

俄引春小麦脂肪氧化酶活性基因的标记分析

郭 强^{1,2}, 张宏纪¹, 张举梅³, 刘文林¹, 郭怡璠¹, 刘东军¹, 孙 岩¹

(1. 黑龙江省农业科学院 作物育种研究所, 黑龙江 哈尔滨 150086; 2. 黑龙江省绥化市农业技术推广总站, 黑龙江 绥化 152000; 3. 黑龙江省农业科学院 对俄农业合作中心, 黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:为了改良黑龙江省小麦品种, 加强其种质创新, 利用与脂肪氧化酶基因(LOX)活性有关的 2 个遗传位点相连锁的 3 对分子标记, 对 247 份俄罗斯引进的春小麦品种进行研究。结果表明: 对于 SSR 标记 *Xwmc312*, 142 份品种扩增出 247 bp 特异条带, 即 *Xwmc312-247* 基因型比例为 57.49%, 85 份品种扩增出 235 bp 特异条带, *Xwmc312-235* 基因型比例为 34.41%, 20 份品种扩增出 227 bp 特异条带, *Xwmc312-227* 基因型比例为 8.10%。*TaLOX-B1* 位点上, 16 份品种扩增出标记 LOX16 的特异条带, 即高活性等位基因型 *TaLox-B1a* 分布比例是 6.48%, 230 份品种扩增出标记 LOX18 特异条带, 即低活性的等位基因型 *TaLOX-B1b* 分布比例是 93.12%, 有一个品种在此位点表现杂合。表明以 *TaLox-B1b* 基因型为主。2 个位点不同等位基因组合共有 6 种, *Xwmc312-247/TaLOX-B1b* 分布比例最高(53.85%), *Xwmc312-227/TaLOX-B1a* 分布比例最低(0.41%), 高活性组合 *Xwmc312-235/TaLOX-B1a*(分布比例 2.43%) 等其它 4 种组合型介于二者之间, 表明俄罗斯引进小麦品种以 LOX 低活性组合型为主。

关键词: 俄罗斯春小麦; 脂肪氧化酶基因; 多态性

中图分类号: S512.12

文献标识码: A

文章编号: 1002-2767(2014)05-0020-06

小麦是一种重要的粮食作物, 为人类提供大量碳水化合物和植物蛋白。由于地理位置和民族饮食传统的差异, 世界各国面制品种类和饮食方式也明显不同, 特别是在我国, 面制品类型多样且更具特点。略带其它颜色的面粉可能有更高的营养价值, 然而民间传统饮食中高白度依然是人们对其色泽的主要要求^[1-2]。影响麦类食品色泽的主要因素有氧化酶类、黄色素、杂质、面粉颗粒大小及全麦粉中的水分含量、出粉率和磨粉工艺水平等因素的影响^[2]。多酚氧化酶(polyphenol oxidase, PPO)^[3], 黄色素含量^[4]和脂肪氧化酶(lipoxygenase, LOX)^[5]等 3 个因子是在遗传上与小麦的粉色关系更为紧密的关键因素。前人根据这些紧密关系开发出了可用于高白度小麦品种遗传改良的 DNA 分子标记。其中, LOX 基因型与 LOX 活性极显著相关, 决定 LOX 活性的 2 个主效基因被定位于小麦 1AL 上的 *QLpx.caas-1AL*

位点和 4BS 上的 *TaLOX-B1* 位点^[6]。Geng Hongwei^[7-8] 根据表型分析筛选出了与 *QLpx.caas-1AL* 位点紧密连锁的 *Xwmc312* 标记; 随后又开发出了基于 *TaLOX-B1* 位点的互补显性功能 DNA 标记 LOX16/LOX18。许多学者已验证其可靠性, 并获得良好效果^[9-10]。

黑龙江省作为我国重要的春小麦产区, 也是国内新近区划出的大兴安岭沿麓强筋麦产业带的主栽地。随着育种目标的过度集中, 所培育的小麦新品种遗传基础愈加狭窄。因此为防止此趋势恶化, 急需引进新的基因源来丰富黑龙江地区的育种亲本谱, 扩展本地区春小麦遗传基础。俄罗斯春小麦产区纬度与黑龙江接近, 其春小麦农艺性状如春化和光周期等特性与黑龙江的较为相似, 更重要的是俄罗斯小麦品质类型以面包麦为主。因此, 俄引春小麦优异资源作为杂交亲本改良黑龙江小麦品种时, 可在更容易保证其强筋品质性状下丰富本地区春小麦的遗传基础。黑龙江省农业科学院对俄农业技术中心通过多年对俄合作, 引进大量的小麦种质资源。但是, 有关 LOX 活性基因在这些品种上分布情况还未见报道。为此, 该研究选用部分俄引春小麦品种为试材, 利用新开发的与 LOX 相关的分子标记对这些品种进行分析, 为黑龙江省地区小麦品种改良和种质创

收稿日期: 2014-02-21

基金项目: 国家国际科技合作资助项目(2011DFR30840-4)

第一作者简介: 郭强(1969-), 男, 黑龙江省绥化市人, 在读硕士, 农艺师, 从事作物新品种推广与高产栽培技术研究。E-mail: fumai@163.com。

通讯作者: 张宏纪(1969-), 男, 黑龙江省抚远县人, 研究员, 从事小麦诱变与生物技术育种研究。E-mail: fumai@163.com。

新提供分子遗传学信息。

1 材料与方法

1.1 材料

俄罗斯引进的春小麦品种 247 份,主要来源于俄罗斯的东南部和远东小麦产区。所有供试品种由黑龙江省农业科学院对俄农业技术合作中心收集和保存。PCR 反应试剂购自宝生物工程(大连)有限公司。GeneAmp® PCR System 9700 PCR 仪,BIO-RAD Sub-cell® Model192 高通量电泳槽,BIO-RAD 凝胶成像系统。

1.2 方法

于 2013 年黑龙江省农业科学院园艺分院田间双行种植,3 m 行长,行距 15 cm,株距 5 cm。小麦三叶期选有代表性的 3 株混合采样,按 CTAB 法提取基因组 DNA^[11]。

根据 Hongwei Geng 等的研究结果^[7-8],由生工生物工程(上海)股份有限公司合成 SSR 标记 *Xwmc312* 和 STS 标记 *LOX16/LOX18* 的引物序列,用以分别检测 *QLpx.caas.1AL* 和 *QLpx.caas-4B* 位点上脂肪氧化酶活性基因等位变异。

标记的反应体系为 25 μL :PCR 反应体系 25 μL ,含模板 50 ng, Taq 酶 1.25 U,上下游引物(10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$)各 1.0 μL ,dNTPs(2.5 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$) 2.0 μL ,10 \times PCR 缓冲液[100 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ Tris-HCl(pH8.3), 50 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ KCl, 15 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$

MgCl_2] 2.5 μL ,用 ddH₂O 定容至 25 μL 。*Xwmc312* 的扩增程序为 95℃预变性 5 min;95℃变性 1 min,67℃退火 1 min,72℃延伸 1 min,35 个循环;72℃延伸 8 min。引物 *LOX16* 的扩增程序为 95℃预变性 5 min;94℃变性 45 s,63℃退火 45 s,72℃延伸 1 min,35 个循环;72℃延伸 10 min。*LOX18* 的扩增程序为 95℃预变性 5 min;94℃变性 45 s,63℃退火 45 s,72℃延伸 1 min,35 个循环;72℃延伸 10 min。

PCR 扩增产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳 45 min 后,通过凝胶成像系统扫描分析。

2 结果与分析

2.1 *QLpx.caas-1AL* 位点 *Xwmc312* 标记的多态性分析

与 *QLpx.caas-1AL* 位点上紧密连锁的 *Xwmc312* 有 3 种等位变异,分别是 *Xwmc312*₋₂₄₇, *Xwmc312*₋₂₃₅ 和 *Xwmc312*₋₂₂₇。其中 *Xwmc312*₋₂₃₅ 为 LOX 高活性等位变异,另外 2 种为低活性等位变异。从图 1 看出,247 份供试材料 *QLpx.caas-1AL* 位点的 PCR 检测结果表明,ZXM1,ZXM3 和 ZXM12 等共 142 份品种扩增出 247 bp 特异条带,占 57.49%;ZXM9,ZXM33 和 ZXM63 等共 85 份品种扩增出 235 bp 特异条带,占 34.41%;ZXM32,ZXM85 和 ZXM357 等 20 份品种扩增出 227 bp 特异条带,占 8.10%。

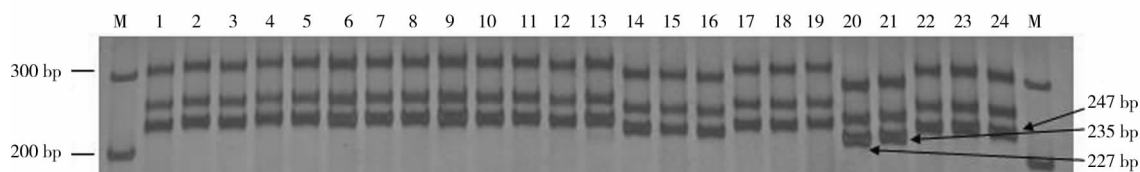


图 1 部分品种的 *Xwmc312* 标记等位变异检测

M:DL2000;1~24:ZXM60,ZXM59,ZXM58,ZXM57,ZXM56,ZXM55,ZXM54,ZXM53,ZXM50,ZXM45,ZXM43,ZXM60,ZXM52,ZXM51,ZXM49,ZXM48,ZXM42,ZXM41,ZXM40,ZXM85,ZXM35,ZXM33,ZXM32,ZXM31

Fig. 1 The representative PCR test results of primers *Xwmc312* for wheat cultivars

2.2 4BS 上 *TaLOX-B1* 位点标记 *LOX16/LOX18* 的多态性分析

4BS 上 *TaLOX-B1* 存在两种等位变异,*TaLOX-B1a*(高 LOX 活性)和 *TaLOX-B1b*(低 LOX 活性)。显性等位互补 PCR 标记 *LOX16* 和 *LOX18* 能有效区别该位点高低 LOX 活性等位变异类型。*TaLOX-B1* 位点的 PCR 检测显示(见图 2),247 份供试材料 *TaLOX-B1* 位点的 PCR 检测结果表明,共有 247 份材料扩增出

LOX16 或 *LOX18* 特异条带。其中,ZXM356,ZXM383 和 ZXM386 等 16 份品种扩增出 *LOX16* 特异条带,属于高 LOX 活性的等位基因型 *TaLox-B1a*,占 6.48%;ZXM1,ZXM3 和 ZXM367 等 230 份品种扩增出 *LOX18* 特异条带,为低 LOX 活性的等位基因型 *TaLOX-B1b*,占 93.12%;有 1 份材料(ZXM334)同时扩增出 *LOX18* 和 *LOX16* 特异条带,表明该品种在此基因位点处于杂合状态,占 0.41%。

因此,在俄罗斯引进小麦品种中,主要以 *TaLOX-B1* 位点上与低 LOX 活性相关的

TaLOX-B1b 基因型为主, *TaLOX-B1a* 基因型较少。

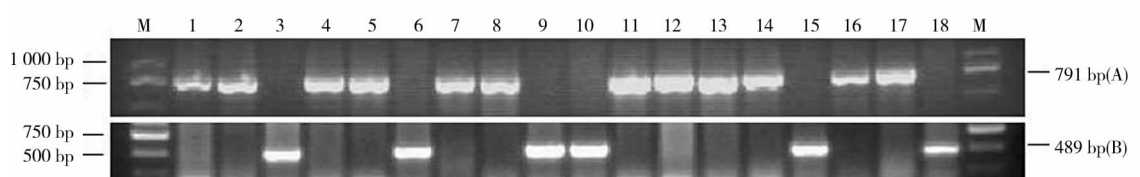


图2 LOX18(A)/LOX16(B)标记检测部分品种 *TaLOX-B1* 位点的等位变异图谱

M: DL2000; 1-18: ZXM1, ZXM3, ZXM356, ZXM4, ZXM5, ZXM386, ZXM7, ZXM10, ZXM383, ZXM357, ZXM12, ZXM14, ZXM15, ZXM16, ZXM214, ZXM17, ZXM18, ZXM372

Fig. 2 The representative PCR results of primers LOX18(A)/LOX16(B) for wheat cultivars

2.3 *QLpx.caas.1AL* 与 *TaLOX-B1* 位点上等位变异组合类型的分布

由表1可知,出现6种基因组合,按分布频率大小依次为: *Xwmc312-247/TaLOX-B1b* (分布频率53.85%),主要包括ZXM1、ZXM2和ZXM380等133个品种; *Xwmc312-235/TaLOX-B1b* (分布频率31.58%),包括ZXM11、ZXM35和ZXM362等78个品种; *Xwmc312-227/TaLOX-B1b* (分布频率7.69%)包括ZXM32、ZXM33和ZXM382等19个品种; *Xwmc312-247/TaLOX-B1a* (分布频率

3.64%),包括ZXM166、ZXM356和ZXM370等9个品种; *Xwmc312-235/TaLOX-B1a* (分布频率2.43%),主要有ZXM167、ZXM200和ZXM372等6个品种; *Xwmc312-227/TaLOX-B1a* (分布频率0.41%),仅有ZXM357这1个品种。其中,第一种组合为主要类型,占供试品种的一半以上,后3种组合所占比例较低,合计不超过7%,另外一个品种ZXM334的等位变异组合类型为 *Xwmc312-247/TaLOX-B1a/b*。

表1 脂肪氧化酶活性基因2个位点不同等位基因组合分布

Table 1 Distribution of allelic variations combinations of genes for lipoxygenase activity

品种 Cultivars	等位基因 Alleles		品种 Cultivars	等位基因 Alleles		品种 Cultivars	等位基因 Alleles	
	<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>		<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>		<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>
ZXM1	A	b	ZXM42	B	b	ZXM83	B	b
ZXM2	A	b	ZXM43	A	b	ZXM84	A	b
ZXM3	A	b	ZXM44	B	b	ZXM85	C	b
ZXM4	A	b	ZXM45	A	b	ZXM86	A	b
ZXM5	A	b	ZXM46	A	b	ZXM87	A	b
ZXM6	A	b	ZXM47	A	b	ZXM88	A	b
ZXM7	A	b	ZXM48	B	b	ZXM89	A	b
ZXM8	A	b	ZXM49	B	b	ZXM90	A	b
ZXM9	B	b	ZXM50	A	b	ZXM95	A	b
ZXM10	A	b	ZXM51	B	b	ZXM96	A	b
ZXM11	B	b	ZXM52	B	b	ZXM97	A	b
ZXM12	A	b	ZXM53	A	b	ZXM98	A	b
ZXM13	A	b	ZXM54	A	b	ZXM99	A	b
ZXM14	A	b	ZXM55	A	b	ZXM100	B	b
ZXM15	B	b	ZXM56	A	b	ZXM101	A	b
ZXM16	A	b	ZXM57	A	b	ZXM102	B	b
ZXM17	B	b	ZXM58	A	b	ZXM103	A	b
ZXM18	A	b	ZXM59	A	b	ZXM104	A	b
ZXM19	B	b	ZXM60	B	b	ZXM105	A	b

续表 1
Continuing Table 1

品种 Cultivars	等位基因 Alleles		品种 Cultivars	等位基因 Alleles		品种 Cultivars	等位基因 Alleles	
	<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>		<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>		<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>
ZXM20	A	b	ZXM61	A	b	ZXM106	A	b
ZXM21	A	b	ZXM62	B	b	ZXM107	A	b
ZXM22	A	b	ZXM63	B	b	ZXM108	B	b
ZXM23	A	b	ZXM64	B	b	ZXM109	A	b
ZXM24	A	b	ZXM65	B	b	ZXM110	A	b
ZXM25	A	b	ZXM66	A	b	ZXM111	B	b
ZXM26	A	b	ZXM67	A	b	ZXM112	A	b
ZXM27	A	b	ZXM68	A	b	ZXM113	A	b
ZXM28	A	b	ZXM69	A	b	ZXM114	A	b
ZXM29	A	b	ZXM70	A	b	ZXM115	A	b
ZXM30	A	b	ZXM71	B	b	ZXM116	B	b
ZXM31	B	b	ZXM72	A	b	ZXM117	A	b
ZXM32	C	b	ZXM73	A	b	ZXM118	A	b
ZXM33	C	b	ZXM74	A	b	ZXM119	A	b
ZXM34	B	b	ZXM75	A	b	ZXM120	A	b
ZXM35	B	b	ZXM76	A	b	ZXM121	A	b
ZXM36	B	b	ZXM77	A	b	ZXM122	B	b
ZXM37	B	b	ZXM78	A	b	ZXM123	A	b
ZXM38	B	b	ZXM79	A	b	ZXM129	A	b
ZXM39	B	b	ZXM80	A	b	ZXM130	A	b
ZXM40	B	b	ZXM81	A	b	ZXM131	C	b
ZXM41	B	b	ZXM82	A	b	ZXM350	B	b
ZXM132	A	b	ZXM206	C	b	ZXM352	A	b
ZXM165	A	b	ZXM207	A	b	ZXM353	A	b
ZXM166	A	a	ZXM209	C	b	ZXM354	A	b
ZXM167	B	a	ZXM210	B	b	ZXM355	A	b
ZXM168	B	b	ZXM211	B	b	ZXM356	A	a
ZXM169	B	b	ZXM214	B	a	ZXM357	C	a
ZXM170	B	b	ZXM251	A	b	ZXM358	B	b
ZXM171	B	b	ZXM252	C	b	ZXM359	A	b
ZXM172	B	b	ZXM253	C	b	ZXM360	B	b
ZXM173	B	b	ZXM254	B	b	ZXM361	A	b
ZXM174	A	b	ZXM284	B	b	ZXM362	B	b
ZXM175	A	b	ZXM289	A	b	ZXM363	A	b
ZXM176	A	b	ZXM295	B	b	ZXM364	A	b
ZXM177	B	b	ZXM296	B	b	ZXM365	B	b
ZXM178	B	b	ZXM321	A	b	ZXM366	A	b
ZXM179	B	b	ZXM322	B	b	ZXM367	A	b
ZXM180	A	b	ZXM323	A	b	ZXM368	A	b
ZXM181	A	b	ZXM324	A	b	ZXM369	C	b
ZXM182	A	b	ZXM325	A	b	ZXM370	A	a

续表 1

Continuing Table 1

品种 Cultivars	等位基因 Alleles		品种 Cultivars	等位基因 Alleles		品种 Cultivars	等位基因 Alleles	
	<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>		<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>		<i>Xwmc312</i>	<i>TaLOX-B1</i>
ZXM183	A	b	ZXM326	A	b	ZXM371	B	b
ZXM184	A	b	ZXM327	B	b	ZXM372	B	a
ZXM185	A	a	ZXM328	C	b	ZXM373	B	b
ZXM186	B	b	ZXM329	B	b	ZXM375	B	b
ZXM187	C	b	ZXM330	A	b	ZXM376	B	b
ZXM188	A	b	ZXM331	A	b	ZXM377	A	b
ZXM189	B	b	ZXM332	A	b	ZXM378	B	b
ZXM190	A	b	ZXM333	B	b	ZXM380	A	b
ZXM191	A	b	ZXM334	A	a/b	ZXM381	B	b
ZXM192	B	b	ZXM335	B	b	ZXM382	C	b
ZXM193	C	b	ZXM336	B	b	ZXM383	B	a
ZXM194	B	b	ZXM337	B	b	ZXM384	C	b
ZXM195	B	b	ZXM338	A	b	ZXM385	C	b
ZXM196	C	b	ZXM339	C	b	ZXM386	A	a
ZXM197	B	b	ZXM340	A	a	ZXM387	B	b
ZXM198	A	b	ZXM341	A	b	ZXM388	B	b
ZXM199	A	b	ZXM342	B	b	ZXM389	C	b
ZXM200	B	a	ZXM343	B	b	ZXM390	B	b
ZXM201	A	b	ZXM344	A	b	ZXM392	B	b
ZXM202	B	b	ZXM345	A	a	ZXM393	A	b
ZXM203	B	a	ZXM346	A	a	ZXM395	A	a
ZXM204	A	b	ZXM347	B	b			
ZXM205	C	b	ZXM348	A	b			

注: A: *Xwmc312*₋₂₄₇; B: *Xwmc312*₋₂₃₅; C: *Xwmc312*₋₂₂₇; a: *TaLOX-B1a*; b: *TaLOX-B1b*.

Note: A: *Xwmc312*₋₂₄₇; B: *Xwmc312*₋₂₃₅; C: *Xwmc312*₋₂₂₇; a: *TaLOX-B1a*; b: *TaLOX-B1b*.

3 结论与讨论

为了明确俄引春小麦的各种生物学特性,便于其用于黑龙江春小麦的品种改良,该研究首先利用 Geng 等^[7-8]开发出针对 LOX 活性的 2 个主效基因位点 (*QLpx. caas-1AL* 和 4BS 上的 *TaLOX-B1*) 的分子标记对俄引的 245 份春小麦品种分析,结果表明,在 *QLpx. caas-1AL* 位点上, *Xwmc312*₋₂₄₇ 基因型比例为 57.49%, *Xwmc312*₋₂₃₅ 基因型比例为 34.41%, *Xwmc312*₋₂₂₇ 基因型比例为 8.10%。第一种基因型最多,最后一种最少,这种分布趋势与在黑龙江品种上的结果相似: *Xwmc312*₋₂₄₇、*Xwmc312*₋₂₃₅ 和 *Xwmc312*₋₂₂₇ 分别是 59.06%、22.05% 和 18.11%。*Xwmc312*₋₂₄₇ 基因型最多, *Xwmc312*₋₂₂₇ 最少,与国内其他学者也有相似结果^[9-10]。关于

TaLOX-B1 位点,研究结果表明,俄引品种高活性等位基因型 *TaLOX-B1a* 分布比例是 6.48%,低活性的等位基因型 *TaLOX-B1b* 分布比例是 93.12%;其中有一个品种在此位点表现杂合。而在黑龙江品种上虽然 *TaLOX-B1b* 分布比例表现高、*TaLOX-B1a* 分布比例低,但是俄引春小麦品种低活性等位基因型 *TaLOX-B1b* 分布比例高出黑龙江品种 4 个百分点,相应的其 *TaLOX-B1a* 分布比例低于黑龙江品种 4 个百分点。通过比较表明,俄引春小麦与黑龙江的 LOX 活性有差异。

俄引春小麦 2 个位点不同等位基因组合共有 6 种,其中高活性组合 *Xwmc312*₋₂₃₅/*TaLOX-B1a* (分布频率 2.43%) 有 6 个品种: ZXM167、ZXM200、ZXM203、ZXM214、ZXM372 及 ZXM383;黑龙

江品种与俄引春小麦在 2 个位点不同等位基因组合共有同样的 6 种组合,但高活性组合(分布频率 1.58%)有 2 个品种:龙辐麦 1 号和克旱 21。鉴定出的俄引的 6 个脂肪氧化酶基因高活性组合品种为黑龙江小麦开展高白度小麦品种改良提供了很好的基因源,应当充分加以利用,为黑龙江地区农业生产服务。

参考文献:

- [1] 胡瑞波,田纪春,邓志英,等. 中国白盐面色泽影响因素的研究[J]. 作物学报,2006,32(9):1338-1343.
- [2] 孙道杰,何中虎,王辉. 小麦全麦粉黄色素相关基因研究[J]. 西北植物学报,2006,26(4):655-660.
- [3] He X Y, He Z H, Zhang L P, et al. Allelic variation of polyphenoloxidase(PPO) genes located on chromosomes 2A and 2D and development of functional markers for the PPO genes in common wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 115: 47-58.
- [4] Simeone R, Pasqualone A, Clodoveo M L, Blanco Genetic mapping of polyphenol oxidase in tetraploid wheat[J]. Cell. Mol. Biol Lett., 2002, 7: 763-769.
- [5] Symons S J. Computer analysis of fluorescence for the measurement of flour refinement as determined by flour ash content, flour grade color, and tristimulus color measurements[J]. Cereal Chemistry, 1991, 68: 454-460.
- [6] Carrera A, Echenique V, Zhang W, et al. Adeletion at the Lpx-B1 locus is associated with low lipoxygenase activity and improved pasta color in durum wheat[J]. J. Cereal Sci., 2007, 45: 67-77.
- [7] Pshenichnikova, T A, Osipova S V, Permyakova M D, et al. Mapping of quantitative trait loci (QTL) associated with activity of disulfide reductase and lipoxygenase in grain of bread wheat[J]. Russ. J. Genet., 2008, 44: 567-574.
- [8] Geng Hongwei, Zhang Yan, He Zhonghu, et al. Molecular markers for tracking variation in lipoxygenase activity in wheat breeding[J]. Mol. Breeding, 2011, 28: 117-126.
- [9] Geng Hongwei, Xia Xianchun, Zhang Liping, et al. Development of functional markers for a lipoxygenase gene *TaLox-B1* on chromosome 4BS in common wheat[J]. Crop Science, 2012, 52: 568-576.
- [10] 张钰玉, 王晓龙, 张晓科, 等. 陕西小麦品种(系)脂肪氧化酶活性基因的遗传多态性分析[J]. 麦类作物学报, 2012, 32(4): 616-621.
- [11] 相吉山, 穆培源, 桑伟, 等. 新疆小麦品种资源脂肪氧化酶活性基因 *TaLox-B1* 的分布特征研究[J]. 麦类作物学报, 2013, 33(24): 279-285.
- [12] 张宏纪, 刁艳玲, 孙连发, 等. 航天诱变新品种龙辐麦 18 的选育及其主要特征特性分析[J]. 核农学报, 2008, 22(3): 243-247.

Polymorphism of Lipoxygenase Genes in Russia Spring Wheat Cultivars

GUO Qiang^{1,2}, ZHANG Hong-ji¹, ZHANG Ju-mei³, LIU Wen-lin¹, GUO Yi-fan¹, LIU Dong-jun¹, SUN Yan¹

(1. Crop Breeding Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang 150086; 2. Agricultural Technology Extension Center in Suihua of Heilongjiang Province, Suihua, Heilongjiang 152000; 3. Sino-Russia Agricultural Scientific and Technological Cooperation Center of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang 150086)

Abstract: In order to improve the wheat varieties of Heilongjiang province, strengthen the germplasm innovation, 247 spring wheat varieties from Russian were detected by 3 pairs of molecular markers linked with 2 lipoxygenase(LOX) loci. The results showed that for *Qlpx. caas-1AL* loci, there were 142 cultivars amplified *Xwmc312-247* alleles with 247 bp specific bands, 85 cultivars amplified *Xwmc312.235* with 235 bp specific bands, 20 cultivars amplified *Xwmc312-227* with 247 bp specific bands for SSR *Xwmc312*, distribution ratio of *Xwmc312-247*, *Xwmc312-235* and *Xwmc312-227* were 57.49%, 34.41% and 8.10% respectively. For *TaLOX-B1* loci, 16 cultivars amplified high-activity allele specific band(*TaLOX-B1a*) for marker *Lox16*, 230 cultivars amplified low-activity allele specific band(*TaLOX-B1b*) for marker *Lox18*, 1 cultivar was hybrid, distribution ratio of *TaLOX-B1a* and *TaLOX-B1b* were 6.48% and 93.12% which suggested that *TaLOX-B1b* was the most in *TaLOX-B1* loci. There were six allelic combinations of in 2 loci, *Xwmc312-247/TaLOX-B1b* distribution ratio was the most(53.85%), and that distribution ratio of *Xwmc312-225/TaLOX-B1a* was least(0.41%). Other four allelic combinations were the medium. The data indicated that spring wheat varieties introduced from Russian was based on the combination of low LOX activity.

Key words: Russian spring wheat; lipoxygenase; polymorphism

(该文作者还有张睿和杨淑萍,单位分别同第三作者和第二作者)