

引用格式: 胡正冲, 张雨祥, 李博宇, 等. 106 份小麦高代品系 HMW-GS 组成及其对品质的影响[J]. 浙江农林大学学报, 2026, 43(X): 1-12. HU Zhengchong, ZHANG Yuxiang, LI Boyu, et al. Composition of HMW-GS subunits in 106 high-generation wheat lines and their effects on quality[J]. Journal of Zhejiang A&F University, 2026, 43(X): 1-12.

# 106 份小麦高代品系 HMW-GS 组成及其对品质的影响

胡正冲<sup>1,2</sup>, 张雨祥<sup>1,2</sup>, 李博宇<sup>1,2</sup>, 马指挥<sup>1</sup>, 王林生<sup>1,2</sup>

(1. 河南科技大学农学院, 河南 洛阳 471023; 2. 河南科技大学洛阳市作物遗传改良与种质创新重点实验室, 河南 洛阳 471023)

**摘要:** 【目的】探究小麦 *Triticum aestivum* 高分子量谷蛋白亚基 (HMW-GS) 组成与小麦品质性状的关系。【方法】以 106 份小麦高代品系为材料, 通过鉴定每个高代品系的 HMW-GS 类型, 预测其潜在品质。采用十二烷基硫酸钠-聚丙烯酰胺凝胶电泳 (SDS-PAGE) 和分子标记技术, 利用近红外谷物分析仪、粉质仪和面筋测定仪等对其进行 HMW-GS 鉴定和品质检测。【结果】106 份小麦品系共鉴定出 8 种 HMW-GS 类型和 7 种 HMW-GS 组合。Glu-A1 位点有 3 种亚基, 分别为 x1(24.53%)、x-null(57.55%)、x2\*(17.92%), Glu-B1 位点有 x7+y8(64.15%) 和 x7+y9(34.91%) 2 种类型, Glu-D1 位点有 x2+y12(43.4%)、x5+y10(42.45%)、x5+y12(15.09%) 等 3 种类型。7 种亚基组合类型, 品质得分为 5~10 分, 其中 2\*/7+9/5+10 和 1/7+8/5+10 亚基组合得分最高, 均为 10 分。利用特异性聚合酶链式反应 (PCR) 分子标记对 HMW-GS 中的 Ax1、Ax-null、Dx2、Dx5、Dy10、Dy12、Bx7 和 By8 亚基进行鉴定, 与 SDS-PAGE 电泳鉴定结果比较, 吻合率分别为 100%、100%、91.83%、96.69%、97.78%、100%、100% 和 76.92%; 对 HMW-GS 位点与品质性状进行相关分析发现: 2\*、7+9 和 5+10 亚基的蛋白质质量分数、面粉沉降值和面粉吸水率较其他亚基高 ( $P < 0.05$ ), 1、7+8 和 5+10 亚基的面粉沉降值、面团形成时间和面团稳定时间均显著高于其他亚基 ( $P < 0.05$ ), 其中 7+9 亚基的蛋白质质量分数、干面筋质量、湿面筋质量分数和面粉沉降值高于 7+8 亚基 ( $P < 0.05$ ); 对不同 HMW-GS 组合类型与品质性状进行相关分析和主成分分析发现: 1/7+8/5+10 和 2\*/7+9/5+10 亚基组合综合品质特性较优, 对品质性状贡献较大, Null/7+8/2+12 和 Null/7+9/2+12 亚基组合表现较差; 同时对高代品系品质进行热图分析和聚类分析发现: 各品质性状间差异极显著 ( $P < 0.01$ ), 并可聚为 5 个类群。【结论】每个位点上的亚基对品质性状的影响均有所不同, 其中对面粉沉降值、面团形成时间、面团稳定时间和湿面筋质量分数影响较大。图 6 表 5 参 39

**关键词:** 小麦; 高代品系; 高分子量谷蛋白亚基; SDS-PAGE; 品质分析

中图分类号: S512.1 文献标志码: A 文章编号: 2095-0756(2026)00-0001-12

## Composition of HMW-GS subunits in 106 high-generation wheat lines and their effects on quality

HU Zhengchong<sup>1,2</sup>, ZHANG Yuxiang<sup>1,2</sup>, LI Boyu<sup>1,2</sup>, MA Zhihui<sup>1</sup>, WANG Linsheng<sup>1,2</sup>

(1. College of Agriculture, Henan University of Science and Technology, Luoyang 471023, Henan, China; 2. Luoyang Key Laboratory of Crop Genetic Improvement and Germplasm Innovation, Henan University of Science and Technology, Luoyang 471023, Henan, China)

**Abstract:** [Objective] The aim of this study is to investigate the relationship between the composition of high molecular weight gluten subunits (HMW-GS) in wheat (*Triticum aestivum*) and wheat quality traits. [Method] Using 106 high-generation wheat lines as materials, the potential quality of each line was predicted by identifying the HMW-GS subunit type. Using SDS-PAGE (sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel

收稿日期: 2025-08-22; 修回日期: 2025-12-30

基金项目: 河南省农业良种攻关项目 (2022010104); 河南省科技攻关项目 (182102110207)

作者简介: 胡正冲 (ORCID: 0009-0000-1807-6677), 从事小麦遗传育种研究。E-mail: 1685284715@qq.com。通信作者: 王林生 (ORCID: 0000-0003-2221-4010), 男, 博士, 教授, 博士生导师, 从事小麦遗传育种、小麦种质资源创新及分细胞遗传学。E-mail: wls282059@haust.edu.cn

electrophoresis) and molecular marker techniques, HMW-GS identification and quality assessment were performed by near-infrared grain analyzer, flour texture analyzer, and gluten tester. [Result] A total of 8 types of HMW-GS subunits and 7 HMW-GS subunit combinations were identified in 106 wheat lines. There were 3 subunits at the *Glu-A1* locus, namely x1 (24.53%), x-null (57.55%), and x2\* (17.92%). At the *Glu-B1* locus, there were 2 types: x7+y8 (64.15%) and x7+y9 (34.91%). At the *Glu-D1* locus, there were 3 types: x2+y12 (43.4%), x5+y10 (42.45%), and x5+y12 (15.09%). There were 7 types of subunit combinations, with quality scores ranging from 5 to 10 points. Among them, the 2\*/7+9/5+10 and 1/7+8/5+10 combinations had the highest scores of 10 points each. The specific polymerase chain reaction (PCR) molecular markers were used to identify the Ax1, Ax-null, Dx2, Dx5, Dy10, Dy12, Bx7, and By8 subunits within the HMW-GS subunits. The results were compared with those obtained by SDS-PAGE electrophoresis, and the agreement rates were 100%, 100%, 91.83%, 96.69%, 97.78%, 100%, 100%, and 76.92%, respectively. Correlation analysis between HMW-GS subunit positions and quality traits revealed that the 2\*, 7+9, and 5+10 subunits exhibited higher protein content, flour sedimentation value, and water absorption capacity compared to other subunits ( $P < 0.05$ ). The 1, 7+8, and 5+10 subunits had significantly higher flour sedimentation value, dough formation time, and dough stability time than other subunits ( $P < 0.05$ ). Among them, the 7+9 subunit exceeded the 7+8 subunit in protein content, dry gluten content, wet gluten content, and flour sedimentation value ( $P < 0.05$ ). Correlation analysis and principal component analysis of HMW-GS subunit combinations and quality traits revealed that the 1/7+8/5+10 and 2\*/7+9/5+10 combinations exhibited superior comprehensive quality characteristics and contributed significantly to quality traits, while Null/7+8/2+12 and the Null/7+9/2+12 combinations performed poorly. Meanwhile, heat map analysis and cluster analysis of high-generation lines found that there were extremely significant differences among various quality traits ( $P < 0.01$ ), which could be clustered into 5 distinct groups. [Conclusion] The impact of subunits at each position on the quality traits varies, with significant effects on sedimentation value, dough formation time, dough stability time, and wet gluten mass fraction. [Ch, 6 fig. 5 tab. 39 ref.]

**Key words:** wheat (*Triticum aestivum*); high-generation lines; high-molecular-weight glutenin subunits; SDS-PAGE; quality analysis

小麦 *Triticum aestivum* 是世界上关键的粮食来源之一<sup>[1]</sup>。随着食品加工业的精细化发展,小麦品质的差异化需求日益显著<sup>[2]</sup>,提高小麦品质已成为中国现代小麦育种的重要目标<sup>[3]</sup>。从加工品质角度,可依据蛋白质量分数、湿面筋质量分数、面粉沉降值、面团形成时间、面团稳定时间、粉质延伸度等多个评价指标对小麦进行分类<sup>[4]</sup>。在这些指标中,蛋白质、湿面筋质量分数以及面粉沉降值,面团稳定时间和形成时间是决定小麦面粉加工品质的核心要素<sup>[5]</sup>,也是小麦品质改良工作的关键方向。面粉沉降值可反映小麦面粉的烘焙品质,且与小麦粗蛋白、湿面筋、干面筋质量分数存在紧密联系<sup>[6]</sup>,是小麦品质改良以及选育优质小麦品种过程中的重要参考指标;面团稳定时间则是蛋白质量分数与面筋质量的综合体现<sup>[7]</sup>,对于小麦的加工品质有着重要的影响。利用特异性聚合酶链式反应(PCR)引物进行高分子量谷蛋白亚基(HMW-GS)的鉴定,克服了十二烷基硫酸钠-聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)方法的局限性,简单、高效,且不受生长阶段限制,可以快速大量检测有关基因。目前已经开发了1Dx5、1Dy10、1Dx2、1Dy12、1Ax2\*、1By8、1Bx17、1By18、1Bx7等HMW-GS基因的功能PCR标记<sup>[8-10]</sup>,对快速筛选优质亚基组合及缩短育种进程有重要意义。

已有研究<sup>[11-13]</sup>表明:小麦加工品质很大程度上取决于其种子储存蛋白质,包括麦谷蛋白和麦醇溶蛋白,麦醇溶蛋白与面团流变特性密切相关,主要调控面团的延展性和黏滞性;麦谷蛋白则主导面团的抗拉伸强度和弹性恢复性能。根据分子量差异,麦谷蛋白可分为低分子量亚基(LMW-GS,约30%)和高分子量亚基(HMW-GS,约10%)。虽然HMW-GS在总蛋白中占比较低<sup>[14]</sup>,但对面团质量及后续品质加工

具有显著效果<sup>[15-16]</sup>，贡献率高达 40%~60%<sup>[17]</sup>，使其成为品质改良的关键靶点。HMW-GS 的编码基因位于普通小麦第一同源群染色体的长臂末端，包括 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 等 3 个基因座，在保守区域序列高度一致，每个 *Glu-1* 位点均包含 2 个紧密连锁的共显性基因，分别编码 X 型和 Y 型亚基。由于普通小麦为异源六倍体，理论上每个单倍型可表达 6 种不同的 HMW-GS。然而，由于基因沉默或选择压力，部分亚基不表达，一般小麦表达 4~5 种高分子量谷蛋白亚基<sup>[18-19]</sup>。不同亚基及亚基组合对小麦品质影响也不尽相同。在 *Glu-A1* 位点的 1 和 2\* 亚基对面包面团的稠度、延展性、黏度和弹性有积极影响<sup>[20]</sup>。在 *Glu-B1* 位点，7+8 亚基贡献较多，对蛋白质和湿面筋质量分数具有正向效应，7+9 亚基对面团形成时间和面团稳定时间呈正向效应<sup>[21]</sup>，17+18 对面粉沉淀值和最大抗延阻力的贡献最高<sup>[22]</sup>。在 *Glu-D1* 位点，5+10 亚基对加工品质的效应显著高于 5+12 亚基和 2+12 亚基。对面粉品质效应而言<sup>[23-24]</sup>，在 *Glu-A1* 位点从大到小为 1、2\*、Null；在 *Glu-B1* 位点从大到小为 17+18、7+8、7+9；在 *Glu-D1* 位点从大到小为 5+10、5+12、2+12。其他相关研究表明<sup>[15-16, 23]</sup>：面团强度效应从大到小为 *Glu-D1*、*Glu-B1*、*Glu-A1*。就单个亚基对而言，7+9、17+18 和 5+10 面团强度最大；亚基组合 1、7+9、5+10 具有最大面团强度，2\*、7+9、2+12 和 1、7+9、2+12 具有最好的延展性。本研究利用 SDS-PAGE 法和分子标记法，对 106 份高代品系材料的 HMW-GS 进行检测，分析不同 HMW-GS 类型对品质特性的影响，为小麦品质改良育种提供理论依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材 料

供试材料为近年来在河南省洛阳市孟津区朝阳镇培育的小麦高代品系，材料编号为 kd176、116-117、NS II 1-NS II 3、NS III 1-NS III 5、NC I -NC II，共 106 份品系。品质检测时，以‘科大 1026’‘Keda 1026’和‘新麦 58’‘Xinmai 58’作为对照 (ck)。试验田采用常规大田栽培管理模式，全生育期未受到自然灾害和病害影响，成熟后按试验设计进行分区收获，经机械脱粒、自然晾晒及烘干处理后入库储藏。

### 1.2 方 法

1.2.1 DNA 提取和电泳分析 高代品系种子在发芽盒中发芽。采集苗期叶片，参考郭媛等<sup>[25]</sup>的方法，提取小麦基因组 DNA。根据 LIU 等<sup>[26]</sup>、MA 等<sup>[8]</sup>、LEI 等<sup>[27]</sup>报道的特异分子标记进行 PCR 扩增，SSR 引物如表 1。这些引物由生工生物工程 (上海) 股份有限公司合成。

PCR 反应体系为 10  $\mu\text{L}$ ，包括 1  $\mu\text{L}$  DNA (50  $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ )，引物左链和引物右链各 0.5  $\mu\text{L}$ ，4  $\mu\text{L}$  2 $\times$ Taq Master Mix 染料，用 ddH<sub>2</sub>O 补充至 10  $\mu\text{L}$ 。PCR 扩增产物通过质量分数 1.5% 琼脂糖凝胶电泳进行检测，在 130 V 电压下电泳 45 min，读带，拍照。

1.2.2 谷蛋白的提取与 SDS-PAGE 电泳分析 取 1 粒饱满的种子放入已灭菌的 2 mL 离心管中，离心管中放入 1 个已灭菌的 5 mm 小钢珠，对离心管编号做好标记，在研磨仪中研磨完之后加入溶液 A (1 mL 体积分数 50% 异丙醇)，涡旋 10 s，65  $^{\circ}\text{C}$  水浴 30 min，期间振荡 2~3 次，12 000  $\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$  离心 3 min，弃上清液后，再重复提取 1 次。离心后向沉淀物中加入 200  $\mu\text{L}$  提取液 B [50.0% 异丙醇+0.04  $\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$  Tris-HCl (pH 8)+10.0% SDS+2.0% 二硫苏糖醇]，65  $^{\circ}\text{C}$  水浴 30 min，期间振荡 2~3 次，12 000  $\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$  离心 5 min；取 200  $\mu\text{L}$  上清液，转移到另一个干净的 1.5 mL 离心管中，加入 200  $\mu\text{L}$  提取液 C [0.625  $\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$  Tris-HCl (pH 6.8)+20.0%

表 1 分子标记引物序列及其片段大小

Table 1 Molecular marker primer sequence and its fragment size

| 基因                 | 序列与反应程序(5'→3')           | 片段大小/bp | 文献   | 基因          | 序列与反应程序(5'→3')           | 片段大小/bp | 文献   |
|--------------------|--------------------------|---------|------|-------------|--------------------------|---------|------|
| <i>Ax1/Ax-null</i> | F: CGAGACAATATGAGCAGCAAG | 362     | [26] | <i>Dx5</i>  | F: CGTCCCTATAAAAGCCTAGC  | 478     | [8]  |
| <i>Ax2*</i>        | R: CTGCCATGGAGAAGTTGGA   | 344     |      | <i>Dx5</i>  | R: AGTATGAAACCTGCTGCGGA  |         |      |
| <i>Bx7</i>         | F: CGCAACAGCCAGGACAATT   | 630/766 | [8]  | <i>Dx5</i>  | F: GCCTAGCAACCTTACAATC   | 450     | [8]  |
| <i>Bx17</i>        | R: AGAGTTCTATCACTGCCTGGT | 669     |      | <i>Dx5</i>  | R: GAAACCTGCTGCGGACAAG   |         |      |
| <i>By8</i>         | F: TTAGCGCTAAGTGCCGCTCT  | 527     | [27] | <i>Dx2</i>  | F: GGGACAATACGAGCAGCAAA  | 299/281 | [26] |
| <i>By8</i>         | R: TTGTCCTATTTGCTGCCCTT  |         |      | <i>Dx2</i>  | R: CTGTTCCTGCTGTGTTGCCA  |         |      |
| <i>By9</i>         | F: TTCTCTGCATCAGTCAGGA   | 707/662 | [27] | <i>Dy10</i> | F: CGCAAGACAATATGAGCAAAC | 397     | [26] |
| <i>By9</i>         | R: AGAGAAGCTGTGTAATGCC   |         |      | <i>Dy12</i> | R: TTGCCTTTGCTGTGTGC     |         |      |

甘油+2.0%SDS+0.2%溴酚蓝], 轻微振荡使其混匀, 静置 30 min 后 99 °C 加热变性 5 min; 冷却后, 放置 -20 °C 保存备用。

SDS-PAGE 电泳: 采用 10% 下层分离胶和 5% 上层浓缩胶对样品进行电泳分离, 以 ‘中国春’ ‘Zhongguochun’ (Null/7+8/2+12)、‘郑麦 366’ ‘Zhengmai 366’ (1/7+8/5+10) 和 ‘Nee pawa’ (2\*/7+9/5+10) 为对照, 进行条带判读。

### 1.3 小麦品质性状检测

1.3.1 仪器与设备 PCR 扩增仪、紫外投射切胶台 (WD-94038)、SDS-PAGE 胶片观察灯、近红外分析仪 (DA 7250 型)、实验磨粉机 (LRMM8040-3-D)、烘箱、Perten 面筋测定仪 (2200 型面筋仪)、CAU-B 型沉淀值测定仪、微型小麦粉质测定仪 (Micro-dough L AB 型)。

1.3.2 检测方法 利用近红外分析仪检测种子含水量和蛋白质量分数。制粉: 称取各品系种子 120 g, 按照 NY/T1094.1—2006《小麦实验制粉第 1 部分: 设备、样品制备和润麦》进行样品制备和润麦, 将小麦的水分含量调节至 14%, 润麦 12 h, 再用实验磨粉机制粉, 将制得的小麦粉充分混匀, 备用。湿面筋质量分数的测定参照 GB/T 5506.2—2008《小麦和小麦粉面筋含量第 2 部分: 仪器法测量湿面筋》用仪器法测定, 面筋质量和面筋指数参照 LS/T 6102—1995《小麦粉湿面筋质量测定方法 面筋指数法》测定, 用 Perten 面筋测定仪完成。面粉沉降值参照 GB/T 21119—2007《小麦 沉淀指数测定 Zeleny 试验》方法, 用小麦粉沉降值测定仪进行测定; 小麦粉水分含量的依据 GB 5009.3—2016《食品中水分的测定》测定, 采用直接干燥法 [(105±2) °C] 进行; 粉质特性参照 GB/T 14614—2019《粮油检验 小麦粉面团流变学特性测试粉质仪法》, 用粉质仪测定面团形成时间、面团稳定时间及面粉吸水率。

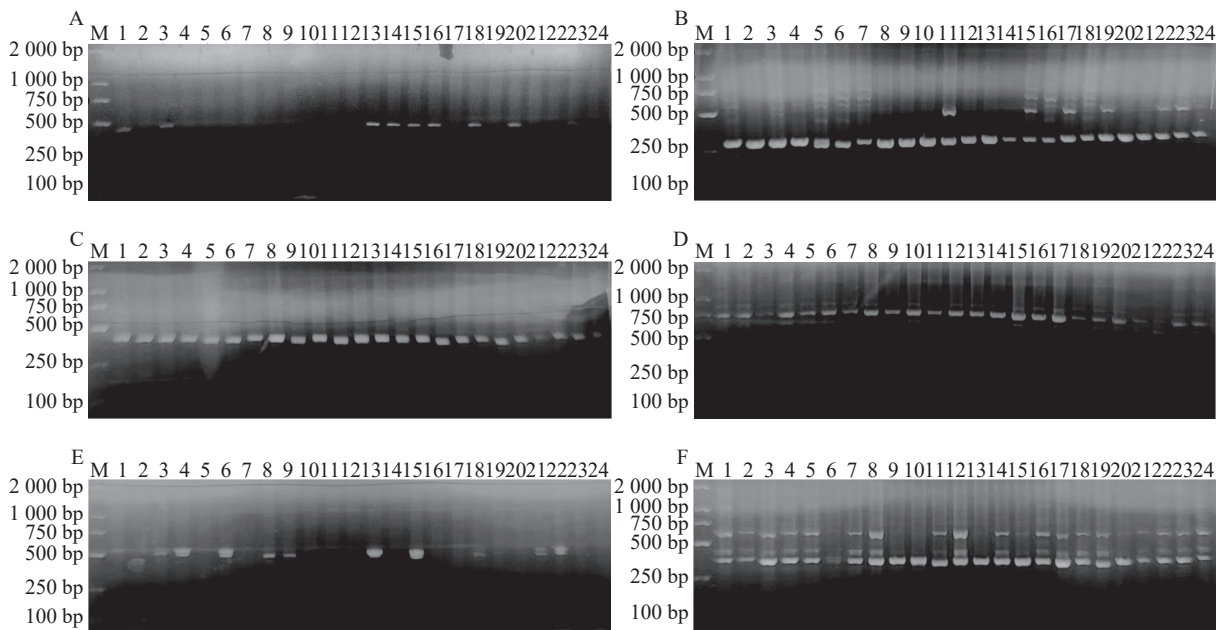
### 1.4 数据分析

数据采用 Excel 2016 和 SPSS 22.0 进行数据统计分析, 并利用 PS 和 Origin 进行作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 106 份高代品系材料的分子标记检测结果与 SDS-PAGE 结果比较

利用部分高分子量谷蛋白亚基特异性引物检测发现 (图 1): 在 *Glu-D1* 位点上, 标记 Dx5、Dx2 在含亚基 Dx5、Dx2 的品系中可以扩增出 450 和 299 bp 的条带 (图 1A~B), 标记的 Dy10/Dy12 在含亚基



A. Dx5; B. Dx2; C. Dy10/Dy12; D. Bx7; E. Ax1/Ax-null; F. By8. M. DL 2000; 1. NC I -2; 2. NC I -3; 3. NC I -4; 4. NC I -5; 5. NC I -8; 6. NC I -11; 7. NC I -12; 8. NC I -14; 9. NC I -15; 10. NC I -16; 11. NC I -17; 12. NC I -18; 13. NC I -20; 14. NC I -22; 15. NC I -23; 16. NC I -34; 17. NC I -36; 18. NC I -38; 19. NC I -41; 20. NC I -42; 21. NC I -45; 22. NC I -46; 23. NC I -47; 24. NC I -48.

图 1 部分材料高分子量谷蛋白亚基的分子标记检测

Figure 1 Amplification of HMW-GS of some materials

Dy10/Dy12 的品系中可以扩增出 397、415 bp 的条带 (图 1C); 在 *Glu-B1* 位点上, 标记 Bx7 和 By8 在含亚基 Bx7 和 By8 的品系中可以扩增出 630、766、669 和 527 bp 的条带 (图 1D~F); 在 *Glu-A1* 位点上, 标记 Ax1/Ax-null 在含亚基 Ax1/Ax-null 的品系中可以扩增出 344、362 bp 的条带 (图 1E)。扩增条带清晰, 重复性好。

利用 PCR 特异引物检测, Dx5 和 Dx2 亚基能扩增出 450 和 299 bp 片段的品系有 58 和 49 份, 出现频率为 50.94% 和 49.07%。Dy10/Dy12 亚基能扩增出 397、415 bp 片段的品系有 44 和 61 份, 出现频率分别为 42.45% 和 57.55%。Bx7 和 By8 亚基能扩增出 630、766、669 和 527 bp 片段的品系有 106 和 91 份, 频率为 100% 和 85.85%。Ax1/Ax-null 亚基能扩增出 344、362 bp 片段的品系有 26 和 61 份, 频率分别为 24.53% 和 57.58%。特异性 PCR 标记扩增与 SDS-PAGE 电泳鉴定结果比较得出 (表 2): Ax1、Ax-null、Dx2、Dx5、Dy10、Dy12、Bx7 和 By8 亚基的吻合率分别为 100%、100%、91.83%、96.69%、97.78%、100%、100% 和 76.92%。通过 PCR 特异性引物扩增获得的 8 个高分子量谷蛋白亚基检测的部分结果与 SDS-PAGE 电泳分析存在一定差异, 但总体吻合率较高。

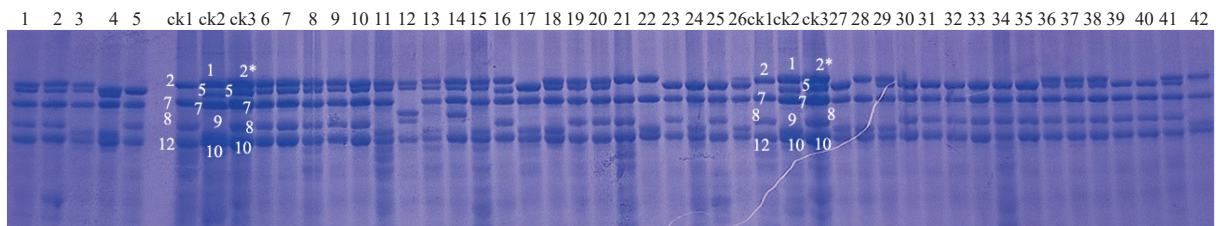
表 2 106 份品系 HMW-GS 的 PCR 检测与 SDS-PAGE 检测结果比较

Table 2 Comparison of PCR detection and SDS-PAGE detection results of 106 lines of HMW-GS

| 亚基      | PCR    |       | SDS-PAGE |       | 亚基   | PCR    |       | SDS-PAGE |       |
|---------|--------|-------|----------|-------|------|--------|-------|----------|-------|
|         | 品系数量/份 | 频率/%  | 品系数量/份   | 频率/%  |      | 品系数量/份 | 频率/%  | 品系数量/份   | 频率/%  |
| Ax1     | 26     | 24.53 | 26       | 24.53 | Dy10 | 44     | 42.45 | 45       | 42.45 |
| Ax-null | 61     | 57.58 | 61       | 57.58 | Dy12 | 61     | 57.55 | 61       | 57.55 |
| Dx2     | 49     | 49.07 | 45       | 42.45 | Bx7  | 106    | 100   | 106      | 100   |
| Dx5     | 58     | 50.94 | 60       | 56.60 | By8  | 91     | 85.85 | 70       | 66.04 |

## 2.2 供试材料 HMW-GS 组成及分布频率

部分小麦高代品系 HMW-GS 的 SDS-PAGE 电泳鉴定结果见图 2。106 份品系在 3 个位点上共鉴定出 8 种亚基类型, 分别为 1Ax1、1Ax-null、1Ax2\*、1Bx7+1By8、1Bx7+1By9、1Dx5+1Dy10 和 1Dx2+1Dy12、1Dx5+1Dy12 (表 3)。在 *Glu-A1* 位点上, x-null 亚基表现出的频率最高, 占 57.55%, x1 和 x2\* 亚基出现的频率为 24.53% 和 17.92%; 在 *Glu-B1* 位点上, 检测出 2 种亚基组合 x7+y8 和 x7+y9, 出现的频率为 64.15% 和 34.91%; 在 *Glu-D1* 位点上, 检测出 3 种亚基组合: Dx2+Dy12、Dx5+Dy10 和 Dx5+Dy12, 出现的频率分别为 43.40%、42.45% 和 15.09%。



ck1. '中国春'; ck2. 'Neepawa'; ck3. '郑麦366'; 1. NS II 1-6; 2. NS II 1-9; 3. NS II 1-11; 4. NS II 1-54; 5. NS II 1-55; 6. NS III 5-13; 7. NS III 5-17; 8. NS III 5-18; 9. NS III 5-20; 10. NS III 5-23; 11. NS III 5-26; 12. NS III 5-31; 13. NS III 5-32; 14. NS III 5-37; 15. NS III 5-40; 16. NS III 5-41; 17. NS III 5-50; 18. NS III 5-54; 19. NS III 1-28; 20. NS III 1-29; 21. NS III 1-31; 22. NS III 1-37; 23. NS II 3-1; 24. NS II 3-12; 25. NS II 3-13; 26. NS II 3-20; 27. NS II 3-22; 28. NS II 3-26; 29. NS II 3-49; 30. NS II 3-65; 31. NS II 3-67; 32. NS II 3-68; 33. NS II 3-70; 34. NS II 3-71; 35. NS II 3-72; 36. NS II 3-74; 37. NS II 3-75; 38. NS II 3-83; 39. NS II 3-84; 40. NS II 3-85; 41. NS II 3-88; 42. NS II 3-94。白色数字表示对照组高分子量谷蛋白亚基的标准带型迁移速率。

图 2 部分小麦品系 HMW-GS 的 SDS-PAGE 图

Figure 2 SDS-PAGE diagram of the HMW-GS of some wheat lines

由表 4 可知: 106 份高代品系 HMW-GS 共检测出 7 种亚基组合类型, 其中 1/7+8/5+10 和 Null/7+8/2+12 组合类型出现的频率较高, 分别占参试材料的 24.53% 和 39.62%, 其次为 2\*/7+9/5+10、Null/7+9/5+12 和 Null/7+9/2+12 组合类型, 分别占 16.04%、12.26% 和 3.77%。其余 2 个类型 Null/7+9/5+10 和 Null/7+8/5+12 出现频率较低, 各有 2 份材料, 占比为 1.89%。

依据 PAYNE 等<sup>[28]</sup> 的评分, 并参照 GB 1351—2008《小麦国家质量标准》, 对不同亚基组合进行评

分。由表4看出：供试材料亚基组合品质评分为5~10分，平均7.91分，其中亚基组合1/7+8/5+10和2\*/7+9/5+10评分最高，为10分，占比40.57%，亚基组合Null/7+9/5+10、Null/7+8/5+12和Null/7+9/5+12品质评分均为8分，占比为16.04%，品质评分在8分以下的有2种组合，占比为43.4%。可以看出参试品系HMW-GS组合的品质评分一半以上 $\geq 8$ 分，为优质亚基组合。

### 2.3 HMW-GS 位点分布及其对小麦品质特性的影响

由图3可知：在*Glu-A1*位点上，携带2\*亚基材料的蛋白质量分数、湿面筋质量分数、面粉吸水率和干面筋质量显著高于携带1和Null亚基的材料( $P < 0.05$ )，面团形成时间和稳定时间1亚基显著高于Null和2\*亚基( $P < 0.05$ )，具有正向效应，Null亚基在面筋指数上显著高于1和2\*亚基( $P < 0.05$ )，而面粉沉降值对3个亚基差异不显著；综合来看，单个亚基对面粉品质效应的影响从大到小为2\*、1、Null；在*Glu-B1*位点上，2种亚基对品质特性的影响也不一样，携带7+9亚基的材料其蛋白质量分数、面粉沉降值、湿面筋质量分数、面粉吸水率和干面筋质量均显著高于7+8亚基( $P < 0.05$ )，而7+8亚基对面筋指数、面团形成时间和面团稳定时间具有正向效应，高于7+9亚基；在*Glu-D1*位点上，携带5+10亚基材料的蛋白质量分数、面粉沉降值、面团形成时间和面团稳定时均显著高于其他2个亚基的材料( $P < 0.05$ )，5+12亚基材料的湿面筋质量分数和干面筋质量显著高于2+12和5+10亚基( $P < 0.05$ )，携带2+12亚基的材料面筋指数显著高于其他2个亚基的材料( $P < 0.05$ )，但3个亚基的面粉吸水率差异不显著。综合分析，*Glu-D1*位点内单个亚基对面粉品质特性的影响从大到小为5+10、5+12、2+12。

### 2.4 不同HMW-GS组合对品质性状的影响及综合评价分析

分析比较7种HMW-GS组合对品质性状的影响可知(表5)：不同HMW-GS组合对蛋白质量分数、湿面筋质量分数、面团形成时间、面团稳定时间、面粉吸水率及干面筋质量有显著影响，对面粉沉降值和面筋指数影响不大。1/7+8/5+10和2\*/7+9/5+10亚基组合对蛋白质量分数、面粉沉降值、湿面筋质量分数、面团形成时间、面团稳定时间和面粉吸水率正向贡献较大，其次是Null/7+8/5+12、Null/7+9/5+10和Null/7+9/5+12亚基组合表现相对较好；Null/7+8/2+12和Null/7+9/2+12亚基组合对面筋指数的贡献高于其他亚基组合，Null/7+9/2+12和Null/7+9/5+10亚基组合对干面筋质量贡献优于其他组合，在面粉吸水率和干面筋质量上，Null/7+9/5+10亚基组合最高；在面团的流变学特性各项指标中，1/7+8/5+10和2\*/7+9/5+10亚基组合表现最优，Null/7+8/2+12和Null/7+9/2+12亚基组合表现较差。

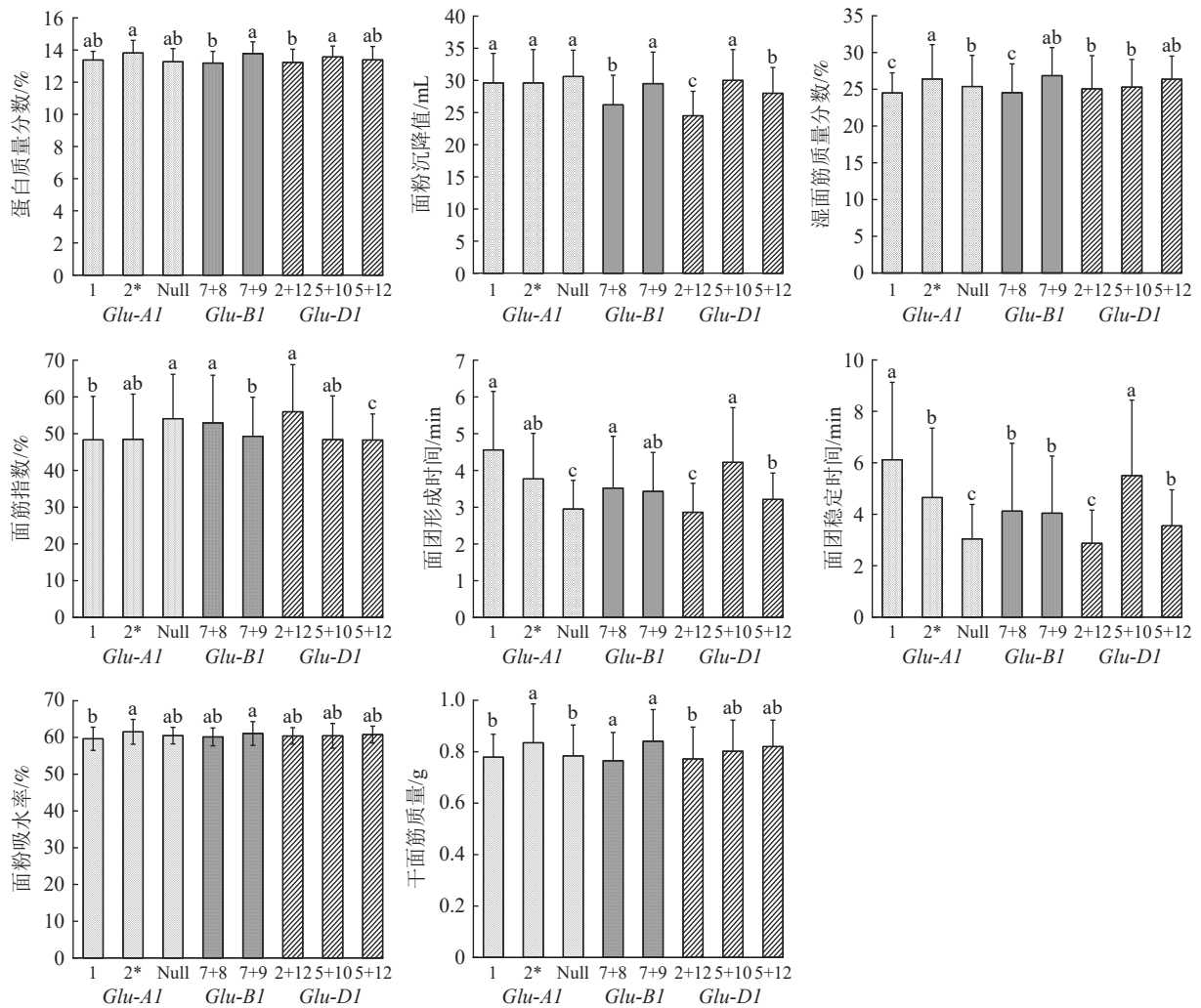
进一步对106份小麦品系的HMW-GS组合与品质性状做主成分分析，可将供试品系亚基组合类型和品质性状降维成独立的综合指标(图4)。第1主成了解释了35.1%的变异，包括湿面筋质量分数、干面筋质量、蛋白质量分数、面粉沉降值、面团形成时间和面团稳定时间。第2主成了解释了剩余26.3%的变异，包括面筋指数和面粉吸水率。这2个主成了解释了数据中的大部分变异。从得分情况和相关性关系来看，1/7+8/5+10和2\*/7+9/5+10亚基组合得分高，在面团形成时间、面团稳定时间、面粉吸水率、干面筋质量和湿面筋质量分数上表现较好，对第1主成分贡献较大，且具有相似的品质性状，Null/7+9/2+12、Null/7+9/5+10和Null/7+9/5+12亚基组合对第1主成分和第2主成分贡献较小，且在品

表3 106份小麦品系*Glu-1*位点的等位基因及频率

| 位点            | 等位基因 | 亚基类型       | 品系数量/份 | 频率/%  |
|---------------|------|------------|--------|-------|
| <i>Glu-A1</i> | a    | 1Ax1       | 26     | 24.53 |
|               | b    | 1Ax2*      | 19     | 17.92 |
|               | c    | 1Ax-null   | 61     | 57.55 |
| <i>Glu-B1</i> | b    | 1Bx7+1By8  | 68     | 64.15 |
|               | c    | 1Bx7+1By9  | 37     | 34.91 |
| <i>Glu-D1</i> | a    | 1Dx2+1Dy12 | 46     | 43.40 |
|               | d    | 1Dx5+1Dy10 | 45     | 42.45 |
|               | h    | 1Dx5+1Dy12 | 16     | 15.09 |

表4 106份小麦品系HMW-GS组合及*Glu-1*品质得分

| 位点   | 等位基因          |               |               | 品系数量/份 | 频率/%  | 品质得分 |
|------|---------------|---------------|---------------|--------|-------|------|
|      | <i>Glu-A1</i> | <i>Glu-B1</i> | <i>Glu-D1</i> |        |       |      |
| 1    | 7+8           | 5+10          | abd           | 26     | 24.53 | 10   |
| Null | 7+8           | 2+12          | cba           | 42     | 39.62 | 6    |
| 2*   | 7+9           | 5+10          | bcd           | 17     | 16.04 | 10   |
| Null | 7+9           | 2+12          | cca           | 4      | 3.77  | 5    |
| Null | 7+9           | 5+12          | cch           | 13     | 12.26 | 8    |
| Null | 7+8           | 5+12          | cbh           | 2      | 1.89  | 8    |
| Null | 7+9           | 5+10          | ccd           | 2      | 1.89  | 8    |



不同小写字母表示同一位点不同亚基间差异显著( $P < 0.05$ )。

图 3 不同亚基位点与品质指标的关系

Figure 3 Relationships between different subunit sites and quality indicators

表 5 不同 HMW-GS 组合对品质性状的影响

Table 5 Effects of different HMW-GS combinations on quality traits

| 亚基组合          | 品系数量/份 | 蛋白质量分数/%      | 面粉沉降值/mL    | 湿面筋质量分数/%     | 面筋指数/%        | 面团形成时间/min   | 面团稳定时间/min   | 面粉吸水率/%       | 干面筋质量/g        |
|---------------|--------|---------------|-------------|---------------|---------------|--------------|--------------|---------------|----------------|
| 1/7+8/5+10    | 16     | 13.38±0.54 ab | 29.6±4.6 ab | 24.51±2.73 ab | 48.31±11.85 b | 4.56±1.59 a  | 6.12±3.01 a  | 59.64±3.16 ab | 0.779±0.089 ab |
| 2*/7+9/5+10   | 17     | 13.82±0.83 a  | 30.7±5.4 a  | 26.06±4.86 a  | 48.65±12.95 b | 3.76±1.29 ab | 4.76±2.79 ab | 61.31±3.50 ab | 0.826±0.158 ab |
| Null/7+8/2+12 | 42     | 13.14±0.81 ab | 24.5±3.8 c  | 24.82±4.59 ab | 55.55±13.10 a | 2.91±0.82 ab | 2.90±1.31 b  | 60.55±1.99 ab | 0.765±0.124 ab |
| Null/7+8/5+12 | 2      | 12.47±0.83 b  | 26.0±7.1 b  | 21.55±0.07 b  | 50.00±16.97 a | 3.10±1.13 ab | 3.30±2.12 ab | 61.05±0.78 ab | 0.669±0.021 b  |
| Null/7+9/2+12 | 4      | 14.14±0.33 a  | 26.3±2.2 b  | 27.40±3.52 a  | 57.50±10.34 a | 2.53±0.21 b  | 2.70±1.16 b  | 58.90±4.42 b  | 0.847±0.110 a  |
| Null/7+9/5+10 | 2      | 13.89±0.29 a  | 30.0±4.2 a  | 29.20±0.00 a  | 47.00±5.66 c  | 3.80±0.99 ab | 3.70±2.12 ab | 63.50±1.70 a  | 0.912±0.001 a  |
| Null/7+9/5+12 | 13     | 13.57±0.72 ab | 28.3±4.2 ab | 27.38±2.69 ab | 48.92±7.01 b  | 3.18±0.75 ab | 3.55±1.42 ab | 60.78±2.46 ab | 0.843±0.088 a  |

说明：同列数据后不同字母表示不同亚基组合间差异显著( $P < 0.05$ )。

质性状上有一定的相似性；在第 2 主成分上 Null/7+8/2+12 亚基组合对面筋质量贡献较大，表现较好。通过分析双标图中的数据点、载荷量和聚类情况，可以得出不同亚基组合与品质性状之间的关系，为进一步的育种和品质改良提供指导。

### 2.5 小麦品质性状间的相关性分析

由 106 份小麦品系不同品质性状的相关性热图 (图 5) 可知：不同品质性状间存在不同程度的相关性，大部分性状间存在显著或极显著相关性。蛋白质量分数与湿面筋质量分数 (系数为 0.502) 和干面筋

质量(系数为 0.456)呈极显著正相关( $P < 0.001$ ),与面粉沉降值呈极显著正相关( $P < 0.01$ );面粉沉降值与面团形成时间和面团稳定时间(系数为 0.482)呈极显著正相关( $P < 0.001$ ),与面筋指数(-0.608)呈极显著负相关( $P < 0.001$ );湿面筋质量分数与干面筋质量(系数为 0.874)呈极显著正相关( $P < 0.001$ ),与面粉吸水率(0.212)呈显著正相关( $P < 0.05$ );面筋指数与面团形成时间(-0.265)和面团稳定时间(-0.279)呈极显著负相关( $P < 0.01$ );面团形成时间与面团稳定时间(0.732)呈极显著正相关( $P < 0.001$ );面团稳定时间与面粉吸水率(-0.243)呈显著负相关( $P < 0.05$ )。由此可见,参试品系中不同品质性状间存在着复杂的相关关系。

## 2.6 品质指标的聚类分析

聚类分析是研究作物品种资源差异和分类的评价方法。对 106 份小麦品系采用层次聚类法进行聚类分析(图 6),结果表明:以 8 个品质指标为依据可将这 106 份品系聚为 5 个类群。类群 I(蓝)包含品系最少,仅有 2 份,占比为 1.89%,综合品质较差;类群 II(红)包含品系最多,共有 39 个品系,占参试品系总数的 36.79%,其中湿面筋质量分数、面团形成时间、面团稳定时间和面粉吸水率较高;类群 III(橙色)包含 22 个品系,占比为 20.75%,面粉沉降值和湿面筋质量分数较高;类群 IV(紫)包含品系较少,共 6 份,占比为 5.66%,与其他类群相比面粉吸水率较高;类群 V(绿)包含 36 个品系,占参试品系总数的 33.96%,综合品质较优。聚类分析结果可以揭示多品质性状间的协同效应,优化品质分类与品种筛选,为优质品种的选育和改良提供科学依据。

## 3 讨论

### 3.1 分子标记辅助选择的可行性

近年来,随着分子标记技术的快速发展和广泛应用,设计出的引物数量不断增加,为品质改良和分子育种提供了强有力的辅助手段<sup>[29]</sup>。分子标记技术因其能够区分不同亚基间的微小核酸序列差异,展现出较高的可靠性和实用性,并且不受植物生长阶段的限制。PCR 分子标记技术具有操作简便、成本低廉、检测周期短且通量高等优势,更适用于小麦育种单位的规模化应用。该技术可显著提升优质强筋小麦的育种效率,加速育种进程,相比之下,SDS-PAGE 电泳技术需依赖收获后的籽粒样品,导致其检测时效滞后于田间表型筛选,同时增加了样品处理的工作量。本研究对高分子量谷蛋白亚基 PCR 检测结果及其可靠性和准确性进行了验证分析,对 Ax1、Ax-null、Dx2、Dx5、Dy10、Dy12、Bx7 和 By8 亚基的 PCR 结果与 SDS-PAGE 电泳结果进行比较,吻合率分别为 100%、100%、91.83%、96.69%、97.78%、100%、100% 和 76.92%。引物 By8 可靠性低的主要原因,是其靶序列在优质与劣势等位基因间高度相似,且引物结合位点易发生变异,导致其 PCR 扩增结果(有无条带)不能稳定、准确地预测目标亚基的真实存在,有待进一步设计该引物存在的缺陷。从 PCR 特异引物扩增的 7 个高分子量谷蛋白亚基来看,检测结果一部分与 SDS-PAGE 电泳鉴定结果存在一定的差异,但总体吻合率较高。目前,用已开发出的谷蛋白亚基特异性引物对小麦品种进行检测,其可靠性和准确性是有保障的。因此,结合 SDS-

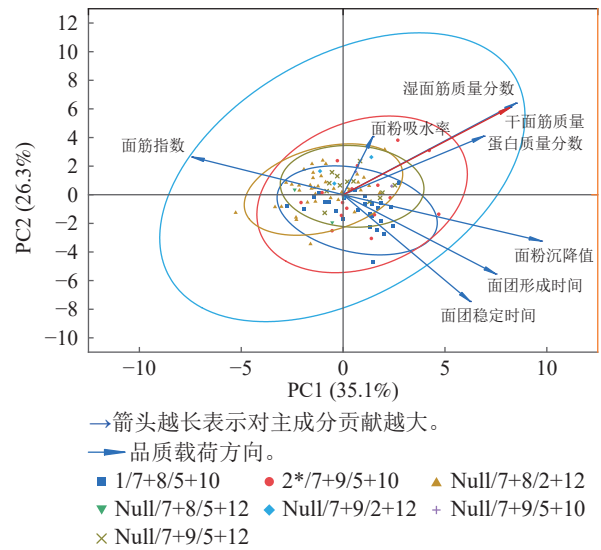


图 4 106 份亚基组合与品质性状的主成分分析双标图

Figure 4 Principal component analysis (PCA) double plot of 106 subunit combinations and quality traits

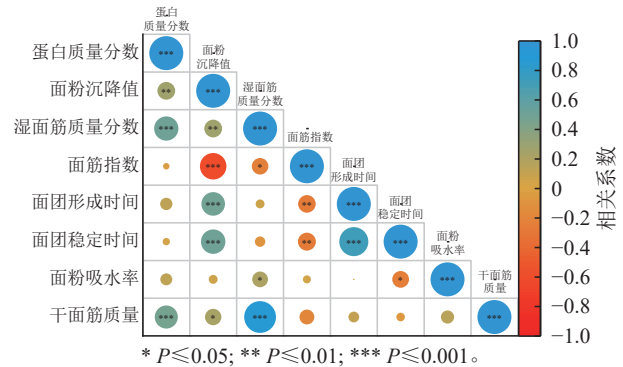


图 5 106 份小麦品质性状的相关性热图

Figure 5 Correlation heat maps of 106 wheat lines' quality traits



见, *Glu-D1* 位点亚基对面包品质效应贡献最大。本研究发现: 在 *Glu-A1* 位点上, 1 和 2\*亚基综合品质特性较 Null 亚基优, 对品质影响较大, 与国内外研究一致<sup>[33-34]</sup>, 在 *Glu-B1* 位点上, 7+8 亚基在面筋指数和面团流变学特性方面效应优于 7+9 亚基, 与张自阳等<sup>[35]</sup> 结果一致, 而部分 7+8 亚基的蛋白质量分数、面粉沉降值、湿面筋质量分数和干面筋质量低于 7+9 亚基, 原因可能与环境、制粉工艺和亚基之间的互作效应等因素有关。在 *Glu-D1* 位点上, 含 5+10 亚基的材料, 其蛋白质量分数、干面筋质量、湿面筋质量分数、面粉沉降值、面团形成时间、面团稳定时间和面粉吸水率较高, 这与范家霖等<sup>[15]</sup> 和朱保磊等<sup>[16]</sup> 结果一致。说明 106 份小麦自育品系, 在品质育种方面对亲本优质亚基的利用得到显著提升。

本研究通过比较 HMW-GS 不同组合与品质之间的关系发现: 2\*/7+9/5+10 和 1/7+8/5+10 亚基组合在蛋白质质量分数、面粉沉降值、湿面筋质量分数、面粉吸水率、面团形成时间和稳定时间显著高于其他亚基组合, 品质综合得分都为 10 分, 但部分材料蛋白质量分数、面粉沉降值和湿面筋质量分数较低, 可能与籽粒品质检测方法与标准等有关, 其中 1/7+8/5+10 的面团形成时间和稳定时间高于其他亚基组合。这与张影全等<sup>[33]</sup> 和李望鸿等<sup>[36]</sup> 研究结果一致, 可为今后品系育种选择优异亚基组合提供参考。携带 Null/7+8/2+12 和 Null/7+8/5+12 亚基组合的材料各方面品质效应都较低, 与范家霖等<sup>[15]</sup> 研究结果一致; 携带部分 Null/7+9/2+12 亚基组合的材料蛋白质量分数较高, 品质性状较差, 与谢科军等<sup>[30]</sup> 的研究结果相反。7+9 亚基与 *Glu-A1* 位点的 x-null 亚基和 *Glu-D1* 位点上的 5+10、5+12 亚基结合时也表现出了较好的品质效应, 仅次于 1/7+8/5+10 亚基组合, 综合品质得分都为 8 分。这与张海龙等<sup>[21]</sup> 研究结果一致, 说明所培育的高代品系亚基类型较为丰富, 但对稀有亚基的引入较少。

## 4 结论

本研究综合分析得出: 目前已证实的部分高分子量谷蛋白亚特异性引物重复性好, 与 SDS-PAGE 电泳结果比较吻合率高。影响小麦品质性状的亚基主要为 *Glu-A1* 位点上的 1 和 2\*亚基、*Glu-B1* 位点上的 7+8 和 7+9 亚基和 *Glu-D1* 位点上 5+10 和 5+12 亚基, 其中 1、7+8 和 5+10 亚基对面团形成时间和稳定时间具有正向效应, 2\*亚基对蛋白质量分数、湿面筋质量分数、面粉吸水率和干面筋质量具有正向效应, 7+9 亚基对蛋白质量分数、湿面筋质量分数、面粉沉降值、面粉吸水率和干面筋质量分数有正向效应, 1/7+8/5+10 和 2\*/7+9/5+10 亚基组合综合品质特性较优, 对品质性状贡献较大, Null/7+8/2+12 和 Null/7+9/2+12 亚基组合表现较差。在今后育种工作中, 应拓宽亲本材料基因多样性, 并结合分子标记作为辅助, 以进一步改善小麦品质。

## 5 参考文献

- [1] 贾敬敦, 黄圣彪, 葛毅强. 作物育种领域行业创新动态研究报告[M]. 北京: 科学出版社, 2021. JIA Jingdun, HUANG Shengbiao, GE Yiqiang. *Research Report on Industry Innovation Trends in Crop Breeding*[M]. Beijing: Science Press, 2021.
- [2] MA Mingming, LI Yingchun, XUE Cheng, et al. Current situation and key parameters for improving wheat quality in China[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, **12**: 638525. DOI: 10.3389/fpls.2021.638525.
- [3] 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 Yesong, WANG Xin, GU Zhengzhong, et al. Quality analysis of 296 wheat varieties in Huanghuai wheat region in Huaibei area, Jiangsu Province[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2018, **30**(10): 1617-1623. DOI: 10.3969/j.issn.1004-1524.2018.10.01.
- [4] 韩雪, 孔欣欣, 杨丹丹, 等. 基于主成分分析的 72 份中强筋小麦面粉加工品质综合评价[J]. *中国种业*, 2024(5): 72-78. HAN Xue, KONG Xinxin, YANG Dandan, et al. Comprehensive evaluation of processing quality of 72 medium-strong gluten wheat flour based on principal component analysis[J]. *China Seed Industry*, 2024(5): 72-78. DOI: 10.19462/j.cnki.zgzy.20240221009.
- [5] BADER UL AIN H, SAEED F, KASHIF M, et al. Effect of cereal endospermic cell wall on farinographic and mixographic characteristics of wheat flour[J]. *Journal of Food Processing and Preservation*, 2020, **44**(11): e14899. DOI: 10.1111/jfpp.14899.
- [6] 王肇慈, 袁健. 沉降试验与小麦食用工艺品质的关系[J]. *中国粮油学报*, 1988(2): 19-23. WANG Zhaoci, YUAN Jian. Relationship between sedimentation test and processed quality of wheat for Human consumption[J]. *Journal of the Chinese*

- Cereals and Oils Association*, 1988(2): 19–23.
- [7] 牛洪壮, 刘洋, 李晓萍, 等. 不同 HMW-GSs 组成小麦籽粒淀粉理化特性对面团稳定时间的影响[J]. *中国农业科学*, 2021, **54**(23): 4943–4953. NIU Hongzhuang, LIU Yang, LI Xiaoping, *et al.* Effect of physicochemical properties of wheat grain starch with different HMW-GSs composition on dough stability time[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, **54**(23): 4943–4953. DOI: [10.3864/j.issn.0578-1752.2021.23.002](https://doi.org/10.3864/j.issn.0578-1752.2021.23.002).
- [8] MA W, ZHANG W, GALE K R. Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat[J]. *Euphytica*, 2003, **134**(1): 51–60. DOI:10.1023/A: 1026191918704. DOI: [10.1023/A:1026191918704](https://doi.org/10.1023/A:1026191918704).
- [9] de BUSTOS A, RUBIO P, JOUVE N. Molecular characterisation of the inactive allele of the gene *Glu-A1* and the development of a set of AS-PCR markers for HMW glutenins of wheat[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, **100**(7): 1085–1094. DOI: [10.1007/s001220051390](https://doi.org/10.1007/s001220051390).
- [10] SALMANOWICZ B P, DYLEWICZ M. Identification and characterization of high-molecular-weight glutenin genes in polish *Triticale* cultivars by PCR-based DNA markers[J]. *Journal of Applied Genetics*, 2007, **48**(4): 347–357. DOI: [10.1007/BF03195231](https://doi.org/10.1007/BF03195231).
- [11] ZANG Peng, GAO Yang, CHEN Pu, *et al.* Recent advances in the study of wheat protein and other food components affecting the gluten network and the properties of noodles[J]. *Foods*, 2022, **11**(23): 3824. DOI: [10.3390/foods11233824](https://doi.org/10.3390/foods11233824).
- [12] YU Yingtao, GONG Wei, LIU Hao, *et al.* Insights into the enhancement mechanism of rheological properties of dough induced by wheat flour maturation: the view from gluten proteins aggregation[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2024, **282**: 136942. DOI: [10.1016/j.ijbiomac.2024.136942](https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.136942).
- [13] PENG Yanchun, ZHAO Yun, YU Zitong, *et al.* Wheat quality formation and its regulatory mechanism[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, **13**: 834654. DOI: [10.3389/fpls.2022.834654](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.834654).
- [14] RASHEED A, XIA Xianchun, YAN Yueming, *et al.* Wheat seed storage proteins: advances in molecular genetics, diversity and breeding applications[J]. *Journal of Cereal Science*, 2014, **60**(1): 11–24. DOI: [10.1016/j.jcs.2014.01.020](https://doi.org/10.1016/j.jcs.2014.01.020).
- [15] 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 Jialin, CHEN Xiaojie, ZHANG Jianwei, *et al.* Composition of high molecular weight glutenin subunits and theirs relationship with wheat quality traits[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, **41**(5): 544–552. DOI: [10.7606/j.issn.1009-1041.2021.05.04](https://doi.org/10.7606/j.issn.1009-1041.2021.05.04).
- [16] 朱保磊, 陈宏, 尹志刚, 等. 高分子量麦谷蛋白亚基组成及其对品质性状的影响[J/OL]. 分子植物育种, 2023-02-02. <https://kns.cnki.net/kcms/detail//46.1068.S.20230202.1107.005.html>. ZHU Baolei, CHEN Hong, YIN Zhigang, *et al.* Composition of high-molecular-weight glutenin subunits and their influence on quality traits [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, 2023-02-02. <https://kns.cnki.net/kcms/detail//46.1068.S.20230202.1107.005.html>.
- [17] WANG Yan, GUO Zhenru, CHEN Qing, *et al.* Effect of high-molecular-weight glutenin subunit Dy10 on wheat dough properties and end-use quality[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, **22**(6): 1609–1617. DOI: [10.1016/j.jia.2022.08.041](https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.08.041).
- [18] LI Xin, LIU Dongcheng, SUN Jiazhu, *et al.* Characterization of novel high-molecular-weight glutenin subunits and their coding sequences in *Aegilops markgrafii* [J]. *Journal of Cereal Science*, 2015, **65**: 9–18. DOI: [10.1016/j.jcs.2015.05.014](https://doi.org/10.1016/j.jcs.2015.05.014).
- [19] ZHANG Lingli, LI Xiuquan, YANG Xinming, *et al.* High-molecular-weight glutenin subunit composition of Chinese wheat germplasm[J]. *Agricultural Sciences in China*, 2007, **6**(8): 899–907. DOI: [10.1016/S1671-2927\(07\)60128-X](https://doi.org/10.1016/S1671-2927(07)60128-X).
- [20] GALIMOVA A A, KULUEV A R, ISMAGILOV K R, *et al.* Genetic polymorphism of high-molecular-weight glutenin subunit loci in bread wheat varieties in the Pre-Ural steppe zone[J]. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2023, **27**(4): 297–305. DOI: [10.18699/vjgb-23-36](https://doi.org/10.18699/vjgb-23-36).
- [21] 张海龙, 宋鹏博, 张傲琰, 等. 57 份陕西新育成小麦品种(系)HMW-GS 组成及品质分析[J]. *麦类作物学报*, 2023, **43**(12): 1578–1586. ZHANG Hailong, SONG Pengbo, ZHANG Aoyan, *et al.* HMW-GS composition and quality analysis of 57 new Shaanxi wheat varieties (lines)[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023, **43**(12): 1578–1586. DOI: [10.7606/j.issn.1009-1041.2023.12.10](https://doi.org/10.7606/j.issn.1009-1041.2023.12.10).
- [22] 王倩, 任文斌, 邱玉亮, 等. 49 份山西水地小麦品系的 HMW-GS 组成及品质分析[J]. *中国农学通报*, 2020, **36**(14): 11–15. WANG Qian, REN Wenbin, QIU Yuliang, *et al.* 49 wheat strains in Shanxi: high-molecular-weight glutenin subunits (HMW-GS) composition and quality analysis[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2020, **36**(14): 11–15.

- [23] CHO S W, ROY S K, CHUN J B, *et al.* Characterization of a novel y-type high molecular weight glutenin subunit at Glu-D1 locus[J]. *Genes & Genomics*, 2017, **39**(9): 957–965. DOI: [10.1007/s13258-017-0558-z](https://doi.org/10.1007/s13258-017-0558-z).
- [24] 金慧, 何中虎, 李根英, 等. 利用 Aroona 近等基因系研究高分子量麦谷蛋白亚基对面包加工品质的影响[J]. 中国农业科学, 2013, **46**(6): 1095–1103. JIN Hui, HE Zhonghu, LI Genying, *et al.* Effects of high molecular weight glutenin subunits on wheat quality by Aroona and its near-isogenic lines [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, **46**(6): 1095–1103. DOI:[10.3864/j.issn.0578-1752.2013.06.002](https://doi.org/10.3864/j.issn.0578-1752.2013.06.002)
- [25] 郭媛, 马指挥, 王世雨, 等. 小麦科大 116×科大 101 F2 群体穗长主效 QTL 定位及候选基因预测[J]. 华北农学报, 2023, **38**(5): 84–93. GUO Yuan, MA Zhihui, WANG Shiyu, *et al.* Major QTL mapping and candidate gene prediction of spike length in F2 population of wheat Keda 116×Keda 101 [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2023, **38**(5): 84–93. DOI: [10.7668/hbxb.20194275](https://doi.org/10.7668/hbxb.20194275).
- [26] LIU Sixin, CHAO S, ANDERSON J A. New DNA markers for high molecular weight glutenin subunits in wheat[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, **118**(1): 177–183. DOI: [10.1007/s00122-008-0886-0](https://doi.org/10.1007/s00122-008-0886-0).
- [27] LEI Z S, GALE K R, HE Z H, *et al.* Y-type gene specific markers for enhanced discrimination of high-molecular weight glutenin alleles at the *Glu-B1* locus in hexaploid wheat[J]. *Journal of Cereal Science*, 2006, **43**(1): 94–101. DOI: [10.1016/j.jcs.2005.08.003](https://doi.org/10.1016/j.jcs.2005.08.003).
- [28] 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. DOI: [10.1002/jsfa.2740400108](https://doi.org/10.1002/jsfa.2740400108).
- [29] 温亮, 龙小玲, 周正富, 等. 小麦高分子量麦谷蛋白亚基基因功能标记研究进展[J]. 分子植物育种, 2020, **18**(17): 5813–5819. WEN Liang, LONG Xiaoling, ZHOU Zhengfu, *et al.* Review on functional markers for HMW-GS genes in wheat[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2020, **18**(17): 5813–5819. DOI: [10.13271/j.mpb.018.005813](https://doi.org/10.13271/j.mpb.018.005813).
- [30] 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 Kejun, ZHU Baolei, SUN Jiazhu, *et al.* Composition of high molecular weight glutenin subunits of wheat varieties (lines) in Huanghuai Southern Region and their relationship with quality[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2016, **36**(5): 595–602. DOI: [10.7606/j.issn.1009-1041.2016.05.09](https://doi.org/10.7606/j.issn.1009-1041.2016.05.09).
- [31] 宋亚珍, 王军卫, 侯文胜, 等. 黄淮流域小麦品种高分子量谷蛋白亚基遗传变异分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2005, **33**(6): 13–17. SONG Yazhen, WANG Jun, HOU, Wensheng, *et al.* Analysis of Genetic Variation in High-Molecular-Weight Glutenin Subunits of Wheat Varieties in the Huang-Huai River Basin[J]. *Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)*, 2005, **33**(6): 13–17. DOI: [10.13207/j.cnki.jnwafu.2005.06.003](https://doi.org/10.13207/j.cnki.jnwafu.2005.06.003).
- [32] 权威, 马锦绣, 庞斌双, 等. 外引小麦种质资源 HMW-GS 组成及品质评价[J]. 植物遗传资源学报, 2020, **21**(5): 1124–1134. QUAN Wei, MA Jinxiu, PANG Binshuang, *et al.* Analysis on HMW-GS composition and quality properties of introduced wheat germplasms[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, **21**(5): 1124–1134. DOI: [10.13430/j.cnki.jpgr.20200103003](https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20200103003).
- [33] 张影全, 张晓科, 魏益民, 等. 高分子量麦谷蛋白亚基对小麦蛋白质品质特性的影响[J]. 西北农业学报, 2013, **22**(1): 48–53. ZHANG Yingquan, ZHANG Xiaoke, WEI Yimin, *et al.* Effect of high molecular weight glutenin subunits on kernel protein quality property of wheat[J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2013, **22**(1): 48–53.
- [34] FARAHANI H, MOGHADDAM M E, MOHAMMADI A, *et al.* Effect of high molecular weight glutenin subunits on wheat quality properties, across a wide range of climates and environments in Iran[J]. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 2023, **29**(6): 889–902. DOI: [10.1007/s12298-023-01324-6](https://doi.org/10.1007/s12298-023-01324-6).
- [35] 张自阳, 姜小苓, 王智煜, 等. 不同来源小麦种质高分子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): 75–81. ZHANG Ziyang, JIANG Xiaoling, WANG Zhiyu, *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): 75–81. DOI: [10.7668/hbxb.201751750](https://doi.org/10.7668/hbxb.201751750).
- [36] 李望鸿, 王红梅, 李玉芳. 甘肃地方小麦品种资源 HMW-GS 组成及其品质效应[J]. 麦类作物学报, 2010, **30**(4): 760–764. LI Wanghong, WANG Hongmei, LI Yufang. Compositions of HMW-GS and their effect on quality in wheat landraces from Gansu[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2010, **30**(4): 760–764.