

网络出版时间:2026-03-16
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20260314.1119.002

92 份小麦品种(系)谷蛋白亚基组成与品质分析

宋全昊¹, 金 艳¹, 宋佳静¹, 马红珍¹, 赵立尚¹, 陈 亮², 周宝元³, 朱统泉¹

(1. 驻马店市农业科学院, 河南驻马店 463000; 2. 西北农林科技大学, 陕西杨凌 712100;
3. 中国农业科学院作物科学研究所, 北京, 10081)

摘 要:为明确黄淮海区育成小麦品种(系)谷蛋白亚基构成及其与品质性状的关系,以 92 份小麦新品种(系)为材料,系统分析高分子量谷蛋白亚基(HMW-GS)和低分子量谷蛋白亚基(LMW-GS)基因的分布、组合及其与部分品质指标的关系。结果表明,92 个品种(系)中,共检测出 9 种 HMW-GS 亚基和 15 种亚基组合,出现频率最高的组合为 1/7+9/2+12,占比 19.57%,优质亚基组合 1/7+8/5+10 的出现频率为 8.70%;共检测出 9 种 LMW-GS 亚基基因和 40 种组合类型,其中 72 份材料含 2~4 个亚基基因,组合 A3d+D3-21 出现频率最高(16.30%)。相关分析表明,*Glu-B3d* 与蛋白质含量、沉降值和湿面筋含量均呈显著正相关。通过聚类分析将 92 份材料分为三个类群,类群 II 中多个优质亚基的出现频率高于类群 I 和 III,包括 HMW-GS 中 *Glu-B1* 位点的 14+15 亚基、*Glu-D1* 位点的 5+10 亚基及 LMW-GS 中的 *Glu-A3a* (8.33%)、*A3a/c* (54.17%)、*B3d* (37.50%)、*D3-23* (54.17%) 和 *D3-32* (66.67%),此外, *Glu-D1* 位点的 2+10、*Glu-D3* 位点的 *D3-22* 和 *D3-31* 也仅在类群 II 中检出。该结果可对黄淮海区小麦品质育种及遗传改良提供参考。

关键词:黄淮海区;小麦;高分子量谷蛋白亚基(HMW-GS);低分子量谷蛋白亚基(LMW-GS);品质
中图分类号:S512.1;S330 **文献标识码:**A **文章编号:**1009-1041(2026)04-0443-11

Composition of Glutenin Subunits and Quality Analysis in 92 Wheat Varieties(Lines)

SONG Quanhao¹, JIN Yan¹, SONG Jiajing¹, MA Hongzhen¹, ZHAO Lishang¹,
CHEN Liang², ZHOU Baoyuan³, ZHU Tongquan¹

(1. Zhumadian Academy of Agricultural Sciences, Zhumadian, Henan 463000, China; 2. College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 3. Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 10081, China)

Abstract: To clarify the composition of glutenin subunits in wheat varieties developed in the Huang-Huai wheat region and their relationship with quality traits, this study used 92 new wheat varieties (lines) as materials to systematically analyze the distribution and combinations of high-molecular-weight glutenin subunits(HMW-GS) and low-molecular-weight glutenin subunits(LMW-GS), as well as their relationships with some quality indicators. The results showed that among the 92 varieties (lines), a total of 9 types of HMW-GS subunits and 15 subunit combinations were detected. The combination with the highest occurrence frequency was 1/7+9/2+12, accounting for 19.57%, while the occurrence frequency of the high-quality subunit combination 1/7+8/5+10 was 8.70%. For LMW-GS, 9 types genes of subunits and 40 combination types were identified. Among them, 72 materials belonged to moderately complex combinations consisting of 2 to 4 subunits genes, and the combination A3d+D3-21 had the highest occurrence frequency(16.30%). Correlation analysis indicated that *Glu-B3d* was significantly positively correlated with protein content, sedimentation value, and

收稿日期:2025-08-30 修回日期:2025-09-22
基金项目:河南省中央引导地方科技发展资金项目(Z20231811144);河南省科技攻关项目(242102111149);驻马店市科技创新青年专项(QNZX202320);国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-03);河南省多抗高效小麦种质资源改良与育种工程研究中心项目
第一作者 E-mail:songmanl.2005@163.com(宋全昊)
通讯作者 E-mail:421156341@qq.com(金 艳)

wet gluten content. Cluster analysis classified the materials into three groups, and Group II exhibited superior overall quality. The occurrence frequencies of multiple high-quality subunits in Group II were higher than those in Group I and Group III, including 14+15 at the *Glu-B1* locus and 5+10 at the *Glu-D1* locus of HMW-GS, as well as *Glu-A3a* (8.33%), *A3a/c* (54.17%), *B3d* (37.50%), *D3-23* (54.17%), and *D3-32* (66.67%) of LMW-GS. In addition, 2+10 at the *Glu-D1* locus and *D3-22*, *D3-31* at the *Glu-D3* locus were only detected in Group II. These results had important reference for wheat quality breeding and genetic improvement in the Huang-Huai wheat region.

Keywords: Huang-Huai wheat region; Wheat; HMW-GS; LMW-GS; Quality

小麦贮藏蛋白是决定其品质的关键因素,其中谷蛋白和醇溶蛋白约占蛋白质总量的80%,二者的构成比例和理化特性决定面筋质量和面团粘弹性^[1]。依据分子量差异,谷蛋白可分为高分子量谷蛋白亚基(HMW-GS, 70~90 kDa)与低分子量谷蛋白亚基(LMW-GS, 20~45 kDa)^[2-3]。HMW-GS约占谷蛋白含量的20%,主要赋予面团弹性,对面包烘焙品质的贡献率高达40%~75%^[4]; LMW-GS占比约80%,主导面团的延展性和粘性^[5-6],鉴于其在麦谷蛋白中占比较高,有研究指出,LMW-GS对面团强度的效用甚至超过HMW-GS^[7-8];两者对小麦品质的贡献存在着复杂的相互作用^[9]。例如,人工合成小麦中仅表达HMW-GS的*Glu-D1*时,Zeleny沉降值、面团形成时间等参数显著降低,同时伴随着醇溶蛋白含量增加,最终改变面团流变学特性^[10]。

HMW-GS的编码基因位于第一同源群1A、1B和1D染色体长臂的*Glu-1*位点(分别称为*Glu-A1*、*Glu-B1*和*Glu-D1*),每个位点包含x型和y型两个紧密连锁基因^[5-6]。20世纪80年代,Payne等^[5]建立了*Glu-1*评分系统,首次将HMW-GS组成与面包烘焙品质关联起来,该系统可解释小麦品质变异的47%~60%。后续的研究进一步发现了*Glu-D1*位点的5+10, *Glu-B1*位点的7+8、14+15和17+18等多个优质亚基基因,以及2、12、20等劣质亚基基因^[9-11]。目前,已从不同倍性小麦及野生近缘种中鉴定出约30个HMW-GS编码基因,并开发了相应分子标记,借助近等基因系和突变体等材料,部分亚基的品质效应已得到进一步解析^[4],如许丽娜等^[12]对转录因子Tab3-2A1功能的研究,Geisslitz等^[13]关于5+10亚基与优质烘焙性能密切相关的发现等。

LMW-GS的遗传背景较HMW-GS更为复杂,其编码基因位于第一同源群染色体短臂的*Glu-3*位点(包括*Glu-A3*、*Glu-B3*和*Glu-D3*),每个

位点均包含着多个LMW-GS基因^[2,14]。由于LMW-GS在麦谷蛋白中的占比较高,被认为是面团强度的主要决定因素之一^[8]。目前,部分研究聚焦于LMW-GS等位变异鉴定、功能标记开发等^[15]。针对*Glu-A3*、*Glu-B3*和*Glu-D3*位点已开发出多个特异性引物^[16-17];张肖飞等^[18]基于LMW-GS基因N-末端区和C-末端区设计保守引物,通过对中间重复区进行扩增,成功构建了高效的分子标记技术体系,并有效完成了小麦祖先种乌拉尔图小麦和粗山羊草的LMW-GS编码基因的克隆与变异分析^[19-20]。

黄淮麦区是中国最大的小麦主产区,其小麦品种(系)的HMW-GS组成已有较多研究,发现*Glu-A1*位点亚基以1和Null为主,优质亚基14+15和17+18检出频率较低,*Glu-D1*位点2+12和5+10亚基较为常见^[11,15];1/7+9/5+12、1/7+8/5+10等亚基组合类型出现频率较高,而如1/14+15/5+10等优质组合类型则较为罕见^[11,21]。目前,针对该麦区LMW-GS的研究相对缺乏,且多集中在*Glu-A3*和*Glu-B3*位点^[22]。为此,本研究选取黄淮麦区92份小麦品种(系),利用SDS-PAGE和分子标记等技术分析其HMW-GS和LMW-GS的组成特征,并结合蛋白质含量、湿面筋含量、SDS沉降值等品质指标,解析供试小麦品种(系)的谷蛋白亚基分布规律、探求不同类型及其组合对品质性状的影响,以期黄淮麦区小麦品质遗传改良提供参考。

1 材料和方法

1.1 供试材料

供试材料为92份黄淮麦区近年选育的普通小麦品种(系)(表1),由国家现代农业产业技术体系驻马店综合试验站搜集、保存,以中国春(Null, 7+8, 2+12)和西农979(1, 7+8, 2+12)为HMW-GS亚基鉴定对照,2023—2024年、

2024—2025 年连续两个小麦生长季在国家小麦产业技术体系驻马店试验站(32. 59°N,114. 2°E,海拔 110 m)种植,田间管理措施均同当地大田生产。自然成熟后收获,晾晒入库。前茬为玉米,土壤类型为黄褐土,土壤肥力中等。

1.2 籽粒品质性状测定

使用 DA7200 近红外光谱分析仪测定蛋白含

量、水分含量、吸水率、面筋含量、沉降值和容重;采用 DA7250 近红外分析仪(Perten,瑞典)测定粗蛋白含量;用 GM2200 面筋测定系统(Perten,瑞典)参照 GB/T 5506. 2-2024 标准测定湿面筋含量。

1.3 HMW-GS 提取与鉴定

选用完整单粒小麦研磨成粉, HMW-GS 的提取、鉴定与评分参考韩文蕾^[23]的方法。

表 1 试验材料编号与名称
Table 1 Code and name of materials in this study

编号 Code	品种(系) Variety(line)	编号 Code	品种(系) Variety(line)	编号 Code	品种(系) Variety(line)
1	中麦 698 Zhongmai 698	32	漯丰 1905 Luofeng 1905	63	富麦 916 Fumai 916
2	中育 1051 Zhongyu 1051	33	豫州 136 Yuzhou 136	64	豫州 121 Yuzhou 121
3	洛麦 45 Luomai 45	34	洛麦 44 Luomai 44	65	驻麦 592 Zhumai 592
4	新农 23 Xinnong 23	35	徐麦 17106 Xumai 17106	66	郑麦 22 Zhengmai 22
5	中育 1702 Zhongyu 1702	36	漯丰 7011 Luofeng 7011	67	中农 539 Zhongnong 539
6	周麦 16 号 Zhoumai 16	37	周麦 32 号 Zhoumai 32	68	洛麦 26 Luomai 26
7	存麦 35 Cunmai 35	38	天民 360 Tianmin 360	69	驻麦 548 Zhumai 548
8	新麦 38 Xinmai 38	39	04 中 36 04 Zhong 36	70	周麦 18 Zhoumai 18
9	济麦 44 Jimai 44	40	周麦 36 号 Zhoumai 36	71	驻麦 591 Zhumai 591
10	周麦 22 号 Zhoumai 22	41	西农 586 Xinong 586	72	瑞华 519 Ruihua 519
11	安农 1928 Annong 1928	42	新农 9799 Xinnong 9799	73	郑麦 21 Zhengmai 21
12	陕禾 1029 Shaanhe 1029	43	西农 979 Xinong 979	74	中植麦 16 Zhongzhimai 16
13	周麦 52 号 Zhoumai 52	44	许科 108 Xuke 108	75	驻麦 762 Zhumai 762
14	洛麦 28 Luomai 28	45	阜麦 16 Fumai 16	76	驻麦 305 Zhumai 305
15	郑麦 618 Zhengmai 618	46	洛麦 49 Luomai 49	77	郑麦 113 Zhengmai 113
16	中农 867 Zhongnong 867	47	郑麦 828 Zhengmai 828	78	郑麦 827 Zhengmai 827
17	瑞华麦 513 Ruihuamai 513	48	矮抗 58 Aikang 58	79	西农 162 Xinong 162
18	郑研麦 182 Zhengyanmai 182	49	豫农 905 Yunong 905	80	驻麦 726 Zhumai 726
19	赛德麦 5 号 Saidemai 5	50	中金 13 Zhongjin 13	81	西农 1125 Xinong 1125
20	中原丰 1 号 Zhongyuanfeng 1	51	扬麦 15 Yangmai 15	82	泛麦 26 Fanmai 26
21	安科 1704 Anke 1704	52	中植麦 13 Zhongzhimai 13	83	西农 579 Xinong 579
22	郑麦 163 Zhengmai 163	53	新麦 65 Xinmai 65	84	豫农 917 Yunong 917
23	西农 1155 Xinong 1155	54	郑麦 825 Zhengmai 825	85	良科 6 号 Liangke 6
24	郑品麦 25 Zhengpinmai 25	55	百农 207 Bainong 207	86	新麦 26 Xinmai 26
25	天益科麦 11 Tianyikemai 11	56	安农 859 Annong 859	87	连麦 12 Lianmai 12
26	郑大 181 Zhengda 181	57	淮麦 404 Huaimai 404	88	郑麦 823 Zhengmai 823
27	驻麦 4 号 Zhumai 4	58	驻麦 586 Zhumai 586	89	豫农 914 Yunong 914
28	科大 116 Keda 116	59	驻麦 596 Zhumai 596	90	郑麦 518 Zhengmai 518
29	西农 20 Xinong 20	60	郑麦 136 Zhengmai 136	91	驻麦 328 Zhumai 328
30	中农 031 Zhongnong 031	61	驻麦 256 Zhumai 256	92	驻麦 598 Zhumai 598
31	郑麦 826 Zhengmai 826	62	郑麦 366 Zhengmai 366		

1.4 LMW-GS 亚基类型分析

采用 CTAB 法提取小麦 DNA, 参考田汉钊等^[24]方法用 22 对特异性引物检测 LMW-GS 编码基因, 其中 *Glu-A3* 位点 7 对引物, *Glu-B3* 位点 10 对引物, *Glu-D3* 位点 5 对引物。PCR 反应体系 20 μL , 包含 $2\times\text{Fast Taq Premix}$ 10 μL , 正、反向引物 ($0.2\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 各 1 μL , 模板 DNA ($100\text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$) 1 μL , ddH₂O 7 μL 。扩增程序: 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 10 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 50 s, 54~64 $^{\circ}\text{C}$ (同文献) 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min, 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 终延伸 10 min。扩增产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳 (200 V, 150 mA, 30 min) 进行分离。

1.5 统计分析

采用 Excel 2013 进行数据统计与处理, 用 RStudio (version 4. 2. 1) 进行聚类分析, 利用 SPSS Statistics 26.0 进行相关性分析。

2 结果与分析

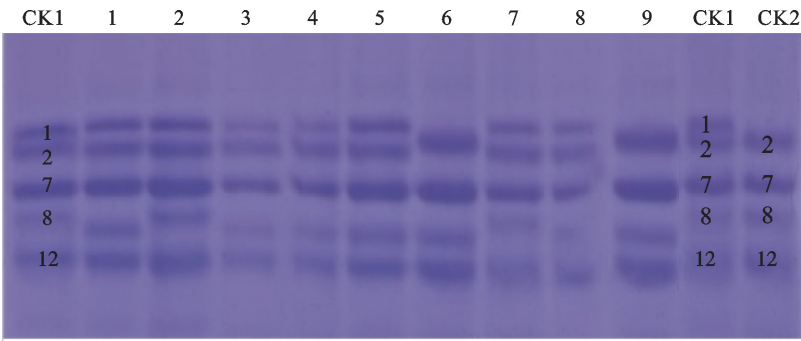
2.1 HMW-GS 组成及分布特征

92 份小麦材料中, *Glu-1* 位点上共检测到 9 种 HMW-GS 类型 (图 1 和表 2)。其中, *Glu-A1* 位点上检出 2 种亚基类型, 分别是 1 (71. 74%, 66

份) 和 Null (28. 26%, 26 份); *Glu-B1* 位点上检出 3 种亚基类型, 分别为 7+9 (65. 22%, 60 份)、7+8 (29. 35%, 27 份) 和 14+15 (5. 43%, 5 份); *Glu-D1* 位点上检出 4 种亚基类型, 分别为 2+12 (38. 04%, 35 份)、5+12 (31. 52%, 29 份)、5+10 (29. 35%, 27 份) 和 2+10 (1. 09%, 1 份)。

2.2 HMW-GS 组合类型与品质得分

92 份小麦材料中共鉴定出 15 种 HMW-GS 组合类型 (表 3)。其中, 1/7+9/2+12 组合出现频率最高, 为 19. 57%; 其次是 1/7+9/5+12 和 1/7+9/5+10, 出现频率是 14. 13% 和 13. 04%。优质亚基组合 1/7+8/5+10 和 1/7+8/5+12 的检出频率均为 8. 70%。15 种组合类型的评分为 5~11 分, 评分在 10 分以上的组合类型有 4 种, 共计 20 份材料, 占试验材料的 21. 74%。其中, 亚基组合类型为 1/14+15/5+12 的品种 (系) 有天民 360、郑麦 827 和郑麦 828, 组合为 1/14+15/5+10 的品种 (系) 仅郑麦 823, 组合为 1/7+8/5+10 频率的品种 (系) 有济麦 44、郑麦 366、驻麦 305、新麦 26 等 8 份材料, 组合为 1/7+8/5+12 的品种 (系) 有郑麦 136、矮抗 58、泛麦 26 等 8 份材料。



CK1: 中国春; CK2: 西农 979; 1: 洛麦 26; 2: 洛麦 28; 3: 郑麦 22; 4: 郑麦 618; 5: 郑麦 136; 6: 漯丰 1905; 7: 瑞华麦 513; 8: 中麦 698; 9: 新农 9799。
CK1: Chinese Spring; CK2: Xinong 979; 1: Luomai 26; 2: Luomai 28; 3: Zhengmai 22; 4: Zhengmai 618; 5: Zhengmai 136; 6: Luofeng 1905; 7: Ruihuamai 513; 8: Zhongmai 698; 9: Xinnong 9799.

图 1 部分材料 HMW-GS 的 SDS-PAGE 电泳图

Fig. 1 HMW-GS composition of partial wheat materials analyzed by SDS-PAGE

表 2 92 份品种 (系) 中 HMW-GS 类型及频率

Table 2 Statistical frequency of HMW-GS at each locus from 92 varieties (lines)

位点 Locus	亚基 Subunit	份数 No	频率 Frequency/%	位点 Locus	亚基 Subunit	份数 No	频率 Frequency/%	位点 Locus	亚基 Subunit	份数 No	频率 Frequency/%
<i>Glu-A1</i>	1	66	71. 74	<i>Glu-B1</i>	7+8	27	29. 35	<i>Glu-D1</i>	5+10	27	29. 35
	Null	26	28. 26		7+9	60	65. 22		5+12	29	31. 52
					14+15	5	5. 43		2+10	1	1. 09
									2+12	35	38. 04

表 3 92 份品种(系)中 HMW-GS 组合类型、频率及得分
Table 3 HMW-GS composition types, frequencies and scores of the 92 wheat varieties(lines)

组合类型 Composition type			份数 Number	频率 Frequency/%	评分 Score	编号 Code
<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>				
1	14+15	5+12	3	3.26	11	38, 47, 78
1	14+15	5+10	1	1.09	10	88
1	7+8	2+12	3	3.26	8	11, 43, 51
1	7+8	5+10	8	8.70	10	9, 22, 56, 62, 63, 76, 77, 86
1	7+8	5+12	8	8.70	11	7, 21, 23, 44, 48, 60, 75, 82
1	7+9	2+12	18	19.57	7	1, 3, 4, 10, 13, 20, 37, 39, 40, 46, 50, 52, 61, 64, 70, 74, 80, 84, 90
1	7+9	5+10	12	13.04	9	8, 14, 29, 36, 42,53, 64, 65, 68, 71, 79, 85
1	7+9	5+12	13	14.13	8	5, 19, 30, 31, 32, 55, 58, 59, 66, 67, 69,89, 92
Null	14+15	2+12	1	1.09	6	54
Null	7+8	2+12	6	6.52	6	2, 25, 27, 28, 57, 87
Null	7+8	5+10	2	2.17	8	12, 81
Null	7+9	2+10	1	1.09	< 6	72
Null	7+9	2+12	7	7.61	5	6, 15, 17,24, 34, 83, 91
Null	7+9	5+10	4	4.35	7	35, 41, 45, 49
Null	7+9	5+12	5	5.43	8	16, 18, 26, 33, 73

编号同表 1。Code is same in table 1.

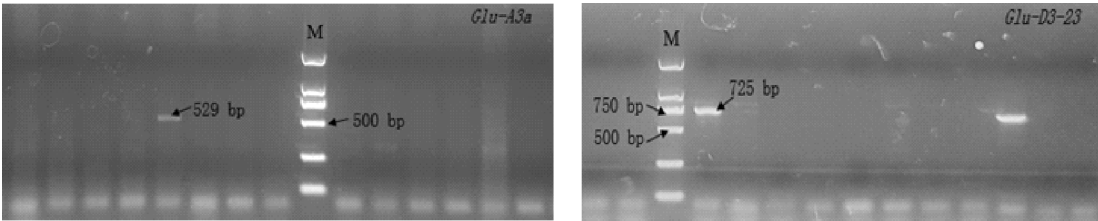
2.3 LMW-GS 编码基因组成及分布特征

图 2、表 4 表明,*Glu-A3* 位点上检测出 3 种基因型,*Glu-A3d* 检出频率最高(59.78%),55 份材料携带此基因;*Glu-A3a/c* 检出频率为 48.91%(45 份);而*Glu-A3a* 仅在 5 份材料中检出,频率为 5.43%。未检测到*Glu-A3b*、*Glu-A3e*、*Glu-A3f* 和*Glu-A3g*。*Glu-B3* 位点仅检测到 1 种基因型,29 份材料检出*Glu-B3d*,占比 31.52%;其余 9 种基因(*Glu-B3a*、*B3b*、*B3c*、*B3e*、*B3f/g*、*B3g*、*B3h*、*3i* 和*B3b/e/f*)在所有材料中未检出。*Glu-D3* 位点上*Glu-D3-21* 检出率最高(68.48%,63 份材料),*Glu-D3-32* 次之(61.96%,57 份材料),*Glu-D3-23* 检出率为 43.48%(40 份材料);*Glu-D3-22* 和*Glu-D3-31* 各在 2 份材料中检出。

2.4 LMW-GS 编码基因组合类型

92 份小麦材料的 LMW-GS 编码基因共有

40 种组合类型(表 5),其中,携带 1 种基因的有 4 种类型,各有 1 份材料;携带 2 种基因的有 7 种类型,包含 27 份材料(29.35%);携带 3 种基因的有 9 种类型,包含 25 份材料(27.17%);携带 4 种基因的有 11 种组合,包含 20 份材料(21.74%);携带 5 种基因的有 5 种类型,包含 11 份材料(11.96%);携带 6 种基因的有 4 种类型,共 5 份材料(5.43%)。组合类型*Glu-A3d* + *Glu-D3-21* 占比最高(15 份材料,占比 16.30%),其次是*Glu-A3d* + *Glu-D3-23* + *Glu-D3-32*(7 份材料,占比 7.61%)、*Glu-A3a/c* + *Glu-D3-21*(6 份材料,占比 6.52%)、*Glu-A3d* + *Glu-D3-21* + *Glu-D3-32*(5 份材料,5.43%)。同时含有*Glu-D3-23* 和*Glu-D3-32* 的品种(系)有 38 个,占比 41.30%,且在优质强筋小麦品种(系)中占比较高,如新麦 26、新麦 65、西农 1125、济麦 44、豫农 905、郑麦 366 等品种(系)中。



M 为 marker,其余泳道为部分品种(系)。
M is marker, and others lines are partial varieties(lines).

图 2 部分小麦品种(系)*Glu-A3a* 和*Glu-D3-23* 位点分子标记检测结果
Fig. 2 Molecular marker detection of the *Glu-A3a* and *Glu-D3-23* locus in selected wheat varieties(lines)

表 4 92 份材料 LMW-GS 编码基因类型及频率
Table 4 Statistical frequency of LMW-GS genes in 92 wheat varieties(lines)

<i>Glu-A3</i>	份数 Number	频率 Frequency/%	<i>Glu-B3</i>	份数 Number	频率 Frequency/%	<i>Glu-D3-</i>	份数 Number	频率 Frequency/%
<i>a</i>	5	5.43	<i>a</i>			<i>21</i>	63	68.48
<i>b</i>			<i>b</i>			<i>22</i>	2	2.17
<i>a/c</i>	45	48.91	<i>c</i>	29	31.52	<i>23</i>	40	43.48
<i>d</i>	55	59.78	<i>d</i>			<i>31</i>	2	2.17
<i>e</i>			<i>e</i>			<i>32</i>	57	61.96
<i>f</i>			<i>f/g</i>					
<i>g</i>			<i>g</i>					
			<i>h</i>					
			<i>i</i>					
			<i>b/e/f</i>					

表 5 92 份材料 LMW-GS 编码基因组合类型与频率
Table 5 Composition types and frequencies of LMW-GS genes

类型 Type	LMW-GS 编码基因 LMW-GS genes	数量 Number	占比 Frequency/%	编号 Code
1	<i>A3a/c</i>	1	1.09	10
2	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i>	1	1.09	40
3	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	24
4	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	2	2.17	88, 86
5	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i>	1	1.09	75
6	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	3	3.26	14, 10, 72
7	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-31</i>	1	1.09	80
8	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	32
9	<i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>D3-22</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	87
10	<i>A3a/c</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i>	3	3.26	63, 8, 27
11	<i>A3a/c</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	49
12	<i>A3a/c</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-32</i>	3	3.26	82, 74, 12
13	<i>A3a/c</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-22</i> 、 <i>D3-21</i>	1	1.09	85
14	<i>A3a/c</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	2	2.17	53, 55
15	<i>A3a/c</i> 、 <i>D3-21</i>	6	6.52	43, 50, 84, 29, 5, 2
16	<i>A3a/c</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i>	1	1.09	6
17	<i>A3a/c</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	3	3.26	90, 54, 15
18	<i>A3a/c</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-32</i>	4	4.35	70, 67, 57, 34
19	<i>A3a/c</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	2	2.17	28, 73
20	<i>A3a/c</i> 、 <i>D3-32</i>	2	2.17	31, 18
21	<i>A3a</i> 、 <i>A3a/c</i> 、 <i>A3d</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	2	2.17	22, 64
22	<i>A3a</i> 、 <i>A3a/c</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	62
23	<i>A3a</i> 、 <i>A3a/c</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	81
24	<i>A3a</i> 、 <i>A3a/c</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	79
25	<i>A3d</i>	1	1.09	23
26	<i>A3d</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i>	1	1.09	77
27	<i>A3d</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	4	4.35	7, 39, 36, 16
28	<i>A3d</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	30
29	<i>A3d</i> 、 <i>B3d</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	4	4.35	47, 1, 42, 41
30	<i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i>	15	16.30	78, 11, 51, 76, 4, 13, 52, 46, 19, 69, 58, 59, 92, 91, 33
31	<i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	2	2.17	68, 17
32	<i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-31</i>	1	1.09	61
33	<i>A3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-32</i>	5	5.43	48, 37, 20, 71, 65
34	<i>A3d</i> 、 <i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	7	7.61	9, 56, 60, 21, 44, 3, 25
35	<i>A3d</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	35
36	<i>B3d</i>	1	1.09	83
37	<i>B3d</i> 、 <i>D3-21</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	45
38	<i>D3-21</i>	1	1.09	26
39	<i>D3-21</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	38
40	<i>D3-23</i> 、 <i>D3-32</i>	1	1.09	89

2.5 麦谷蛋白基因与品质的相关性分析

对麦谷蛋白基因与品质性状进行相关性分析,结果(表 6)表明, HMW-GS 中,仅*Glu-B1* 位点与水分含量呈显著正相关($P<0.05$),*Glu-A1* 和*Glu-D1* 与各品质指标相关均不显著。LMW-GS 中,*Glu-A3* 位点上,*Glu-A3a* 与蛋白质含量、湿面筋含量和沉降值均呈显著正相关,*Glu-A3a/c* 与蛋白质含量和沉降值均呈显著正相关;*Glu-B3* 位点上,*Glu-B3d* 与蛋白质含量、沉降值和湿面筋含量均呈显著正相关。此外,基因间也存在不同的相关性,如*Glu-A1* 与*Glu-D1* 呈显著正相关,与*Glu-A3d* 呈显著负相关;*Glu-A3a/c* 与*Glu-A3d* 呈极显著负相关;*Glu-D3-21* 与*Glu-D3-23* 呈极显著负相关;*Glu-D3-32* 与*Glu-D3-23* 呈极显著正相关,与*Glu-B3d* 呈显著正相关,与*Glu-D3-21* 呈极显著负相关。

2.6 92 份材料的品质聚类分析

依据蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值、吸水率 4 个关键品质指标对 92 份材料进行聚类,可将其分为 3 个类群(图 3),不同类群间品质指标存在显著差异(表 7)。类群 I 和 II 的蛋白质含量较高,平均值分别是 14.68%和 14.46%,显著高于

类群 III(13.54%)。类群 II 的沉降值和湿面筋含量最高(29.71 mL,31.93%),其次是类群 I(28.44 mL,31.33%),二者显著高于类群 III。3 个类群间吸水率差异均显著,从高到底依次是类群 II(62.83%)、类群 I(57.75%)、类群 III(56.10%)。类群 II 的品质指标整体较高,包含郑麦 366(蛋白质含量 15.50%,沉降值 31.35 mL,湿面筋含量 34.65%)、西农 20(蛋白质含量 15.36%,沉降值 33.57 mL,湿面筋含量 32.66%)等 24 个品种(系)。其次是类群 I,包含济麦 44(蛋白质含量 15.42%,沉降值 31.83 mL,湿面筋含量 33.32%)、新麦 26(蛋白质含量 15.13%,沉降值 31.46 mL,湿面筋含量 33.23%)等 52 个品种(系)。类群 III 包含矮抗 58(蛋白质含量 13.53%,沉降值 22.58 mL,湿面筋含量 27.98%)、百农 207(蛋白质含量 13.59%,沉降值 21.77 mL,湿面筋含量 28.52%)等 16 个品种(系)。

2.7 不同类群的麦谷蛋白亚基类型差异

对不同类群所含蛋白亚基进行分析(表 8)发现,类群 II 中, HMW-GS 优质亚基*Glu-B1* 位点的 14+15(37.50%)、*Glu-D1* 位点的 5+10(33.33%)检

表 6 麦谷蛋白亚基基因与品质的相关性分析
Table 6 Correlation analysis between glutenin subunits genes and quality traits

	P	M	S	G	A	T	HMW-Glu1			LMW-Glu3							
							A1	D1	B1	A3a	A3a/c	A3d	B3d	D3-21	D3-22	D3-23	D3-31
M	-0.29**																
S	0.65**	-0.07															
G	0.86**	-0.36**	0.72**														
A	0.13	-0.25*	0.39**	0.43**													
T	-0.09	-0.01	0.35**	0.15	0.41**												
<i>Glu-A1</i>	0.02	0.08	0.15	0.00	0.13	0.16											
<i>Glu-D1</i>	0.06	0.05	0.09	0.00	0.09	-0.05	0.25*										
<i>Glu-B1</i>	0.00	0.22*	0.09	-0.03	-0.13	0.02	-0.02	-0.13									
<i>Glu-A3a</i>	0.22*	-0.06	0.21*	0.22*	0.09	0.01	-0.04	-0.02	0.08								
<i>Glu-A3a/c</i>	0.21*	-0.04	0.23*	0.20	0.02	0.01	0.16	0.18	0.00	0.25*							
<i>Glu-A3d</i>	-0.18	0.11	-0.16	-0.16	0.05	0.03	-0.27**	-0.07	0.03	-0.10	-0.62**						
<i>Glu-B3d</i>	0.23*	-0.03	0.36**	0.33**	0.17	0.20	0.04	-0.07	0.09	0.25*	0.13	-0.11					
<i>Glu-D3-21</i>	-0.23*	0.27*	0.09	-0.16	0.17	0.10	0.07	0.07	0.02	-0.04	0.15	-0.03	0.06				
<i>Glu-D3-22</i>	-0.06	-0.03	-0.09	-0.06	0.00	0.00	0.01	0.15	-0.13	-0.25*	0.01	-0.03	-0.14	0.10			
<i>Glu-D3-23</i>	0.05	-0.12	0.15	0.10	0.13	0.04	0.13	-0.01	0.15	0.27**	0.11	0.14	0.25*	0.02	-0.44**		
<i>Glu-D3-31</i>	-0.17	0.15	0.03	-0.11	0.17	0.06	-0.09	0.16	-0.10	-0.04	0.00	0.12	-0.10	-0.02	0.10	-0.13	
<i>Glu-D3-32</i>	0.03	-0.23*	0.06	0.11	0.10	0.05	0.14	-0.10	0.08	0.19	0.09	0.00	0.24*	-0.04	-0.34**	0.60**	-0.19

* : $P<0.05$; ** : $P<0.01$. P: 蛋白含量; M: 水分含量; A: 吸水率; G: 面筋含量; S: 沉降值; T: 容重。表 7 同。
* : $P<0.05$; ** : $P<0.01$. P: Protein content; M: Moisture content; A: Water absorption; G: Gluten content; S: Sedimentation value; T: Test weight. The same in table 7.

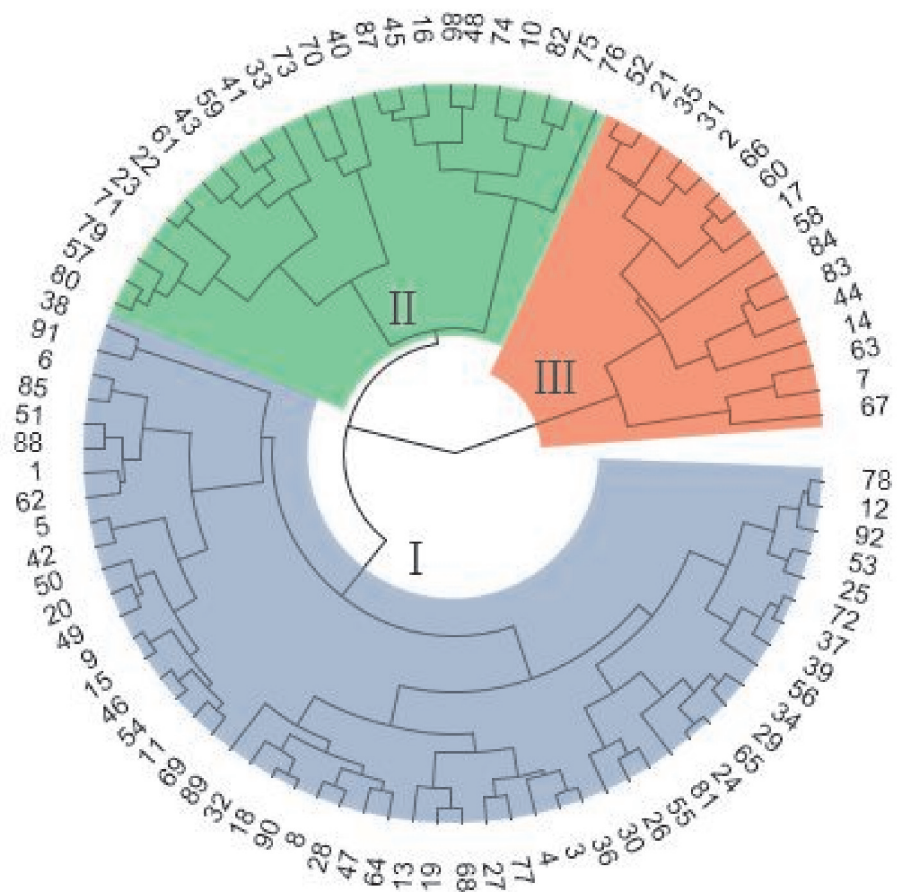


图 3 92 份品种(系)的聚类分析
Fig. 3 Cluster diagram of 92 wheat varieties(lines) based on quality traits

表 7 不同类群小麦品质性状比较
Table 7 Statistical analysis of quality traits of the different types wheat

参数 Parameter	P/%	S/mL	G/%	A/%	品种(系)数 Number of varieties(lines)	频率 Frequency/%
平均值 Mean	14.42	27.82	30.97	58.79		
标准差 SD	0.90	3.32	2.10	3.17		
类群 I Group I	14.68a	28.44a	31.33a	57.75b	52	56.52
类群 II Group II	14.46a	29.71a	31.93a	62.83a	24	26.09
类群 III Group III	13.54b	22.97b	28.37b	56.10c	16	17.39

同列数据后不同小写字母表示在 0.05 水平上不同类群间差异显著。
Different lowercase letters following data in same column indicate significant differences among different groups at 0.05 level.

出频率高于类群 I (26.92%、28.85%) 和类群 III (26.67%、26.67%), 且 2+10 亚基(4.17%) 仅在该群检出, *Glu-A1* 位点的 Null 亚基检出率(45.83%) 较高; LMW-GS 的 *Glu-A3a* (8.33%)、*Glu-A3a/c* (54.17%)、*Glu-B3d* (37.50%)、*Glu-D3-23* (54.17%)、*Glu-D3-32* (66.67%) 等优质亚基基因检出频率高于其他类群, 且特有 *Glu-D3-22*、*Glu-D3-31* 基因(各 8.33%)。类群 I 中, HMW-GS 的 *Glu-A1* 位点的 1 亚基(76.92%) 检出频率高于类群 II (54.17%),

Null 亚基(23.08%) 检出频率低于类群 II, *Glu-D1* 位点 2+12 亚基(40.38%) 检出率较高, 但亚基 14+15、5+10 检出频率低于类群 II; LMW-GS 优质亚基频率整体略低。类群 III 中, HMW-GS 的 *Glu-A1* 位点上 1 亚基(86.67%) 检出率较高, *Glu-B1* 位点 14+15(26.67%)、*Glu-D1* 位点 5+10(26.67%) 等优质亚基检出率较低; LMW-GS 的 *Glu-A3a/c* (33.33%)、*Glu-B3d* (6.67%)、*Glu-D3-23* (26.67%) 等优质基因检出率显著低于类群 II 和 I。

表 8 各类群的 HMW-GS 和 LMW-GS 编码基因差异
Table 8 Differences of HWM-GS and LMW-GS genes among various groups

谷蛋白 Glutenin	位点 Locus	类型 Type	类群 I Group I		类群 II Group II		类群 III Group III	
			品种(系)数 Number of varieties	频率 Frequency/%	品种(系)数 Number of varieties	频率 Frequency/%	品种(系)数 Number of varieties	频率 Frequency/%
HMW	Glu-A1	1	40	76.92	13	54.17	13	86.67
		Null	12	23.08	11	45.83	3	20.00
	Glu-B1	14+15	14	26.92	9	37.50	4	26.67
		7+8	35	67.31	15	62.50	10	66.67
		7+9	3	5.77	0	0	2	13.33
	Glu-D1	5+10	15	28.85	8	33.33	4	26.67
		5+12	16	30.77	6	25.00	7	46.67
		2+12	21	40.38	9	37.50	5	33.33
		2+10	0	0	1	4.17	0	0
	LMW	Glu-A3	A3a	3	5.77	2	8.33	0
A3a, c			27	51.92	13	54.17	5	33.33
A3d			31	59.62	14	58.33	10	66.67
Glu-B3		B3d	19	36.54	9	37.50	1	6.67
Glu-D3		D3-21	33	63.46	18	75.00	12	80.00
		D3-22	0	0	2	8.33	0	0
		D3-23	23	44.23	13	54.17	4	26.67
		D3-31	0	0	2	8.33	0	0
		D3-32	32	61.54	16	66.67	9	60.00

3 讨论

本研究对黄淮麦区近年来育成的 92 个品种(系)进行了品质性状检测和分析,在 HMW-GS 的 *Glu-1* 位点共检测到 9 种亚基类型和 15 种亚基组合。该结果与范家霖等^[21]对黄淮麦区小麦材料的“检出 8 种亚基类型和 14 种亚基组合”结果接近,但低于前期该麦区的研究结果,如张丽琴等^[25]检测到 10 种亚基类型和 18 种亚基组合;李博等^[26]检测得到的 22 个亚基类型和 29 种亚基组合。这种差异可能源于供试材料的数量、选育年代及遗传多样性。本研究中,优质亚基组合 1/7+8/5+10 和 1/7+8/5+12 的检出频率均为 8.70%,1/14+15/5+10 检出频率为 1.09%。与李立等^[27]研究黄淮南片麦区当前品种(系)中含有该优质亚基组合的频率(4.00%和 0.90%)相比有所提升,但组合类型多样性(本研究 15 种,李立等^[27]研究 29 种)有所减低,反映出黄淮麦区品质育种已经取得一定的成绩,但资源的遗传多样性仍显不足。

对 LMW-GS,本研究在 *Glu-3* 的三个位点共检测到 9 种基因;在 *Glu-A3* 位点上, *Glu-A3d* 出现频率最高(59.78%),其次是 *Glu-A3a/c* (48.91%)。

Dai 等^[28]对新疆冬小麦品种(系)的研究结果显示, *Glu-A3* 位点的 *Glu-A3a/c* 检出频率最高(52.90%);刘丽等^[22]对中国四大麦区 251 份小麦种质的鉴定结果表明,黄淮麦区 *Glu-A3* 位点主要为 *Glu-A3d* (36.1%)和 *Glu-A3a* (36.8%)。可见不同研究在 *Glu-A3* 位点上检出的基因存在一定差异。在 *Glu-B3* 位点上,本研究 *Glu-B3d* 的检出频率达 31.52%,与刘丽等^[22]检出频率接近,也与陈琛等^[29]的报道一致,进一步验证了 *Glu-B3d* 在黄淮麦区的高频分布特征,表明该亚基在黄淮麦区小麦品质育种中具有核心作用,可作为区域小麦品质改良的关键靶点。在 *Glu-D* 位点上,检测到 5 种亚基编码基因,与田汉钊等^[24]的研究结果一致,说明与国外资源相比,黄淮麦区在该位点同样具备遗传多态性优势。研究还发现,部分优质强筋小麦品种(系)如新麦 26、新麦 65、西农 1125、济麦 44、郑麦 366 等,同时携带 *Glu-D3-23* 与 *Glu-D3-32*,这两种亚基共存可能与其强筋品质特性有密切关联。本研究共鉴定出 40 种 LMW-GS 编码基因组合类型,反应出组合类型的多样性,该结果与吴芳等^[30]的研究结论相似。

本研究相关分析结果表明, HMW-GS 的三

个位点对蛋白质含量、湿面筋含量、吸水率等指标均无显著影响,该结论与前人研究一致^[11,31]。需要指出的是,本分析未排除如硬度主效基因等其他因素的影响。未来研究将对硬度基因进行鉴定,以更准确解析各类蛋白亚基对品质性状的独立和互作效应。在 LMW-GS 方面,*Glu-A3a*、*Glu-A3a/c* 和 *Glu-B3d* 与蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值及吸水率均呈显著正相关,该结果与杨梦晨等^[32]关于 *Glu-A3d* 对蛋白质含量有显著影响的结论相一致,但与雷振生等^[31]提出的“HMW-GS 与 LMW-GS 等位变异对籽粒蛋白质含量影响均不大”的观点存在差异。本研究还发现,*Glu-B3* 位点对品质性状的调控效应大于 *Glu-A3* 位点,该结果与何中虎、张肖飞等^[1,18]的结论一致。上述不同位点遗传多样性分布及其对品质性状的影响存在差异,为小麦品质改良相关基因挖掘与亲本选配提供了理论依据和基因资源。

根据蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值和吸水率四个关键品质指标,92 份供试材料被划分为三个类群。综合分析表明,类群 II 的品质整体略优于类群 I,两个类群均表现出较好的综合品质。类群 II 包括郑麦 366、西农 20 等 24 个品种(系);类群 I 包括济麦 44、新麦 26 等 52 个品种(系);类群 III 则包含 16 个高产稳产品种(系),如矮抗 58、百农 207、周麦 18 等。各类群的麦谷蛋白亚基组成存在差异,类群 II 材料的优质亚基的出现频率高于类群 I 和类群 III,具体表现为:HMW-GS 中 *Glu-B1* 位点的 14+15 亚基、*Glu-D1* 位点的 5+10 亚基频率较高,在 LMW-GS 中的 *Glu-Ba*、*Glu-A3a/c*、*Glu-B3d*、*Glu-D3-23* 和 *Glu-D3-32* 等基因频率相对较高。此外,类群 II 还独有 *Glu-D1* 位点的 2+10 亚基及 *Glu-D3* 位点的 *Glu-D3-22*、*Glu-D3-31* 基因。这些结果进一步印证了前人研究中关于部分优质亚基 7+8、14+15、5+10、*Glu-B3d* 等对蛋白质含量等参数具有正向作用的结论^[21,32]。综上,类群 II 在优质亚基的组成上具有明显优势,建议在今后育种中予以重点关注和利用。

本研究对 92 份黄淮麦区小麦种质的麦谷蛋白亚基及品质特征进行了系统分析。在高分子量麦谷蛋白亚基方面,*Glu-1* 三个位点共鉴定出 9 种亚基类型,组成 15 种亚基组合。其中评分在 10 分以上的组合类型有 4 种,涉及 20 份材料,占参试品种(系)的 21.74%,出现频率最高的组合

是 1/7+9/2+12(19.57%),而优质亚基组合 1/7+8/5+10 的频率为 8.70%。在低分子量麦谷蛋白亚基方面,共检测出 9 种亚基类型,形成 40 种亚基组合。从组合所含亚基类型看,多个优质强筋小麦品种(系),如新麦 26、新麦 65、西农 1125、济麦 44、豫农 905、郑麦 366 等,在其亚基组合中均含有 *D3-23* 和 *D3-32* 亚基。此外 *B3d* 亚基对品质的影响显著,与蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值及吸水率呈显著正相关。基于四个关键品质指标,供试材料被聚为三个类群,类群 II 在综合品质及优质亚基的组成方面均表现出明显优势,可在品质育种中重点筛选应用。

参考文献:

- [1] HE Z H, LIU L, XIA X C, *et al.* Composition of HMW and LMW glutenin subunits and their effects on dough properties, pan bread, and noodle quality of Chinese bread wheats [J]. *Cereal Chemistry*, 2005, 82(4): 345.
- [2] D' OVIDIO R, MASCI S. The low-molecular-weight glutenin subunits of wheat gluten [J]. *Journal of Cereal Science*, 2004, 39(3): 321.
- [3] RHAZI L, CAZALIS R, LEMELIN E, *et al.* Changes in the glutathione thiol-disulfide status during wheat grain development [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2003, 41(10): 895.
- [4] MA W J, YU Z T, SHE M Y, *et al.* Wheat gluten protein and its impacts on wheat processing quality [J]. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 2019, 6(3): 279.
- [5] 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.
- [6] LI Y, FU J H, SHEN Q, *et al.* High-molecular-weight glutenin subunits: Genetics, structures, and relation to end use qualities [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22(1): 184.
- [7] ZHANG X F, LIU D C, ZHANG J H, *et al.* Novel insights into the composition, variation, organization, and expression of the low-molecular-weight glutenin subunit gene family in common wheat [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2013, 64(7): 2027.
- [8] 晁岳恩. 小麦面粉蛋白质量评价模型构建及蛋白质量再评价 [J]. 麦类作物学报, 2022, 42(8): 980.
CHAO Y E. Establishment of evaluation model and re-evaluation of wheat flour proteins [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(8): 980.
- [9] CHEN H Q, LI S J, LIU Y W, *et al.* Effects of 1Dy12 subunit silencing on seed storage protein accumulation and flour-processing quality in a common wheat somatic variation line [J]. *Food Chemistry*, 2021, 335: 127663.
- [10] DAI S F, CHEN H X, LI H Y, *et al.* Variations in the quality parameters and gluten proteins in synthetic hexaploid wheats solely expressing the *Glu-D1* locus [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2022, 21(7): 1877.

- [11]张自阳,姜小菱,王智煜,等.不同来源小麦种质高分子质量谷蛋白亚基多样性及其与加工品质的关系[J].华北农学报,2019,34(3):75.
ZHANG Z Y,JIANG X L,WANG Z Y,*et al.* Genetic diversity of HMW-GS and its relationship with quality of wheat germplasms from different regions [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2019, 34(3):75.
- [12]XIE L N, LIU S Y, ZHANG Y, *et al.* Efficient proteome-wide identification of transcription factors targeting *Glu-1*: A case study for functional validation of *TaB3-2A1* in wheat [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2023, 21(10):1952.
- [13]GEISLITZ S, AMERICA A H P. Differentiation of wheat high-molecular-weight glutenin subunits by targeted LC-MS/MS [J]. *Cereal Research Communications*, 2025: (prepublish):1.
- [14]JACKSON E, MOREL M, SONTAG-STROHM T, *et al.* Proposal for combining the classification systems of alleles of *Gli-1* and *Glu-3* loci in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Genetic Breeding*, 1996, 50:321.
- [15]周国雁,陈丹,伍少云,等.177份小麦种质资源低分子量麦谷蛋白基因型分析[J].种子,2022,41(2):1.
ZHOU G Y, CHEN D, WU S Y, *et al.* Genotypes analysis of glutenin with low molecular weight in 177 wheat germplasm resources [J]. *Seed*, 2022, 41(2):1.
- [16]WANG L H, ZHAO X L, HE Z H, *et al.* Characterization of low-molecular-weight glutenin subunit *Glu-B3* genes and development of STS markers in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 118(3):525.
- [17]WANG L H, LI G Y, PEÑA R J, *et al.* Development of STS markers and establishment of multiplex PCR for *Glu-A3* alleles in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Journal of Cereal Science*, 2010, 51(3):305.
- [18]ZHANG X F, LIU D C, YANG W L, *et al.* Development of a new marker system for identifying the complex members of the low-molecular-weight glutenin subunit gene family in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 122(8):1503.
- [19]LUO G B, ZHANG X F, ZHANG Y L, *et al.* Composition, variation, expression and evolution of low-molecular-weight glutenin subunit genes in *Triticum urartu* [J]. *BMC Plant Biology*, 2015, 15(1):68.
- [20]SHEN L S, LUO G B, SONG Y H, *et al.* Low molecular weight glutenin subunit gene composition at *Glu-D3* loci of *Aegilops tauschii* and common wheat and a further view of wheat evolution [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(12):2745.
- [21]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.
FAN J L, CHEN X J, ZHANG J W, *et al.* Composition of high molecular weight glutenin subunits and their relationship with wheat quality traits [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(5):544.
- [22]LIU L, HE Z H, YAN J, *et al.* Allelic variation at the *Glu-1* and *Glu-3* loci, presence of the 1B·1R translocation, and their effects on mixographic properties in Chinese bread wheats [J]. *Euphytica*, 2005, 142(3):197.
- [23]韩文蕾.山西省小麦品种(系)HMW-GS组成分析[D].太谷:山西农业大学,2022:13.
- HAN W L. Composition analysis of wheat variety (line) HMW-GS in Shanxi Province [D]. Taigu: Shanxi Agricultural University, 2022:13.
- [24]田汉钊,冯龙婷,应开,等.外引小麦种质麦谷蛋白亚基组成及评价[J/OL].作物学报,2025;1.(2025-07-17). <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=XBZW20250715008&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.
TIAN H Z, FENG L T, YING K, *et al.* Composition and evaluation of wheat glutenin subunits in exotic wheat germplasm [J/OL]. *Acta Agronomica Sinica*, 2025; 1. (2025-07-17). <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=XBZW20250715008&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.
- [25]张丽琴,刘春雷,杨雪,等.黄淮麦区小麦新品种(系)高分子量谷蛋白亚基多态性分析[J].麦类作物学报,2012,32(1):79.
ZHANG L Q, LIU C L, YANG X, *et al.* Polymorphism analysis of HMW-GS in new wheat varieties in Huang-Huai wheat region of China [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2012, 32(1):79.
- [26]李博,张荣琦,王亚娟,等.黄淮麦区部分小麦地方品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析[J].麦类作物学报,2007,27(3):483.
LI B, ZHANG R Q, WANG Y J, *et al.* Diversity of HMW-GS in partial wheat landraces from Huanghuai wheat production area [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2007, 27(3):483.
- [27]李立,龚梦婕,李锁平,等.黄淮麦区小麦新品系高分子量谷蛋白亚基的组成及结构变化分析[J].华北农学报,2018,33(2):157.
LI L, GONG M J, LI S P, *et al.* Composition and structural changes of high-molecular-weight glutenin subunits in new wheat lines in the Huang-Huai wheat area [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2018, 33(2):157.
- [28]DAI S F, XU D Y, YAN Y L, *et al.* Characterization of high- and low-molecular-weight glutenin subunits from Chinese Xinjiang wheat landraces and historical varieties [J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2020, 57(10):3823.
- [29]陈琛,王炜,袁俊秀,等.甘肃旱地春小麦及部分重要骨干亲本麦谷蛋白亚基组成分析[J].西北农业学报,2018,27(11):1598.
CHEN C, WANG W, YUAN J X, *et al.* Analysis of HMW-GS and LMW-GS in spring wheat varieties and key parental materials cultivated in Gansu dryland [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2018, 27(11):1598.
- [30]吴芳,董惠,韩兆雪,等.中国小麦品种高分子量谷蛋白亚基和低分子量谷蛋白亚基组成分析[J].麦类作物学报,2006,26(3):82.
WU F, DONG H, HAN Z X, *et al.* Genetic diversity of HMW and LMW glutenin subunits in Chinese hexaploid wheats [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2006, 26(3):82.
- [31]雷振生,刘丽,王美芳,等. HMW-GS和LMW-GS组成对小麦加工品质的影响[J].作物学报,2009,35(2):203.
LEI Z S, LIU L, WANG M F, *et al.* Effect of HMW and LMW glutenin subunits on processing quality in common wheat [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(2):203.
- [32]杨梦晨,崔帅,杨雪敏,等.311份小麦品种(系)优质麦谷蛋白亚基组成分析[J].分子植物育种,2021,19(4):1169.
YANG M C, CUI S, YANG X M, *et al.* Analysis of high-quality glutenin subunit composition of 311 wheat varieties (lines) [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(4):1169.