

普通小麦-野生二粒小麦染色体臂置换系籽粒与品质性状分析

王中秋 应鹏飞 陈梦涛 贺琼颖 胡鑫

(浙江农林大学农业与食品科学学院/浙江省农产品品质改良技术研究重点实验室, 311300, 浙江临安)

摘要 野生二粒小麦在农艺性状和品质性状上具有丰富的遗传变异, 这些优异基因的导入对促进优质小麦生产具有重要的意义。以普通小麦品种 Bethlehem (BLH) 为遗传背景的野生二粒小麦染色体臂置换系 (chromosome arm substitution lines, CASLs) 为材料, 进行 2 年一点田间试验, 考察籽粒 (粒长、粒宽和千粒重) 与品质相关性状 (蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值、淀粉含量和灰分含量)。结果表明: CASLs 群体中 3AL 2 年的粒长均显著长于亲本 BLH, 推测 3AL 染色体上至少有 1 个正效 QTL 控制野生二粒小麦的粒长, 至少 3 个控制粒长的负效 QTLs 分别位于 4BS、6BL 和 7BL, 至少 11 个控制千粒重的负效 QTLs 分别位于 2AS、5AS、6AL、7AS、1BS、1BL、4BS、4BL、5BL、6BL 和 7BL, 至少 6 个与蛋白质含量正相关的 QTLs 分别位于 6AL、1BS、2BS、3BL、7BS 和 7BL, 至少 3 个控制湿面筋形成的正效 QTLs 分别位于 2BL、7BS 和 7BL, 至少 3 个控制沉降值的主效 QTLs 分别位于 4AL、7AL 和 7BL, 至少 1 个控制淀粉形成的负效 QTL 位点位于 7BL; 至少 1 个促进小麦籽粒灰分含量增加的 QTL 位于 7BL 上。相关性分析表明, 千粒重与蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值和灰分含量呈显著或极显著的负相关, 蛋白质含量与湿面筋含量、沉降值和灰分含量均呈极显著正相关, 而与淀粉含量呈极显著负相关。综上所述, CASLs 群体具有丰富的遗传多样性, 且每个置换系只含有对应野生二粒小麦的染色体臂, 各置换系有着不同的遗传特点, 因此, 可以综合利用置换系的有利性状对小麦目标性状进行遗传改良, 进而为小麦育种提供更加丰富的遗传资源。

关键词 野生二粒小麦; 染色体臂置换系; 籽粒性状; 品质性状; 相关性分析

开放科学 (资源服务) 标识码 (OSID):



小麦 (*Triticum aestivum* L.) 是世界上主要粮食作物之一, 我国小麦种植面积和产量仅次于水稻和玉米, 占全国粮食作物面积的 21.4%^[1]。小麦全球年总产量高达 7.4 亿 t, 占世界粮食产量的 1/3^[2]。随着人们生活水平的不断提高, 小麦品质也逐渐成为人们关注的焦点, 保障小麦产量和提高品质已成为我国小麦育种的重要目标。研究表明, 小麦籽粒所含成分决定其面粉和加工品质, 而影响小麦品质的性状主要有蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值和淀粉含量等^[3]。蛋白质和淀粉含量对小麦的品质有着重要影响, 且与其他性状呈显著正相关或显著负相关^[4-5]。我国小麦育种技术发展迅速, 但也面临着诸多问题, 如品质育种经验不足和对小麦品质性状的鉴定手段落后等^[4], 因此, 研究小麦品质形成的控制因素, 对促进我国优质小麦生产具有重要的意义。随着近红外光谱检测品质方法的出现, 高居

荣等^[6-7] 对近红外光谱检测与国际化学法的一致性和可重复性进行了验证, 表明近红外仪可对小麦各项指标进行高效稳定快速的检测。

野生二粒小麦 (*Triticum dicoccoides*, $2n=4x=28$, AABB) 是普通小麦 (*Triticum aestivum* L., $2n=6x=42$, AABBDD) 的直系祖先^[8], 起源于以色列、叙利亚和地中海沿岸等中东地区, 这些地区从地中海沿岸至内陆沙漠在地理结构上存在着极大的反差。在长期的进化过程中, 由于生长环境的不同, 野生二粒小麦形成了对不同生态环境的强适应性, 分化出了不同的优异基因型, 表现出对多种病害 (赤霉病和锈病) 的抗性和对非生物胁迫 (耐旱和耐盐) 的耐性, 同时在农艺性状和籽粒品质 (蛋白质和湿面筋含量) 等方面具有丰富的遗传多样性^[9-11]。结合传统育种和分子标记育种的方法, 可以将野生二粒小麦中优异基因导入普通小麦中, 从

作者简介: 王中秋, 主要从事植物新品种选育研究, E-mail: 1106977276@qq.com

胡鑫为通信作者, 主要从事作物遗传育种研究, E-mail: huxin98@foxmail.com

基金项目: 浙江省农业 (粮食) 新品种选育重大科技专项 (2016C02050); 浙江农林大学学生科研训练项目 (KX20180023)

收稿日期: 2019-11-11; 修回日期: 2019-11-21; 网络出版日期: 2020-07-24

而达到改良小麦产量和品质性状的目的^[12]。

浙江省农产品品质改良技术研究重点实验室从以色列 Weizmann 科学院 Feldman 教授实验室引进了一套以六倍体普通小麦品种 Bethlehem (BLH) 为背景的野生二粒小麦染色体臂置换系 (chromosome arm substitution lines, CASLs)^[13]。BLH 是通过普通小麦品种 BLH 的双端体与野生二粒小麦 TDIC140 经人工杂交得到 F₁ 代, 再将 F₁ 代与 BLH 双端体经过 6~7 代回交, 最后自交 1 代, 结合细胞学鉴定和分子标记辅助选择得到的^[14]。染色体片段置换系群体具有农艺性状稳定、遗传背景清晰和目标区段明确等特点。Millet 等^[15]对 BLH 为背景的野生二粒小麦染色体臂置换系研究发现, 置换系 2BS、6AL 和 7BL 的蛋白质含量显著高于 BLH, 且蛋白质含量与产量呈显著负相关。本研究选用这套遗传材料, 通过 2 年在同一个地点的种植试验, 综合对比 2 年的籽粒性状和品质性状, 研究普通小麦品质性状形成的控制因素, 挖掘含有品质相关的优良基因的野生二粒小麦材料, 以期为我国小麦品质育种及改良提供理论依据和材料。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料是以 BLH 为背景的野生二粒小麦染色体臂置换系及亲本普通小麦 BLH 和野生二粒小麦 TDIC140^[16]。其中, TDIC140 的蛋白质含量高 (31.13%), BLH 为以色列的推广品种, 具有矮秆、高产和早熟等特点。野生二粒小麦共 28 个染色体臂, 理论上可产生 28 个置换系, 但由于 2AL、4AS、5AL 和 6BS 染色体臂的替换导致后代不育, 因此本套置换系涉及 24 个染色体臂。

1.2 试验方法

1.2.1 试验设计 24 个置换系材料及亲本 BLH 分别于 2017 年 11 月和 2018 年 11 月播种在浙江农林大学试验田。试验共设置 3 个重复, 各重复随机排列, 共 75 个小区, 小区面积 3m² (1.5m×2.0m), 行长 1.5m, 行间距 0.2m, 每行播种 30 粒种子, 出苗后进行田间均匀间苗, 苗间距控制在 10cm 左右。田间管理同一般大田, 在小麦的不同生育期做好水肥管理, 分别于 2018 年 5 月底和 2019 年 5 月底收获, 每小区收获籽粒, 晒干保存。

1.2.2 农艺性状调查 千粒重: 每 1 000 粒烘干种子的质量 (g); 粒长: 每粒种子的长度 (cm); 粒

宽: 每粒种子的宽度 (cm)。

每个材料随机选取 500 粒种子用精度为 0.01 的天平称重, 测量值乘以 2 即为千粒重, 重复 5 次。使用 SmartGrain 软件对小麦籽粒的长宽进行测量, 每个材料取 50 粒大小均匀的籽粒, 将籽粒腹缝线朝下均匀摆在水平玻璃板上 (放有刻度尺), 在同一区域使用扫描仪对每个材料进行扫描并结合 SmartGrain 软件 (<http://www.kazusa.or.jp/phenotyping/smartgrain/index.html>) 计算小麦籽粒的粒长和粒宽, 每个材料重复 3 次。

1.2.3 品质性状测定 利用福斯 (FOSS) 公司生产的 NIRS DS2500 多功能近红外品质分析仪进行 24 个置换系及亲本 BLH 2 年的小麦籽粒的品质测定, 每个材料重复测量 5 次。测定指标包括 5 项: 籽粒蛋白质含量 (以下简称蛋白质含量, %)、面粉湿面筋含量 (以下简称湿面筋含量, %)、面粉沉降值 (以下简称沉降值, mL)、籽粒淀粉含量 (以下简称淀粉含量, %) 和籽粒灰分含量 (以下简称灰分含量, %)。

1.2.4 数据处理 利用 Excel 2016 和 SPSS 22.0 软件进行数据整理、相关分析、方差分析及作图。

2 结果与分析

2.1 置换系群体籽粒性状和品质性状的遗传变异分析

由表 1 可知, 对于 CASLs 群体, 2 年中的千粒重、蛋白质含量、湿面筋含量和沉降值的变异系数均大于 6.00, 表明 CASLs 群体内存在丰富的遗传多样性, 可以从中筛选优异置换系作为品种改良资源或育种基础材料。

2.1.1 置换系籽粒性状的变异分析 由表 1 可知, CASLs 群体粒长 2 年平均值的变化范围为 5.90~7.50mm, 其中 2BS 置换系的粒长 (2019 年) 最长 (7.50mm), 4BS 置换系的粒长 (2018 年) 最短 (5.90mm), 平均变异系数为 4.70%, BLH 的平均粒长为 6.75mm。2 年各置换系材料相对于亲本 BLH 粒长变化百分比如图 1(a), CASLs 群体中只有 3AL 置换系的粒长 2 年均显著长于亲本 BLH, 且 3 个置换系 (4BS、6BL 和 7BL) 的粒长 2 年均显著低于 BLH。

2 年粒宽 (表 1), 平均变化范围分布为 2.80~3.70mm, 其中 7AS 置换系的粒宽 (2019 年) 值最大为 3.70mm, 6BL 置换系的粒宽 (2019 年) 值最

表 1 小麦 CASLs 群体的籽粒性状与品质性状遗传变异分析
Table 1 Genetic variation of grain traits and quality traits in wheat CASLs population

性状 Trait	年份 Year	亲本 Parent	CASLs 群体 CASLs population				
		BLH	最小值 Min	最大值 Max	变幅 Range	平均数 Mean	变异系数 Variable coefficient (%)
粒长 Grain length (mm)	2018	6.80	5.90	7.30	1.40	6.50	4.60
	2019	6.70	5.90	7.50	1.50	6.60	4.80
	均值 Mean	6.75	5.90	7.38	1.47	6.55	4.70
粒宽 Grain width (mm)	2018	3.30	2.90	3.60	0.70	3.30	5.20
	2019	3.20	2.80	3.70	0.90	3.20	6.80
	均值 Mean	3.25	2.86	3.66	0.81	3.25	6.00
千粒重 1000-grain weight (g)	2018	42.13	32.20	44.70	12.50	38.83	7.30
	2019	41.39	29.05	42.74	13.69	38.11	7.40
	均值 Mean	41.76	30.63	43.72	13.10	38.47	7.35
蛋白质含量 Protein content (%)	2018	13.53	12.24	18.55	6.31	13.89	8.30
	2019	13.43	12.38	16.99	4.61	13.73	6.60
	均值 Mean	13.48	12.31	17.77	5.46	13.81	7.45
湿面筋含量 Wet gluten content (%)	2018	26.75	24.18	38.99	14.81	28.44	9.50
	2019	27.45	24.20	35.87	11.67	28.04	7.40
	均值 Mean	27.10	24.19	37.43	13.24	28.24	8.45
沉降值 Zeleny (mL)	2018	40.55	32.15	62.75	30.60	41.32	13.10
	2019	40.99	32.43	51.65	19.22	40.63	9.90
	均值 Mean	40.77	32.29	57.20	24.91	40.98	11.50
淀粉含量 Starch content (%)	2018	58.42	53.11	60.72	7.61	58.23	2.20
	2019	58.25	53.12	61.56	8.44	58.35	2.60
	均值 Mean	58.34	53.12	61.14	8.03	58.29	2.40
灰分含量 Ash content (%)	2018	0.51	0.48	0.56	0.08	0.51	3.40
	2019	0.52	0.49	0.59	0.10	0.53	3.40
	均值 Mean	0.52	0.49	0.58	0.09	0.52	3.40

小为 2.80mm，平均变异系数为 6.00%，亲本 BLH 的平均粒宽为 3.25mm。CASLs 群体粒宽 2 年数据相对于亲本 BLH 粒宽变化百分比如图 1(b)，置换系的粒宽与亲本 BLH 无显著差异。

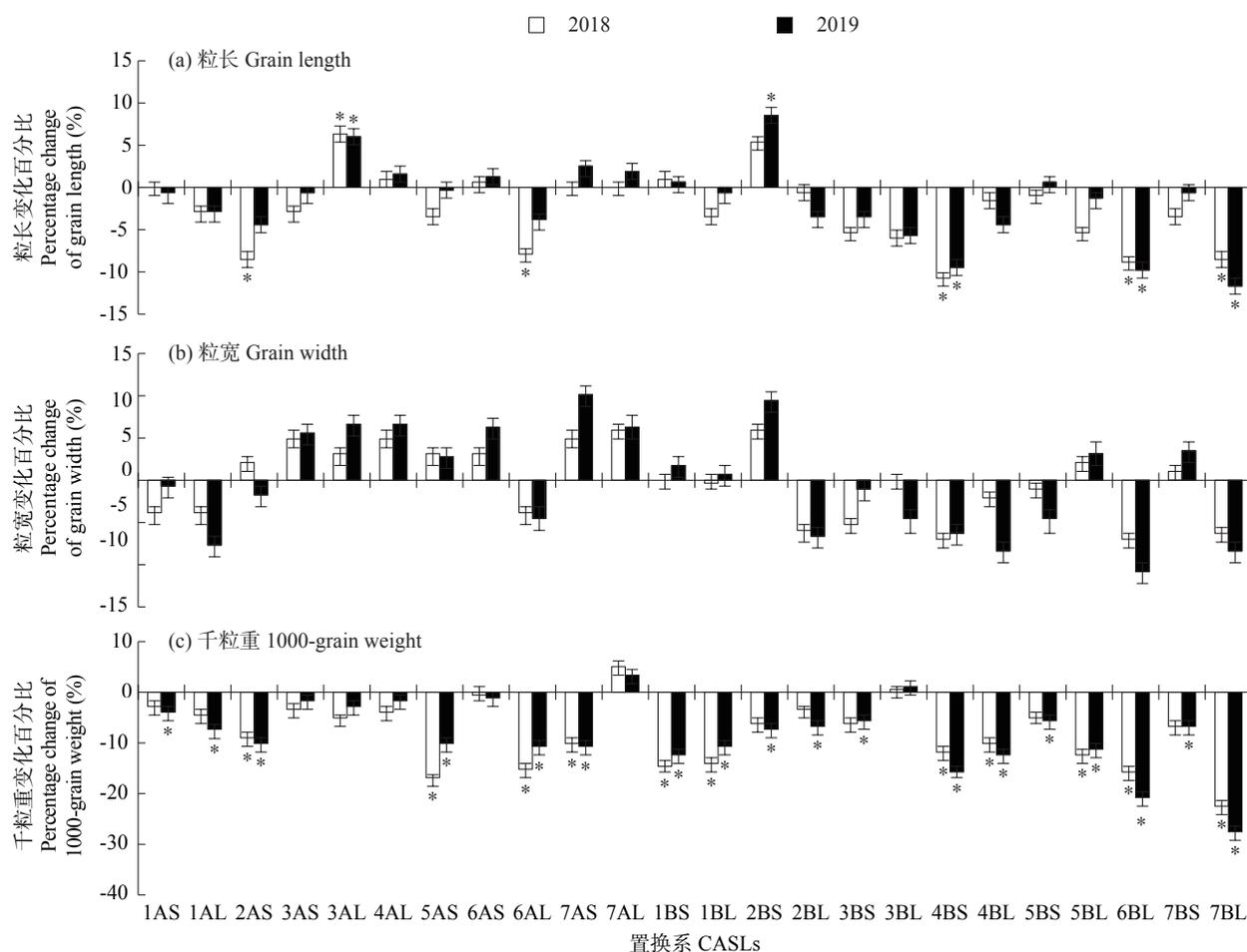
由表 1 可知，CASLs 群体千粒重 2 年平均值的的变化范围为 29.05~44.74g，其中 7AL 置换系的千粒重（2018 年）值最大为 44.74g，7BL 置换系的千粒重（2019 年）值最小为 29.05g，平均变异系数为 7.35%，亲本 BLH 的平均千粒重为 41.76g。由图 1(c) 可知，2 年除 7AL 和 3BL 置换系的千粒重相对于亲本 BLH 增加且没有显著差异，其余置换系相对于亲本 BLH 均呈现降低的趋势，其中 11 个置换系（2AS、5AS、6AL、7AS、1BS、1BL、4BS、4BL、5BL、6BL 和 7BL）2 年的千粒重均显著低于亲本 BLH。

综上所述，2 年 3AL 置换系的粒长均显著长于亲本，4BS、6BL 和 7BL 置换系的粒长均显著低于亲本；对于粒宽，各置换系与亲本均无显著差异；11 个置换系 2 年的千粒重均显著低于亲本 BLH。据此推测，在染色体臂 3AL 上可能至少有 1 个控

制野生二粒小麦粒长的正效 QTL 位点，在染色体臂 4BS、6BL 和 7BL 上可能至少各有 1 个控制粒长的负效 QTL 位点；可能存在至少 11 个控制千粒重的 QTL 位点，分别位于染色体臂 2AS、5AS、6AL、7AS、1BS、1BL、4BS、4BL、5BL、6BL 和 7BL 上。

2.1.2 置换系品质性状的变异分析 CASLs 群体蛋白质平均含量变化范围为 12.24%~18.55%（表 1），其中 7BL 置换系的蛋白质含量（2018 年）最高为 18.55%，3AS 置换系的蛋白质含量（2018 年）最低为 12.24%，平均变异系数为 7.45%，亲本 BLH 的平均蛋白质含量为 13.48%。2 年各置换系材料相对于亲本 BLH 蛋白质含量变化百分比如图 2(a)，CASLs 群体中 6 个置换系（6AL、1BS、2BS、3BL、7BS 和 7BL）2 年的蛋白质含量均显著高于亲本 BLH；不存在置换系 2 年的蛋白质含量均显著低于亲本 BLH 的情况。

平均湿面筋含量变化范围为 24.18%~38.99%（表 1），其中 7BL 置换系的湿面筋含量（2018 年）值最高为 38.99%，1AL 置换系的湿面筋含量（2019



“*”表示置换系与亲本之间差异显著 ($P < 0.05$)。下同

“*” indicates significant difference between the CASLs and the parent at 0.05 level. The same below

图1 小麦 CASLs 群体的籽粒性状与亲本的差异

Fig.1 Differences in grain traits relative to parent in wheat CASLs population

年)值最低为 24.18%，平均变异系数为 8.45%，亲本 BLH 的平均湿面筋含量为 27.10%。CASLs 群体湿面筋含量 2 年数据相对于亲本 BLH 湿面筋含量变化百分比如图 2(b)，CASLs 中只有 2BL、7BS 和 7BL 置换系 2 年的湿面筋含量均显著高于亲本 BLH。

CASLs 群体沉降值统计结果 (表 1) 表明，2 年平均沉降值数据分布范围为 32.15~62.75mL，其中 7BL 置换系的沉降值 (2018 年) 最高为 62.75mL，3AS 置换系的沉降值 (2018 年) 最低为 32.15mL，平均变异系数为 11.50%，亲本 BLH 的平均沉降值为 40.77mL。CASLs 群体沉降值 2 年数据相对于亲本 BLH 沉降值变化百分比如图 2(c)，CASLs 群体中只有 7BL 置换系 2 年的沉降值均显著高于亲本 BLH；4AL 和 7AL 置换系 2 年的沉降值均显著低于亲本 BLH。

对于淀粉含量的统计结果 [表 1, 图 2(d)] 表明，

2 年平均淀粉含量数据分布范围为 53.11%~61.56%，其中 3BS 置换系的淀粉含量 (2019 年) 最高为 61.56%，7BL 置换系的淀粉含量 (2018 年) 最低为 53.11%，平均变异系数较小为 2.40%，亲本 BLH 的平均淀粉含量为 58.34%。CASLs 群体中仅有 7BL 置换系 2 年的淀粉含量均显著低于亲本 BLH。

灰分含量的统计结果表明 [表 1, 图 2(e)]，2 年平均灰分含量数据分布范围为 0.48%~0.59%，其中 3BL 置换系的灰分含量 (2019 年) 最大为 0.59%，而 3AS 置换系的灰分含量 (2018 年) 最小为 0.48%，平均变异系数为 3.40%，亲本 BLH 的平均灰分含量为 0.52%。且 CASLs 群体中仅置换系 7BL 2 年的灰分含量均显著高于亲本 BLH。

综上所述，2 年 6 个置换系 (6AL、1BS、2BS、3BL、7BS 和 7BL) 的蛋白质含量均显著高于亲本 BLH；2BL、7BS 和 7BL 置换系的湿面筋含量均显著高于亲本 BLH；7BL 置换系的沉降值均显

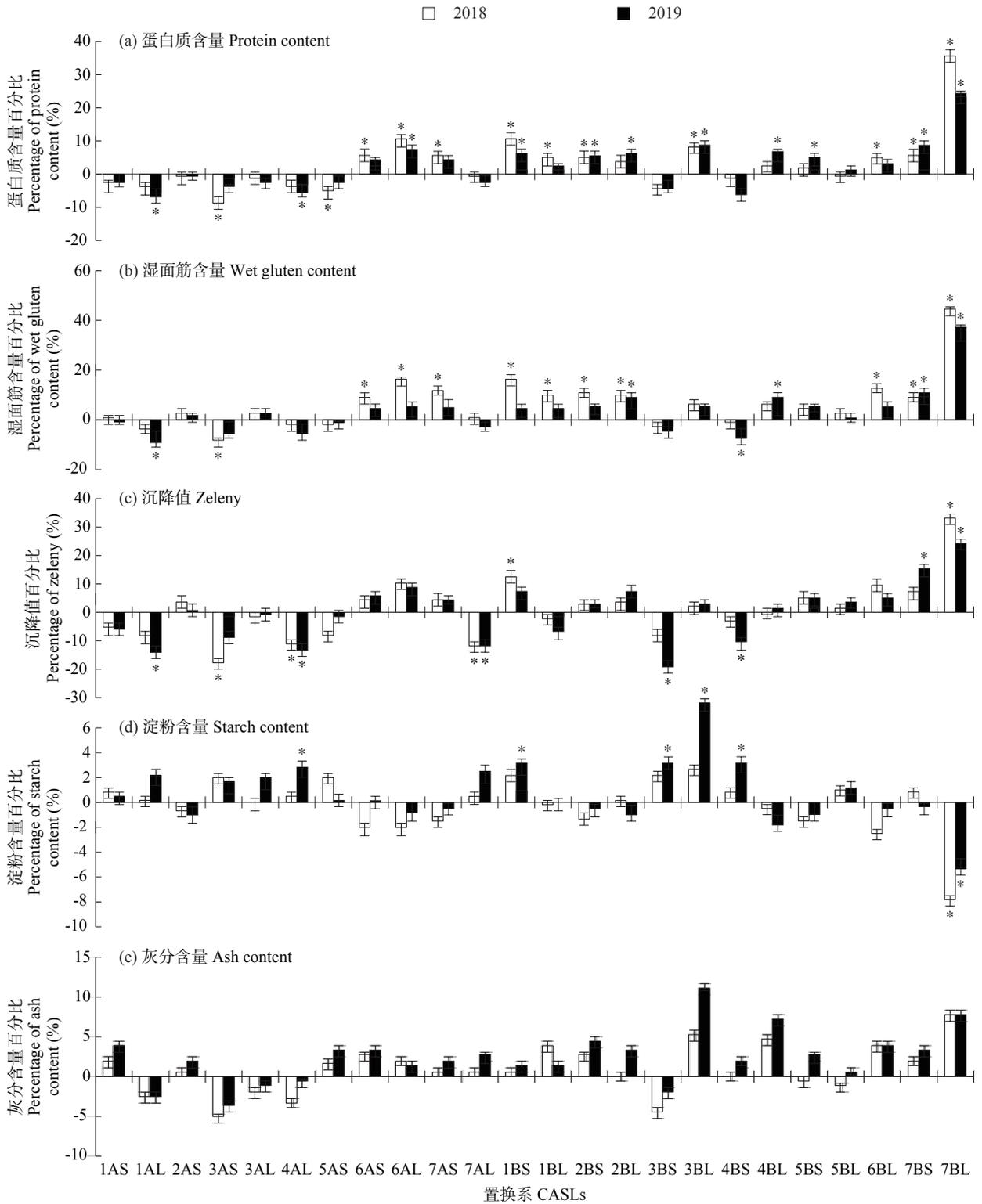


图 2 小麦 CASLs 群体的品质性状与亲本的差异

Fig.2 Differences in quality traits relative to parent in wheat CASLs population

著高于亲本 BLH, 4AL 和 7AL 置换系 2 年的沉降值均显著低于亲本 BLH; 7BL 2 年的淀粉含量均显著低于亲本 BLH; 7BL 2 年的灰分含量均显著高于亲本 BLH。由此推测, 在以上这些染色体臂上

可能存在控制小麦籽粒品质性状的 QTL 位点。至少 6 个促进蛋白质形成的正效 QTLs 位点, 分别在 6AL、1BS、2BS、3BL、7BS 和 7BL 染色体臂上; 在 2BL、7BS 和 7BL 染色体臂上至少各存在 1 个控

制湿面筋形成的正效 QTLs 位点; 在 4AL、7AL 和 7BL 染色体臂上至少各存在 1 个与沉降值相关的主效 QTLs 位点, 表明这些染色体对沉降值特性起着重要作用, 而沉降值的大小间接反映了蛋白质、湿面筋含量和品质的综合情况; 在 7BL 染色体臂上至少存在 1 个控制淀粉形成的负效 QTL 位点; 在 7BL 染色体上至少存在 1 个促进小麦籽粒灰分含量增加的正效 QTL 位点。

2.2 小麦籽粒与品质 2 年各性状相关性分析

为探明小麦籽粒与品质各性状间的关系, 对 2 年 CASLs 群体的小麦籽粒与品质性状进行相关性分析。结果 (表 2) 表明, 2 年粒长与粒宽、千粒重均呈极显著正相关关系, 相关系数分别为 0.57、0.47 和 0.81、0.61; 千粒重与蛋白质含量、湿面筋

含量、沉降值间分别呈极显著负相关关系, 相关系数分别为 -0.47、-0.55、-0.56 和 -0.48、-0.46、-0.39; 蛋白质含量与湿面筋含量、沉降值、灰分含量间分别呈极显著正相关关系, 相关系数分别为 0.96、0.88、0.68 和 0.96、0.84、0.55, 而蛋白质含量与淀粉含量则呈极显著负相关关系, 相关系数分别为 -0.77 和 -0.68; 湿面筋含量与沉降值、灰分含量间分别呈极显著正相关关系, 相关系数分别为 0.89、0.67 和 0.87、0.56, 而湿面筋含量与淀粉含量呈极显著负相关关系, 相关系数分别为 -0.77 和 -0.64; 沉降值与灰分含量呈极显著正相关关系, 相关系数分别为 0.60 和 0.45, 而沉降值与淀粉含量呈极显著负相关关系, 相关系数分别为 -0.66 和 -0.58; 淀粉含量与灰分含量呈极显著负相关关系, 相关系数分

表 2 主要性状之间的相关性分析
Table 2 Correlation analysis among major traits

2018 年 In 2018	粒长 Grain length	粒宽 Grain width	千粒重 1000-grain weight	蛋白质含量 Protein content	湿面筋含量 Wet gluten content	沉降值 Zeleny	淀粉含量 Starch content	灰分含量 Ash content	2019 年 In 2019
粒长	1	0.81**	0.61**	-0.27*	-0.26*	-0.15	0.27*	-0.18	粒长
粒宽	0.57**	1	0.43**	-0.25*	-0.25*	-0.15	0.33**	-0.20	粒宽
千粒重	0.47**	0.41*	1	-0.48**	-0.46**	-0.39**	0.16	-0.28	千粒重
蛋白质含量	-0.18	-0.38*	-0.47**	1	0.96**	0.84**	-0.68**	0.55**	蛋白质含量
湿面筋含量	-0.15	-0.39*	-0.55**	0.96**	1	0.87**	-0.64**	0.56**	湿面筋含量
沉降值	-0.23*	-0.12	-0.56**	0.88**	0.89**	1	-0.58**	0.45**	沉降值
淀粉含量	0.20	-0.31*	0.27*	-0.77**	-0.77**	-0.66**	1	-0.65**	淀粉含量
灰分含量	-0.17	0.22	-0.33*	0.68**	0.67**	0.60**	-0.63**	1	灰分含量

注: “*”、“**” 分别表示在 0.05 和 0.01 水平上显著相关

Note: “*” and “**” indicate significant correlation at 0.05 and 0.01 level, respectively

别为 -0.63 和 -0.65。

3 讨论

染色体臂置换系群体中, 每个理想的置换系都只带有 1 个外源染色体臂, 且该染色体臂上的基因功能不受其他染色体上基因的影响, 因此, 它是研究基因遗传模式和进行 QTLs 定位的理想材料。Pestsova 等^[17] 利用染色体片段置换系定位出与开花期、植株高度、穗长和千粒重等 17 个农艺性状相关的 QTL 位点; Rong^[18] 在置换系 2BS 上定位到 1 个光周期相关基因 (*Ppd-B1*) 和 1 个对白粉病抗性的基因。Lopes 等^[19] 利用普通小麦 Seri 和 Babax 的重组自交系在 2DS 上定位到了产量相关的 QTL 位点。本研究通过对 CASLs 群体 2 年的籽粒性状和品质性状的鉴定, 发现材料之间具有丰富的遗传变异, 因此, 该套置换系可以作为 QTL 定位和基因克隆的理想材料。

已有研究表明, 蛋白质含量和产量之间具有负相关关系, 同时增加产量和蛋白质含量很难在育种中实现, 阻碍了育种过程对小麦产量和品质的同时改良进程^[20-23]。Bogard 等^[24] 对 3 个小麦 DH 群体进行产量、蛋白相关 QTL 检测, 发现在染色体 2A、2D、3B、7B 和 7D 上蛋白质含量和产量的 QTL 处于同一位置, 并具有拮抗作用, 在染色体 3A 和 5D 上发现产量与蛋白质含量相互独立的基因组区域。本研究对 2 年小麦 CASLs 群体的蛋白质含量进行了检测, 发现了一些置换系的蛋白质含量在 2 年均比亲本显著增加, 表明在这些置换系对应的染色体臂上带有控制蛋白质含量的正效 QTLs, 如 2BS、6AL、7BL 染色体臂与 Millet 等^[15] 的研究结果一致。本研究还对 2 年的小麦籽粒粒长、粒宽、千粒重、湿面筋含量、沉降值、淀粉含量和灰分含量进行了测定, 发现一些染色体臂置换系的这些性状在 2 年都稳定表现出与亲本具有显著性差异, 因此,

推测至少有 1 个控制野生二粒小麦粒长的正效 QTL 定位在 3AL, 至少有 3 个控制粒长的负效 QTLs 分别定位于 4BS、6BL 和 7BL; 至少有 11 个控制千粒重的负效 QTLs 分别定位于 2AS、5AS、6AL、7AS、1BS、1BL、4BS、4BL、5BL、6BL 和 7BL; 至少有 6 个控制蛋白质形成的正效 QTLs 分别定位于 6AL、1BS、2BS、3BL、7BS 和 7BL, 至少有 3 个控制湿面筋形成的正效 QTLs 分别定位于 2BL、7BS 和 7BL; 至少有 3 个控制沉降值的主效 QTLs 分别定位于 4AL、7AL 和 7BL; 至少有 1 个控制淀粉形成的负效 QTL 位点定位于 7BL; 至少有 1 个促进小麦籽粒灰度增加的正效 QTL 定位于 7BL。

小麦籽粒大小是决定粒重的重要因素, 并且粒长与粒宽也是小麦形态学检测的重要指标^[25], 籽粒产量和蛋白质含量是衡量小麦经济价值的重要性状, 同时它们也是小麦育种的主要目标。部分品质性状之间以及产量性状与品质性状之间存在某种程度的相关性, 大量试验结果表明, 小麦蛋白质含量与干湿面筋含量、沉降值、灰分含量之间呈极显著正相关, 与总淀粉含量呈极显著负相关^[26-28]; 陈华萍等^[29]利用 67 份四川小麦地方品种进行农艺性状和品质性状的相关性分析, 发现千粒重与蛋白质含量、干湿面筋含量、沉降值之间存在显著或极显著的负相关性。本研究结果表明, 千粒重与蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值、灰分含量之间存在显著或极显著的负相关性, 蛋白质含量与湿面筋含量、沉降值、灰分含量均呈极显著正相关, 与淀粉含量呈极显著负相关, 尽管研究所用的材料不同, 但本研究结果与前人的结果基本一致。且 CASLs 群体中每个理想的置换系都只携带 1 个对应的外源野生二粒小麦染色体臂, 可以利用置换系结合相关性分析结果对目标性状有目的的进行遗传改良, 使被改良材料能综合置换系对应性状的特性而达到高产优质等效果。

4 结论

利用 CASLs 群体对小麦籽粒和品质性状进行调查分析, 表明 CASLs 群体具有丰富的遗传多样性, 根据统计分析结果推测, 至少有 29 个 QTLs 与籽粒和品质性状有关, 其中至少 4 个与粒长有关; 至少 11 个与千粒重有关; 至少 6 个与蛋白质含量有关, 至少 3 个与湿面筋含量有关; 至少 3 个与沉降值有关; 至少 1 个与淀粉含量有关; 至少 1 个与籽

粒灰度有关。对小麦籽粒性状和品质性状进行相关性分析表明, 千粒重与蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值、灰分含量之间存在显著或极显著的负相关性, 蛋白质含量与湿面筋含量、沉降值、灰分含量呈极显著正相关。

参考文献

- [1]何中虎, 庄巧生, 程顺和, 等. 中国小麦产业发展与科技进步. 农学学报, 2018, 8(1): 99-106.
- [2]2018/19年度全球粮食产量预计. 养猪, 2018(5): 9.
- [3]孔欣欣, 张艳, 赵德辉, 等. 北方冬麦区新育成优质小麦品种面条品质相关性状分析. 作物学报, 2016, 42(8): 1143-1159.
- [4]鞠兴荣, 袁建, 汪海峰, 等. 小麦主要质量指标与面条品质关系的研究. 粮食与饲料工业, 2005(12): 10-12.
- [5]李建勇, 王正银. 小麦品质影响因素研究进展. 陕西农业科学, 2007(6): 100-104.
- [6]高居荣, 樊广华, 李圣福, 等. 近红外光谱技术分析小麦品质的应用研究. 实验技术与管理, 2009, 26(3): 42-44.
- [7]高居荣, 韩秀兰, 孙彩玲, 等. DA7200近红外仪在小麦品质分析中的应用研究. 实验室科学, 2009(1): 173-176.
- [8]Chloupek O, Dostál V, Středa T, et al. Drought tolerance of barley varieties in relation to their root system size. Plant Breeding, 2010, 129(6): 630-636.
- [9]Huang L, Raats D, Sela H, et al. Evolution and adaptation of wild emmer wheat populations to biotic and abiotic stresses. Annual Review of Phytopathology, 2016, 54(1): 279-301.
- [10]Nevo E, Payne P I. Wheat storage proteins: diversity of HMW glutenin subunits in wild emmer from Israel. Theoretical and Applied Genetics, 1987, 74(6): 827-836.
- [11]Zohary D. Wild genetic resources of crops in Israel. Israel Journal of Plant Sciences, 1983, 32(2): 97-127.
- [12]Ahmadi H, Nazarian F. The inheritance and chromosomal location of morphological traits in wild wheat, *Triticum turgidum* L. ssp. *dicoccoides*. Euphytica, 2007, 158(1/2): 103-108.
- [13]Millet E, Rong J K, Qualset C O, et al. Production of chromosome-arm substitution lines of wild emmer in common wheat. Euphytica, 2013, 190(1): 1-17.
- [14]Feldman M, Millet E. Methodologies for identification, allocation and transfer of quantitative genes from wild emmer wheat. Wheat Genet Symp. Beijing: Chinese Agricultural Scientific and Technological Press, 1995: 19-26.
- [15]Millet E, Rong J K, Qualset C O, et al. Grain yield and grain protein percentage of common wheatlines with wild emmer chromosome-arm substitutions. Euphytica, 2014, 195(1): 69-81.
- [16]Rong J K, Millet E, Manisterski J, et al. A new powdery mildew resistance gene: Introgression from wild emmer into common wheat and RFLP-based mapping. Euphytica, 2000, 115(2): 121-126.
- [17]Pestsova E G, Andreas B, Marion S R. Development and QTL assessment of *Triticum aestivum*-*Aegilops tauschii* introgression lines. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 112(4): 634-647.
- [18]Rong J. PPD-B1 of *Triticum dicoccoides*, the candidate gene of a major QTL responsible for the later heading of common wheat-wild emmer chromosome arm substitution line 2BS. San Diego: The Largest Ag-Genomics Meeting in the World, 2014: 10-15.
- [19]Lopes M S, Reynolds M P, McIntyre C L, et al. QTL for yield and associated traits in the Seri/Babax population grown across several

- environments in Mexico, in the West Asia, North Africa, and South Asia regions. *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, 126(4): 971-984.
- [20] Blanco A, Pasqualone A, Troccoli A, et al. Detection of grain protein content QTLs across environments in tetraploid wheats. *Plant Molecular Biology*, 2002, 48(5/6): 615-623.
- [21] Groos C, Robert N, Bervas E, et al. Genetic analysis of grain protein-content, grain yield and thousand-kernel weight in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 106(6): 1032-1040.
- [22] Perretant M R, Cadalen T, Charmet G, et al. QTL analysis of bread-making quality in wheat using a doubled haploid population. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, 100(8): 1167-1175.
- [23] Sourdille P, Perretant M R, Charmet G, et al. Detection of QTL for bread-making quality in wheat using molecular markers// *Genetics and Breeding for Crop Quality and Resistance*. Springer Netherlands, 1999: 361-366.
- [24] Bogard M, Allard V, Martre P, et al. Identifying wheat genomic regions for improving grain protein concentration independently of grain yield using multiple inter-related populations. *Molecular Breeding*, 2012, 31(3): 587-599.
- [25] Dholakia B B, Ammiraju J S S, Singh H, et al. Molecular marker analysis of kernel size and shape in bread wheat. *Plant Breeding*, 2010, 122(5): 392-395.
- [26] 李志西, 魏益民, 张建国. 小麦蛋白质组分与面团特性和烘烤品质关系的研究. *中国粮油学报*, 1998, 13(3): 1-5.
- [27] 丁安明, 李君, 崔法, 等. 小麦关联RIL群体产量性状与品质性状的相关分析. *麦类作物学报*, 2011, 31(3): 480-486.
- [28] 蒋进, 蒋云, 王淑荣. 四川省近年育成小麦品种农艺性状和品质性状分析. *麦类作物学报*, 2019, 39(6): 682-691.
- [29] 陈华萍, 魏育明, 郑有良. 四川省的小麦地方品种品质分析. *植物遗传资源学报*, 2006, 7(1): 89-94.

Analysis of Grain and Quality Traits of Chromosome Arm Substitution Lines of *Triticum dicoccoides* in the Background of *Triticum aestivum*

Wang Zhongqiu, Ying Pengfei, Chen Mengtao, He Qiongying, Hu Xin

(School of Agriculture and Food Science, Zhejiang A & F University/Key Laboratory for Quality Improvement of Agricultural Products of Zhejiang Province, Lin'an 311300, Zhejiang, China)

Abstract To excavate the excellent genetic resources of wild emmer, the wild emmer chromosome arm substitution lines with the common wheat variety Bethlehem (BLH) as the genetic background was chosen. The yield related traits (grain length, grain width and 1000-grain weight) and quality related traits (protein content, wet gluten content, zeleny, starch content, and ash content) were investigated. The results showed that, the grain length of 3AL during two years was significantly longer than that of the parent BLH, suggesting at least one positive QTL for grain length on the 3AL chromosome arm of wild emmer. Similarly, at least three negative QTLs controlling grain length were located on 4BS, 6BL, and 7BL, respectively. At least 11 negative QTLs for 1000-grain weight were located on 2AS, 5AS, 6AL, 7AS, 1BS, 1BL, 4BS, 4BL, 5BL, 6BL and 7BL, respectively. At least six positive QTLs increasing protein content distributed on 6AL, 1BS, 2BS, 3BL, 7BS and 7BL, respectively. At least three positive QTLs responsible for wet gluten content were scattered at 2BL, 7BS and 7BL. At least three major QTLs controlling sedimentation value located at 4AL, 7AL and 7BL. Negative QTL site controlling starch content positioned at 7BL. QTL for ash content of wheat grain was on 7BL. Correlation analysis showed negative correlation between grain weight and protein content, wet gluten content, the zeleny and ash content, while the protein content was positively correlated with the wet gluten content, the zeleny, and the ash content and negatively correlated with starch content. Results showed that CASLs group are rich in genetic diversity, and each substitution lines only contains the chromosome arms corresponding to wild emmer, each of which has different genetic characteristics, so it can comprehensively utilize the favorable traits of the substitution lines.

Key words *Triticum dicoccoides*; Chromosome arm substitution lines; Grain trait; Quality trait; Correlation analysis