

引进 ICARDA 的小麦苗期抗旱性 鉴定及 SNP 关联分析

李云香¹, 侯万伟^{2,3}, 张小娟¹

(1.青海大学生态环境工程学院,青海 西宁 810016; 2.青海省农林科学院,青海 西宁 810016;
3.国家农作物种质资源备份库,青海 西宁 810016)

摘要:以引进国际干旱地区农业研究中心(ICARDA)的160份小麦为研究对象,在苗期用20%PEG-6000模拟干旱条件进行处理,以正常营养液作为对照,分析干旱环境对7个苗期相关性状(苗高、最长根长、根数、茎叶鲜质量、茎叶干质量、根鲜质量和根干质量)的影响,利用综合评价值进行抗旱评价及抗旱分级,并结合55K SNP芯片对159份小麦的苗期抗旱相关性状的抗旱系数进行关联分析。抗旱鉴定结果表明:干旱处理下的各个苗期相关性状均低于正常处理水平,按照综合评价值及系统聚类,将160份小麦分为高抗旱(5份)、中等抗旱(53份)、低抗旱(97份)和干旱敏感(5份)四类;在苗期筛选出5份高抗旱品种,包括ICARDA69、ICARDA51、ICARDA49、ICARDA83、ICARDA84,其D值分别为0.823、0.813、0.765、0.722、0.711。关联分析结果显示:利用24151个SNP标记位点结合苗期相关性状的抗旱系数在 $P \leq 0.001$ 水平下共定位到227个抗旱相关标记,分布在除1B、2D、4D和6D外的17条染色体上,可解释7.13%~14.68%的表型变异。检测到3个多效应位点,分别位于4B、5B和6A染色体上,可解释9.31%~13.28%的表型变异。其中,位于4B染色体上的AX-108789337与茎叶干质量和根干质量显著关联,可解释10.44%~13.28%的表型变异;位于5B染色体上的AX-109353092与苗高和根鲜质量显著关联,可解释9.31%~10.93%的表型变异;位于6A染色体上的AX-110432128与苗高和根鲜质量显著关联,可解释9.95%~9.99%的表型变异。

关键词:小麦;抗旱性鉴定;SNP;关联分析

中图分类号:S512.1; S32 **文献标志码:**A

Identification of drought resistance and SNP correlation analysis of wheat seedling introduced from ICARDA

LI Yunxiang¹, HOU Wanwei^{2,3}, ZHANG Xiaojuan¹

(1. College of Eco-Environmental Engineering, Qinghai University, Xining, Qinghai 810016, China;
2. Qinghai Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Xining, Qinghai 810016, China;
3. National Crop Germplasm Resources Duplex Database, Xining, Qinghai 810016, China)

Abstract: 160 wheat samples imported from the International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA) were used as the research objects. Treating with 20% PEG-6000 simulated drought conditions at the seedling stage, and the effects of arid environment on seven seedling related traits (plant height, maximum root length, root number, straw fresh mass, straw dry mass, root fresh mass and root dry mass) were analyzed by using the comprehensive evaluation values, and the drought resistance coefficients of drought-related traits at the seedling stage of 159 (excluded one unqualified sample) wheat were analyzed by combining 55K SNP markers. The results of drought resistance identification showed that the correlation of each seedling stage under drought treatment was lower than the normal treatment level. According to the comprehensive evaluation value and systematic clustering, 160 wheat samples were divided into four categories: high drought resistance (5 samples), medium drought resistance (53 samples), low drought resistance (97 samples), and drought sensitivity (5 samples). Five high drought

resistant varieties were selected during the seedling stage, including ICARDA69, ICARDA51, ICARDA49, ICARDA83, and ICARDA84, and their D values were 0.823, 0.813, 0.765, 0.722, and 0.711, respectively. The association analysis results showed that a total of 227 drought resistance related markers were located at the $P \leq 0.001$ level using 24151 SNP marker loci combined with seedling related traits, distributed on 17 chromosomes except 1B, 2D, 4D, and 6D, which explained phenotypic variations of 7.13%~14.68%. Three multiple effector loci were detected, located on chromosomes 4B, 5B, and 6A respectively, which explained phenotypic variations ranging from 9.31%~13.28%. Among them, AX-108789337 located on chromosome 4B was significantly associated with straw dry mass and root dry mass, which explained 10.44%~13.28% of phenotypic variations. Located on the 5B chromosome, AX-109353092 was significantly associated with plant height and root fresh mass, which explained phenotypic variations ranging from 9.31%~10.93%. Located on chromosome 6A, AX-110432128 was significantly associated with plant height and root fresh mass, which explained phenotypic variations ranging from 9.95%~9.99%.

Keywords: wheat; drought resistance identification; SNP; association analysis

我国是干旱灾害发生十分严重的国家,每年旱灾发生占总自然灾害的15%以上^[1]。青海省处于我国西北部的青藏高原,干旱灾害十分频繁且严重,旱灾的发生将使青海省东部农业区小麦的产量和品质受到极大影响^[2-3]。选育高抗旱品种以及更深入研究高抗旱品种的抗旱作用机制对于保证青海省粮食安全具有重要意义。

苗期是小麦生长发育的关键时期,在苗期表现的抗旱性将对植株后期生长具有重要影响^[4]。为选育出高抗旱品种,许多学者选择在苗期使用聚乙二醇(PEG-6000)作为渗透剂模拟干旱条件来筛选抗旱品种。例如孙宪印等^[5]、赵佳佳等^[6]和李凤珍等^[7]利用PEG-6000模拟干旱条件对不同地区的小麦做了芽期和苗期的抗旱性筛选。因此,在苗期使用PEG-6000鉴定小麦抗旱性具有可行性。

小麦的抗旱性是数量遗传性状,是受多基因控制的,仅靠表型鉴定与生理鉴定是不够的^[8]。目前,国内外许多学者致力于利用分子标记结合关联分析对小麦抗旱性进行遗传研究,尤其是基于SNP标记的关联分析的使用越来越广泛。王博华等^[9]利用90K SNP芯片以国内外300份小麦材料为研究对象,共检测到41个SNP位点。Rabbi等^[10]利用90K SNP芯片以361份小麦材料为研究对象在9个不同的环境下检测到了69个与抗旱相关的位点,其主要位于染色体1A、3A、3B、3D、4A、4B、4D、5B、6A、7A和7B上。Maulana等^[11]基于SNP标记的混合线性模型在染色体1B、2A、2B、2D、3A、3B、3D、4B、5A、5B、6B和7B上检测到多个与幼苗耐旱相关性状相关的显著位点,确定了12个响应干旱胁迫的稳定位点。

目前,SNP标记技术已经越来越成熟,但青海省小麦种质研究中应用该技术选育抗旱品种、挖掘

相关遗传位点的研究较少。因此,本研究以引进国际干旱农业研究中心(International Center for Agricultural Research in the Dry Areas, ICARDA)的160份小麦为材料,对其进行苗期的抗旱性鉴定及SNP位点挖掘,以期筛选出高抗旱品种及其抗旱相关SNP位点,为青海省小麦育种提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

供试的160份小麦材料(详见表1),由西北农林科技大学韩德俊教授馈赠。2022年8月至2023年5月于青海省农科院实验室的恒温箱中进行水培。

1.2 试验方法

1.2.1 苗期干旱处理 将小麦种子用超纯水洗净,经3% NaClO消毒10 min后,超纯水反复冲洗2~3次,将种子浸泡在超纯水中吸胀24 h。选取露白的种子均匀摆放至垫有两层滤纸的方形培养皿中(10 cm×10 cm),并放入培养箱中培养。培养条件为25℃恒温培养,12 h光照,12 h黑暗,光照强度为12 000 Lx。培养至7 d后挑选长势一致的幼苗,去除胚乳,用泡沫条固定在泡沫板上并放入育苗盘(36 cm×36 cm×5 cm)中进行缓苗(3~5 d),幼苗生长至两叶期后,开始进行干旱处理,干旱胁迫组在育苗盘中加入20%的PEG-6000营养液,对照组中加入正常的Hoagland营养液。试验处理设3次重复,每个重复15株,处理7 d后,挑选长势接近一致的5株苗,测定其表型数据。

1.2.2 表型测定及数据分析 采用的抗旱性相关性状为最长根长(Maximum root length, MRL)、苗高(Plant height, PH)、根条数(Root number, RN)、根鲜质量(Root fresh mass, RFM)、茎叶鲜质量(Straw fresh

表 1 供试材料信息
Table 1 Material information

品种 Variety	谱系 Pedigree
ICARDA1	WEAVER/WL 3928//SW 89.3064/3/SOMAMA-3
ICARDA2	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/PFAU/MILAN
ICARDA3	YMI #6/GEN//TIA.1/3/VEE#5//DOVE/BUC/4/ASFOOR-4
ICARDA4	WEAVER/WL 3928//SW 89.3064/3/LAKTA-7
ICARDA5	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/FLORKWA-1
ICARDA6	PBW343 * 2/KUKUN//22SAWSN - 97
ICARDA7	CHAMARAN/LAKTA-7
ICARDA8	ATENA-1//MILAN/DUCULA
ICARDA9	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/6/LFN/II58.57//PRL/3/HAHN/4/KAUZ/5/KAUZ
ICARDA10	HUBARA-13/4/TRAP#1/BOW//PFAU/3/MILAN
ICARDA11	PASTOR-2/3/SHUHA-7//SERI 82/SHUHA ' S'
ICARDA12	HUBARA-1/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR
ICARDA13	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/SHUHA-7//SERI 82/SHUHA ' S'
ICARDA14	TEVEE-11/SHUHA-19/7/KEA/TAN/4/TSH/3/KAL/BB//TQFN/5/WL7168/6/SNB
ICARDA15	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA16	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/MNCH/3 * BCN
ICARDA17	KAUZ ' S' /SERI/4/SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ
ICARDA18	P1.861/RDWG//DAJAJ-10
ICARDA19	VEE7/KAUZ//PFAU/MILAN
ICARDA20	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/WEAVER/JACANA
ICARDA21	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ESDA/SHWA//BCN
ICARDA22	KAUZ ' S' /SERI/3/TEVEE ' S' //CROW/VEE ' S'
ICARDA23	KAUZ ' S' /SERI/3/TEVEE ' S' //CROW/VEE ' S'
ICARDA24	ATTILA * 2/PBW65//PFAU/MILAN
ICARDA25	ATTILA * 2/PBW65//PFAU/MILAN
ICARDA26	WHEATEAR/22SAWSN - 156
ICARDA27	YMI #6/GEN//TIA.1/3/VEE#5//DOVE/BUC/4/MILAN/PASTOR
ICARDA28	TRACHA-2/SHUHA-3//KAUZ/FLORKWA-1
ICARDA29	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/TEVEE ' S' /BOBWHITE #1
ICARDA30	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/TEVEE ' S' /BOBWHITE #1
ICARDA31	DEBEIRA/4/KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/KAUZ
ICARDA32	KAUZ/SAMAR-15//RDWG/MILAN
ICARDA33	CHILERO-1/4/VEE ' S' /3/HORK/4MH//KAL-BB/5/CATBIRD-10
ICARDA34	HAMAM-2/FLAG-4
ICARDA35	STAR * 3/LOTUS-5/4/TAM200/TUI//MILAN/KAUZ/3/CROC-1/AE.SQUARROSA (224)//OPATA
ICARDA36	VEE/PJN//2 * KAUZ/3/MILAN/DUCULA
ICARDA37	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/PFAU/MILAN
ICARDA38	SHUHA-4//NS732/HER/3/MILAN/DUCULA
ICARDA39	SHUHA-4//NS732/HER/3/MILAN/DUCULA
ICARDA40	HADIAH-14/3/MUNIA/CHTO//MILAN
ICARDA41	GIZA-164//TNMU/MILAN

续表 1

Continued table 1

品种 Variety	谱系 Pedigree
ICARDA42	GIZA-164//TNMU/MILAN
ICARDA43	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/KAUZ'S'/FLORKWA-1
ICARDA44	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/FLORKWA-1
ICARDA45	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/FLORKWA-1
ICARDA46	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/FLORKWA-1
ICARDA47	OPATA/RAYON//KAUZ/3/PFAU/MILAN
ICARDA48	SHUHA-4//NS732/HER/3/TNMU/MILAN
ICARDA49	SHUHA-4//NS732/HER/3/TNMU/MILAN
ICARDA50	ATTILA 50Y//ATTILA/BCN/3/PFAU/MILAN
ICARDA51	JAWAHIR-1/GIRWILL-5
ICARDA52	SEKSAKA-7//SHUHA-3/PGO/SERI 82
ICARDA53	KBG-01/TOWPE
ICARDA54	SIDS-1//ATTILA * 2/RAYON
ICARDA55	SIDS-1//ATTILA * 2/RAYON
ICARDA56	GIZA-168/4/ATTILA * 2/3/KAUZ * 2/TRAP//KAUZ
ICARDA57	GIZA-168/4/ATTILA * 2/3/KAUZ * 2/TRAP//KAUZ
ICARDA58	GIZA-168/4/ATTILA * 2/3/KAUZ * 2/TRAP//KAUZ
ICARDA59	ATTILA * 2/RAYON//CATBIRD-1
ICARDA60	ATTILA * 2/RAYON//CATBIRD-1
ICARDA61	ATTILA * 2/CROW/3/VEE#5/SARA//DUCULA
ICARDA62	ATTILA * 2/CROW/3/VEE#5/SARA//DUCULA
ICARDA63	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/HXL8246/KAUZ
ICARDA64	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/HXL8246/KAUZ
ICARDA65	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/HXL8246/KAUZ
ICARDA66	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/KAUZ/GYS//KAUZ
ICARDA67	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/KAUZ/GYS//KAUZ
ICARDA68	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/PFAU/MILAN
ICARDA69	SERI.1B//KAUZ/GEN/3/AMAD/4/TEVEE'S'/SHUHA'S'
ICARDA70	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/HUBARA-13
ICARDA71	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/HUBARA-13
ICARDA72	VEE/PJN//2 * KAUZ/3/SHUHA-4/FOW-2
ICARDA73	ATTILA//VEE#5/DOBUC'S'/3/WATAN-7
ICARDA74	ATTILA//VEE#5/DOBUC'S'/3/WATAN-7
ICARDA75	ATTILA//VEE#5/DOBUC'S'/3/QADANFER-9
ICARDA76	HAR-1685 = ATILLA-7/REBWAH-12
ICARDA77	VEE/NAC//REBWAH-19
ICARDA78	VEE/NAC//REBWAH-19
ICARDA79	VEE/NAC//REBWAH-19
ICARDA80	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/FLORKWA-2
ICARDA81	CHAMARAN/3/VEE#5/SARA//DUCULA
ICARDA82	TILILA/MUBASHIR-1

续表 1

Continued table 1

品种 Variety	谱系 Pedigree
ICARDA83	TILILA/MUBASHIIR-1
ICARDA84	CHAM-4/MUBASHIIR-9
ICARDA85	CHAM-4/MUBASHIIR-9
ICARDA86	VAGA 92/EID-6
ICARDA87	HUW 234/REBWAH-19
ICARDA88	QAFZAH-7/FLAG-4
ICARDA89	QAFZAH-23/ZEMAMRA-2
ICARDA90	QAFZAH-27/SEKSAKA-6
ICARDA91	K6295-4A/FLAG-8
ICARDA92	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/SHIHAB-7
ICARDA93	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/SHIHAB-7
ICARDA94	WATAN-7/SEKHRAH-2
ICARDA95	WATAN-7/SEKHRAH-2
ICARDA96	PASTOR-5/SHIHAB-5
ICARDA97	MILAN/DUCULA//AL-ZEHRAA-1
ICARDA98	PVN//KAUZ/PVN/4/CROCI/AE.SQUARROSA (205)//KAUZ/3/ATTILA
ICARDA99	CROCI/AE.SQUARROSA (205)//KAUZ/3/ATTILA/4/FLAG-1
ICARDA100	CROC-1/AE.SQUARROSA (224)//OPATA/3/FLAG-7
ICARDA101	CROC-1/AE.SQUARROSA (224)//OPATA/3/FLAG-7
ICARDA102	AMIR-2/TAJAN
ICARDA103	CHIL/CHUM18//ATTILA * 2/RAYON
ICARDA104	KAUZ//MON/CROW' S' /3/SHUHA-4//NS732/HER/4/MILAN/PASTOR
ICARDA105	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/REBWAH-13/5/FLAG-8
ICARDA106	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/GYS//KAUZ/5/MUNIA/ALTAR 84//MILAN
ICARDA107	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/GYS//KAUZ/5/ICARDA-SRRL-9
ICARDA108	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/6/LFN/H58.57//PRL/3/HAHN/4/KAUZ/ 5/KAUZ/7/SITE/MO/3/VORONA/BAU//BAU
ICARDA109	KAUZ/AA//KAUZ/3/SOMAMA-3/4/WATAN-10
ICARDA110	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/ANGI-1/5/KABOWSH-1
ICARDA111	GOUBARA-1/ANGI-1//QAFZAH-21
ICARDA112	VEE7/KAUZ/3/KAUZ//MON/CROW' S' /4/QAFZAH-33
ICARDA113	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/SARA 1/STAR//SW89.3064
ICARDA114	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/SARA 1/STAR//SW89.3064
ICARDA115	QIMMA-12/REBWAH-13/3/NG8675/CBRD//MILAN
ICARDA116	STAR * 3/LOTUS-5/3/CHUM//7 * BCN/4/FLAG-2
ICARDA117	STAR * 3/LOTUS-5/3/CHUM//7 * BCN/4/FLAG-2
ICARDA118	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/TNMU/MILAN/5/WATAN-12
ICARDA119	HUBARA-1/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/WATAN-5
ICARDA120	HUBARA-1/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/WATAN-5
ICARDA121	HUBARA-1/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/WATAN-5
ICARDA122	HUBARA-1/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/WATAN-5
ICARDA123	P1.861/RDWG//KAPSW/SHUHA-17/3/MUBASHIIR-12
ICARDA124	KAUZ//MON/CROW' S' /3/KAUZ//KAUZ/STAR/5/SHAMIEKH-7
ICARDA125	KASYON/GENARO 81//TEVEE-1/.../4/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/KAUZ/5/FLAG-8
ICARDA126	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/SHUHA-7//SERI 82/SHUHA' S' /5/OPATA/RAYON//KAUZ
ICARDA127	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/PYN/BAU//MILAN/5/OPATA/RAYON//KAUZ
ICARDA128	HOOSAM-8//CHAM-6/FLOKWA-2/3/ICARDA-SRRL-3

续表 1

Continued table 1

品种 Variety	谱系 Pedigree
ICARDA129	HOOSAM-8//CHAM-6/FLORKWA-2/3/ICARDA-SRRL-3
ICARDA130	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA131	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA132	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA133	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA134	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA135	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA136	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA137	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S'/SHUHA-15
ICARDA138	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA139	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA140	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA141	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA142	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA143	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA144	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD * 2/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA
ICARDA145	P1.861/RDWG//DAJAJ-10/3/MILAN/PASTOR
ICARDA146	P1.861/RDWG//DAJAJ-10/3/MILAN/PASTOR
ICARDA147	VEE7//KAUZ/6/LFN/II58.57//PRL/3/HAHN/4/KAUZ/5/KAUZ/7/MILAN/PASTOR
ICARDA148	VEE7//KAUZ/6/LFN/II58.57//PRL/3/HAHN/4/KAUZ/5/KAUZ/7/MILAN/PASTOR
ICARDA149	VEE7//KAUZ//PFAU/MILAN/3/MILAN/PASTOR
ICARDA150	VEE7//KAUZ//PFAU/MILAN/3/MILAN/PASTOR
ICARDA151	VEE7//KAUZ//PFAU/MILAN/3/MILAN/PASTOR
ICARDA152	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/WEAVER/JACANA/5/CROC-1/AE.SQUARROSA (224)//OPATA
ICARDA153	ATTILA * 2/CROW//MILAN/PASTOR/3/FLAG-6
ICARDA154	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/SAMAR-15/5/ICARDA-SRRL-1
ICARDA155	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/SAMAR-15/5/P1.861/RDWG/3/KAUZ//MON/CROW'S'
ICARDA156	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/SAMAR-15/5/P1.861/RDWG/3/KAUZ//MON/CROW'S'
ICARDA157	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/SAMAR-15/5/P1.861/RDWG/3/KAUZ//MON/CROW'S'
ICARDA158	SERI.1B * 2/3/KAUZ * 2/BOW//KAUZ/4/KAUZ/SAMAR-15/5/P1.861/RDWG/3/KAUZ//MON/CROW'S'
ICARDA159	QIMMA-12/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/ BOW/4/PASTOR/6/LUCO-M/BL1133//OCI/3/WEAVER
ICARDA160	KATILA-7/4/CROC-1/AE.SQUARROSA (224)//OPATA/3/PASTOR/5/PASTOR//MUNIA/ALTAR 84

mass, *SFM*)、根干质量(Root dry mass, *RDM*)和茎叶干质量(Straw dry mass, *SDM*)。用千分之一天平测量根鲜质量和苗鲜质量,在 105 °C 下杀青 30 min, 80°C 烘至恒重,测定根干质量和茎叶干质量。

运用 WPS Office 和 IBM SPSS Statistics 25.0 软件进行表型数据处理,计算抗旱系数、隶属函数值、权重以及综合评价进行抗旱性的评价,计算方法参照文献[12-13]。用 Origin 2021 绘制相关性分析图和聚类图,并用 R 语言计算遗传力。

1.3 SNP 数据质控以及群体结构分析

利用小麦 55K SNP 芯片(中玉金标记(北京)生物技术有限公司)对 160 份品种进行全基因组扫描,共获得 159 份(剔除 1 份检测不合格样品: ICARDA81)小麦材料的原始数据 53063 个。用 VcfTools^[14]软件进行质控,剔除缺失率>20%和最小等位基因(MAF)<5%的 SNP 位点,经质控后共获得 24151 个高质量 SNP 标记。利用 Power Maker V3.25 软件^[15]计算供试材料的遗传多样性和多态信

息含量(Polymorphic information content, PIC), $PIC = 1 - \sum (P_{ij})^2$ (P_{ij} 表示 i 位点的第 j 个等位变异出现的频率)。在筛选的 24151 个 SNP 标记中利用 Plink1.9 软件^[16] 再次进行 LD 过滤, 获得 2821 个 SNP 标记, 用 Admixture 软件^[17] 进行群体结构分析, 将运行群体数目 (K 值) 设定在 2~15 区间, 每个 K 值重复 5 次后取平均值, 通过计算得到每个 K 值所对应的交叉验证错误率 CV 值 (Cross-validation error), CV 值最小的对应 K 值即为最佳亚群数目。采用 R 语言绘制亚群图。

1.4 关联分析

通过高质控得到的 24151 个 SNP 标记位点, 结合表型数据对 159 份小麦材料的苗期性状抗旱系数进行关联分析。以 Tassel 软件^[18] 运算得到的亲缘关系 K 矩阵和 Admixture 软件运算得到的 Q 矩阵作为协变量, 采用一般线性模型 (General linear model, GLM) 和混合线性模型 (Mixed linear model, MLM) 进行关联分析, 通过对两种模型的结果比对, 采用 Tassel 软件中 $Q+K$ 混合线性模型为最优模型选择, 以 $P \leq 0.001$ 为阈值判定与目标性状显著关联的 SNP 位点。用 R 语言绘制 QQ 图和曼哈顿图。

2 结果与分析

2.1 苗期表型性状的变异性分析

通过对两种处理下各个品种的不同性状进行统计分析 (表 2), 发现在两种处理下各性状都表现出较为广泛的变异, 变异范围为 7.53%~43.13%。

在干旱处理下, 苗高和根数性状的变异系数小于 10%, 而最长根长、茎叶鲜质量、根鲜质量、茎叶干质量和根干质量变异系数均超过 10%, 其中茎叶鲜质量抗旱系数的变异系数达到了最大, 为 43.13%, 这说明茎叶鲜质量受处理环境影响较大。所测性状的遗传力范围为 0.074~0.968, 其中茎叶鲜质量的遗传力最小, 为 0.074, 而根数的遗传力最大, 为 0.968。

2.2 苗期抗旱系数之间的相关性

如图 1 (见 32 页), 通过对 7 个表型数据的抗旱系数进行相关性分析, 结果表明, DC_{PH} 除了与 DC_{SFM} 之间呈现不相关之外, 与其他 5 个性状的抗旱系数之间均呈现出极显著正相关; DC_{MRL} 和 DC_{RN} 与 DC_{RFM} 、 DC_{SDM} 、 DC_{RDM} 两两之间呈现极显著正相关; DC_{SFM} 与 DC_{SDM} 之间呈现极显著正相关, DC_{SFM} 与 DC_{RDM} 之间呈显著正相关; DC_{RFM} 与 DC_{SDM} 和 DC_{RDM} 之间呈极显著正相关; DC_{SDM} 与 DC_{RDM} 之间均呈现极显著正相关。

2.3 小麦苗期性状的主成分分析

对小麦苗期的 7 个性状进行主成分分析, 提取 4 个主成分因子, 累计贡献率为 87.92% (表 3)。表明小麦苗期的第一主成分的贡献率为 49.393%, 特征值为 3.457, 苗高、根数、根鲜质量、茎叶干质量和根干质量的荷载系数较大; 第二主成分的贡献率为 15.528%、特征值为 1.087, 最长根长的荷载系数较大; 第三主成分的贡献率为 14.131%、特征值为 0.989, 茎叶鲜质量的荷载系数较大; 第四主成分的贡献率为 8.868%、特征值为 0.621, 苗高的荷载系数较大。

表 2 小麦苗期性状的变异性

Table 2 Variation of wheat seedling traits

处理 Treatment	参数 Parameter	苗高 PH/cm	最长根长 MRL/cm	根数 RN	茎叶鲜质量 SFM/g	根鲜质量 RFM/g	茎叶干质量 SDM/g	根干质量 RDM/g
对照 Control	最大值 Max.	29.28	23.10	9.6	0.468	0.276	0.054	0.019
	最小值 Min.	16.12	8.76	4.4	0.116	0.050	0.019	0.006
	平均值 Average	22.65	14.43	6.7	0.246	0.145	0.031	0.011
	标准差 SD	2.70	3.07	0.8	0.057	0.040	0.007	0.002
	变异系数 $CV/\%$	11.91	21.24	11.9	23.341	27.742	21.099	21.045
干旱处理 Drought treatment	最大值 Max	19.23	16.22	7.8	0.166	0.161	0.041	0.016
	最小值 Min	10.68	8.53	5.1	0.060	0.062	0.015	0.007
	平均值 Average	15.32	12.33	6.6	0.119	0.110	0.023	0.011
	标准差 SD	1.35	1.78	0.5	0.019	0.019	0.003	0.002
	变异系数 $CV/\%$	8.82	14.42	7.5	16.318	17.309	15.306	15.580
抗旱系数 Drought resistance coefficient	最大值 Max	0.90	1.32	1.3	0.851	1.294	1.247	1.540
	最小值 Min	0.50	0.55	0.7	0.116	0.378	0.370	0.522
	平均值 Average	0.68	0.87	1.0	0.377	0.795	0.752	0.985
	标准差 SD	0.08	0.13	0.1	0.163	0.179	0.131	0.162
	变异系数 $CV/\%$	11.35	14.38	10.0	43.130	22.491	17.442	16.447
广义遗传力 H^2		0.109	0.782	0.968	0.074	0.585	0.385	0.368

表3 小麦苗期各综合指标特征值、贡献率和累计贡献率

Table 3 Characteristic value, contribution rate and cumulative contribution rate of each comprehensive index in wheat seedling stage

性状 Trait	主成分 Principal component			
	1	2	3	4
苗高 <i>PH</i>	0.692	0.016	-0.171	0.686
最长根长 <i>MRL</i>	0.402	0.854	0.009	-0.152
根数 <i>RN</i>	0.644	-0.583	-0.165	-0.243
茎叶鲜质量 <i>SFM</i>	0.235	-0.110	0.956	0.080
根鲜质量 <i>RFM</i>	0.884	-0.018	-0.107	-0.071
茎叶干质量 <i>SDM</i>	0.878	0.004	0.080	-0.003
根干质量 <i>RDM</i>	0.891	0.066	0.023	-0.237
特征值 Eigenvalues	3.457	1.087	0.989	0.621
贡献率 Contribution rate/%	49.393	15.528	14.131	8.868
累计贡献率/% Cumulative contribution rate	49.393	64.920	79.052	87.920

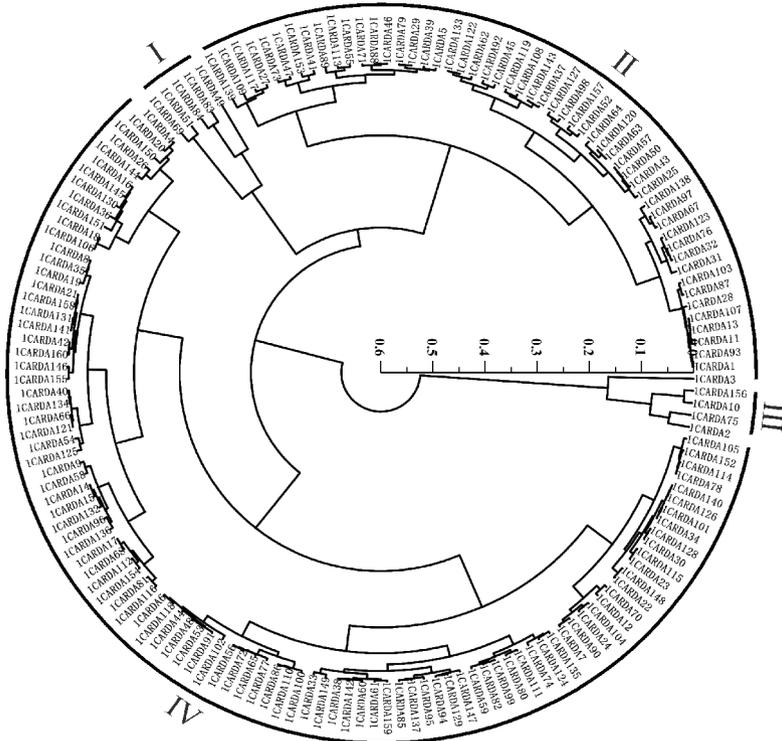
2.4 小麦苗期的聚类分析

根据参照方法计算得出各个品种的抗旱系数、隶属函数值、权重和综合评价值(*D*值)。苗期4个主成分的权重分别为0.562、0.177、0.161和0.101,供试品种的*D*值的范围为0.184~0.823(表4)。

聚类分析结果如图2所示,将参试材料分为高抗旱、中等抗旱、低抗旱和干旱敏感4类。类群I为高抗旱品种共5份(3.125%),*D*值范围为0.711~0.823;其中ICARDA69的*D*值最高,为0.823,其次为ICARDA51、ICARDA49、ICARDA83、ICARDA84,*D*值分别为0.813、0.765、0.722、0.711;类群II为中等抗旱品种共53份(33.125%),*D*值范围为0.543~

表4 供试品种的综合*D*值Table 4 Comprehensive *D* value of the tested varieties

材料名称 Variety	<i>D</i> 值 <i>D</i> value	材料名称 Variety	<i>D</i> 值 <i>D</i> value	材料名称 Variety	<i>D</i> 值 <i>D</i> value
ICARDA1	0.601	ICARDA55	0.635	ICARDA109	0.674
ICARDA2	0.256	ICARDA56	0.536	ICARDA110	0.529
ICARDA3	0.184	ICARDA57	0.559	ICARDA111	0.511
ICARDA4	0.325	ICARDA58	0.397	ICARDA112	0.376
ICARDA5	0.646	ICARDA59	0.514	ICARDA113	0.636
ICARDA6	0.521	ICARDA60	0.492	ICARDA114	0.460
ICARDA7	0.479	ICARDA61	0.490	ICARDA115	0.455
ICARDA8	0.417	ICARDA62	0.589	ICARDA116	0.368
ICARDA9	0.395	ICARDA63	0.567	ICARDA117	0.678
ICARDA10	0.290	ICARDA64	0.563	ICARDA118	0.521
ICARDA11	0.599	ICARDA65	0.535	ICARDA119	0.570
ICARDA12	0.469	ICARDA66	0.428	ICARDA120	0.567
ICARDA13	0.598	ICARDA67	0.621	ICARDA121	0.428
ICARDA14	0.390	ICARDA68	0.373	ICARDA122	0.587
ICARDA15	0.389	ICARDA69	0.823	ICARDA123	0.612
ICARDA16	0.355	ICARDA70	0.471	ICARDA124	0.507
ICARDA17	0.373	ICARDA71	0.642	ICARDA125	0.434
ICARDA18	0.342	ICARDA72	0.536	ICARDA126	0.451
ICARDA19	0.418	ICARDA73	0.654	ICARDA127	0.552
ICARDA20	0.326	ICARDA74	0.505	ICARDA128	0.447
ICARDA21	0.411	ICARDA75	0.236	ICARDA129	0.501
ICARDA22	0.444	ICARDA76	0.614	ICARDA130	0.357
ICARDA23	0.454	ICARDA77	0.538	ICARDA131	0.410
ICARDA24	0.476	ICARDA78	0.459	ICARDA132	0.392
ICARDA25	0.556	ICARDA79	0.648	ICARDA133	0.587
ICARDA26	0.320	ICARDA80	0.512	ICARDA134	0.430
ICARDA27	0.681	ICARDA81	0.369	ICARDA135	0.508
ICARDA28	0.596	ICARDA82	0.515	ICARDA136	0.385
ICARDA29	0.648	ICARDA83	0.722	ICARDA137	0.496
ICARDA30	0.448	ICARDA84	0.711	ICARDA138	0.625
ICARDA31	0.608	ICARDA85	0.497	ICARDA139	0.685
ICARDA32	0.613	ICARDA86	0.529	ICARDA140	0.450
ICARDA33	0.483	ICARDA87	0.602	ICARDA141	0.410
ICARDA34	0.451	ICARDA88	0.640	ICARDA142	0.493
ICARDA35	0.416	ICARDA89	0.631	ICARDA143	0.576
ICARDA36	0.360	ICARDA90	0.478	ICARDA144	0.316
ICARDA37	0.575	ICARDA91	0.523	ICARDA145	0.353
ICARDA38	0.492	ICARDA92	0.583	ICARDA146	0.407
ICARDA39	0.645	ICARDA93	0.600	ICARDA147	0.503
ICARDA40	0.430	ICARDA94	0.501	ICARDA148	0.443
ICARDA41	0.664	ICARDA95	0.498	ICARDA149	0.486
ICARDA42	0.414	ICARDA96	0.387	ICARDA150	0.332
ICARDA43	0.558	ICARDA97	0.620	ICARDA151	0.349
ICARDA44	0.524	ICARDA98	0.549	ICARDA152	0.461
ICARDA45	0.580	ICARDA99	0.515	ICARDA153	0.661
ICARDA46	0.640	ICARDA100	0.530	ICARDA154	0.377
ICARDA47	0.656	ICARDA101	0.451	ICARDA155	0.406
ICARDA48	0.523	ICARDA102	0.519	ICARDA156	0.281
ICARDA49	0.765	ICARDA103	0.603	ICARDA157	0.546
ICARDA50	0.559	ICARDA104	0.475	ICARDA158	0.411
ICARDA51	0.813	ICARDA105	0.458	ICARDA159	0.491
ICARDA52	0.543	ICARDA106	0.342	ICARDA160	0.414
ICARDA53	0.523	ICARDA107	0.598		
ICARDA54	0.437	ICARDA108	0.572		



注:I:高抗旱群体;II:中等抗旱群体;III:干旱敏感群体;IV:低抗旱群体。

Note: I: High drought tolerance population; II: Medium drought-resistant population; III: Drought sensitive population; IV: Low drought resistant population

图 2 160 份小麦苗期抗旱性聚类分析图

Fig.2 Drought resistance cluster analysis of 160 wheat seedlings

0.685;类群 III 为干旱敏感品种共 5 份 (3.125%), D 值范围为 0.184~0.290。类群 IV 为低抗旱品种共 97 份 (60.625%), D 值范围为 0.316~0.538。

2.5 SNP 多态性及其分布

高质控后获得 24151 个多态性 SNP 位点,多态性比率为 45.51% (24151/53063)。将筛选到的 24151 个 SNP 位点标记绘制 SNP 密度图 (图 3, 见 32 页),结果显示 SNP 位点标记覆盖了整个基因组,但在染色体组上的分布并不均匀,其在 A、B、D 基因组上的分布分别为 9338、9865、4948 个 (表 5),分别占总基因组比率的 38.7%、40.8%、20.5%,总体密度呈现为 (B>A>D)。其中 4B 染色体的 SNP 标记最多,为 1675 个,4D 染色体的 SNP 标记最少,为 357 个。全基因组的多态信息含量为 0.3067,A、B、D 亚基因组的多态信息含量分别为 0.3264、0.2999、0.2937 (A>B>D)。A、B、D 亚基因组的遗传多样性也呈现为 A (0.4023)>B (0.3642)>D (0.3568)。

2.6 群体结构分析

用 Admixture 软件进行群体结构分析的结果表明当 $K=11$ 时, CV 值达到最小值,因此,可以将 159 份小麦材料分为 11 个类群 (图 4a、b, 见 32 页),将

$K=11$ 运行生成的 Q 矩阵作为协变量用于后续的关联分析。其中,亚群 I 有 7 个 (4.4%) 品种;亚群 II 有 21 个 (13.2%) 品种;亚群 III 有 16 个 (10.1%) 品种;亚群 IV 有 11 个 (6.9%) 品种;亚群 V 有 12 个 (7.6%) 品种;亚群 VI 有 18 个 (11.3%) 品种;亚群 VII 有 15 个 (9.4%) 品种;亚群 VIII 有 22 个 (13.8%) 品种;亚群 IX 有 4 个 (2.5%) 品种;亚群 X 有 10 个 (6.3%) 品种;亚群 XI 有 23 个 (14.5%) 品种。

2.7 小麦苗期相关性状的关联分析

使用筛选到的 24151 个高质量 SNP 位点结合表型数据对小麦苗期抗旱相关性状进行关联分析,共定位到 227 个与苗期抗旱相关性状的标记位点 (图 5, 见 33 页),贡献率为 7.13%~14.68%。其中,检测到与苗高相关联的标记位点 44 个,分别位于 1A、1D、2A、3A、3B、4B、5B、6A、6B、7A 和 7D 染色体上,贡献率为 7.16%~14.68%;检测到与最长根长相关联的标记位点 3 个,分别位于 2B、7B 染色体上,贡献率为 8.06%~8.75%;检测到与根数相关联的标记位点 36 个,分别位于 2B、3D、4B、5A、6A 和 7D 染色体上,贡献率为 7.29%~12.68%;检测到与根鲜质量相关联的标记位点 33 个,分别位于 2B、4A、4B、5B、

表 5 159 份小麦材料的 SNP 标记分布及多态性

Table 5 SNP markers and polymorphisms in 159 wheat materials

染色体 Chromosome	标记数目 Number of markers	长度 Length/Mb	标记密度 Density of markers	多态信息含量 PIC	遗传多样性 Genetic diversity
1A	1221	593.24	0.4859	0.3053	0.3714
1B	1362	688.35	0.5054	0.2771	0.3330
1D	818	495.23	0.6054	0.3100	0.3781
2A	1540	780.70	0.5069	0.3526	0.4387
2B	1175	799.25	0.6802	0.3318	0.4119
2D	951	650.88	0.6844	0.3457	0.4347
3A	1163	749.87	0.6448	0.3099	0.3802
3B	1373	829.73	0.6043	0.2433	0.2843
3D	418	615.46	1.4724	0.2595	0.3088
4A	976	743.32	0.7616	0.3467	0.4385
4B	1675	673.47	0.4021	0.3098	0.3769
4D	357	509.18	1.4263	0.2970	0.3640
5A	1590	709.22	0.4461	0.3167	0.3905
5B	1652	711.84	0.4309	0.3166	0.3854
5D	618	561.92	0.9093	0.2743	0.3276
6A	1550	617.25	0.3982	0.3406	0.4143
6B	1335	714.62	0.5353	0.3118	0.3806
6D	765	473.30	0.6187	0.2928	0.3551
7A	1298	735.46	0.5666	0.3132	0.3821
7B	1293	744.39	0.5757	0.3087	0.3776
7D	1021	638.19	0.6251	0.2767	0.3295
A 基因组 A genome	9338	4929.06	0.5278	0.3264	0.4023
B 基因组 B genome	9865	5161.65	0.5232	0.2999	0.3642
D 基因组 D genome	4948	3944.16	0.7971	0.2937	0.3568
总计 Total	24151	14034.87	0.6161	0.3067	0.3744

6A、6B、7A、7B 和 7D 染色体上,贡献率为 7.49%~11.76%;检测到与茎叶干质量相关联的标记位点 3 个,分别位于 2B、4B 和 5B 染色体上,贡献率为 7.13%~12.8%;检测到与根干质量相关联的标记位点 108 个,是检测到位点最多的一个性状,分别位于 2A、3A、3B、3D、4B、5A、5B、5D 和 6A 染色体上,贡献率为 9.19%~13.28%;没有检测到与茎叶鲜质量相关联的标记位点。此外,本研究中共有 3 个 SNP 位点同时关联了 2 个及 2 个以上的苗期抗旱性状,为多效应位点,其分别位于 4B、5B 和 6A 染色体上,贡献率为 9.31%~13.28%。其中位于 4B 染色体上的 AX-108789337 与茎叶干质量和根干质量显著关联,贡献率为 10.44%~13.28%;位于 5B 染色体上的 AX-109353092 与苗高和根鲜质量显著关联,贡献率为 9.31%~10.93%;位于 6A 染色体上的 AX-110432128 与苗高和根鲜质量显著关联,贡献率为 9.95%~9.99%。

3 讨论

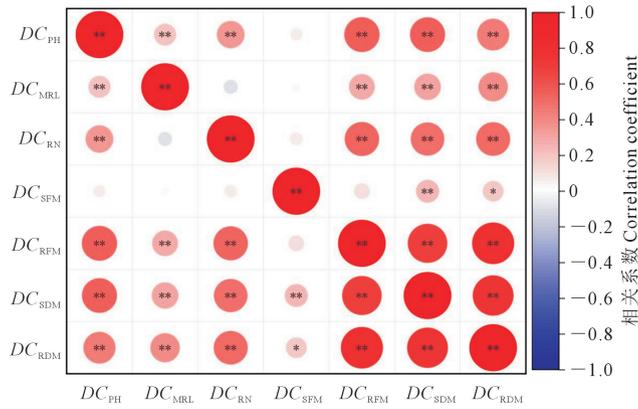
3.1 PEG 胁迫后小麦苗期相关性状的变化

苗期属于小麦的一个早期生长阶段,对于干旱胁迫十分的敏感,尤其是形态变化最为直观,并且影响着整个植株的后期发育过程^[19]。本研究利用 PEG-6000 对 160 份引进 ICARDA 的小麦材料进行

了苗期干旱胁迫试验,在干旱胁迫处理下的相关性状水平均低于正常处理,这表明在干旱胁迫下小麦苗期的生长受到了明显的抑制。在胁迫条件下小麦品种变异系数变化较大的 4 个性状为茎叶鲜质量、根鲜质量、茎叶干质量和根干质量,而最长根长、苗高和根数次之,说明植株受到胁迫后其形态受到了较大影响,从而影响了地上部分与地下部分的生物量,这与前人的研究一致^[20-21]。相关性分析表明,变异系数变化较小的最长根长、苗高和根数均与多个性状之间存在极显著相关关系,这也说明性状之间存在相互的关联性,单个性状无法全面的鉴定小麦品种的抗旱能力,应该考虑多个指标综合鉴定。

3.2 小麦苗期抗旱性的关联分析

本研究基于 55K SNP 芯片对 7 个苗期相关性状结合 24151 个 SNP 位点进行关联分析,共检测到抗旱相关位点 227 个。在 2B 染色体上检测到与最长根长和茎叶干质量相关联的位点,这与陈贵菊等^[22]和杨婉君^[23]的定位相似。在 1A、4B 和 5B 染色体上检测到与苗高相关联的位点,张政^[8]也在 1A 染色体上定位到与苗高相关的位点。在 4B 和 6A 染色体上检测到与根数相关联的位点,这与魏良迪^[24]和屈春艳^[25]对于根数的定位是一致的。在 7B 和 4B 染色体上定位到与根鲜质量相关联的位点,这



注: DC_{PH} : 苗高抗旱系数; DC_{MRL} : 最长根长抗旱系数; DC_{RN} : 根数抗旱系数; DC_{SFM} : 茎叶鲜质量抗旱系数; DC_{RFM} : 根鲜质量抗旱系数; DC_{SDM} : 茎叶干质量抗旱系数; DC_{RDM} : 根干质量抗旱系数。* 和 ** 分别表示差异显著 ($P \leq 0.05$) 和极显著 ($P \leq 0.01$)。

Note: DC_{PH} : Plant height drought resistance coefficient; DC_{MRL} : Maximum root length drought resistance coefficient; DC_{RN} : Root number drought resistance coefficient; DC_{SFM} : Straw fresh mass drought resistance coefficient; DC_{RFM} : Root fresh mass drought resistance coefficient; DC_{SDM} : Straw dry mass drought resistance coefficient; DC_{RDM} : Root dry mass drought resistance coefficient. * and ** represent significant differences ($P \leq 0.05$) and extremely significant ($P \leq 0.01$), respectively.

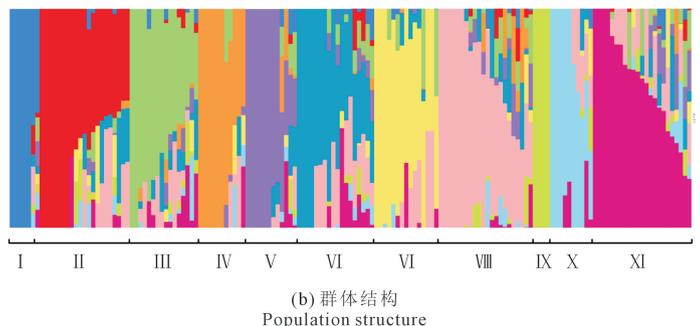
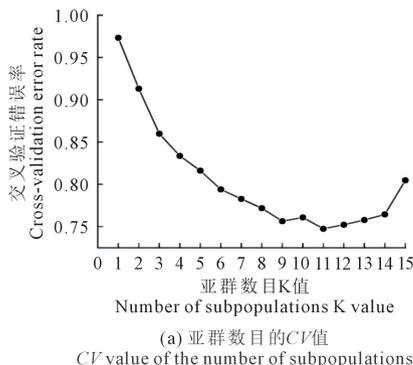
图 1 苗期抗旱系数之间的相关性

Fig.1 Correlation between drought resistance coefficient at seedling stage



图 3 SNP 标记在各染色体的分布

Fig.3 Distribution of SNP markers on various chromosomes

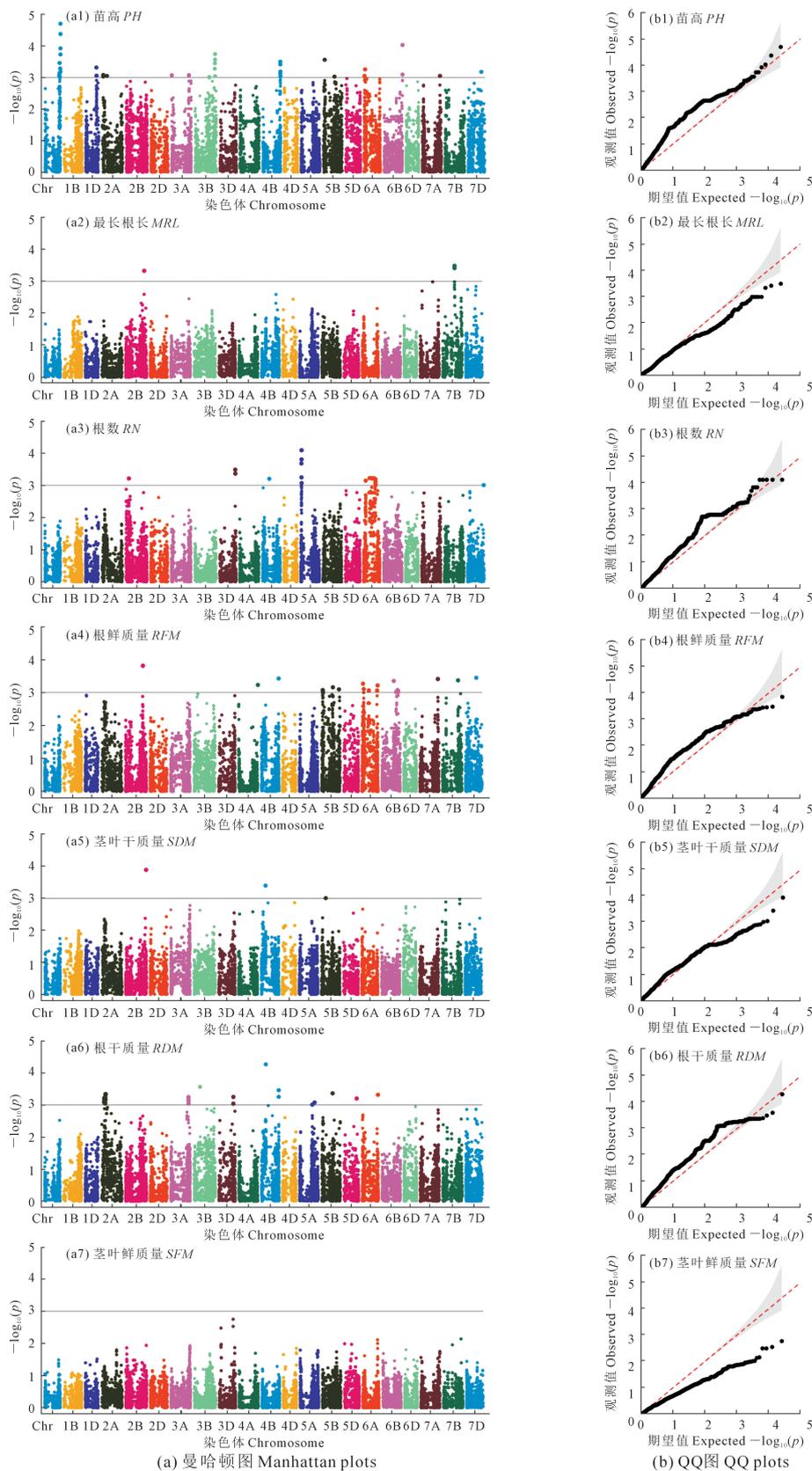


注: b 图中不同的颜色区域代表不同的亚群。

Note: Different color regions in Figure b represent different subgroups.

图 4 159 份小麦的群体结构分析

Fig.4 Population structure analysis of 159 wheat samples



注:(a)中刻度3纵轴横线为显著值阈值线,即 $P \leq 0.001$; (b)中黑色点所代表的为观测值,灰色区域是期待值的分布区域,红色虚线代表期待值的正态分布。

Note: (a) The horizontal line of the vertical axis of scale 3 is the threshold line of significant value, i.e., $P \leq 0.001$; The black dot in (b) represents the observed value, the gray area represents the distribution area of the expected value, and the red dashed line represents the normal distribution of the expected value.

图 5 159 份小麦苗期相关性状抗旱系数的曼哈顿图和 QQ 图

Fig.5 Manhattan plots and QQ plots of drought resistance coefficient of 159 wheat seedling-related traits

与曲可佳等^[26]的研究一致。在 4B 和 5B 染色体上检测到与根干质量相关联的位点,王巧玲^[27]也在 4B 和 5B 上检测到与根干质量相关的位点。在本研究中 2B、4B、5B 和 7B 染色体在多个性状中均存在关联位点,这与前人的研究结果基本吻合,尤其是定位在 2B、4B 和 5B 染色体上的位点,研究学者的结果也出现了重叠,说明在 2B、4B 和 5B 染色体上可能有调控小麦植株在干旱胁迫下生物量变化的重要基因。本次研究中还发现 3 个多效应位点,其分别位于 4B、5B 和 6A 染色体上,这也说明在 4B 和 5B 染色体上可能存在着和小麦植株生长相关的重要基因,后期研究可以结合其他生育期以及多个性状进一步在 4B 和 5B 染色体上继续挖掘相关位点,为小麦抗旱育种提供一定的参考。

4 结 论

本研究对 160 份小麦进行苗期抗旱水培试验,筛选到 5 份高抗旱品种,为 ICARDA69、ICARDA51、ICARDA49、ICARDA83 和 ICARDA84。利用 55K SNP 芯片对 7 个苗期性状的抗旱系数进行关联分析,共检测到 227 个与抗旱相关联的位点,分布在除 1B、2D、4D 和 6D 外的 17 条染色体上,贡献率为 7.13%~14.68%。检测到 3 个多效应位点,分别位于 4B、5B 和 6A 染色体上,贡献率为 9.31%~13.28%。本研究可为后期抗旱品种筛选及挖掘抗旱相关基因位点奠定一定的理论基础。

参 考 文 献:

- [1] 李茂松, 李森, 李育慧. 中国近 50 年旱灾灾情分析[J]. 中国农业气象, 2003, 24(1): 7-10.
LI M S, LI S, LI Y H. Studies on drought in the past 50 years in China[J]. Chinese Journal of Agrometeorology, 2003, 24(1): 7-10.
- [2] 唐洪波, 陈强. 青海省干旱成因分析[J]. 水资源与水工程学报, 2007, (2): 89-91.
TANG H B, CHEN Q. Analysis of drought causes in Qinghai province [J]. Journal of Water Resources and Water Engineering, 2007, (2): 89-91.
- [3] 李建洪. 青海省东部农业区春旱时空分布特征[J]. 科技咨询导报, 2007, (6): 175.
LI J H. The spatiotemporal distribution characteristics of spring drought in the eastern agricultural region of Qinghai province[J]. Science and Technology Consulting Herald, 2007, (6): 175.
- [4] 徐澜, 刘艳超, 安伟, 等. 冬麦春播小麦对苗期干旱胁迫的生理响应[J]. 甘肃农业大学学报, 2020, 55(6): 40-47.
XU L, LIU Y C, AN W, et al. Physiological response of winter wheat sown in spring to drought stress at seedling stage[J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2020, 55(6): 40-47.
- [5] 孙宪印, 米勇, 牟秋焕, 等. 黄淮海区旱肥地小麦新品种(系)苗期抗旱性初步鉴定与分类[J]. 农学学报, 2023, 13(4): 9-17.
SUN X Y, MI Y, MU Q H, et al. New wheat varieties (lines) in dry and fertile land in Huang-Huai wheat area: preliminary identification and classification of drought resistance at seedling stage[J]. Journal of Agriculture, 2023, 13(4): 9-17.
- [6] 赵佳佳, 乔玲, 武棒棒, 等. 山西省小麦苗期根系性状及抗旱特性分析[J]. 作物学报, 2021, 47(4): 714-727.
ZHAO J J, QIAO L, WU B B, et al. Seedling root characteristics and drought resistance of wheat in Shanxi province[J]. Acta Agronomica Sinica, 2021, 47(4): 714-727.
- [7] 李凤珍, 马晓岗. PEG 处理下青海栽培小麦萌发期及幼苗期抗旱性研究[J]. 中国农学通报, 2011, 27(21): 44-48.
LI F Z, MA X G. Study on drought-resistance of wheat varieties at germination stage and seedlings in Qinghai[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2011, 27(21): 44-48.
- [8] 张政. 小麦抗旱种质资源的筛选与相关性状的全基因组关联分析[D]. 晋中: 山西农业大学, 2019.
ZHANG Z. Screening of wheat drought resistant germplasm resources and genome-wide association analysis of related traits [D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2019.
- [9] 王博华, 任毅, 时晓磊, 等. 干旱胁迫下小麦苗期根系性状的全基因组关联分析[J]. 植物遗传资源学报, 2022, 23(4): 1111-1123.
WANG B H, REN Y, SHI X L, et al. Genome-wide association analysis of seedling root traits in wheat under drought stress[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(4): 1111-1123.
- [10] RABBI S M H A, KUMAR A, NARAGHIS M, et al. Genome-wide association mapping for yield and related traits under drought stressed and non-stressed environments in wheat [J]. Frontiers in Genetics, 2021, 12: 649988.
- [11] MAULANA F, HUANG W, ANDERSON J D, et al. Genome-wide association mapping of seedling drought tolerance in winter wheat[J]. Frontiers in Plant Science, 2020, 11: 573786.
- [12] 杨子光, 张灿军, 冀天会, 等. 小麦抗旱性鉴定方法及评价指标研究 V 苗期抗旱指标的比较研究[J]. 中国农学通报, 2008, 24(1): 156-159.
YANG Z G, ZHANG C J, JI T H, et al. Study on resistance drought identify method and evaluation index of wheat V the comparative study on resistance drought index of wheat in seedling[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2008, 24(1): 156-159.
- [13] 张龙龙, 杨明明, 董剑, 等. 三个小麦新品种不同生育阶段抗旱性的综合评价[J]. 麦类作物学报, 2016, 36(4): 426-434.
ZHANG L L, YANG M M, DONG J, et al. Comprehensive analysis of drought resistance of three new wheat cultivars at different growth stages[J]. Journal of Triticeae Crops, 2016, 36(4): 426-434.
- [14] DANECEK P, AUTON A, ABECASIS G, et al. The variant call format and VCF tools[J]. Bioinformatics, 2011, 27(15): 2156-2158.
- [15] LIU K J, MUSE S V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis [J]. Bioinformatics, 2005, 21(9): 2128-2129.
- [16] PURCELL S, NEALE B, TODD-BROWN K, et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses[J]. American Journal of Human Genetics, 2007, 81(3): 559-575.
- [17] ALEXANDER D H, NOVEMBRE J, LANGE K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals[J]. Genome Research, 2009, 19(9): 1655-1664.
- [18] BRADBURY P J, ZHANG Z, KROON D E, et al. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples [J]. Bioinformatics, 2007, 23(19): 2633-2635.