

陈俊鹏,彭敏,王晓方,等.121份小麦地方品种HMW-GS组成分析[J].华中农业大学学报,2025,44(1):15-23.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2025.01.002

121份小麦地方品种HMW-GS组成分析

陈俊鹏¹,彭敏²,王晓方¹,汤清益³,张道荣³,任喜峰¹

1. 华中农业大学植物科学技术学院/湖北洪山实验室,武汉 430070; 2. 湖北省十堰市农业科学院,十堰 442000;
3. 湖北省襄阳市农业科学院,襄阳 441057

摘要 为挖掘具有应用价值的高分子质量麦谷蛋白亚基(high molecular weight glutenin subunits, HMW-GS)组合,筛选出优质小麦地方品种资源,以我国121份小麦地方品种为供试材料,利用SDS-PAGE技术对供试材料的HMW-GS组成进行鉴定和分析。结果显示,供试材料在Glu-A1、Glu-B1和Glu-D1位点上分别检测出3、9和6种不同的等位基因变异类型,其中Null、5+10和2+12分别在Glu-A1、Glu-B1和Glu-D1位点上出现的频率最高,分别为78.51%、76.86%和76.03%;同时,不同等位基因变异类型共形成30种不同的亚基组合,其中以[Null/(7+8)/(2+12)]亚基组合类型占比最高,为55.37%,但该亚基组合类型品质得分较低,仅有6分;而亚基组合[1/(7+8)/(5+10)][1/(7+9)/(5+12)][1/(7+9)/(5+10)][2*(7+8)/(5+10)]和[2*(7+9)/(5+12)]得分最高,成为优质亚基组合。结果表明,具有这些优质亚基组合的小麦地方品种(酱麦、钱交麦和扁光头壳麦等)可作为现代小麦品质改良的优异基因资源。

关键词 小麦; 地方品种; HMW-GS; 品质改良; 亚基组合

中图分类号 S512.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2025)01-0015-09

小麦是我国重要的口粮作物,具有较高的营养价值,可用于制作面包、饼干、馒头和面条等多种食品^[1]。近年来随着人们生活方式的改善和生活水平的提高,消费者对小麦品质的要求也不断提高,为满足消费者对小麦品质的需要,提高小麦品质已成为我国现代小麦育种的重要目标^[2]。我国小麦地方品种具有较高的遗传多样性,是现代小麦品质改良的重要种质资源。

麦谷蛋白是小麦籽粒贮藏蛋白的一种,占小麦籽粒胚乳蛋白的40%以上。麦谷蛋白可进一步分为低分子质量麦谷蛋白(low molecular weight glutenin subunits, LMW-GS)和高分子质量麦谷蛋白(high molecular weight glutenin subunits, HMW-GS)。LMW-GS主要影响面团的黏性,而HMW-GS主要影响面团的弹性,研究表明HMW-GS对小麦加工品质有着重要的影响^[3-5]。HMW-GS由位于小麦1A、1B、1D染色体长臂上Glu-A1、Glu-B1和Glu-D1位点的编码基因控制,通常情况下这3个位点的每一个位点都包含2个紧密连锁的基因x型亚基和y型亚基,

但是Glu-A1位点上的y型亚基在绝大多数的小麦品种中都无法表达,因此只能检测到x型亚基,如果x型亚基因为DNA突变等原因无法表达,则在Glu-A1位点就检测不到亚基存在,在研究中通常用Null表示^[6-7]。另外,这3个位点的编码基因在保守区域序列高度一致,而在重复序列DNA片段的插入、缺失或SNP位点差异形成不同的单倍型进而导致HMW-GS形成不同的亚基类型^[8-9]。不同HMW-GS对小麦品质的影响不同,安悦^[10]对湖北省90份审定品种和73份高代品系的HMW-GS与品质性状进行相关分析认为,Glu-1位点上不同等位基因对小麦各项品质指标的影响不同,且在对品质性状的影响效应上Glu-B1>Glu-D1>Glu-A1;其他相关研究表明在Glu-A1位点的2*和1亚基,Glu-B1位点上的7+8、13+16、14+15和17+18亚基,Glu-D1位点上的5+10亚基均对小麦品质有明显的正向效应,是提高小麦加工品质的优质亚基^[11-12]。但目前优质的HMW-GS基因的数量仍然有限,进一步鉴定和克隆新的优质亚基基因是提高小麦品质的重要途径。

收稿日期: 2024-03-07

基金项目: 农业农村部种质资源项目(19Z30603); 湖北洪山实验室开放课题(2021hskf009)

陈俊鹏, E-mail: 632080772@qq.com

通信作者: 张道荣, E-mail: dongfanghong1998@163.com; 任喜峰, E-mail: renxifeng@mail.hzau.edu.cn

之一^[13]。

近年来,随着小麦品质改良越来越受到育种家的重视,研究小麦HMW-GS的类型和亚基组成对品质遗传改良具有重要的意义。蒋云等^[14]对四川省184份小麦审定品种的HMW-GS组成进行研究,指出与过去几十年相比,四川省小麦品种HMW-GS改良成效明显,改良前四川省小麦HMW-GS组成以[Null/(7+8)/(2+12)]为主,如今优质强筋亚基类型1亚基和5+10亚基的频率逐步上升,出现频率分别达到59%和56%;耿惠敏^[15]对714份河南省小麦品种进行品质分析,发现河南省Glu-1位点等位基因多样性较低,优质亚基14+15、13+16)和5+10占比较少, HMW-GS组成虽然较为丰富,但是优质亚基组合类型少,总体品质得分低。本研究以121份中国小麦地方品种为供试材料,利用SDS-PAGE技术对HMW-GS的类型进行鉴定,同时对不同亚基的组成进行评价,以期挖掘具有应用价值的HMW-GS组合类型,筛选出优质小麦地方品种资源,为我国小麦品质改良提供基因资源和参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料为华中农业大学植物科学技术学院麦类作物课题组近年来从全国收集到的121份小麦地方品种,于2021—2022年种植于华中农业大学麦作试验田。田间采用随机区组设计,每份材料按3行区种植,行长2 m,行距为20 cm,株距为10 cm,3次重复,按照小麦大田生产进行田间管理。

1.2 小麦籽粒蛋白质的提取

参照Wang等^[16]的方法进行小麦籽粒蛋白质的提取。每份材料选择3粒大小均匀一致的种子放入研磨机(Tissue Lyser II)中粉碎,将提取到的40 mg粗粉加入600 μL SDS-PAGE样品缓冲液中(62.5 mmol/L Tris-HCl, pH 6.8, 2% SDS(m/V), 10%甘油(V/V), 5% 2-巯基乙醇(V/V), 0.002% 溴酚蓝(m/V)中,连续涡旋搅拌2 min,摇匀30 min,置于90 °C沸水浴5 min。

1.3 SDS-PAGE方法

参照Wang等^[16]的方法进行SDS-PAGE分析。将获得的小麦蛋白质放置在高速离心机上13 000 r/min离心5 min,取8 μL上清液进行SDS-PAGE分析。SDS-PAGE用12%(m/V)的流动凝胶和4%的堆积凝胶进行。在1倍Tris-甘氨酸的电极缓冲液

中,于25 mA恒流下电泳约5 h。电泳后,将凝胶板置于0.05%(m/V)考马斯亮蓝溶液中8~10 h,然后用水脱色10~12 h。HMW-GS采用Payne等^[17]命名法进行分类,以已知HMW-GS带型的中国春[CK1, N/(7+8)/(2+12)]和中优9507[CK2, 1/(7+9)/(5+10)]为对照。HWM-GS亚基评分参考Payne等^[17]的评分标准, HMW-GS所对应分值如表1所示。

表1 HWM-GS品质评分标准

Table 1 Standard of quality scores of HWM-GS

品质得分 Quality scores	Glu-A1位点 Glu-A1 locus	Glu-B1位点 Glu-B1 locus	Glu-D1位点 Glu-D1 locus
4			5+10,5+12
3	2*,1	7+8,17+18, 13+16,14+15	
2		7+9	2+12
1	Null	6+8,7	4+12
—		22,7*+8	2+10, 1.5*+10

注:“—”表示该亚基评分标准暂时未确定。Note: “—” in the quality score of subunits have not been determined.

1.4 HWM-GS等位基因变异类型命名

本研究中对HWM-GS等位基因变异类型命名参照Payne等^[18]的方法。

1.5 数据处理及分析

利用Excel对数据进行统计处理,利用MEGA-X软件进行系统聚类分析。

2 结果与分析

2.1 小麦地方品种HMW-GS等位基因变异类型

利用SDS-PAGE对121份小麦地方品种材料的HMW-GS组成进行分析,各品种对应的HMW-GS组成如表2所示,121份小麦地方品种在Glu-1位点上共检测出18种等位基因变异类型,其中在Glu-A1位点检测出3种等位基因变异类型,Glu-B1上共检测出9种等位基因变异类型,Glu-D1位点上共检测出6种等位基因变异类型(表3),部分品种等位变异的SDS-PAGE图谱如图1所示。

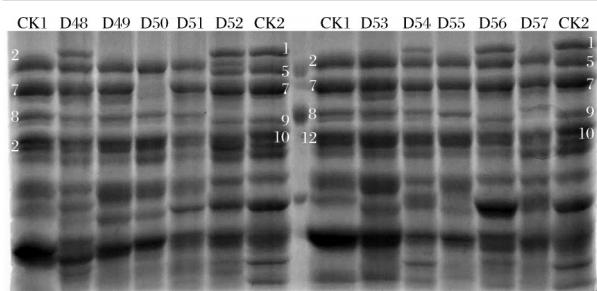
Glu-A1位点检测出Glu-A1a、Glu-A1b和Glu-A1c 3种等位基因变异类型所对应的亚基分别为1、2*和Null,出现的频率分别为19.01%、2.48%和78.51%;在Glu-B1上共检测出9种等位基因变异类型,其中等位基因Glu-B1b(对应的亚基类型为7+8)出现频率最高,为76.86%,而等位基因变异类型Glu-

表2 121份不同小麦地方品种的HMW-GS组成
Table 2 Composition of HMW-GS in 121 different wheat landraces

编号 Code	品种 Varieties	亚基组合 Subunit composition			编号 Code	品种 Varieties	亚基组合 Subunit composition		
		Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1			Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1
D1	SN0052	Null	13+16	5+10	D44	大白麦 Dabaimai	Null	7+8	5+10
D2	04中36 04 Zhong36	1	7+9	4+12	D45	D5698	Null	7+8	2+12
D3	白火麦 Baihuomai	Null	7+8	2+12	D46	小三月黄 Xiaosanyuehuang	Null	7+8	2+12
D4	葛家斗 Gejiadou	Null	7+8	2+12	D47	WA3D128	1	7+8	5+10
D5	15F7-4	1	7+9	2+12	D48	白芒麦 Baimangmai	1	7+8	2+12
D6	J64-4	1	7+8	2+10	D49	金黄麦 Jinhuangmai	Null	7+8	2+12
D7	大粒半芝 Dalibanzhi	Null	6+8	2+10	D50	木家单嘎 Mujiadanga	Null	22	2+12
D8	蝼蛄胫 Louguding	Null	7+8	2+12	D51	红须麦 Hongxumai	Null	7+8	2+12
D9	白条鱼 Baitiaoyu	Null	7+8	2+12	D52	15F7-2	Null	7+9	5+12
D10	三月黄 Sanyuehuang	Null	7+8	2+12	D53	白大头 Baidatou	Null	7+8	2+12
D11	品保 Pinbao	Null	7+8	2+12	D54	府麦 Fumai	1	7+8	2+12
D12	白扁穗 Baibiansui	Null	7+8	2+12	D55	白芒小麦 Baimangxiaomai	Null	7+9	2+12
D13	WA2D27	Null	7+8	2+12	D56	观1 Guan-1	1	7+9	2+12
D14	07K1312	Null	7+8	2+12	D57	抢场麦 Qiangchangmai	Null	7+8	2+12
D15	WA5(125)	Null	7+8	5+12	D58	同家坝小麦 Tongjiabaxiaomai	Null	7+8	2+12
D16	火球 Huoqiu	Null	14+15	2+12	D59	鱼鳅麦 Yuqiumai	Null	7+8	2+12
D17	D1775-2	Null	14+15	5+10	D60	黄花麦 Huanghuamai	Null	7+8	2+12
D18	婺源麦 Wuyuanmai	Null	7+8	2+12	D61	大青芒 Daqingmang	Null	7+8	5+10
D19	J88-2	Null	6+8	5+10	D62	红芒麦 Hongmangmai	Null	7+8	5+10
D20	秃芒麦 Tumangmai	Null	7+8	2+12	D63	康定小麦 Kangdingxiaomai	Null	7+8	2+12
D21	白花麦 Baihuamai	1	7+8	2+12	D64	钱交麦 Qianjiaomai	2*	7+9	5+12
D22	尕麦 Gamai	Null	7+8	2+12	D65	红花麦 Honghuamai	Null	7+8	2+12
D23	虫白子麦 Chongbaizimai	1	7+8	2+12	D66	D5683	Null	7+8	2+12
D24	一枝麦 Yizhimai	Null	7+8	2+12	D67	江春麦 Jiangchunmai	Null	7+8	2+12
D25	大玉花 Dayuhua	Null	7	2+12	D68	红花子 Honghuazi	Null	7+8	2+12
D26	棱条红麦 Lengtiaohongmai	Null	7+8	2+12	D69	和尚麦 D655 Heshangmai D655	Null	7+8	2+12
D27	不夹麦 7859 Bujiamai7859	Null	7+9	2+12	D70	紫皮 Zipi	Null	7+8	2+12
D28	白蒲 Baipu	Null	7+8	2+12	D71	有芒扫谷星 Youmangsaoguxing	Null	7+8	2+12
D29	白蚂蚱 D5703 Baimazha D5703	1	7+8	2+12	D72	成都光头 Chengduguangtou	Null	7+8	2+12
D30	紫穗红 Zisuihong	1	7+8	2+12	D73	汉中白 Hanzhongbai	Null	7+8	2+12
D31	春麦 D5697 Chunmai D5697	1	7+8	2+12	D74	猪狗麦 Zhugoumai	Null	7+8	2+12
D32	猪屎麦 Zhushimai	Null	7+8	2+12	D75	D5695	Null	7+8	2+12
D33	泡子麦 Paozimai	Null	7+8	2+12	D76	扁光头壳麦 Bianguangtoukemai	2*	7+9	5+12
D34	赤壳 Chike	Null	7+8	2+12	D77	敌锈旱 Dixiuhan	Null	7+8	2+12
D35	白芒麦 Baimangmai	Null	7+8	5+12	D78	无芒春麦 Wumangchunmai	Null	7+8	2+12
D36	山麦 Shanmai	Null	7+8	2+12	D79	半截芒 Banjiemang	Null	7*+8	2+10
D37	高加索 Gaojasuo	1	7+8	2+12	D80	白冬麦 Baidongmai	Null	7+8	2+12
D38	酱麦 Jiangmai	1	7+8	5+10	D81	火旱炎 Huohanyan	Null	7+8	2+12
D39	D5755	Null	7+8	2+12	D82	红秃子 Hongtuzi	Null	7+8	2+10
D40	大口麦 Dakoumai	Null	7+8	2+12	D83	旱洋麦 Hanyangmai	Null	7+8	2+12
D41	上林小麦 Shanglinxiaomai	Null	7+8	2+12	D84	扎红 Zhahong	Null	7+8	2+12
D42	石牧-14 Shimu-14	Null	7+8	2+12	D85	互补红 Hubuhong	Null	6+8	5+10
D43	滇西红壳 Dianxihongke	1	17+18	2+12	D86	三月黄 Sanyuehuang	1	7+8	2+12

续表2 Continued Table 2

编号 Code	品种 Varieties	亚基组合 Subunit composition			编号 Code	品种 Varieties	亚基组合 Subunit composition		
		Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1			Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1
D87	洋麦 Yangmai	Null	7+8	2+12	D105	车钩子 Chejianzi	Null	7+8	2+12
D88	本地黄花麦 Bendihuanghuamai	Null	7+9	2+12	D106	WA6E142	Null	7+9	5+10
D89	红和尚头 Hongheshangtou	Null	7+8	2+12	D107	三月黄-3 Sanyuehuang-3	Null	7+8	1.5* +10
D90	府麦 Fumai	Null	7+8	5+10	D108	右1083 You 1083	Null	7+9	2+12
D91	潮安小麦 Chaoanxiaomai	Null	7+8	2+12	D109	白油麦 Baiyoumai	Null	7+9	2+12
D92	长芒石扁头 Changmangshibiantou	Null	7+8	2+12	D110	白秃子头 Baituzitou	1	7+8	4+12
D93	火麦 Huomai	Null	7+8	2+12	D111	老齐麦 Laoqimai	1	7+8	2+12
D94	百芒麦 Baimangmai	Null	7+8	2+12	D112	出山豹 Chushanbao	Null	7+8	2+12
D95	深根 Shengen	1	7+8	2+12	D113	WA9D4	Null	7	2+12
D96	阜阳麦 Fuyangmai	Null	7+8	4+12	D114	WA8E81	1	7+9	2+12
D97	D5696	2*	7+8	5+10	D115	兰溪早小麦 Lanxizaxiaomai	Null	7+8	2+12
D98	芒小麦 Mangxiaomai	Null	7+8	2+12	D116	蚰包 Youbaobao	1	7+9	5+12
D99	敦化春麦 Dunhuachunmai	Null	7+8	2+12	D117	西山扁穗 Xishanbiansui	Null	7+8	2+12
D100	阳麦 Yangmai	1	7	4+12	D118	三颗寸 Sankecun	Null	13+16	2+12
D101	墨脱小麦 Motuoxiaomai	Null	7+8	2+12	D119	小佛手 Xiaofoshou	Null	7+8	2+12
D102	洋麦 Yangmai	Null	7+8	2+12	D120	大白麦 Dabaimai	Null	7+8	1.5* +10
D103	红狗豆 Honggoudou	Null	7+8	2+12	D121	WA40167	1	7+9	5+10
D104	胜和小麦 Shenghexiaomai	Null	7+8	2+12					



CK1为小麦品种中国春,CK2为小麦品种中优9507,D48-D57为试验品种编号,所代表的品种名和亚基组合见表2;1,2,5,7,8,9,10,12为对照的亚基名称。CK1是小麦品种China Spring,CK2是小麦品种Zhongyou 9507, and D48-D57 is the experimental variety number. The variety names and subunit combinations represented can refer to Table 2; 1, 2, 5, 7, 8, 9, 10, 12 is subunit names of CK.

图1 部分地方小麦品种 SDS-PAGE 图谱

Fig.1 SDS-PAGE patterns of some wheat landraces

Bli、*Glu-B1k* 和 *Glu-B1u*(对应的亚基类型分别为(17+18、22和7*+8)]出现频率最低,只在单个小麦地方品种材料中被鉴定,其频率均为0.83%;在*Glu-D1*位点上共检测出6种等位基因变异类型,以等位基因变异类型*Glu-D1a*(对应的亚基类型为2+12)出现的频率最高,为76.03%,而1.5*+10亚基出现频率最低,为1.65%(表3)。

表3 121份小麦地方品种HWM-GS等位变异及频率

Table 3 Allelic variation and frequency of HWM-GS in 121 wheat landraces

位点 Locus	亚基 Subunit	等位基因 Allele	材料份数 No. of materials	频率/% Frequency
<i>Glu-A1</i>	1	<i>a</i>	23	19.01
	2*	<i>b</i>	3	2.48
	Null	<i>c</i>	95	78.51
	7	<i>a</i>	3	2.48
	7+8	<i>b</i>	93	76.86
	7+9	<i>c</i>	15	12.40
	6+8	<i>d</i>	3	2.48
	13+16	<i>f</i>	2	1.65
	14+15	<i>h</i>	2	1.65
	17+18	<i>i</i>	1	0.83
	22	<i>k</i>	1	0.83
	7*+8	<i>u</i>	1	0.83
<i>Glu-D1</i>	2+12	<i>a</i>	92	76.03
	4+12	<i>c</i>	4	3.31
	5+10	<i>d</i>	13	10.74
	2+10	<i>e</i>	4	3.31
	5+12	<i>h</i>	6	4.96
	1.5*+10	?	2	1.65

同时,在121份小麦地方品种中鉴定出了2个新亚基类型和5个稀有亚基类型,其中稀有亚基类型包

括在 *Glu-A1* 位点上鉴定出的 3 份地方品种含有的 2* 亚基, 在 *Glu-B1* 位点上鉴定出的 22 亚基、(14+15) 亚基、(17+18) 亚基和(13+16) 亚基; 2 个新亚基类型包括在 *Glu-B1* 位点上鉴定出的(7*+8) 亚基和在 *Glu-D1* 上鉴定出的(1.5*+12) 亚基(表 3)。

2.2 小麦地方品种 HMW-GS 组合及评价

如表 4 所示, 在 121 份小麦地方品种中共鉴定出表 4 121 份小麦地方品种 HMW-GS 组成、频率及品质得分

Table 4 Composition, frequency and quality score of HMW-GS from 121 wheat landraces

HMW-GS 组合类型 The composition of HWM-GS			等位基因 组合类型 Allele types	材料份数 及频率/% No. of materials and frequency	品质得分 Quality scores
<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>			
1	7+8	5+10	abd	2/1.65	10
1	7+8	2+10	abe	1/0.83	-
1	7+8	4+12	abc	1/0.83	7
1	7+8	2+12	aba	11/9.09	8
1	7+9	5+10	acd	1/0.83	9
1	7+9	4+12	acc	1/0.83	6
1	7+9	2+12	aca	3/2.48	7
1	7+9	5+12	ach	1/0.83	9
1	17+18	2+12	aia	1/0.83	8
1	7	4+12	aac	1/0.83	5
2*	7+8	5+10	bbd	1/0.83	10
2*	7+9	5+12	bch	2/1.65	10
Null	7+9	2+12	cca	5/4.13	6
Null	7+9	5+12	cch	1/0.83	8
Null	7+9	5+10	ccd	1/0.83	8
Null	7+8	2+12	cba	67/55.37	6
Null	7+8	5+12	cbh	2/1.65	8
Null	7+8	5+10	cbd	4/3.31	8
Null	7+8	2+10	cbe	1/0.83	-
Null	7+8	4+12	cbc	1/0.83	5
Null	7+8	1.5* +10	cb?	2/1.65	-
Null	6+8	5+10	cdd	2/1.65	6
Null	6+8	2+10	cde	1/0.83	-
Null	14+15	2+12	cha	1/0.83	6
Null	14+15	5+10	chd	1/0.83	8
Null	7	2+12	caa	2/1.65	4
Null	22	2+12	cka	1/0.83	-
Null	7*+8	2+10	cue	1/0.83	-
Null	13+16	5+10	cfb	1/0.83	8
Null	13+16	2+12	cfa	1/0.83	6

注: 品质得分中“-”表示该 HWM-GS 组成中某个亚基的品质评分标准尚未确定。Note: “-” in the quality score indicates that the quality scoring criteria for a certain subunit in the HWM-GS composition have not been determined yet.

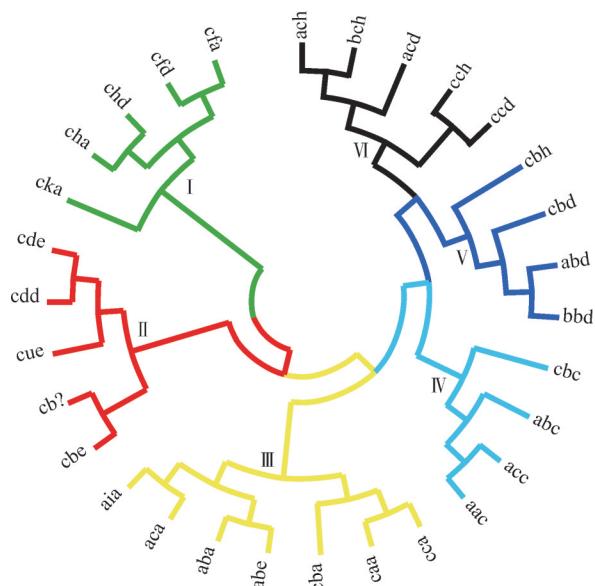
30 种不同的 HMW-GS 组合类型, 其中 Null/(7+8)/(2+12) 组合的材料最多, 包含 67 个品种, 占总品种数的 55.37%; 其次为 1/(7+8)/(2+12), 包含 11 个品种, 占比为 9.09%; 其余 28 种亚基组合类型的频率均 $\leq 5\%$, 其中 19 种亚基组合 1/(7+8)/(2+10)、1/(7+8)/(4+12)、1/(7+9)/(5+10)、1/(7+9)/(4+12)、1/(7+9)/(5+12)、1/(17+18)/(2+12)、1/7/(4+12)、2*/(7+8)/(5+10)、Null/(7+9)/(5+12)、Null/(7+9)/(5+10)、Null/(7+8)/(2+10)、Null/(7+8)/(4+12)、Null/(6+8)/(2+10)、Null/(14+15)/(2+12)、Null/(14+15)/(5+10)、Null/22/(2+12)、Null/(7*+8)/(2+10)、Null/(13+16)/(5+10) 和 Null/(13+16)/(2+12) 只在单个小麦地方品种中被鉴定到, 其频率均为 0.83%。

根据不同 HMW-GS 组合类型的品质得分来看, 121 份小麦地方品种中有 7 份品质得分无法确定, 114 份品种的品质平均得分为 6.6 分。所有供试小麦地方品种所占频率最高的 Null/(7+8)/(2+12) 亚基组合类型品质得分偏低, 仅有 6 分; 但有 24% 的小麦地方品种品质得分 ≥ 9 分, 如 1/(7+8)/(5+10)、2*/(7+8)/(5+10) 和 2*/(7+9)/(5+12) 亚基组合类型品质得分为 10 分, 1/(7+9)/(5+10) 和 1/(7+9)/(5+12) 亚基组合类型品质得分为 9 分; 有 3.30% 的小麦地方品种品质得分 ≤ 5 分, 亚基组合类型分别为 1/7/(4+12)、Null/(7+8)/(4+12) 和 Null/7/(4+12)(表 4)。

2.3 HMW-GS 组合类型的聚类分析

对 121 份小麦地方品种的 30 个 HMW-GS 等位基因组合类型的相似性进行聚类分析, 发现 30 种 HMW-GS 等位基因组合共聚为 6 个主要类群(图 2)。I 类包含 5 种 HMW-GS 等位基因组合, 共 5 个小麦地方品种; II 类包含 5 种 HMW-GS 等位基因组合, 共 7 个小麦地方品种; III 类包含 7 种 HMW-GS 等位基因组合, 共 90 个小麦地方品种; IV 类包含 4 种 HMW-GS 等位基因组合, 共 4 个小麦地方品种; V 类包含 4 种 HMW-GS 等位基因组合, 共 9 个小麦地方品种; VI 类包含 5 种 HMW-GS 等位基因组合, 共 6 个小麦地方品种。其中 I 类与其他 5 类 HMW-GS 等位基因组合的差异较大, 第 IV 类、第 V 类和第 VI 类 HMW-GS 等位基因组合之间更相似。

结合表 4 中各亚基组合类型的品质得分可以发现, 品质得分 ≥ 9 分的优质亚基组合类型 1/(7+8)/(5+10)(abd)、2*/(7+8)/(5+10)(bbd)、1/(7+9)/(5+10)(acd)、1/(7+9)/(5+12)(ach) 和 2*/(7+9)/(5+12)(bch) 被聚类到第 V 类和第 VI 类; 品质得分 ≤ 5 分的亚基组合类型 1/7/(4+12)(aac)、Null/



1. 不同字母组合代表不同的等位基因组合类型。2. I~VI代表聚类分析的分类结果。
1. Different letter combinations represent different types of allele combinations. 2. I~VI represents the classification results of cluster analysis.

图2 121份小麦地方品种HMW-GS等位基因组合的聚类分析

Fig.2 Cluster analysis based on the allele combinations of the 121 landraces

(7+8)/(4+12)(cbc)和Null/7/(2+12)(caa)都被聚类到了第Ⅲ类和第Ⅳ类;品质得分在6~8分的亚基组合类型则被主要聚类在了第I类、第II类和第III类(图2)。

2.4 优质HWM-GS小麦地方品种的筛选

通过对121份小麦地方品种的30种不同HWM-GS组合类型鉴定,结合品质得分和在Glu-A1、Glu-B1和Glu-D1位点上所含有优质亚基的类型,筛选出7份具有优质亚基和优质亚基组合的小麦地方品种资源(表5),可作为小麦品质遗传改良的亲本。

表5 优质亚基的小麦地方品种

Table 5 Wheat landraces with high-quality HWM-GS

编号 Code	品种 Varieties	亚基组合 Ubbmit composition			品质得分 Quality scores
		Glu-A1	Glu-B1	Glu-C1	
D38	酱麦 Jiangmai	1	7+8	5+10	10
D47	WA3D128	1	7+8	5+10	10
D64	钱交麦 Qianjiaomai	2*	7+9	5+12	10
D76	扁光头壳麦 Bianguangtoukemai	2*	7+9	5+12	10
D97	D5696	2*	7+8	5+10	10
D116	蚰包 Youbao	1	7+9	5+12	9
D121	WA40167	1	7+9	5+10	9

3 讨论

本研究对我国121份小麦地方品种HWM-GS的组成进行分析,发现我国小麦地方品种的HWM-GS在Glu-A1、Glu-B1和Glu-D1位点上的变异类型丰富,共检测出18种等位基因变异类型和30种亚基组合类型,包括5个稀有亚基和2个新亚基类型。其中频率最高的亚基类型为Glu-A1位点的Null亚基、Glu-B1位点上(7+8)亚基和Glu-D1位点的(2+12)亚基,出现的频率分别为78.51%、76.86%和76.03%,且亚基组合类型也以Null/(7+8)/(2+12)为主。鉴定的稀有亚基类型为Glu-A1位点上的2*亚基和Glu-B1位点上的14+15、13+16、17+18、22亚基;鉴定的新亚基类型为Glu-B1位点上的(7*+8)亚基和Glu-D1位点上的(1.5*+12)亚基。同时,本研究也鉴定出WA3D128、酱麦、蚰包、WA40167、钱交麦、扁光头壳麦和D5696等7个含有优质亚基组合类型的小麦地方品种,未来可利用这些小麦地方品种作为小麦品质改良的直接亲本或育种中间材料,来选育品质优良的小麦新品种,为我国优质小麦的选育提供种质基础。

陈卫国等^[19]对35份山西地方小麦品种、47份山西育成小麦品种和41份外引小麦品种进行HWM-GS组成分析,发现外引品种的等位变异类型最为丰富,高达17种;其次是育成品种为13种,地方品种仅有11种。他们研究的小麦地方品种等位变异类型在Glu-A1位点上有3种,以Null亚基为主要变异类型,占比达到了91.4%,与本研究结论相似;在Glu-B1位点上只鉴定到4种等位变异类型,以7+8亚基为主,占比为77.1%,与本研究发现的9种等位变异类型相比,在Glu-B1位点上的亚基类型较少;在Glu-D1位点上鉴定到了4种等位基因变异类型,以2+12亚基为主,占比为85.7%,略少于本研究在Glu-D1位点上鉴定到的等位基因变异类型。陈卫国等^[19]在亚基组合类型上只鉴定到了10种不同的亚基组合类型,与本研究鉴定到的30种亚基组合类型相差较远,这可能是由于他们研究选用的小麦地方品种类型较少,并且都局限于山西省导致的,但是其亚基组合类型以Null/(7+8)/(2+12)为主,占比达到了71.43%,这一结论与本研究结果相似,同时也可说明Null/(7+8)/(2+12)亚基组合类型在我国小麦地方品种中分布最为广泛。同时,本研究通过对比陈卫国等^[19]鉴定到的亚基组合类型发现,在其鉴定到的10种亚基组合类型中,只有3种亚基组合类型与本研究

相同, $1/(6+8)/(4+12)$ 、 $2*/7/(2+10)$ 、 $2*/(7+8)/(2+12)$ 、Null/ $7/(3+12)$ 、Null/ $(6+8)/(2+12)$ 、Null/ $(7+9)/(2+10)$ 和Null/ $(7+8)/(3+12)$ 等7种亚基组合类型在本研究中未鉴定到,这说明我国小麦地方品种类型丰富,仍有许多的亚基组合类型可待挖掘利用。

董永梅等^[20]对200份小麦地方品种HMW-GS组成进行分析,共发现25种等位基因变异类型和35种亚基组合,在Glu-A1、Glu-B1和Glu-D1上分别发现了4、12和9种等位基因变异,其中以Null亚基(86.5%)、7+8亚基(73.0%)和2+12亚基(85.0%)出现频率最高,亚基组合类型上以Null/ $(7+8)/(2+12)$ (59.0%)亚基组合为主,本研究得到类似的结果。但在稀有亚基类型的鉴定上与本研究存在差异,其发现的稀有亚基包括在Glu-A1位点的1和2*亚基、Glu-B1位点的8+19、6+9、7和22亚基和在Glu-D1位点上发现2、10和Null亚基,除了Glu-B1位点上的7和22亚基在本研究中被鉴定到外,其他亚基在本研究中都未鉴定到;本研究在Glu-B1位点上鉴定到的7*+8亚基和在Glu-D1上鉴定出1.5*+12亚基也未被其他研究者鉴定到。

陈泠等^[21]通过对从全国各省收集到的127份小麦审定品种HMW-GS组成进行分析,共发现10种等位变异类型和17种亚基组合,少于本研究发现的18种等位变异类型和30种亚基组合,频率较高的亚基类型为Glu-A1位点的1(48.0%)和Null(47.2%)亚基、Glu-B1位点的(7+8)(44.1%)和(7+9)(44.1%)亚基和Glu-D1位点的(2+12)(70.1%)亚基,在亚基组成类型上以 $1/(7+8)/(2+12)$ (15.8%)、Null/ $(7+8)/(2+12)$ (17.3%)和Null/ $(7+9)/(2+12)$ (18.1%)为主,在其研究的小麦审定品种中,Glu-A1和Glu-B1位点的主要等位变异类型均为2种,与本研究中主要等位变异类型均为1种且频率较高有较大的差异,比如本研究在Glu-A1位点鉴定到频率最高的等位变异类型为Null亚基,为78.51%,而频率第二的亚基为1亚基,只有19.01%;同样在Glu-B1位点上,频率最高的7+8亚基达到了78.86%,频率第二的7+9亚基仅为12.40%。但是在Glu-D1位点上审定品种和地方品种均以2+12亚基为主要亚基类型,在其他研究者^[15-16]关于小麦地方品种亚基的研究中也发现了此类现象。通过对地方品种与审定品种亚基组成的对比,发现我国小麦地方品种的等位基因变异类型和亚基组成类型要远

比审定品种丰富,且Glu-A1位点1亚基和Glu-B1位点7+9亚基频率明显较高;同时,我国地方品种中含有大量在审定品种中没有的稀有亚基和新亚基,如2*、14+15和17+18。

范家霖等^[22]、陈杰等^[23]和王倩等^[24]分别对不同黄淮麦区的小麦品种进行HWM-GS分析,发现黄淮麦区小麦品种在Glu-A1位点上只鉴定出Null和1亚基2种等位变异类型,在Glu-B1位点上只鉴定出7+8、7+9、14+15和17+18亚基4种等位变异类型,在Glu-D1位点上只鉴定出2+12和5+10亚基2种等位变异类型。但谢科军等^[25]对黄淮麦区的不同小麦品种进行HWM-GS分析,除发现上述亚基外,也鉴定到一些频率较低的稀有亚基类型,如在Glu-A1位点鉴定到2*亚基(0.6%),在Glu-B1位点鉴定到13+16亚基(0.6%),在Glu-D1位点鉴定到5+12亚基(1.1%)。根据前人的研究^[15-16]发现我国黄淮麦区小麦亚基等位变异类型较少,亚基组成类型不丰富,优质亚基只有1、7+8和5+10亚基类型在育种中被广泛应用,其他优质亚基如2*、13+16、14+15、17+18和5+12出现频率非常低。因此,需要引进地方品种更为丰富的优质亚基来改良黄淮麦区小麦的品质性状,增加其遗传多样性。

我国小麦地方品种HMW-GS的等位基因变异类型和组成丰富多样,相比于地方品种,现代育成品种等位基因变异类型较少,大多数品种缺少优质亚基或优质亚基组合,且亚基等位变异类型和组成较单一,主要原因可能是育种家在小麦新品种选育的过程中优先考虑产量、抗病性和抗倒伏等表型性状,而需要通过仪器和SDS-PAGE分析才能准确选择的品质性状受到忽略。随着人民生活水平的不断提高,利用含有优质亚基的小麦地方品种改良小麦品种的品质将受到重视,地方品种中的一些优异的品质亚基基因将不断融入到小麦的审定品种中,使得未来小麦品种具有更加丰富的亚基组合类型和遗传多样性。

参考文献 References

- [1] 陈向东,吴晓军,姜小苓,等.不同小麦品种营养组分含量的近红外光谱分析[J].食品研究与开发,2019,40(1):163-167.
CHEN X D, WU X J, JIANG X L, et al. Analysis of nutrient content in different wheat varieties by near infrared spectroscopy [J]. Food research and development, 2019, 40(1): 163-167 (in Chinese with English abstract).
- [2] 沈业松,王歆,顾正中,等.296份黄淮麦区小麦品种资源在江

- 苏淮北地区的品质分析[J].浙江农业学报,2018,30(10):1617-1623.SHEN Y S,WANG X,GU Z Z,et al.Quality analysis of 296 wheat varieties from the Huang-Huai wheat region planted in Huabei area of Jiangsu[J].Acta agriculturae Zhejiangensis,2018,30(10):1617-1623 (in Chinese with English abstract).
- [3] RASHEED A,XIA X C,YAN Y M,et al.Wheat seed storage protein advances in molecular genetics, diversity and breeding applications [J].Journal of cereal science,2014,60(1):11-24.
- [4] MA W,APPELS R,BEKES F,et al.Genetic characterisation of dough rheological properties in a wheat doubled haploid population: additive genetic effects and epistatic interactions [J].Theoretical and applied genetics,2005,111(3):410-422.
- [5] 张晓,李曼,陆成彬,等.小麦高分子量谷蛋白亚基缺失品质效应研究进展[J].作物杂志,2020(5):17-22.ZHANG X,LI M,LU C B,et al.Review on the effects of high-molecular-weight glutenin subunit deletions on wheat quality [J].Crops,2020(5):17-22 (in Chinese with English abstract).
- [6] HARBERD N P,BARTELS D,THOMPSON R D.DNA restriction-fragment variation in the gene family encoding high molecular weight (HMW) glutenin subunits of wheat [J].Biochemical genetics,1986,24(7/8):579-596.
- [7] RIBEIRO M,BANCEL E,FAYE A N,et al.Proteogenomic characterization of novel x-type high molecular weight glutenin subunit 1Ax1.1[J].International journal of molecular sciences,2013,14(3):5650-5667.
- [8] MOLOI M J,VAN BILJON A,LABUSCHAGNE M T.Effect of quantity of HMW-GS 1Ax1,1Bx13,1By16,1Dx5 and 1Dy10 on baking quality in different genetic backgrounds and environments[J].LWT,2017,78:160-164.
- [9] LAWRENCE G J,SHEPHERD K W.Chromosomal location of genes controlling seed proteins in species related to wheat [J].Theoretical and applied genetics,1981,59(1):25-31.
- [10] 安悦.湖北省小麦的HMW-GS组成及其与品质性状的相关分析[D].武汉:华中农业大学,2023.AN Y.HMW-GS composition of wheat in Hubei Province and its correlation with quality traits [D].Wuhan: Huazhong Agricultural University,2023 (in Chinese with English abstract).
- [11] PAYNE P I,NIGHTINGALE M A,KRATTIGER A F,et al.The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties[J].Journal of the science of food and agriculture,1987,40(1):51-65.
- [12] LUKOW O M,PAYNE P I,TKACHUK R.The HMW glutenin subunit composition of Canadian wheat cultivars and their association with bread-making quality [J].Journal of the science of food and agriculture,1989,46(4):451-460.
- [13] WANG K,AN X L,PAN L P,et al.Molecular characterization of HMW-GS 1Dx3(t) and 1Dx4(t) genes from *Aegilops tauschii* and their potential value for wheat quality improvement [J].Hereditas,2012,149(1):41-49.
- [14] 蒋云,郝明,刘登才,等.四川小麦品种HMW-GS组成及品质参数演变分析[J].植物遗传资源学报,2023,24(3):744-757.JIANG Y,HAO M,LIU D C,et al.Variations of HMW-GS and quality-related parameters in wheat varieties released in Sichuan Province [J].Journal of plant genetic resources,2023,24(3):744-757 (in Chinese with English abstract).
- [15] 玖惠敏.714个黄淮麦区小麦新品种(系)HMW-GS组成的研究[J].农业科技通讯,2023(10):62-65.GENG H M.Study on hmw-gs composition of new wheat variety line 714 in Huanghuai wheat area [J].Bulletin of agricultural science and technology,2023(10):62-65 (in Chinese).
- [16] WANG X F,SONG R L,AN Y,et al.Allelic variation and genetic diversity of HMW glutenin subunits in Chinese wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces and commercial cultivars[J].Breeding science,2022,72(2):169-180.
- [17] PAYNE P I,LAWRENCE G J.Catalogue of alleles for the complex gene loci, *Glu-A1*, *Glu-B1*, and *Glu-D1* which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat [J].Cereal research communications,1983,11(1):29-35.
- [18] PAYNE P I,HOLT L M,HUTCHINSON J,et al.Development and characterisation of a line of bread wheat, *Triticum aestivum*, which lacks the short-arm satellite of chromosome 1B and the *Gli-B1* locus[J].Theoretical and applied genetics,1984,68(4):327-334.
- [19] 陈卫国,王曙光,史雨刚,等.山西省不同来源小麦品种(系)的HMW-GS组成分析[J].中国农业大学学报,2015,20(4):19-28.CHEN W G,WANG S G,SHI Y G,et al.Analysis on components of HMW-GS in Shanxi wheat cultivars(lines) from different sources [J].Journal of China Agricultural University,2015,20(4):19-28 (in Chinese with English abstract).
- [20] 董永梅,杨欣明,柴守诚,等.中国小麦代表性地方品种高分子量谷蛋白亚基组成分析[J].麦类作物学报,2007,27(5):820-824.DONG Y M,YANG X M,CHAI S C,et al.HMW-GS composition in the representative wheat landraces from China [J].Journal of triticeae crops,2007,27(5):820-824 (in Chinese with English abstract).
- [21] 陈冷,许恒,佟汉文,等.审定小麦品种高分子量麦谷蛋白亚基(HMW-GS)组成分析[J].湖北农业科学,2015,54(24):6330-6333.CHEN L,XU H,TONG H W,et al.Analysis on HMW glutenin subunit composition of Chinese wheat varieties [J].Hubei agricultural sciences,2015,54(24):6330-6333 (in Chinese with English abstract).
- [22] 范家霖,陈晓杰,张建伟,等.高分子量麦谷蛋白亚基组成及其与小麦品质性状的关系分析[J].麦类作物学报,2021,41(5):544-552.FAN J L,CHEN X J,ZHANG J W,et al.Composition of high molecular weight glutenin subunits and theirs relationship with wheat quality traits [J].Journal of triti-

- ceae crops, 2021, 41(5): 544-552 (in Chinese with English abstract).
- [23] 陈杰, 朱保磊, 白冬, 等. 黄淮麦区(南片)小麦高分子量麦谷蛋白亚基组成分析[J/OL]. 分子植物育种, 2023: 1-9 [2024-03-07]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210820.0949.004.html>. CHEN J, ZHU B L, BAI D, et al. Composition analysis of high molecular weight glutenin subunits of wheat in Huang-Huai Southern Wheat Region[J/OL]. Molecular plant breeding, 2023: 1-9 [2024-03-07]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210820.0949.004.html> (in Chinese with English abstract).
- [24] 王倩, 谢三刚, 许琦, 等. 黄淮地区小麦品系(种)HMW-GS 组成和品质分析[J]. 山西农业科学, 2020, 48(10): 1576-1578.
- WANG Q, XIE S G, XU Q, et al. High-molecular-weight glutenin subunits (HMW-GS) composition and quality analysis of wheat varieties in Huang-Huai area[J]. Journal of Shanxi agricultural sciences, 2020, 48(10): 1576-1578 (in Chinese with English abstract).
- [25] 谢科军, 朱保磊, 孙家柱, 等. 黄淮南片小麦高分子量谷蛋白亚基组成及其与品质的关系[J]. 麦类作物学报, 2016, 36(5): 595-602. XIE K J, ZHU B L, SUN J Z, et al. Composition of high molecular weight glutenin subunits of wheat varieties (lines) in Huang-Huai Southern Region and their relationship with quality[J]. Journal of triticeae crops, 2016, 36(5): 595-602 (in Chinese with English abstract).

Compositions of HMW-GS in 121 wheat landraces in China

CHEN Junpeng¹, PENG Min², WANG Xiaofang¹, TANG Qingyi³, ZHANG Daorong³, REN Xifeng¹

1. College of Plant Science and Technology/Hubei Hongshan Laboratory, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;

2. Shiyan Academy of Agricultural Sciences, Hubei Province, Shiyan 442000, China;

3. Xiangyang Academy of Agricultural Sciences, Hubei Province, Xiangyang 441057, China

Abstract The compositions of HMW-GS in 121 wheat landraces in China were identified and analyzed with SDS-PAGE to mine high-molecular-weight glutenin subunits (HMW-GS) combinations with application value and screen wheat landraces with high-quality. The results showed that 3, 9 and 6 types of allelic variations were detected in the materials tested at the *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* locus, respectively. Among them, null, 5+10, and 2+12 had the highest frequency at the *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* locus, with the frequency of 78.51%, 76.86%, and 76.03%, respectively. There were 30 combinations of subunit formed by different types of allelic variation, among which the combination type of null/7+8/2+12 subunit had the highest proportion, accounting for 55.37%. However, the quality score of this combination type of subunits was relatively low, with 6 points only. The combination types of subunits including 1/7+8/5+10, 1/7+9/5+12, 1/7+9/5+10, 2*/7+8/5+10, and 2*/7+9/5+12 had the highest score and became high-quality combinations of subunits. Wheat landraces with these high-quality combinations of subunits including Jiangmai, Qianjiaomai and Bianguangtoukemai, etc., can be used as elite genetic resources for improving the quality of modern wheat.

Keywords wheat; landraces; high molecular weight-glutenin subunits (HMW-GS); quality improvement; combination of subunits

(责任编辑:张志钰)