麦类作物学报 2026,46(9):1140－1146
Journal of Triticeae Crops doi: 10.7606/j.issn.1009-1041.2026.09.02

网络出版时间:2026-09-03
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20260903.1103.008

小麦面筋相关性状的 QTL 分析

姚维成[1],朱 娟[2],郭 瑞[1],陈 琛[1],刘家俊[1],邓 垚[1],刘 铮[3],李东升[1]

(1.江苏丘陵地区镇江农业科学研究所,江苏句容 212400;2.扬州大学农业科技发展研究院,江苏扬州 225000;
3.镇江市农业农村局,江苏镇江 212000)

摘 要:为挖掘小麦面筋性状相关数量性状位点,以红皮小麦扬 97G59 和白皮小麦苏麦 6 号及其构建的 189 个 DH 系为材料,利用两年度测定的湿面筋含量、干面筋含量、面筋指数 3 个性状及构建的单核苷酸多态性(SNP)高密度遗传连锁图谱进行 QTL 定位。结果表明,通过完备区间作图法共检测到 30 个与面筋性状相关的 QTL,它们分布在除 1A、1B、3D、6B 之外的 17 条染色体上,单个 QTL 可解释表型变异的 3.0%～25.0%。其中 18 个 QTL 的增效基因来自苏麦 6 号,4 个 QTL 的增效等位基因来自于扬 97G59。检测到 2 个控制湿面筋含量的稳定 QTL 即*QWGC.Zhjas-2B.1* 和*QWGC.Zhjas-6A.1*,平均麦型变异解释率分别为 20.67%和 7.07%;检测到 3 个控制干面筋含量的稳定 QTL 即*QDGC.Zhjas-1D.1*、*QDGC.Zhjas-2B.1* 和*QDGC.Zhjas-6A.1*,平均麦型变异解释率分别为 5.0%、19.77%和 6.17%;检测到 1 个控制面筋指数的稳定 QTL 即*QGI.Zhjas-3A.1*,平均麦型变异解释率为 10.87%。

关键词:湿面筋含量;干面筋含量;面筋指数;QTL 定位

中图分类号:S512.1; S330 **文献标识码**:A **文章编号**:1009-1041(2026)09-1140-07

QTL Analysis of Wheat Gluten-Related Traits

Yao Weicheng[1], Zhu Juan[2], Guo Rui[1], Chen Chen[1], Liu Jiajun[1], Deng Yao[1], Liu Zheng[3], Li Dongsheng[1]

(1. Zhenjiang Institute of Agricultural Sciences in the Hilly Area of Jiangsu Province, Jurong, Jiangsu 212400, China;
2. Institutes of Agricultural Science and Technology Development, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China;
3. Zhenjiang Municipal Bureau of Agriculture and Rural Affairs, Zhenjiang, Jiangsu 212000, China)

Abstract: To explore the quantitative trait loci(QTLs) related to wheat gluten traits, the red-grained wheat Yang 97G59 and the white-grained wheat Sumai 6 and their derived 189 DH lines were used as materials, and the quality parameters such as wet gluten content, dry gluten content, and gluten index were measured in two years, and the high-density genetic linkage map of single nucleotide polymorphisms(SNPs) was used for QTL mapping. The results showed that a total of 30 QTLs related to gluten traits were detected by complete interval mapping, distributed on 17 chromosomes except 1A, 1B, 3D, and 6B. A single QTL could explain 3.0%—25.0% of the phenotypic variation. Among them, 18 QTL synergistic genes are derived from Sumai 6, and 4 QTL synergistic genes are derived from Yang 97G59. Two stable QTLs controlling wet gluten content, *QWGC.Zhjas-2B.1* and *QWGC.Zhjas-6A.1*, were detected, with an explainable average phenotypic variation of 20.67% and 7.07%, respectively, and three stable QTLs controlling dry gluten content, *QDGC.Zhjas-1D.1*, *QDGC.Zhjas-2B.1*, and *QDGC.Zhjas-6A.1*, with an explainable average phenotypic variation of 5.0%, 19.77%, and 6.17%, respectively. One stable QTL controlling gluten index was detected, *QGI.Zh-*

收稿日期:2026-04-28 修回日期:2026-08-27
基金项目:镇江市科技计划项目(NY2025024);镇江市农业科学院基金项目(KYYW2024006);镇江市农业科学院青年基金项目(QNJJ2025001)
第一作者 E-mail:1547269378@qq.com(姚维成)
通讯作者 E-mail:lds0538@163.com(李东升)

jas-3A.1, with an average value of explainable phenotypic variation of 10.87%.

Keywords: Wet gluten content; Dry gluten content; Gluten index; QTL mapping

小麦作为全球重要的粮食作物,不仅是人类碳水化合物、蛋白质的关键来源,还在食品加工领域占据核心地位[1-2]。其加工品质与面筋特性紧密相关,湿面筋含量(wet gluten content)和面筋指数(gluten index)作为衡量面筋品质的关键指标,对小麦在面包、面条、馒头等各类食品加工中的适用性起着决定性作用[3-4]。湿面筋含量反映了小麦中能够形成面筋的蛋白质总量,与面粉的持水性、面团的黏性及弹性密切相关[5-8];面筋指数则进一步表征了面筋的质量,体现了面筋网络的强度和稳定性,直接影响着最终产品的质地、口感、外观等品质特性[9]。二者虽存在显著遗传关联却并非线性相关,共同调控面团持气性、延展性等关键加工特性,进而影响面包、面条、糕点等不同品类产品的适配性。两个性状均属于典型的数量性状,受多基因控制且易受环境因素影响[10],深入解析湿面筋含量和面筋指数的遗传机制,对小麦品质育种精准改良具有重要的理论与实践意义。

小麦品质性状受遗传、生态因素和栽培措施共同影响[11-12]。作物复杂数量性状的遗传解析,主要依赖于数量性状位点(quantitative trait loci,QTL)的定位与挖掘,QTL 定位技术为解析复杂性状的遗传基础、挖掘优异等位基因以及开展分子标记辅助育种提供了关键依据[13]。近年来随着分子标记技术的快速发展,采用传统双亲连锁作图和全基因组关联研究对于面筋含量和面筋指数的 QTL 定位报道较多,其中与湿面筋含量相关的 QTL 定位在 2A、1B、2B、1D、2D、3A、4B、5A、5D、6A 和 7A 染色体上[3-4,9,14-20];与面筋指数相关的 QTL 定位在 1A、1B、1D、6A、2D、3A、3B、4A、4B、7B 染色体上[4,9,19-23]。针对湿面筋含量和面筋指数这两个重要的面筋相关性状,其 QTL 定位研究仍面临诸多挑战,表现为已报道的 QTL 位点在不同研究中分布较为分散,效应值差异较大,主效 QTL 在不同遗传背景和环境条件下的重复性不足,这给 QTL 的精细定位和克隆带来了困难。

长江中下游麦区的沿江、沿海地区适宜生产弱筋小麦,2001 年《全国小麦品质区划方案》、2002 年《全国优质专用小麦优势区域发展规划》都把长江中下游麦区确定为中国唯一的弱筋小麦优势产业带。但江苏丘陵地区镇江农业科学研究所以选育高品质强筋麦为主要目标,先后选育出镇麦 168、镇麦 12、镇麦 15 和镇麦 18 等为代表的一系列优质强筋麦,累计推广种植越过 267 万 hm^2。本研究以扬 97G59×苏麦 6 号构建的 DH 群体为材料,结合高密度分子标记连锁图谱,通过两年表型鉴定与高精度 QTL 定位,挖掘稳定表达的主效 QTL 位点及其连锁分子标记,为小麦品质性状的分子育种提供理论支撑与技术工具,以助力强筋专用小麦品种的高效培育。

1　材料和方法

1.1　供试材料

供试材料为扬 97G59×苏麦 6 号的杂交 F_1 代通过花药组织培养、染色体加倍获得的包含 189 个株系的 DH 群体,由云南省农业科学院粮食作物研究所构建。

1.2　田间设计

供试材料分别于 2022 年和 2023 年 10 月底种植于江苏省丘陵地区镇江农业科学研究所创新基地(东经 119°14′41.564″,北纬 31°38′5.928″)。每个材料种植 3 行,行长 1.2 m,行距 0.2 m,株距 0.1 m,3 次重复,田间管理同大田。成熟后,DH 群体的每个株系及亲本均单独收获脱粒,自然晾干备用。

1.3　品质测定及表型数据处理

收获的 DH 系及亲本材料熏蒸贮藏 60 d 后,按照 GB/T21305－2007《谷物及谷物制品水分的测定常规法》测定籽粒水分含量。采用低温锤式旋风磨(JXFM110)制备全麦粉(粒度:220～280 μm)。采用东孚双头面筋仪按照 GB/T5506.2－2008《小麦和小麦粉面筋含量第 2 部分:仪器法测定湿面筋》方法测定湿面筋含量、干面筋含量和面筋指数。每个样品测定 2 次取平均值。使用 Excel 对原始数据进行初步整理,应用 SPSS 19.0 软件对数据进行统计分析。采用 Origin 8.0 软件绘制频率分布图。

1.4　遗传图谱构建和 QTL 定位

以 CTAB 法提取各供试样品的 DNA,由华大基因科技服务有限公司完成小麦 55K SNP 芯

片检测，对得到的数据进行标记分型处理，筛选出亲本具有的标记，剔除亲本间无多态性及缺失率大于 10%的标记，剩余标记用于构建遗传连锁图谱。采用 QTL Ici Mapping V4.2 的完备区间作图法（inclusive composite interval mapping，ICIM）进行 QTL 定位，LOD 阈值设置为 2.5，表型贡献率≥10%的视为主效 QTL[24]。QTL 命名方法参照 McCouch 等[25]。

2 结果与分析

2.1 面筋相关表型分析

亲本及 DH 系表型变异见表 1。不同年份两亲本间湿面筋含量、干面筋含量和面筋指数均达到极显著差异；DH 系间变异系数介于 11.09%～21.74%，变异丰富且普遍存在超亲分离。湿面筋含量、干面筋含量和面筋指数的广义遗传率分别为 47.87%、52.22%和 45.70%，说明 3 个性状遗传受基因和环境的共同影响。不同年份下 DH 系籽粒品质性状均呈现正态分布（图 1），符合数量性状的特征，可以进行 QTL 定位分析。相关性分析表明，湿面筋含量与干面筋含量和面筋指数分别呈极显著正相关和负相关，相关系数分别为 0.98 和－0.46；干面筋含量与面筋指数间的相关系数为－0.40，也呈极显著负相关。

2.2 面筋相关 QTL 定位

基于构建的高密度 SNP 标记遗传图谱，以两年度平均值和总平均值进行 QTL 定位，共检测到 30 个与面筋性状相关的 QTL，它们分布在除 1A、1B、3D、6B 之外的 17 条染色体上，单个 QTL 可解释表型变异的 3.0%～25.0%（表 2）。22 个正向 QTL 中的增效基因有 18 个来自苏麦 6 号，4 个来自于扬 97G59。

共检测到 13 个湿面筋含量 QTL，它们分布在 1D、2A、2B、4B、4D、5B、5D、6A、7B、7D 等 10 条染色体上，可解释的表型变异的 3.3%～25.0%。其中*QWGC. Zhjas-2B. 1*、*QWGC. Zhjas-6A. 1* 在 2 个环境和总平均值中均被检测到，是 2 个稳定的 QTL，可解释的表型变异平均值分别为 20.67%

表 1 亲本及 DH 系面筋相关性状表型分析

Table 1 Phenotypic analysis of gluten related traits in parents and DH lines

性状 Trait	年份 Year	亲本 Parent		DH 系 DH line				广义遗传率 Broad-sense heritability/%
		扬 97G59 Yang 97G59	苏麦 6 号 Sumai 6	平均值 Mean	最大值 Maximum	最小值 Minimum	变异系数 Variable coefficient/%	
湿面筋含量 Wet gluten content/%	2022	38.65**	24.08	34.35	48.85	20.48	16.60	47.87
	2023	39.53**	30.40	40.32	53.05	29.65	11.09	
干面筋含量 Dry gluten content/%	2022	12.43**	8.30	11.12	15.85	6.63	16.99	52.22
	2023	12.58**	10.10	13.03	17.05	9.75	11.74	
面筋指数 Gluten index	2022	59.31	98.45**	62.52	99.50	31.08	21.74	45.70
	2023	66.38	98.67**	72.66	98.35	53.42	12.37	

* 和 * * 分别表示同一年度两亲本间在 0.05 和 0.01 水平上差异显著。

* and * * indicate significant difference between the two parents within the same year at 0.05 and 0.01 levels, respectively.

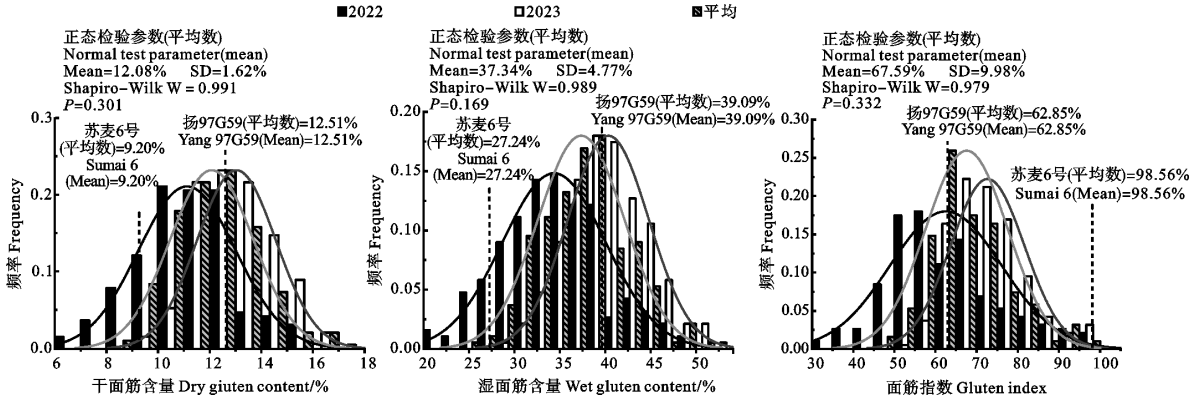


图 1 不同年份 DH 系面筋相关性状频率分布

Fig. 1 Frequency distribution of gluten traits of the DH lines in different years

表 2　小麦面筋相关性状 QTL 位点

Table 2　QTLs related to wheat gluten traits

性状 Trait	年份 Year	QTL	位置 Position/cM	标记区间 Marker interval	LOD 值 LOD value	PVE/%	加性效应 Additive effect
湿面筋含量 Wet gluten content/%	2022	*QWGC. Zhjas-2B. 1*	35.5	chr2B172500000～chr2B182500000	18.90	25.00	21.43
		QWGC. Zhjas-2B. 2	149.9	chr2B742500000～chr2B753500000	5.45	6.10	−1.87
		QWGC. Zhjas-4D. 2	59.1	chr4D289500000～chr4D297500000	4.75	5.20	−1.35
		QWGC. Zhjas-6A. 1	12.9	chr6A57500000～chr6A73500000	5.41	6.00	1.41
		QWGC. Zhjas-7D. 1	2.7	chr7D10500000～chr7D16500000	4.29	4.70	−1.66
	2023	*QWGC. Zhjas-2A. 1*	136.1	chr2A675500000～chr2A685500000	6.50	7.80	−1.28
		QWGC. Zhjas-2B. 1	35.5	chr2B172500000～chr2B182500000	15.96	21.60	13.06
		QWGC. Zhjas-4B. 1	76.3	chr4B375500000～chr4B382500000	4.40	5.10	−1.17
		QWGC. Zhjas-5D. 1	101.9	chr5D500500000～chr5D511500000	3.07	3.50	−0.93
		QWGC. Zhjas-6A. 1	12.1	chr6A57500000～chr6A73500000	7.35	8.90	1.39
		QWGC. Zhjas-7B. 1	0.7	chr7B1500000～chr7B10500000	3.82	4.40	−0.97
总平均值 Overall mean		*QWGC. Zhjas-1D. 1*	91.9	chr1D454500000～chr1D465500000	5.48	4.70	1.18
		QWGC. Zhjas-2A. 1	136.7	chr2A675500000～chr2A685500000	3.99	3.30	−0.93
		QWGC. Zhjas-2B. 1	35.5	chr2B172500000～chr2B182500000	15.89	15.40	12.22
		QWGC. Zhjas-4D. 1	44.7	chr4D219500000～chr4D230500000	4.01	3.30	−0.95
		QWGC. Zhjas-5B. 1	110.1	chr5B550500000～chr5B551500000	4.93	4.20	1.15
		QWGC. Zhjas-5D. 1	101.7	chr5D500500000～chr5D511500000	4.27	3.60	−1.00
		QWGC. Zhjas-6A. 1	12.3	chr6A57500000～chr6A73500000	7.27	6.30	1.22
		QWGC. Zhjas-7D. 1	2.7	chr7D10500000～chr7D16500000	6.48	5.60	−1.52
干面筋含量 Dry gluten content/%	2022	*QDGC. Zhjas-1D. 1*	93.7	chr1D450500000～chr1D475500000	3.10	3.00	0.34
		QDGC. Zhjas-2B. 1	35.5	chr2B174500000～chr2B183500000	19.81	23.90	6.95
		QDGC. Zhjas-2B. 2	149.9	chr2B743500000～chr2B752500000	5.05	5.00	−0.58
		QDGC. Zhjas-4D. 1	59.1	chr4D291500000～chr4D301500000	4.40	4.40	−0.41
		QDGC. Zhjas-6A. 1	13.7	chr6A53500000～chr6A71500000	5.19	5.20	0.45
		QDGC. Zhjas-7D. 1	2.7	chr7D9500000～chr7D18500000	5.93	6.00	−0.62
	2023	*QDGC. Zhjas-1D. 1*	92.5	chr1D450500000～chr1D475500000	5.03	6.30	0.41
		QDGC. Zhjas-2A. 1	136.7	chr2A679500000～chr2A681500000	9.17	12.10	−0.54
		QDGC. Zhjas-2B. 1	35.5	chr2B174500000～chr2B183500000	14.48	20.50	4.34
		QDGC. Zhjas-5D. 1	85.9	chr5D422500000～chr5D433500000	3.83	4.70	−0.35
		QDGC. Zhjas-6A. 1	11.9	chr6A53500000～chr6A71500000	6.10	7.80	0.44
总平均值 Overall mean		*QDGC. Zhjas-1D. 1*	91.5	chr1D450500000～chr1D475500000	5.80	5.70	0.44
		QDGC. Zhjas-2B. 1	35.5	chr2B174500000～chr2B183500000	13.63	14.90	4.05
		QDGC. Zhjas-2D. 1	15.5	chr2D73500000～chr2D85500000	4.63	4.50	−0.36
		QDGC. Zhjas-4B. 1	110.7	chr4B549500000～chr4B562500000	4.06	3.90	0.45
		QDGC. Zhjas-6A. 1	12.9	chr6A53500000～chr6A71500000	5.54	5.50	0.39
		QDGC. Zhjas-7D. 1	2.7	chr7D9500000～chr7D18500000	8.41	8.60	−0.62
面筋指数 Gluten index	2022	*QGI. Zhjas-1D. 1*	92.5	chr1D458500000～chr1D469500000	3.65	6.50	−3.72
		QGI. Zhjas-3A. 1	142.1	chr3A649500000～chr3A718500000	3.97	7.10	−4.36
		QGI. Zhjas-7D. 1	16.3	chr7D75500000～chr7D86500000	5.30	9.70	4.45
	2023	*QGI. Zhjas-3A. 1*	130.9	chr3A649500000～chr3A718500000	8.10	16.80	−3.73
		QGI. Zhjas-7D. 1	16.1	chr7D75500000～chr7D86500000	3.60	7.00	2.54
总平均值 Overall mean		*QGI. Zhjas-2B. 1*	14.1	chr2B70500000～chr2B71500000	3.64	5.00	−2.59
		QGI. Zhjas-3A. 1	142.1	chr3A649500000～chr3A718500000	6.08	8.70	−3.46
		QGI. Zhjas-4B. 1	76.3	chr4B376500000～chr4B385500000	4.40	6.20	3.05
		QGI. Zhjas-5D. 1	84.5	chr5D418500000～chr5D430500000	4.78	6.70	2.83
		QGI. Zhjas-7A. 1	7.1	chr7A28500000～chr7A37500000	7.23	10.50	−3.68

PVE:贡献率。

PVE: Phenotypic variation explained.

和 7.07%，其增效基因来自于苏麦 6 号；*QWGC. Zhjas-7D. 1* 和*QWGC. Zhjas-5D. 1* 在单个环境和总平均值中被检测到，为环境特异性 QTL，可解释的平均表型变异分别为 5.15%和 3.55%，其增效基因均来自于亲本扬 97G59。

共检测到 10 个干面筋含量 QTL，它们分布在 1D、2A、2B、2D、4B、4D、5D、6A、7D 等 9 条染色体上，单个 QTL 可解释的表型变异的 3.0%～23.9%。*QDGC. Zhjas-1D. 1*、*QDGC. Zhjas-2B. 1* 和*QDGC. Zhjas-6A. 1* 在 2 个环境和总平均值中均被检测到，是 3 个稳定的 QTL，表型变异平均解释率分别为 5.0%、19.77%和 6.17%，其增效基因来自于苏麦 6 号；*QDGC. Zhjas-7D. 1* 在单个环境和总平均值中均被检测到，为环境特异性 QTL，表型变异平均解释率为 7.3%，其增效基因来自于扬 97G59。

共检测到 7 个面筋指数 QTL，它们分布在 1D、2B、3A、4B、5D、7A、7D 等 7 条染色体上，可解释的表型变异的 5.0%～16.8%。其中*QGI. Zhjas-3A. 1* 在 2 个环境和总平均值中均被检测到，是 1 个稳定 QTL，表型变异平均解释率为 10.87%，其增效基因来自于苏麦 6 号。*QGI. Zhjas-7D. 1* 在 2 个环境中均被检测到，为环境响应 QTL，表型变异平均解释率为 8.35%，其增效基因来自于扬 97G59。

3 讨论

小麦面粉中面筋的数量（湿、干面筋含量）和质量（面筋指数）在评价小麦品质时具有同等的重要性，且具有互补作用，共同决定了小麦的二次加工品质，理清小麦面筋数量和质量的遗传规律对于优质麦的选育具有重要指导意义[10]。解析面筋品质性状遗传规律、挖掘环境稳定的关键 QTL 位点，对优质专用小麦分子育种具有重要的理论与应用价值。本研究中通过调查亲本及 DH 群体的多环境种植表现发现，湿、干面筋含量、面筋指数均表现数量性状，湿面筋含量、干面筋含量和面筋指数的广义遗传率相对较高，其中湿面筋含量、干面筋含量和面筋指数均受遗传因素和环境因素共同影响，这与毕俊鸽等[26]研究结果一致。经相关性分析，湿面筋含量、干面筋含量与面筋指数均呈极显著负相关，这与 Li 等[20]、Tian 等[9]研究结果一致，与张坤普等[27]得出湿面筋含量和面筋指数显著正相关的结论不一致，这可能与研究材料的不同有关。一些研究认为，面筋含量和质量是强筋小麦品种最重要的两大品质性状，两者之间没有必然联系，湿面筋含量高的品种不一定是强筋小麦，在小麦二次加工品质中，面筋质量与面筋数量极有可能处于一个动态平衡之中[28-31]。因此，小麦品质育种需协同改良面筋数量与质量，规避单一追求高面筋含量的选育误区，为优质强筋小麦定向选育提供了科学依据。

小麦湿面筋含量 QTL 在基因组中广泛分布，不同研究的位点区间、遗传效应及稳定性存在明显差异。张德华等[32]、王掌军等[33]、Chen 等[3]、严勇亮等[34]、沈玮囡等[35]先后在 2A、2B、4A、6A 等多条染色体报道了湿面筋含量相关 QTL，但各位点物理区间与本研究结果差异较大。既往研究在 2B、6A 染色体鉴定的湿面筋相关位点集中于其他物理区段，与本研究鉴定的 2B 染色体主效稳定位点*QWGC. Zhjas-2B. 1*（177.5～178.5 Mb）和 6A 染色体微效位点*QWGC. Zhjas-6A. 1*（63.5～64.5 Mb）无重叠区域。上述两个位点均对湿面筋含量具有正向增效作用，且经多环境验证遗传稳定，区别于已报道的功能位点，可判定为新型湿面筋含量调控位点。该结果丰富了小麦湿面筋品质遗传位点资源，为强筋小麦品质分子精准改良提供了新型标记靶点，也进一步说明不同遗传背景材料可挖掘出全新的面筋品质遗传位点。相较于面筋指数，干面筋含量的 QTL 定位研究报道较少，现有位点稳定性差、育种利用率低，难以支撑品质分子育种工作。Barakat 等[4]、刘梦杰[36]曾开展干面筋含量 QTL 定位研究，将相关位点定位于 2A、2B、2D、6D、1B 等多条染色体，但多数位点环境稳定性差、重复性低。本研究在 1D、2A、2B、2D、4B、4D、5D、6A、7D 多条染色体上检测到干面筋含量相关 QTL，并筛选出 *QDGC. Zhjas-1D. 1*、*QDGC. Zhjas-2B. 1*、*QDGC. Zhjas-6A. 1* 3 个跨环境稳定表达的正向增效位点。经序列区间比对，3 个核心位点均为首次报道，属于未被鉴定的干面筋含量功能位点，有效弥补了干面筋品质遗传研究的短板，为该性状的遗传机制解析与分子定向改良提供了关键基因资源。

面筋指数是评价面筋质量与加工适配性的核心指标，遗传调控机制复杂、基因组分布广泛[4,9,19-23,36]。前人已在 1A、1B、3A、6A、1D 等染色体鉴定出多个面筋指数相关 QTL，其中 Barakat 等[4]鉴定获得 34 个面筋指数相关 QTL，包含

多个跨环境稳定表达的功能位点;Tian 等[9]、Li 等[20]也分别在 1D、1A 染色体筛选得到微效调控位点,各位点物理区间与遗传效应差异显著。本研究鉴定获得 3A 染色体 710.5 Mb 处稳定主效位点*QGI. Zhjas-3A. 1*,该位点与 Barakat 等[4]报道的 3A 染色体功能位点区间邻近但无重叠,暂无法判定是否为同源变异位点。该结果为面筋指数关键位点的精细定位、候选基因挖掘与功能验证提供了新线索,为解析面筋质量分子调控机制提供了全新切入点。

本研究通过多环境表型鉴定与高密度图谱分析,共检测到 30 个面筋品质相关 QTL,筛选得到 6 个环境稳定的核心功能位点,包括 2 个湿面筋含量、3 个干面筋含量及 1 个面筋指数关键 QTL。等位基因效应分析表明,优质亲本苏麦 6 号贡献了 18 个正向增效等位基因,扬 97G59 贡献了 4 个正向增效等位基因,明确了两个亲本的品质育种利用价值,为优质小麦亲本选配提供了理论支撑。本研究核心创新在于挖掘了一批湿面筋含量、干面筋含量全新稳定 QTL,位点遗传稳定性高、环境适应性强,突破了现有面筋品质遗传位点的研究局限,为小麦品质分子育种提供了新型、可靠的基因资源与分子标记。本研究挖掘的系列新型 QTL 有效完善了小麦面筋品质遗传调控认知,但仍存在明显局限性。首先,本研究仅完成 QTL 初步连锁定位,核心位点的精细定位、候选基因筛选与功能验证尚未开展,分子调控机制尚不明确。其次,试验仅采用单一 DH 群体,遗传背景覆盖面窄,核心位点的广谱适应性与育种通用性仍需多群体、多生态环境验证。最后,本研究仅分析单位点独立遗传效应,未揭示位点上位性互作及基因-环境互作调控网络,难以阐明面筋数量与质量动态平衡的分子机理。针对上述不足,后续可围绕本研究鉴定的稳定新型 QTL 开展深化研究。

参考文献:

[1]Royo C,Soriano J M,Alvaro F. Wheat: A crop in the bottom of the Mediterranean diet pyramid [M]//Mediterranean Identities-Environment,Society,Culture. London:InTech,2017.

[2]何中虎,庄巧生,程顺和,等. 中国小麦产业发展与科技进步[J]. 农学学报,2018,8(1):99.
He Z H,Zhuang Q S,Cheng S H,*et al*. Wheat production and technology improvement in China [J]. *Journal of Agriculture*,2018,8(1):99.

[3]Chen J H,Zhang F Y,Zhao C J,*et al*. Genome-wide association study of six quality traits reveals the association of the *TaRPP13L1* gene with flour colour in Chinese bread wheat [J]. *Plant Biotechnology Journal*,2019,17(11):2106.

[4]Barakat M N,Al-Doss A A,Moustafa K A,*et al*. Molecular detection of QTLs for flour quality traits in two doubled haploid populations in spring wheat under heat stress [J]. *Cereal Research Communications*,2020,48(4):525.

[5]Simmonds N W. The relation between yield and protein in cereal grain [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*,1995,67(3):309.

[6]Torbica A,Antov M,MastilovićJ,*et al*. The influence of changes in gluten complex structure on technological quality of wheat(*Triticum aestivum* L.) [J]. *Food Research International*,2007,40(8):1038.

[7]Li C L,Dhital S,Gilbert R G,*et al*. High-amylose wheat starch:Structural basis for water absorption and pasting properties [J]. *Carbohydrate Polymers*,2020,245:116557.

[8]Pu Z E,Ye X L,Li Y,*et al*. Identification and validation of novel loci associated with wheat quality through a genome-wide association study [J]. *Journal of Integrative Agriculture*,2022,21(11):3131.

[9]Tian Y S,Liu P P,Kong D Z,*et al*. Genome-wide association analysis and KASP markers development for protein quality traits in winter wheat [J]. *BMC Plant Biology*,2025,25(1):149.

[10]唐建卫,殷贵鸿,王丽娜,等. 小麦湿面筋含量和面筋指数遗传分析[J]. 作物学报,2011,37(9):1701.
Tang J W,Yin G H,Wang L N,*et al*. Inheritance of wet gluten content and gluten index in wheat [J]. *Acta Agronomica Sinica*,2011,37(9):1701.

[11]Peterson C J,Graybosch R A,Shelton D R,*et al*. Baking quality of hard winter wheat:Response of cultivars to environment in the Great Plains [J]. *Euphytica*,1998,100(1):157.

[12]Nigro D,Gadaleta A,Mangini G,*et al*. Candidate genes and genome-wide association study of grain protein content and protein deviation in durum wheat [J]. *Planta*,2019,249(4):1157.

[13]Doerge R W. Mapping and analysis of quantitative trait loci in experimental populations [J]. *Nature Reviews Genetics*,2002,3(1):43.

[14]Sun H Y,Lü J H,Fan Y D,*et al*. Quantitative trait loci (QTLs) for quality traits related to protein and starch in wheat [J]. *Progress in Natural Science*,2008,18(7):825.

[15]Li Y,Song Y,Zhou R,*et al*. Detection of QTLs for bread-making quality in wheat using a recombinant inbred line population [J]. *Plant Breeding*,2009,128(3):235.

[16]Plessis A,Ravel C,Bordes J,*et al*. Association study of wheat grain protein composition reveals that gliadin and glutenin composition are trans-regulated by different chromosome regions [J]. *Journal of Experimental Botany*,2013,64(12):3627.

[17]Muhu-Din Ahmed H G, Sajjad M, Zeng Y W, *et al*. Genome-wide association mapping through 90K SNP array for quality and yield attributes in bread wheat against water-deficit conditions [J]. *Agriculture*, 2020, 10(9): 392.

[18]Hao S Y, Lou H Y, Wang H W, *et al*. Genome-wide association study reveals the genetic basis of five quality traits in Chinese wheat [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 835306.

[19]Johnson M, Kumar A, Oladzad-Abbasabadi A, *et al*. Association mapping for 24 traits related to protein content, gluten strength, color, cooking, and milling quality using balanced and unbalanced data in durum wheat [*Triticum turgidum* L. var. *durum* (desf)] [J]. *Frontiers in Genetics*, 2019, 10: 717.

[20]Li Z, Li X L, Liu S H, *et al*. Identification and validation of quantitative trait loci for seven quality-related traits in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2025, 138(3): 57.

[21]Deng Z Y, Tian J C, Chen F, *et al*. Genetic dissection on wheat flour quality traits in two related populations [J]. *Euphytica*, 2015, 203(1): 221.

[22]Liu T T, Liu K, Wang F F, *et al*. Conditional and unconditional QTLs mapping of gluten strength in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, 16(10): 2145.

[23]Sun X X, Liu T T, Ning T Y, *et al*. Genetic dissection of wheat kernel hardness using conditional QTL mapping of kernel size and protein-related traits [J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2018, 36(1): 1.

[24]Wang Y Y, Zeng Z K, Li J C, *et al*. Identification and validation of new quantitative trait loci for spike-related traits in two RIL populations [J]. *Molecular Breeding*, 2023, 43(8): 64.

[25]McCouch S R, Cho Y G, Yano M, *et al*. Report on QTL nomenclature [J]. *Rice Genetics Newsletter*, 1997, 14: 11.

[26]毕俊鸽, 曾占奎, 李 琼, 等. 两个 RIL 群体中小麦籽粒品质相关性状 QTL 定位及 KASP 标记开发[J]. 作物学报, 2024, 50(7): 1669.
Bi J G, Zeng Z K, Li Q, *et al*. QTL mapping and KASP marker development of grain quality-relating traits in two wheat RIL populations [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2024, 50(7): 1669.

[27]张坤普. 小麦分子遗传图谱的构建及数量性状基因定位[D]. 泰安: 山东农业大学, 2008: 80.
Zhang K P. Construction of wheat (*Triticum aestivum* L.) molecular genetic map and QTL analysis [D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2008: 80.

[28]耿丽娜, 潘多玉, 刘光梅, 等. 面筋指数对面制品的影响及对生产的指导作用[J]. 面粉通讯, 2005(6): 44.
Geng L N, Pan D Y, Liu G M, *et al*. Effects of gluten index on flour products and it's guidance on production [J]. *Flour Milling*, 2005(6): 44.

[29]王宪泽. 小麦加工品质的影响因素及改良途径[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 1995, 26(3): 394.
Wang X Z. Influence factors and improvemental ways on wheat processing qualities [J]. *Journal of Shandong Agricultural University* (*Natural Science Edition*), 1995, 26(3): 394.

[30]宋维富, 杨雪峰, 宋庆杰, 等. 强筋小麦主要品质内涵与二次加工品质关系[J]. 黑龙江农业科学, 2017(1): 150.
Song W F, Yang X F, Song Q J, *et al*. Relationship between the main quality connotation in strong-gluten wheat and end-use quality [J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2017(1): 150.

[31]李红民. 西南麦区小麦主要品质性状分析及 QTL 定位研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2012: 40.
Li H M. The major quality traits analysis and QTL detection of hexaploid wheat in southwest China [D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2012: 40.

[32]张德华, 徐 鑫, 王玉洁, 等. 利用百农 AK58/碧蚂 4 号重组自交系定位小麦品质性状 QTL[J]. 华北农学报, 2023, 38(1): 23.
Zhang D H, Xu X, Wang Y J, *et al*. Mapping of quantitative trait loci for quality traits using recombinant inbred line population derived from bainong AK58/Bima 4 in wheat [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2023, 38(1): 23.

[33]王掌军, 许娜丽, 王新华, 等. 宁春 4 号与河东乌麦杂交 $F_{2:5}$ 家系的籽粒品质性状及其 QTL 分析[J]. 南方农业学报, 2021, 52(9): 2391.
Wang Z J, Xu N L, Wang X H, *et al*. Analysis of grain quality traits and their QTL using $F_{2:5}$ pedigrees derived from Ningchun 4×Hedong black wheat [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2021, 52(9): 2391.

[34]严勇亮, 时晓磊, 张金波, 等. 春小麦籽粒主要品质性状的全基因组关联分析[J]. 中国农业科学, 2021, 54(19): 4033.
Yan Y L, Shi X L, Zhang J B, *et al*. Genome-wide association study of grain quality related characteristics of spring wheat [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54(19): 4033.

[35]沈玮囡, 王竹林, 杨 睿, 等. 波兰小麦品系 XN555×普通小麦品系中 13 衍生重组自交系(RILs)群体中籽粒品质相关性状 QTL 定位[J]. 农业生物技术学报, 2014, 22(5): 561.
Shen W N, Wang Z L, Yang R, *et al*. QTL analysis of grain quality related traits using recombinant inbred lines (RILs) derived from the cross of *Triticum polonicum* L. line XN555×*T. aestivum* L. line Zhong 13 [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2014, 22(5): 561.

[36]刘梦杰. 基于新麦 26 的小麦巢式群体构建及其面粉加工品质的 QTL 分析[D]. 开封: 河南大学, 2024: 26.
Liu M J. Nested population construction and QTL analysis of wheat flour processing quality based on Xinmai 26 [D]. Kaifeng: Henan University, 2024: 26.