

# 722 份河南省小麦新品系高分子量谷蛋白亚基多样性分析

刘春雷,杨 雪,张丽琴\*,王世杰  
(河南教育学院 生命科学系,河南 郑州 450046)

**摘要:** 为了解河南省小麦新品系的品质状况,利用 SDS-PAGE 技术分析了 722 份小麦新品系 HMW-GS 的组成及变异情况,结果表明,共检测到 12 种等位基因变异和 20 种亚基组合,其中 *Glu-A1* 位点、*Glu-B1* 位点和 *Glu-D1* 位点的主要亚基分别为 1 (60.94%)、7+9 (65.93%) 和 2+12 (57.34%);主要的亚基组合为“1,7+9,2+12”(21.88%)和“Null,7+9,2+12”(20.22%)。河南省小麦新品系的 HMW-GS 等位基因变异和亚基组合具有丰富的多样性,但是不同亚基的频率差异悬殊,在小麦品质育种中需要提高优质亚基组合及优质亚基 7+8、14+15 等的频率。  
**关键词:** 河南省;小麦;高分子量谷蛋白亚基;品质;多样性  
**中图分类号:** S512.1      **文献标志码:** A      **文章编号:** 1004-3268(2015)04-0046-03

## Polymorphism Analysis of HMW-GS in New Wheat Lines from Henan Province

LIU Chunlei, YANG Xue, ZHANG Liqin\*, WANG Shijie  
(Department of Life Science, Henan Institute of Education, Zhengzhou 450046, China)

**Abstract:** In order to investigate the quality of new wheat lines from Henan province and to provide reference for wheat quality breeding, HMW-GS compositions of 722 materials were analyzed by SDS-PAGE. 12 HMW-GS alleles and 20 subunit combinations were detected. The subunits 1 (60.94%), 7+9 (65.93%), 2+12 (57.34%) were the major subunits on locus *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* respectively. Subunit combinations “1, 7+9, 2+12” (21.88%) and “Null, 7+9, 2+12” (20.22%) were the major subunit combinations. The result showed that HMW-GS allelic variation and subunit combination had rich diversity, but the frequency of different alleles had great disparity. So the frequency of quality subunit combinations and the quality subunits 7+8 and 14+15 need to be improved in future.  
**Key words:** Henan province; wheat; HMW-GS; quality; polymorphism

小麦是我国主要的粮食作物之一,因其能够制作面包、面条、饺子、糕点和饼干等多种类型食品,可以满足不同人群的各种需求。小麦的这一特性主要与胚乳中的醇溶蛋白和谷蛋白(合称面筋蛋白)有关,醇溶蛋白决定面团的延展性,谷蛋白决定面团的弹性<sup>[1]</sup>。其中,高分子量谷蛋白亚基(HMW-GS)被认为与小麦加工品质的关系最为密切。研究表

明,不同 HMW-GS 对品质的效应不同,例如 *Glu-A1* 位点的亚基 1 和 2\*, *Glu-B1* 位点的亚基 7+8、14+15 和 17+18, *Glu-D1* 位点的亚基 5+10 等通常被称为优质亚基<sup>[2-6]</sup>。因此,通过分析 HMW-GS 的组成可大致了解小麦品种的加工品质。  
徐鑫等<sup>[7]</sup>对我国地方品种的 HMW-GS 组成分析表明,不同位点亚基 Null(90.9%)、7+8(80.8%)

收稿日期:2014-11-29  
基金项目:河南省重点科技攻关项目(122102110189);国家自然科学基金项目(31071413);河南省高等学校重点科研项目(15A210020)  
作者简介:刘春雷(1983-),男,河南新乡人,讲师,硕士,主要从事小麦品质相关研究。E-mail:liufan0491@163.com  
\* 通讯作者:张丽琴(1962-),女,河南郑州人,副教授,本科,主要从事小麦遗传育种研究。E-mail:1zhlq@163.com

和 2 + 12(87.9%) 的比例远高于其他亚基,同时主要的亚基组合为“Null,7 + 8,2 + 12”(69.7%)。王美芳等<sup>[8]</sup> 分析了黄淮冬麦区的 218 份材料,发现 *Glu - A1* 位点的 1(68.4%)、*Glu - B1* 位点的 7 + 9(54.8%)和 7 + 8(26.5%)及 *Glu - D1* 位点的 2 + 12(47.1%)和 5 + 10(31.6%)为优势亚基。王丽等<sup>[9]</sup>对河南小麦育种亲本的 HMW - GS 进行了分析,结果显示亚基 1(60.54%)、7 + 9(45.58)和 2 + 12(51.02%)的概率最高,亚基组合“Null,7 + 9,2 + 12”(14.97%)概率最高,与上述黄淮冬麦区的情况相似。

河南省是我国小麦生产大省,小麦单产、总产均为全国第 1 位<sup>[10]</sup>,同时小麦育种水平居国内领先地位。目前,关于河南省小麦品质状况的研究还不多,本研究拟通过分析小麦新品系 HMW - GS 的多样性,了解河南省小麦品质的大致状况及发展趋势,为小麦品质育种提供参考。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

722 份材料均为参加河南省小麦新品种试验试中的品系,其中 2011—2012 年度(2011 年秋播,简称 2011 年度,下同)材料 200 份,2012 年度材料 233 份,2013 年度材料 289 份。HMW - GS 的认读以藁城 8901(1,7 + 8,5 + 10)和中国春(Null,7 + 8,2 + 12)作为对照。

### 1.2 方法

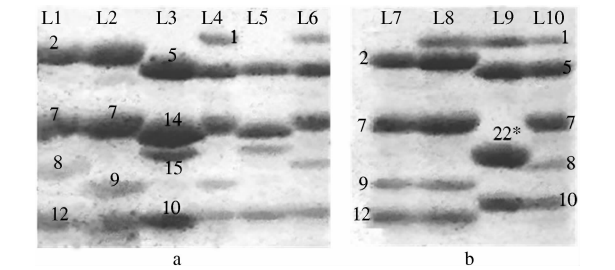
HMW - GS 提取按照刘广田等<sup>[11]</sup>的方法并进行少许修改。采用 1.5 mL 离心管,提取液用量 0.5 mL,十二烷基硫酸钠 - 聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS - PAGE)的点样量为 5  $\mu$ L,电泳时每板稳电流 12 mA,凝胶染色 15 ~ 30 min,然后用清水脱色至背景清晰。每份样品分别检测 5 次, HMW - GS 以出现次数多的为准。

## 2 结果与分析

### 2.1 小麦新品系 HMW - GS 等位基因变异的多样性

共检测到 12 种等位基因变异,其中 *Glu - A1* 位点和 *Glu - D1* 位点各有 2 种,*Glu - B1* 位点为 8 种,*Glu - B1* 位点的变异最为丰富(图 1,表 1)。*Glu - A1* 位点亚基 1 的频率明显高于 Null;*Glu - D1* 位点亚基 2 + 12 的频率明显高于 5 + 10;*Glu - B1* 位点亚基 7 + 9 和 7 + 8 的频率较高,但亚基 6 + 8、7、13 + 16、17 + 18 和 22 的概率极低,在 722 份材料中出现

次数仅为 1 ~ 3。不同年度间优势亚基的地位没有变化,但 2013 年度材料中 *Glu - B1* 位点的亚基类型较前 2 个年度有所增加。年度间 *Glu - A1* 位点 Null 亚基的频率有升高的趋势,从而引起了亚基 1 频率的下降;*Glu - B1* 位点 14 + 15 亚基也有下降的趋势。



a. 常见 HMW - GS 的电泳图谱,其中 L1:中国春,L2:绿源麦 1 号,L3:圣麦 6 号,L4:泰丰 1 号,L5:豫圣麦 019,L6:兆丰 899。b. 罕见亚基 22 的电泳图谱,其中 L7:国安 3678,L8:国育 106,L9:禾丰一号,L10:藁城 8901。\* 表示亚基 22 较罕见,根据 Payne 等<sup>[12]</sup> 的示意图定名

图 1 2013 年度部分小麦新品系 HMW - GS 的电泳图谱

表 1 不同位点 HMW - GS 等位基因变异及其频率 %

位点	亚基	2011 年度	2012 年度	2013 年度	平均
<i>Glu - A1</i>	Null	33.50	38.20	43.60	39.06
	1	66.50	61.80	56.40	60.94
<i>Glu - B1</i>	6 + 8	0.50	—	0.35	0.28
	7	—	—	0.35	0.14
	7 + 8	22.50	18.03	21.45	20.64
	7 + 9	61.50	69.10	66.44	65.93
	13 + 16	1.00	0.43	1.04	0.83
	14 + 15	14.50	12.45	9.69	11.91
	17 + 18	—	—	0.35	0.14
	22	—	—	0.35	0.14
<i>Glu - D1</i>	2 + 12	56.50	60.09	55.71	57.34
	5 + 10	43.50	39.91	44.29	42.66

### 2.2 小麦新品系 HMW - GS 组成的多样性

共检测到 20 种 HMW - GS 组合类型(表 2),其中“1,7 + 9,2 + 12”(类型 13,21.88%)、“Null,7 + 9,2 + 12”(类型 5,20.22%)和“1,7 + 9,5 + 10”(类型 14,18.42%)的频率最高,其余亚基组合的频率均低于 10%。不同年度间优势亚基组合的地位没有显著变化。2013 年度的组合类型最多,但其中有 4 种亚基组合的出现次数仅为 1(0.14%),可能是育种家的有意引入。本研究中间包制作品质优秀的亚基组合<sup>[13]</sup>(类型 12、16、18 和 19)频率共计 12.19%;馒头制作品质优秀的亚基组合<sup>[14]</sup>(类型 3 和 11)频率共计 8.73%;面条品质优秀的亚基组合<sup>[15]</sup>(类型 17)频率仅为 4.02%,良好的亚基组合

(类型 8、11 和 12)频率合计 14.68% ;而频率较高的组合(类型 5、13 和 14)在制作面包、面条、馒头等方面均非优质。

表 2 HMW - GS 组合及其频率					%
类型	亚基组合	2011 年度	2012 年度	2013 年度	平均
1	Null,7,2 + 12	—	—	0.35	0.14
2	Null,6 + 8,5 + 10	—	—	0.35	0.14
3	Null,7 + 8,2 + 12	8.00	3.43	3.81	4.85
4	Null,7 + 8,5 + 10	3.00	2.58	3.46	3.05
5	Null,7 + 9,2 + 12	13.00	21.89	23.88	20.22
6	Null,7 + 9,5 + 10	4.50	4.72	6.57	5.40
7	Null,13 + 16,5 + 10	—	—	0.35	0.14
8	Null,14 + 15,2 + 12	2.00	1.29	2.42	1.94
9	Null,14 + 15,5 + 10	3.00	4.29	2.42	3.19
10	1,6 + 8,2 + 12	0.50	—	—	0.14
11	1,7 + 8,2 + 12	3.00	3.43	4.84	3.88
12	1,7 + 8,5 + 10	8.50	8.58	9.34	8.86
13	1,7 + 9,2 + 12	24.50	26.18	16.61	21.88
14	1,7 + 9,5 + 10	19.50	16.31	19.38	18.42
15	1,13 + 16,2 + 12	1.00	—	—	0.28
16	1,13 + 16,5 + 10	—	0.43	0.69	0.42
17	1,14 + 15,2 + 12	4.50	3.86	3.81	4.02
18	1,14 + 15,5 + 10	5.00	3.00	1.04	2.77
19	1,17 + 18,5 + 10	—	—	0.35	0.14
20	1,22,5 + 10	—	—	0.35	0.14

3 结论与讨论

本研究发现,河南省小麦新品系的 HMW - GS 等位基因变异及亚基组成均有较丰富的多样性,但主要集中在 *Glu - B1* 位点,*Glu - A1* 位点和 *Glu - D1* 位点分别仅有 2 种等位基因。在 HMW - GS 等位基因变异中,*Glu - A1* 位点亚基 1 的频率明显高于 Null,*Glu - B1* 位点亚基 7 + 9 则占有绝对优势,亚基 7 + 8 和 14 + 15 频率次之,*Glu - D1* 位点亚基 2 + 12 频率高于 5 + 10。该结果与黄淮冬麦区小麦品种(系)、河南部分小麦育种亲本的分析结果<sup>[8,10]</sup>基本一致,与小麦 DUS 测试新品种(主要来源为黄淮海地区)的分析结果<sup>[16]</sup>大部分相似,表明河南省小麦新品系的品质状况与黄淮麦区无明显区别。与我国地方小麦品种和黄淮麦区 2006 年以前推广小麦品种的分析结果<sup>[7,17]</sup>相比,新品系中 *Glu - A1* 和 *Glu - D1* 位点的优质亚基 1 和 5 + 10 的频率都有明显提高,但 *Glu - B1* 位点优质亚基 7 + 8 的频率大幅下降,非优质亚基 7 + 9 的频率明显提升。

虽然 *Glu - A1* 和 *Glu - D1* 位点的优质亚基频率很高,但优质亚基组合的频率都很低,因此,在今后的品质育种工作中需要注意提高 *Glu - B1* 位点优质亚基的比例,并着重选择优质的亚基组合。

参考文献:

[1] Veraverbeke W S, Delcour J A. Wheat protein composition and properties of wheat glutenin in relation to bread-making functionality [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2002, 42(3): 179-208.

[2] 李保云, 王岳光, 刘凤鸣, 等. 小麦高分子量谷蛋白亚基与小麦品质性状关系的研究 [J]. 作物学报, 2000, 26(3): 322-326.

[3] 杨玉双, 庞斌双, 王兰芬, 等. 小麦高分子量谷蛋白亚基间的互补效应对面包加工品质的影响 [J]. 作物学报, 2009, 35(8): 1379-1385.

[4] 程西永, 吴少辉, 李海霞, 等. 小麦高、低分子量麦谷蛋白亚基对品质性状的影响 [J]. 麦类作物学报, 2014, 34(4): 482-488.

[5] 咎香存, 董海滨, 王根松, 等. 小麦 *Glu - A1* 位点 1 亚基和 Null 亚基间品质效应的差异 [J]. 麦类作物学报, 2013, 33(4): 831-834.

[6] 孙海艳, 李斯深, 姜鸿明, 等. 利用 RIL 群体分析 HMW - GS 对小麦品质性状的量化效应 [J]. 作物学报, 2004, 30(3): 253-257.

[7] 徐鑫, 李小军, 张玲丽, 等. 小麦地方品种高分子量谷蛋白亚基多样性分析 [J]. 作物学报, 2012, 38(7): 1205-1211.

[8] 王美芳, 雷振生, 张学斌, 等. 黄淮冬麦区小麦品种(系)品质遗传组成及其效应分析 [J]. 河南农业科学, 2010(10): 8-13.

[9] 王丽, 王正阳, 牛吉山, 等. 河南部分小麦育种亲本的高分子量麦谷蛋白亚基组成分析 [J]. 河南农业大学学报, 2012, 46(2): 115-120.

[10] 朱统泉, 吴大付. 河南小麦生产现状分析 [J]. 陕西农业科学, 2014, 60(1): 78-81.

[11] 刘广田, 许明辉. 普通小麦胚乳谷蛋白亚基的遗传研究 [J]. 中国农业科学, 1988, 21(1): 56-60.

[12] Payne P I, Lawrence G J. Catalogue of alleles for the complex gene loci, *Glu - A1*, *Glu - B1*, *Glu - D1* which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat [J]. Cereal Research Communications, 1983, 11(1): 29-35.

[13] 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 Food Agriculture and Environment, 1987, 40(1): 51-65.

[14] 范玉顶, 李斯深, 孙海艳, 等. HMW - GS 与北方手工馒头加工品质关系的研究 [J]. 作物学报, 2005, 31(1): 97-101.

[15] 赵京岚, 李斯深, 范玉顶, 等. 小麦品种蛋白质性状与中国干面条品质关系的研究 [J]. 西北植物学报, 2005, 25(1): 144-149.

[16] 李群, 颜廷进, 张文兰, 等. 小麦 DUS 测试新品种高分子量谷蛋白亚基组成的分析 [J]. 山东农业科学, 2013, 45(8): 25-28.

[17] 张瑞奇, 胡琳, 许为钢, 等. 黄淮冬麦区不同时期大面积推广品种的高分子量麦谷蛋白亚基组成分析 [J]. 麦类作物学报, 2006, 26(2): 63-67.