0.057 4	7.08

表 4 旗叶面积的加性 QTLs 分析

Table 4 Analysis of the additive QTLs for flag leaf area

年份 Year	性状 Trait	地点 Site	QTL	位置 Site	区间 Interval	LOD 值 LOD value	加性效应 Add effective	贡献率 PVE/%
2011~2012	旗叶面积 Flag leaf area	杨凌 Yangling	Qla-5D-1	36	barc44-barc144	5.430 1	2.378 5	16.47
			Qla-5D-2	227	cf7-barc140	7.160 2	-2.062 3	12.33
		济南 Ji'nan	Qla-1A-1	32	barc213-cfa2147	4.627 1	-1.849 6	8.13
			Qla-3B-1	33	wmc1-swes240	2.934 8	1.757 8	4.86
			Qla-5D-2	225	cf7-barc140	5.010 8	-1.927 1	8.72
		驻马店 Zhumadian	Qla-4A-1	33	Xgwm160-barc78	3.113 4	5.074 3	6.05
	旗叶面积 Flag leaf area	杨凌 Yangling	Qla-1A-2	40	cfa2219-Xgwm497	4.238	-1.927 9	7.52
			Qla-1A-3	213	cf65-barc119	3.686 6	1.983 7	7.82
			Qla-3A-1	170	barc1060-cfa2262	3.212 4	1.772 6	6.18
		济南 Ji'nan	Qla-1A-2	40	cfa2219-Xgwm497	4.586 5	-1.858 6	6.72
			Qla-1A-3	216	cf65-barc119	8.354 2	2.543 9	12.48
			Qla-7A-1	0	wmc83-cfa2028	3.026 1	-1.478	4.25
		驻马店 Zhumadian	Qla-7A-2	66	barc108-barc292	5.226 9	1.981 6	7.5
			Qla-3B-2	125	barc290-Xgwm340	3.461 4	-3.437	21.18
		Qla-2D-1	101	cf44-cfd50	3.032 9	3.560 2	22.67	

~14.24%,其中位于 1A 上的 Qlw-1A-1 遗传贡献率最大,为 14.24%,但因其只在驻马店 1 年内被检测到,故推测该 QTL 遗传不稳定,易受环境影响。位于 1A 上的 Qlw-1A-2 于 2012~2013 年在 3 地都被检测到,遗传贡献率分别为 6.46%、7.08% 和 8.30%,推测该 QTL 可能较稳定。位于 3A 上的 Qlw-3A-1 和 5D 上的 Qlw-5D-2 于 2011~2012 年分别在杨凌、驻马店和杨凌、济南被检测到,Qlw-3A-1 在 2 地的遗传贡献率分别为 5.97% 和 13.97%,Qlw-5D-2 在 2 地的遗传贡献率分别为 8.27% 和 10.55%。2011~2012 年,Qlw-5D-1 在杨凌被检测到,遗传贡献率为 5.97%;Qlw-3A-2、Qlw-3A-3 和 Qlw-5A-1 在济南被检测到,遗传贡献率分别为 9.74%、10.46% 和 6.77%;Qlw-3B-1 在驻马店被检测到,遗传贡献率为 5.03%。2012~2013 年 Qlw-7A-1 在驻马店被检测到,遗传贡献率为 7.08%(表 3)。

旗叶面积有关的 QTLs 共检测出 12 个,分布在 1A、3A、4A、7A、3B、2D、5D 染色体上,解释表型变异 4.25%~22.67%,其中位于 2D 上的 Qla-2D-1 遗传贡献率最大,为 22.67%,但其只在驻马店 1 年被检测到,可能该 QTL 遗传不稳定,有待进一步研究。位于 5D 上的 Qla-5D-2 于 2011~2012 年在杨

凌被检测到,遗传贡献率为 16.47%;Qla-5D-1 在杨凌被检测到,遗传贡献率为 12.33%;Qla-4A-1 在驻马店被检测到,遗传贡献率为 8.05%;Qla-1A-1 在济南被检测到,遗传贡献率为 8.13%;Qla-1A-2 在 3 地都被检测到,遗传贡献率分别为 7.52%、7.82% 和 6.18%;Qla-1A-3 在杨凌被检测到,遗传贡献率为 7.82%;Qla-3A-1 在驻马店被检测到,遗传贡献率为 6.18%;Qla-3A-2 在济南被检测到,遗传贡献率为 6.72%;Qla-3A-3 在济南被检测到,遗传贡献率为 12.48%;Qla-7A-1 在济南被检测到,遗传贡献率为 4.25%;Qla-7A-2 在驻马店被检测到,遗传贡献率为 7.5%;Qla-3B-2 在杨凌被检测到,遗传贡献率为 21.18%;Qla-2D-1 在驻马店被检测到,遗传贡献率为 22.67%。

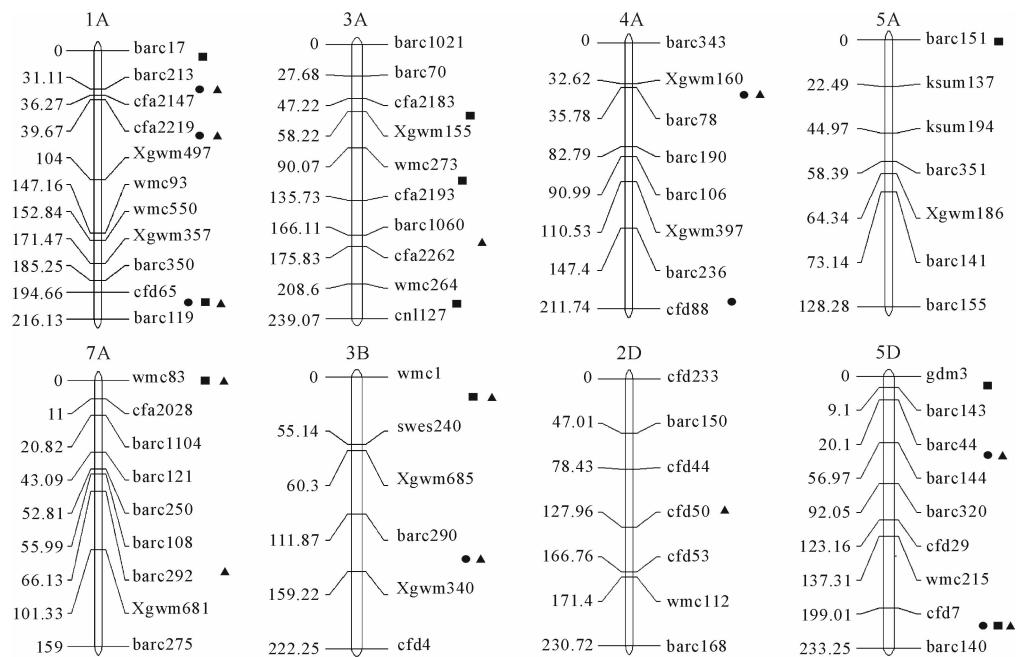


图1 小麦旗叶长、宽及面积的加性 QTL 定位

●. 旗叶长的 QTL; ■. 旗叶宽的 QTL; ▲. 旗叶面积的 QTL

Fig. 1 Position of addition QTLs for flag leaf length, width and area in wheat

●. QTL for flag leaf length; ■. QTL for flag leaf width; ▲. QTL for flag leaf area

陵和济南检测到,遗传贡献率分别为 12.33% 和 8.72%;位于 1A 上的 Qla-1A-2 和 Qla-1A-3 于 2012~2013 年在杨陵和济南被检测到,其中 Qla-1A-2 在 2 地的遗传贡献率分别为 7.52% 和 6.72%,Qla-1A-3 在 2 地的遗传贡献率分别为 7.82% 和 12.48%。2011~2013 年,Qla-1A-1 和 Qla-3B-1 在济南被检测到,遗传贡献率分别为 8.13% 和 4.86%;Qla-5D-1 和 Qla-4A-1 分别在杨陵和驻马店被检测到,遗传贡献率分别为 16.47% 和 6.05%。2012~2013 年 Qla-7A-1 和 Qla-7A-2 在济南被检测到,遗传贡献率分别为 4.25% 和 7.5%;Qla-3A-1 和 Qla-3B-2 分别在杨陵和驻马店被检测到,遗传贡献率分别为 6.18% 和 21.18%。

在对控制上述 3 个性状的 QTL 检测中,发现同一性状在同一年份,不同地点和在不同年份,相同地点下检测到的 QTL 有的相同,但有的差异明显,说明数量性状遗传的复杂性以及易受环境的影响性。

3 讨 论

利用区域化的 QTL 可进行分子标记辅助选择,从而更有效地进行聚合育种,但同时还应考虑不同位点的遗传作用方向,在同一标记区间,若 QTL 的效应方向相同,那么这些 QTL 可能是一因多效

QTL, 可用于分子聚合育种^[8]。另外, 有研究表明区域化的 QTL 往往表现出紧密连锁效应或一因多效, 密切相关的性状间有一些共同的 QTL 位点^[16-17]。本研究综合 2 年 3 地检测出的旗叶长、宽和面积的 QTLs, 发现有些位点在同一区域(图 1)。如在 1A 染色体 cfd65~barc119 区域和 5D 染色体 cfd7~barc140 区域都检测到控制旗叶长、宽和面积的 QTLs, 它们在 2 年 3 地贡献率的平均值分别为 10.85%(主效基因)和 7.72%, 且在同一区域内控制不同性状的位点的效应方向相同, 因此这些 QTLs 可能是一因多效 QTL, 可用于标记辅助选择和分子聚合育种; 在 1A 染色体 barc213~cfa2147 和 cfa2219~Xgwm497 区域, 4A 染色体 Xgwm160~barc78 区域还有 3B 染色体 barc290~Xgwm340 区域都检测出控制旗叶长和旗叶面积的 QTLs; 在 3B 染色体 wmc1~swes240 区域和 7A 染色体 wmc83~cfa2028 区域都检测出控制旗叶宽和旗叶面积的 QTLs。上述 QTL 它们在所处同一区域内的效应方向都相同, 推测可能为一因多效 QTL, 但是因为本研究只是研究了 2 年 3 地的数据, 故还不足以确定上述所有 QTL 均能用于分子聚合育种, 还需做多年多点的研究。

因为小麦叶长、叶宽等都属于数量性状遗传, 其遗传基础复杂, 易受到环境影响^[18]。且受亲本、群

体大小、基因型与环境互作以及遗传图谱类型等因素的影响,不同作图群体所能检测到的 QTL 有较大差异^[8],所以,不同研究中 QTL 定位结果的差异是客观存在的。Jia 等^[7]在 5A 染色体的 Xbarc303~Xbarc100 区段定位了控制旗叶宽的 QTL Qflw. nau-5A,而本研究在 5A 的 barc151~ksum137 区段定位了控制旗叶宽的 QTL Qlw-5A-1,它们可能是 2 个不同的 QTL。张坤普在 5D 染色体的 Xbarc320~Xwmc 区段定位了控制旗叶长的 QTL^[8]、而本研究在 5D 染色体的 barc44~barc144 和 cfd7~barc140 区段检测到了两个新的控制旗叶长的 QTL:Qll-5D-1 和 Qll-5D-2。张秋在 6D 染色体的 Xcf60~Xcf5 区段发现了控制旗叶长和旗叶面积的 2 个 QTL^[9],而本研究在 1A 染色体 cfd65~barc119 区段和 5D 染色体 cfd7~barc140 区段都检测到控制旗叶长、宽和面积的 QTL,这也是首次在同一区域检测到同时控制旗叶长、宽和面积的 QTL,可在此区域进行进一步的研究。

本研究检测出了一些新的控制旗叶形态学性状的 QTLs,未检测出与前人定位相同的 QTL,故对

于旗叶形态学性状的遗传还有待进一步的研究。而对于试验中试点间检测出的 QTL 存在不一致的现象,可能是受环境及调查性状误差影响的结果,这对于旗叶长等多基因控制的性状是不能避免的。另外,在不同年份或同一年份两个或两个以上地点均能检测到的 QTL,认为它们是比较稳定的^[19],如果其对所控制性状的效应值也较大,那么相应的标记也可以作为标记辅助育种的工具。

利用基于逐步回归线性模型的 QTL IciMapping V3.2 软件对由‘小偃 81’和‘西农 1376’构建的含 236 个家系的 RIL 群体($F_{2,7}$ 、 $F_{2,8}$ 代)的旗叶长、宽和面积进行了 2 年(2011~2013)3 点(杨陵、驻马店、济南)的 QTL 定位分析,共检测到 31 个加性 QTLs,分布在 1A、3A、4A、5A、7A、3B、2D 和 5D 染色体上。其中位于 1A 染色体 cfd65~barc119 区段和 5D 染色体 cfd7~barc140 区段的 QTLs 都同时控制旗叶长、宽和面积,为一因多效 QTL,且它们在 2 年 3 地贡献率的平均值较大,分别为 10.85% (主效基因)和 7.72%,可用于标记辅助育种和分子聚合育种。

参考文献:

- [1] XU H Y(徐恒永), ZHAO J SH(赵君实). Canopy photosynthesis capacity and the contribution from different organs in high-yielding winter wheat[J]. *Acta Agronomica Sinica*(作物学报), 1995, **21**(2): 204~209(in Chinese).
- [2] SHARMA S N, SAIN R S, SHARMA P K. The genetic control of flag leaf length in normal and late sown durum wheat[J]. *Agricultural Science*, 2003, **141**(3-4): 323~331.
- [3] FAROOQ M, TAGLE A G, SANTOS R E, et al. Quantitative trait loci mapping for leaf length and leaf width in rice cv. IR64 derived lines[J]. *Integrative Plant Biology*, 2010, **52**(6): 578~584.
- [4] XUE D W, CHEN M C, ZHOU M X, et al. QTL analysis of flag leaf in barley(*Hordeum vulgare* L.) for morphological traits and chlorophyll content[J]. *Zhejiang University Science B*, 2008, **9**(12): 938~943.
- [5] YUE B, XUE W Y, LUO L J, et al. QTL analysis for flag leaf characteristics and their relationships with yield and yield traits in rice[J]. *Acta Genetica Sinica*, 2006, **33**(9): 824~832.
- [6] MEI H W, LUO L J, YING C S, et al. Gene actions of QTLs affecting several agronomic traits resolved in a recombinant inbred rice population and two testcross populations[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, **107**(1): 89~101.
- [7] JIA H Y, WAN H S, YANG S H, et al. Genetic dissection of yield-related traits in a recombinant inbred line population created using a key breeding parent in China's wheat breeding[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, **126**(8): 2123~39.
- [8] 张坤普. 小麦分子遗传图谱的构建及数量性状基因定位[D]. 山东泰安: 山东农业大学, 2008.
- [9] 张秋. 普通小麦遗传图谱构建及重要农艺性状的 QTL 定位[D]. 山东泰安: 山东农业大学, 2012.
- [10] SONG H X(宋荷仙), LI Y J(李跃建), FENG J CH(冯君成), et al. A study on genetics of harvest index and source-sink of wheat[J]. *Scientia Agricultura Sinica*(中国农业科学), 1993, **26**(3): 21~26(in Chinese).
- [11] LI H, YE G, WANG J. A modified algorithm for the improvement of composite interval mapping[J]. *Genetics*, 2007, **175**(1): 361~374.
- [12] MCCOUCH S R, CHO Y G, YANO M, et al. Report on QTL nomenclature[J]. *Rice Genetics Newsletter*, 1997, **14**(11): 11~13.
- [13] JIAN KANG W. Inclusive composite interval mapping of quantitative trait genes[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, **35**(2): 239~245.
- [14] 李法计. 小麦发育稳定性和冬春性的遗传分析和基因定位[D]. 陕西杨陵: 西北农林科技大学, 2013.
- [15] CAO G, ZHU J, HE C, et al. Impact of epistasis and QTL×environment interaction on the developmental behavior of plant height in rice (*Oryza sativa* L.)[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, **103**(1): 153~160.
- [16] 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.
- [17] MA Z, ZHAO D, ZHANG C, et al. Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized F_2 populations[J]. *Molecular Genetics Genomics*, 2007, **277**(1): 31~42.
- [18] YANG Y F(杨煜峰), LU D ZH(陆定志). Genetic analysis on morphophysiological traits of barley flagleaf[J]. *Scientia Agricultura Sinica*(中国农业科学), 1991, **24**(1): 20~26(in Chinese).
- [19] 崔法. 高密度小麦遗传连锁图谱构建及产量相关性状 QTL 定位[D]. 山东泰安: 山东农业大学, 2011.