

利用 RIL-6 群体研究 HMW-GS 对小麦品质指标的影响

张华文^{1,2}, 田纪春¹, 管延安², 杨延兵², 任卫国³

(¹山东农业大学农学院, 泰安 271018; ²山东省农业科学院作物研究所, 济南 250100; ³聊城市农科所, 聊城 252058)

摘要: 【目的】小麦高分子量谷蛋白亚基 (HMW-GS) 与小麦品种的烘烤品质密切相关。利用重组自交系研究同一基因位点不同亚基和不同基因位点亚基组合对品质性状的作用, 为小麦品质改良提供参考。【方法】以含 190 个株系的 RIL-6 (重组自交系) 群体为材料, 研究 HMW-GS 对小麦主要品质指标的影响。【结果】同一基因位点不同亚基在籽粒硬度、干面筋含量和蛋白质含量等 3 个性状上差异均没有达到显著水平; 不同亚基组合对面团形成时间、面团稳定时间、断裂时间、和面时间、沉淀值、面筋指数、拉伸曲线面积、延伸度、最大拉伸阻力、8 分钟尾高、峰高、面包体积、面包评分和面包坚实度等 14 个主要品质指标有不同程度的显著影响; RIL-6 群体的 8 种不同基因位点的亚基组合的蛋白质含量没有显著差异, 其它各性状包括面粉理化特性、面团流变学特性和面包品质指标均有不同程度的差异。【结论】同一基因位点不同亚基和不同基因位点亚基组合对小麦主要品质性状具有重要作用。

关键词: 小麦; 重组近交系; 高分子量谷蛋白亚基; 品质性状

A Study of the Effects of High Molecular Weight Glutenin Subunits (HMW-GS) on Quality Traits, Using Recombinant Inbred Line-5 (RIL-6) Population

ZHANG Hua-wen^{1,2}, TIAN Ji-chun¹, GUAN Yan-an², YANG Yan-bing², REN Wei-guo³

(¹Agronomy College, Shandong Agricultural University, Tai'an 271018; ²Crop Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100; ³Liaocheng Academy of Agricultural Sciences, Liaocheng 252058)

Abstract: 【Objective】Substantial research confirmed that HMW-GS is closely related to the baking quality of wheat varieties. 【Method】The effects of different subunits at the same loci and different subunit combinations among different loci on quality traits were analyzed using a 190 lines population of recombinant inbred lines (RILs-6) in this study, which would provide important information for wheat quality improvement. 【Result】The result showed that no significant differences were found among different subunits at the same loci for dry gluten content, protein content and kernel hardness. In contrast, different significances were detected for dough development time, dough stability time, breakdown time, and mixing time, Zeleny sedimentation value, gluten index, area, extensibility, maximum resistance, 8 minute curve tall, peak value, bread volume, bread score and bread firmness. The influences of 8 different subunit combinations at different loci of RIL-6 were significantly different for physical and chemical characteristics, dough rheology characteristics and bread making qualities, but there were no significantly different protein contents. 【Conclusion】Different subunits at the same loci and different subunit combinations among different loci have significant effects on wheat quality traits.

Key words: Common wheat; RIL; HMW-GS; Quality traits

0 引言

【研究意义】小麦的品质性状大多与籽粒胚乳中

蛋白质有关。小麦籽粒蛋白质主要由醇溶蛋白和麦谷蛋白组成, 醇溶蛋白赋予面团延伸性, 而麦谷蛋白使面团具有弹性^[1]。小麦谷蛋白亚基只占面筋蛋白的

收稿日期: 2006-01-17; 接受日期: 2007-01-11

基金项目: 国家计委“国家大型优质小麦生产基地项目”(2000-1405)和山东省科技厅“超级小麦育种计划研究项目”(2003-108)资助

作者简介: 张华文 (1979-), 男, 山东冠县人, 硕士, 研究方向为作物遗传育种学。Tel: 0531-83178115; E-mail: zhwws518@sina.com。通讯作者 田纪春 (1953-), 男, 教授, 研究方向为作物遗传育种学。Tel: 0538-8242040; E-mail: jctian@sadu.edu.cn

35%左右, 却对面粉的烘烤品质起着重要作用^[2]。麦谷蛋白主要由高分子量麦谷蛋白亚基 (HMW-GS) 和低分子量麦谷蛋白亚基 (LMW-GS) 组成, HMW-GS 虽然含量较低 (约占面筋蛋白的 10%), 但对面筋特性起着重要作用^[1], 与小麦的烘烤品质密切相关^[2-8]。

【前人研究进展】自从 Payne 等^[2]首次报道了 HMW-GS 和沉降值的关系以后, 国内外对 HMW-GS 与小麦品质性状的关系进行了大量的研究, 深入地了解了小麦品质差异的生化基础, 探讨了 HMW-GS 在小麦加工品质中的作用, 为小麦的品质改良及品质预测提供有力的理论依据和切实可行、简便快捷的方法。在 HMW-GS 与小麦加工品质相关性的研究方法中, 一是利用 1 个特定的 HMW-GS 差异的品系群体, 例如利用含有 2+12 亚基的群体和含有其等位变异的亚基群体 (如含有 5+10 亚基) 间的遗传差异, 这样的相关分析在 HMW-GS 与加工品质和农艺性状的遗传分析中的优点是容易得到大量的分析材料, 但它存在一些弱点: (1) 无法排除其它 HMW-GS 对分析结果的影响。(2) 无法排除胚乳储藏蛋白中的 LMW 麦谷蛋白亚基和醇溶蛋白对加工品质的影响。(3) 无法排除由蛋白质含量所引起的加工品质的差异。二是利用只含有 1 个 HMW-GS 差异的品种群体 (如 1、7+8、2+12 的群体和 1、7+8、5+10 的群体) 间的品质差异来代替亚基间的品质差异, 这类分析材料比上面的方法要好, 可以克服上述材料在 HMW-GS 研究中存在的问题, 但这类材料较上面的材料不容易获得, 较难获得大的分析群体。三是利用杂交后代或回交后代的各种分离群体对 HMW-GS 与加工品质进行相关分析。在国外近等基因系已经大量应用于小麦品质性状的研究^[9-13]。重组自交系 (recombinant inbred lines, RILs) 为杂种连续自交不施加选择, 直到纯合所产生的一系列系, 是永久性群体, 可以比较准确地鉴定其每个系的表型值, 减少环境误差。【本研究切入点】在利用重组自交系进行小麦品质研究方面国内外报道的都很少, 只有 Nieto-Taladriz^[14]和孙海燕^[15]等少量报道。【拟解决的关键问题】本试验利用 1 个含有 190 个株系的重组自交系, 通过比较同一基因位点不同亚基和不同基因位点亚基组合对面粉理化指标、面团流变学特性和面包品质指标的影响, 研究 HMW-GS 对小麦品质性状的作用, 分析 HMW-GS 对小麦品质性状的效应, 进而为小麦品质改良提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

以藁城 8901(1,7+8,5+10)和 PH85-16(null,14+15, 2+12) 的 F₆ 代 190 个重组自交系籽粒为材料, 在 2003~2004 年度种植于山东农业大学试验农场, 小区面积 8 m², 生长期按亩产 500 kg 水平的大田统一肥水管理, 未发生倒伏和病虫害严重危害, 收获前去除杂株, 按小区单独收获、晾晒。贮藏 3 个月后磨粉, 用于项目测定。

1.2 测定项目与方法

1.2.1 制粉 德国 Brabender 公司产 Senior 磨, 出粉率为 70% 左右。

1.2.2 水分的测定 按照 GB5497-85 方法测定。

1.2.3 面粉蛋白质含量的测定 瑞士 Perten 公司产 Znframatin8620 型近红外仪测定。

1.2.4 籽粒硬度的测定 瑞士 Perten 公司产 SKCS-4100 型单粒谷物测定仪测定, 其硬度指数根据仪器设定的方法计算, 是无量纲单位。

1.2.5 干、湿面筋含量及面筋指数的测定 利用瑞士 Perten 公司生产的 2200 型面筋洗涤仪, 干、湿面筋含量按 GB/T14607-93\GB/T14606-93 进行测定, 面筋指数用 Perten Centrifuge 2015 离心机的面筋筛测定, 具体算法是: 面筋筛上留存的面筋/(面筋筛上留存的面筋+过筛的面筋)×100。

1.2.6 Zeleny 沉淀值的测定 按国标 GB/T15685-1995 法测定。

1.2.7 降落值的测定 按 AACC58-61B 标准方法, 用瑞士 Pertern 公司生产的 FN1500 型降落值仪测定。

1.2.8 粉质仪参数的测定 德国 Brabender 公司生产的 810104 型电子粉质仪 (50 g 揉面钵), 按 AACC-54-21 方法测定, 结果由系统软件自动分析。

1.2.9 拉伸仪参数的测定 Brabender 拉伸指标的测定采用德国 Brabender 公司的拉伸仪测定, 参照 AACC54-21 方法 (300 g 面粉)。

1.2.10 揉混仪参数的测定 美国 National 公司生产的 10 g 揉混仪系统, 按 AACC-54-40 方法测定, 结果采用计算机软件自动处理获得。

1.2.11 面包制作方法 GB/T14611-93 直接发酵法。

1.2.12 面包坚实度的测定 TA.XT.plus 型物性测试仪; TA/CEL50—50 kg 量程的力量感应元 (单臂型); 直径为 36 mm、末端平滑的 P/36R 探头, 按国际标准方法 AACC (97-04)。返回距离设为 30 mm, 返回速度设为 10 mm·s⁻¹。

1.2.13 高分子量谷蛋白亚基 (HMW-GS) 的测定

参照 Sissons 等人的 SDS-PAGE 方法测定^[16]。

1.3 统计分析方法

根据 HMW-GS 类型把 RIL-5 群体分为不同组, 计算每组平均值, 用相同位点不同亚基平均数之差表示该位点不同亚基对品质性状影响的大小, 用 *t*-检验检测其差值的显著性, 同时, 用 LSD 法比较不同亚基组合对品质性状影响的差异。用 DPS 统计软件进行数据分析。

2 结果与分析

2.1 RIL-6 群体的 HMW-GS 的类型

RIL-6 群体共有株系 190 个, 根据 SDS-PAGE 电泳结果, 亲本 8901 和 PH85-16 的 HMW-GS 类型分别为 (1,7+8,5+10) 和 (N,14+15,2+12), 因此 RIL-6 群体在 Glu-A1、Glu-B1 和 Glu-D1 位点的亚基分别为

1、N, 7+8、14+15 和 5+10、2+12。从表 1 中可以看出, 群体中不同基因位点的 HMW-GS 组合方式主要有 8 种类型(1,7+8,5+10)、(1,7+8,2+12)、(1,14+15,5+10)、(1,14+15,2+12)、(N,7+8,5+10)、(N,7+8,2+12)、(N,14+15,5+10) 和 (N,14+15,2+12)。

2.2 同一基因位点不同亚基对小麦品质性状的影响

在 8 种亚基组合中,(1,7+8,5+10)和(N,7+8,5+10)仅在 1A 位点存在差异而其它位点完全相同。同样 (1,7+8,5+10) 与 (1,14+15,5+10) 和 (1,7+8,5+10) 与 (1,7+8,2+12) 分别在 1B 和 1D 位点存在差异(表 1), 因此用这些材料可进行相同位点不同亚基对品质性状效应值的估算。

2.2.1 同一基因位点不同亚基对面粉理化指标的影响 由表 2 可见, Glu-1 的 3 个位点不同亚基在籽粒硬度、干面筋含量和蛋白质含量等 3 个性状上差异均

表 1 8901/PH85-16 的 RIL-6 HMW-GS 带型统计

Table 1 The types of HMW-GS combination of RIL-6 of 8901/PH85-16

亚基组合 HMW-GS combination	株系数目 Plant number	百分率 Percent (%)	差异位点 Different locus	亚基组合 HMW-GS combination	株系数目 Plant number	百分率 Percent (%)
1,7+8,5+10	31	16.3	Glu-A1	1,7+8,5+10	31	16.3
1,14+15,5+10	23	12.1		N,7+8,5+10	37	19.5
1,14+15,2+12	19	10.0	Glu-B1	1,7+8,5+10	31	16.3
1,7+8,2+12	21	11.1		1,14+15,5+10	23	12.1
2+12,7+8	26	13.7	Glu-D1	1,7+8,5+10	31	16.3
14+15,2+12	22	11.6		1,7+8,2+12	21	11.1
14+15,5+10	11	5.8				
7+8,5+10	37	19.5				

没有达到显著水平; 对于湿面筋含量 5+10 亚基的效应值显著小于 2+12 亚基的效应值, 1 的效应值显著小于 N 亚基的效应值, 14+15 的效应值大于 7+8, 但是没有达到显著水平; 对于沉淀值和面筋指数 5+10 亚基的效应值显著高于 2+12 亚基的效应值, 1 的效应值显著高于 N 亚基的效应值, 7+8 的效应值大于 14+15, 但是没有达到显著水平; 对于降落值 Glu-D1 位点 5+10 亚基的效应值比 2+12 亚基低 25.79 s, 达 0.05 显著水平, Glu-A1 位点 1 亚基比 N 亚基低 4.31 s, Glu-B1 位点 7+8 亚基的效应值比 14+15 亚基高 9.93 s。

2.2.2 同一基因位点不同亚基对面粉流变学特性指标的影响 Glu-1 等位基因变异对粉质仪参数影响中, 面粉吸水率和公差指数都没有达到显著水平, 在 Glu-A1 位点 1 亚基的面团形成时间、面团稳定时间和断裂时间显著高于 N 亚基, 其差值分别为 4.70、4.41、3.15 (单位); 在 Glu-B1 位点 7+8 亚基面团形成时间、

面团稳定时间和断裂时间高于 14+15 亚基, 但都没有达到显著水平。在 Glu-D1 位点 5+10 亚基的面团形成时间、面团稳定时间和断裂时间都显著高于 2+12 亚基。

Glu-1 等位基因变异对拉伸仪参数的效应值影响较大, 在 Glu-A1 位点 1 亚基的拉伸曲线面积、延伸度、最大拉伸阻力显著高于 N 亚基, 而最大拉伸比例低于 N 亚基, 但不显著; 在 Glu-B1 位点 7+8 亚基拉伸曲线面积、延伸度低于 14+15 亚基, 而最大拉伸比例、最大拉伸阻力高于 14+15 亚基, 但都没有达到显著水平; 在 Glu-D1 位点 5+10 亚基拉伸曲线面积、最大拉伸阻力显著高于 2+12 亚基, 其中最大拉伸阻力达极显著水平, 延伸度显著低于 2+12 亚基, 最大拉伸比例高于 2+12 亚基但不显著。

Glu-1 等位基因变异对揉混仪参数的效应值也有影响, 对于和面时间和峰高, 1 大于 N, 5+10 大于 2+12, 都达到显著水平; 7+8 和 14+15 之间差异不显著; 8

表 2 Glu-1 位点不同等位基因对品质性状的影响

Table 2 The effects of different alleles at Glu-1 loci on quality traits

性状 Trait	亚基组合 HMW-GS combination								
	1,5+10,7+8	5+10,7+8	1-N	1,5+10,7+8	1,2+12,7+8	(5+10)-(2+12)	1,5+10,7+8	1,5+10,14+15	(7+8)-(14+15)
籽粒硬度 Kernel hardness(%)	64.75	63.08	1.67	64.47	65.25	- 0.78	64.47	66.47	- 2
蛋白质含量 PC (%)	11.23	10.97	0.27	11.23	10.91	0.33	11.23	11.06	0.18
干面筋含量 DGC (%)	10.2	9.99	0.21	10.2	10.19	0.02	10.2	10.34	- 0.14
湿面筋含量 WGC (%)	27.73	28.83	- 1.10*	27.73	29.68	- 1.95*	27.73	27.95	- 0.22
面筋指数 GI (%)	89.35	87.17	2.19*	89.35	86.13	3.22*	89.35	89.05	0.30
沉淀值 SV (ml)	33.42	32.14	1.28*	33.42	31.71	1.82*	33.42	33.05	0.37
降落值 FN (s)	329.81	334.12	- 4.31	329.81	355.6	- 25.79*	329.81	319.88	9.93
和面时间 MT (min)	4.68	4.31	0.37*	4.68	4.25	0.43*	4.68	4.49	0.19
峰高 PV (%)	56.39	52.81	3.58*	56.39	52.74	3.65*	56.39	55.29	1.11
8 分钟尾高 8MCT (%)	14.37	13.26	1.11	14.37	13.31	1.06	14.37	14.49	- 0.12
拉伸面积 Area (cm ²)	152.91	135.83	17.08*	152.91	135	17.91*	152.91	158.2	- 5.29
延伸度 E (cm)	145.18	127.08	18.1*	145.18	164	- 18.82*	145.18	147.6	- 2.42
最大拉伸阻力 Rmax (BU)	816.82	778.33	38.48*	816.82	652.75	164.07**	816.82	811.2	5.62
最大拉伸比 Rmax/E	7.62	11.55	- 3.93	7.62	4.15	3.47	7.62	6.62	1
吸水率 WA (%)	58.93	58.32	0.61	58.93	58.59	0.34	58.93	58.16	0.77
形成时间 DT (min)	10.33	5.67	4.66*	10.33	5.63	4.70*	10.33	9.41	0.92
稳定时间 ST (min)	18.97	14.56	4.41*	18.97	13.37	5.60*	18.97	17.54	1.43*
公差指数	32.2	33.51	- 1.31	32.2	33.25	- 1.05	32.2	33.45	- 1.2*
MTI(B.U.)									
断裂时间 BT(min)	15.62	12.47	3.15*	15.62	12.45	3.17*	15.62	15.26	0.36
面包体积 BV (cm ³)	655.18	629.55	25.63*	655.18	624.21	30.97*	655.18	655	0.18
面包评分 BS	76.68	73.91	2.77	76.68	73.84	2.84	76.68	74.95	1.73
面包坚实度 BF (g)	430.56	470.94	- 42.38*	430.56	486.49	- 55.93*	430.56	446.51	- 15.94

*, $P=0.05$; **, $P=0.01$; PC. Protein content; DGC. Dry gluten content; 8MCT. 8minute curve tall; WA. Water absorption; DT. Development time; ST. Stability time; E. Extensibility; Rmax. Maximum resistance; Rmax/E. Viscoelastic ratio; MT. Mixing time; PV. Peak value; WGC. Wet gluten content; GI. Gluten index; SV. Sedimentation value; BT. Time to breakdown; BV. Bread volume; BS=Bread score; BF=Bread firmness; FN=Falling number; MTI=Mixing tolerance index 下同。The same as below

分钟尾高三者差异不显著, 1 大于 N, 5+10 大于 2+12, 14+15 大于 7+8。

2.2.3 同一基因位点不同亚基对面包烘烤品质指标的影响 Glu-1 等位基因变异对面包烘烤品质指标效应影响比较明显, 在 Glu-A1 位点 1 亚基的体积显著高于 N 亚基, 而面包坚实度显著低于 N 亚基, 面包评分高于 N 亚基, 但不显著; 在 Glu-B1 位点 7+8 亚基面包体积、面包评分稍高于 14+15 亚基, 而面包坚实度低于 14+15 亚基; 在 Glu-D1 位点 5+10 亚基面包体积、面包评分高于 2+12 亚基, 其中面包体积达到显著水平, 而面包坚实度显著低于 2+12 亚基。

综上所述, 在小麦遗传背景相同的基础上, 不同亚基对有关加工品质性状影响显著, 5+10 亚基和 1 亚基相对于 2+12 亚基和 N 亚基具有延长面团形成时间、面团稳定时间、断裂时间、和面时间和增加沉淀值、

面筋指数、拉伸曲线面积、延伸度、最大拉伸阻力、8 min 尾高、峰高的作用, 从而提高了面包体积、面包评分, 降低了面包坚实度, 进而改善面粉加工品质, 是优质亚基, 尤以 5+10 亚基为好; 7+8 亚基和 14+15 亚基对加工品质的作用差别较小。

2.3 不同基因位点亚基组合对小麦品质性状的影响

2.3.1 不同基因位点亚基组合对面粉理化指标的影响 由表 3 可见, 对蛋白质含量来说, 8 种亚基组合之间差异不显著; (N,14+15,5+10) 的籽粒硬度显著低于 (1,14+15,5+10), 其余亚基组合差异不显著; (N,14+15,2+12) 的干面筋含量显著高于 (N,7+8,5+10); 对于湿面筋含量, (N,14+15,2+12) 最高, 其次 (N,7+8,2+12)、(N,7+8,5+10) 和 (1,14+15,2+12), 最小者为 (1,7+8,5+10) 和 (1,14+15,5+10), 三组差异极显著; 从面筋指数来看 (1,7+8,5+10) 和

表3 不同亚基组合对品质性状的影响

Table 3 The effects of different subunit combinations on quality traits

性状 Trait	亚基组合 HMW-GS combination							
	1,7+8,5+10	1,14+15,5+10	1,14+15,2+12	1,7+8,2+12	7+8,2+12	14+15,2+12	14+15,5+10	7+8,5+10
籽粒硬度 Kernal hardness (%)	64.47abAB	66.47aA	63.82abAB	65.25aAB	64.12ab	63.90abAB	61.14bB	63.36abAB
蛋白质含量 PC (%)	11.23a	11.06ab	11.09ab	10.91ab	10.97ab	10.99ab	11.09ab	10.97ab
干面筋含量 DGC (%)	10.20abAB	10.34 abAB	10.24 abAB	10.19 abAB	10.25abAB	10.69aA	10.19 abAB	9.99bB
湿面筋含量 WGC (%)	27.73cB	27.95 cB	28.96 bAB	29.68abAB	29.13 bAB	30.76aA	28.64 bAB	28.83bB
面筋指数 GI (%)	89.35aA	89.05aA	82.17bAB	86.13bAB	82.88bAB	73.35cBC	88.77abA	87.17bA
沉淀值 SV (ml)	33.42aA	33.05abA	32.67abAB	31.71bcAB	31.06cB	31.71bcAB	31.55bcAB	32.60abAB
降落值 FN (s)	330.55abAB	319.88 abAB	331.38 abAB	355.60aA	348.92 abAB	348.00 abAB	319.80bB	334.12 abAB
和面时间 MT (min)	4.68aA	4.49 abA	3.74bcAB	4.25 bA	3.74bcAB	3.09cB	4.03 bAB	4.31bAB
峰高 PV (%)	56.49a	55.29ab	54.41a	52.74 b	52.29bc	54.04 ab	52.90 bc	52.81 b
8分钟尾高 8MCT (%)	14.37aA	14.49aA	12.97 aAB	13.31aAB	10.39bB	9.42bB	13.01 aAB	13.26 aAB
拉伸面积 Area (cm ²)	152.91abA	158.20aA	144.20bB	135.00cdAB	111.88cAB	139.00bcAB	86.33dB	135.83bcAB
延伸度 E (cm)	145.18 bA	147.60 bA	168.20aA	164.00 aA	130.38bcAB	160.17 aA	129.67cAB	127.08cB
最大拉伸阻力 Rmax (BU)	816.82aA	811.20aAB	768.60abAB	652.75 bcAB	698.00bAB	704.00bAB	524.33cAB	778.33abAB
最大拉伸比 Rmax/E	7.62a	6.62a	4.74a	4.15a	11.10a	12.83a	4.83a	11.55a
吸水率 WA (%)	58.93a	58.16ab	58.64ab	58.59ab	57.85b	58.24ab	58.45ab	58.32ab
形成时间 DT (min)	10.33aA	9.41aAB	9.03aAB	8.23 abAB	6.14 cAB	5.81cAB	4.65cB	5.67 cAB
稳定时间 ST (min)	18.97aA	17.54abAB	16.56 abAB	13.37 abAB	10.74 bAB	10.09 bAB	9.96bB	14.56abAB
公差指数 MTI (B.U.)	32.20ab	33.45ab	27.56ab	33.25ab	32.43ab	36.48a	35.63a	33.51ab
断裂时间 BT (min)	15.62a	15.26a	19.06a	12.45bAB	12.64bAB	11.89bcAB	14.19a	12.47bAB
面包体积 BV (cm ³)	655.18aA	655.00abA	628.00 bcAB	624.21bcAB	607.38cB	599.21cB	621.25bcAB	629.55bcAB
面包评分 BS	76.68aA	74.95aAB	73.67abAB	73.84aA	72.71abAB	69.84bB	71.75 abAB	73.91abAB
面包坚实度 BF (g)	430.56bAB	456.51bAB	548.91aA	486.49aA	473aAB	525.23aA	471.47aAB	570.94aA

不同小写字母表示 $P=0.05$ 水平差异显著; 不同大写字母表示 $P=0.01$ 水平差异显著

Different small letters mean significant difference at $P=0.05$ level; Different capital letters mean significant difference at $P=0.01$ level

(1,14+15,5+10)最大,其次是(N,7+8,5+10)、(N,14+15,5+10)和(1,7+8,2+12), (N,14+15,2+12)最小,三组亚基组合都有显著或极显著差异; (1,7+8,2+12)降落值最高, (N,14+15,5+10)最低,二者差异极显著。

各亚基组合间沉淀值的效应值差异较大,最高者为(1,7+8,5+10),次之为(1,14+15,5+10),最低为(N,7+8,2+12),这三者差异显著。(1,7+8,2+12)、(N,7+8,2+12)和(N,14+15,2+12)亚基组合间差异不显著,(1,7+8,5+10)和(1,14+15,5+10)间差异也不显著,但含5+10的亚基组合对Zeleny沉降值的贡献显著大于含2+12的亚基组合。

2.3.2 不同基因位点亚基组合对面粉流变学特性指标的影响 不同基因位点亚基组合对粉质仪参数的影响中,8种亚基组合的公差指数差异不显著;(1,7+8,5+10)亚基组合的面粉吸水率显著高于(N,7+8,2+12),其余亚基组合的效应值差异不显著;

对面团形成时间(1,7+8,5+10)、(1,14+15,5+10)、(1,14+15,2+12)和(1,7+8,2+12)亚基组合的效应值显著高于其它亚基组合;(N,14+15,5+10)、(N,7+8,2+12)和(N,14+15,2+12)亚基组合的面团稳定时间显著低于其它亚基组合;对于断裂时间(1,14+15,5+10)、(1,7+8,5+10)、(1,14+15,2+12)和(N,14+15,5+10)亚基组合的效应值较高,其它亚基组合效应值较低,两组之间差异显著;此外(1,7+8,5+10)和(1,14+15,5+10)亚基组合的面团形成时间、面团稳定时间和断裂时间均较高,但公差指数较低,(N,14+15,2+12)和(N,7+8,2+12)则具有与前者相反的趋势,这进一步表明了1、5+10亚基对粉质仪参数的重要作用。

不同基因位点亚基组合对拉伸仪参数的影响中,8种亚基组合的最大拉伸比例差异没有达到显著水平,对于延伸度较大者有(1,14+15,2+12)、(1,7+8,2+12)和(N,14+15,2+12),次之为(1,7+8,5+10)和(1,14+15,5+10),其余较小,三组亚基组合差异达显著水平;

对于最大拉伸阻力, (1,7+8,5+10)、(1,14+15,5+10) 和 (N,7+8,5+10) 的效应值显著高于其它亚基组合, 最小为 (N,14+15,5+10); 对于拉伸面积, (1,7+8,5+10) 和 (1,14+15,5+10) 较大, 其次为 (1,14+15,2+12)、(1,7+8,2+12) 和 (N,7+8,5+10), 最小为 (N,14+15,5+10), 三组之间差异达显著水平; 总之, (1,7+8,5+10)、(1,14+15,5+10), (N,7+8,5+10) 的最大拉伸阻力和拉伸曲线面积较大, 是比较好的几个亚基组合。

揉混仪参数受不同基因位点亚基组合影响如下:

和面时间最大者为 (1,7+8,5+10), 其次为 (1,7+8,2+12)、(N,7+8,5+10) 和 (N,14+15,5+10), 最小 (N,14+15,2+12) 三组亚基组合差异达显著水平; 对于峰值高度 (1,7+8,5+10)、(1,14+15,2+12) 和 (1,14+15,5+10) 的效应值显著高于 (N,14+15,2+12)、(1,7+8,2+12) 和 (N,7+8,5+10) 的效应值; 8 分钟尾高最大者为 (1,14+15,5+10), 最小 (N,14+15,2+12), (N,14+15,2+12) 除与 (N,7+8,2+12) 没有显著差异外, 与其他亚基组合都有显著差异。

2.3.3 不同基因位点亚基组合对面包烘烤品质指标的影响 (1,7+8,5+10) 和 (1,14+15,5+10) 的面包体积显著高于 (N,7+8,2+12) 和 (N,14+15,2+12), 而其它亚基组合无显著差异; 对于面包评分最大为 (1,7+8,5+10), 最小为 (N,14+15,2+12), 两者差异极显著, 其它亚基组合差异不显著; 对于面包坚实度, (1,7+8,5+10) 和 (1,14+15,5+10) 最小, 显著小于其它亚基组合, 最大为 (N,14+15,2+12), 由此可见 (1,7+8,5+10) 和 (1,14+15,5+10) 亚基组合面包烘烤品质最好, 而 (N,7+8,2+12) 和 (N,14+15,2+12) 品质最差。

总之, RIL-5 群体的 8 种不同基因位点的亚基组合, 在蛋白质含量上没有显著差异, 其它各个性状包括面粉理化特性、面团流变学特性和面包品质指标均有不同程度的显著差异, 8 种亚基组合中 (1,7+8,5+10) 和 (1,14+15,5+10) 亚基组合各种品质指标显著高于其它亚基组合, 是比较好的亚基组合, 而 (N,7+8,2+12) 和 (N,14+15,2+12) 品质较差。

3 讨论

自 Payne 等首次报道 HMW-GS 与沉降值的关系后, 国内外对 HMW-GS 和 LMW-GS 与小麦品质性状的关系进行了大量研究, 但不同学者由于选用的材料不同得出的结论不尽一致^[17~19]。大部分学者是采用不同品种或仅测量少数品质指标, 如沉降值等为依据来分析各个亚基与小麦品质的相关性, 由于不同品种存

在大量编码不同亚基的等位基因, 这样无法排除遗传背景的干扰及其它亚基的影响, 评价具有一定的片面性也不能进行亚基对品质指标影响的量化分析。

本试验采用重组自交系群体, 该群体是杂种连续自交不施加选择, 直到纯合所产生的一系列系, 是永久性群体, 可以比较准确地鉴定其每个系的表型值, 减少环境误差。蛋白质数量(含量)和质量对于小麦的加工品质都有较大的影响, 不同遗传型品系间质量上的差异是由遗传因素决定的, 不同遗传型品系间数量上的差异则由遗传因素和环境条件共同决定。在小麦籽粒蛋白质含量相似的情况下, 进行小麦加工品质的比较可以排除由蛋白质数量上的差异所造成的影响。用于分析的 RIL 群体蛋白质含量和干面筋含量差异不显著, 可以在很大程度上消除遗传背景的干扰, 证明加工品质的差异是由同一基因位点的亚基差异引起的。本实验中干面筋含量无差异更进一步说明两者间加工品质的差异是由于面筋质量上的差异造成的。

另外, 本试验全面测量了 RIL 群体 190 个株系的面粉理化特性、面团流变学特性和面包品质特性的 22 个品质指标, 能够较为准确全面地反映高分子量麦谷蛋白亚基及其亚基组合对小麦品质的影响。与前人的 HMW-GS 和品质性状间相关分析结果相比, 其趋势基本一致, 但本研究在蛋白质含量和干面筋含量无显著差异的情况下, 2+12 和 N 亚基类型的湿面筋含量显著高于 5+10 和 1 亚基类型的湿面筋含量, 说明 2+12 和 N 亚基类型比 5+10 和 1 亚基类型在湿面筋中可保存较多的水分, 即面筋较弱的湿面筋中的含水量要大于面筋较强的湿面筋的含水量。其原因可能是面筋强的小麦中, 面筋的强力收缩, 使湿面筋中含水量受到较大程度的限制, 所以表现出较高的湿面筋含量。另外, 前人的研究中 14+15 亚基对小麦加工品质有很大的贡献, 好于 7+8 亚基, 14+15 亚基对沉降值的贡献比 7+8 亚基大 18%^[20]。但在本试验同一基因位点不同亚基对品质指标的影响的研究中, 7+8 和 14+15 的效应值除在个别指标上有显著差异外, 其它指标都差异不显著, 这可能与研究者所选用的研究材料有关, 有待于进一步研究。

4 结论

在本研究群体 RIL-6 中, 不同高分子量麦谷蛋白亚基组合在籽粒硬度、干面筋含量和蛋白质含量等 3 个性状上差异均没有达到显著水平, 但对面团形成时间、面团稳定时间、断裂时间、和面时间、沉淀值、

面筋指数、拉伸曲线面积、延伸度、最大拉伸阻力、8分钟尾高、峰高、面包体积、面包评分和面包坚实度等14个主要品质指标有不同程度的显著影响；RIL-6群体的8种不同基因位点亚基组合在面粉理化特性、面团流变学特性和面包品质指标上均有不同程度显著差异，其中(1,7+8,5+10)和(1,14+15,5+10)亚基组合各种品质指标显著高于其它亚基组合，是比较好的亚基组合。总之，同一基因位点不同亚基和不同基因位点亚基组合对品质性状具有重要作用。

References

- [1] Payne P I, Law C N, Mudd E E. Control by homologous group 1 Chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm. *Theoretical and Applied Genetics*, 1980, 58: 113-120.
- [2] Payne P I, Cordfield K G, Blackman J A. Identification of a high-molecular subunit of glutenin whose presence correlates with bread-making quality in wheats of related pedigree. *Theoretical and Applied Genetics*, 1979, 55: 153-159.
- [3] Manley M, Randall P G, McGill A E J. The prediction of dough properties of South African wheat cultivars by SDS-PAGE analysis of HMW glutenin subunits. *Journal of Cereal Science*, 1992, 15: 39-47.
- [4] Shewry P R, Halford N G, Tatham A S. High molecular weight subunits of wheat glutenin (critical review). *Journal of Cereal Science*, 1992, 15: 105-120.
- [5] 马传喜, 吴兆苏. 小麦胚乳蛋白质组成及高分子量麦谷蛋白亚基与烘烤品质的关系. *作物学报*, 1993, 19: 562-566.
- Ma C X, Wu Z S. Effect of protein fractions and HMW glutenin subunits on SDS sedimentation volume in wheat varieties. *Acta Agronomica Sinica*, 1993, 19: 562-566. (in Chinese)
- [6] 赵 和, 卢少源, 李宗智. 小麦高分子量麦谷蛋白亚基遗传变异及其与品质和其它农艺性状关系的研究. *作物学报*, 1994, 20(1): 67-75.
- Zhao H, Lu S Y, Li Z Z. Studies on inheritance and variation of HMW glutenin subunits and their correlation with quality and other agronomic characters in wheat. *Acta Agronomica Sinica*, 1994, 20(1): 67-75. (in Chinese)
- [7] Hou G, Yamamoto Y, Ng P K W. Relationship of glutenin subunits of selected U.S. soft wheat flours to rheological and baking properties. *Cereal Science*, 1996, 73: 358-363.
- [8] 李保云, 刘桂芳, 王岳光, 孙 辉, 刘广田. 小麦高分子量谷蛋白亚基的遗传规律研究. *中国农业大学学报*, 2000, 5(1): 58-62.
- Li B Y, Liu G F, Wang Y G, Sun H, Liu G T. Inheritance of high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS) in wheat. *Journal of China Agricultural University*, 2000, 5(1): 58-62. (in Chinese)
- [9] Redaelli R, Pogna N E, Ng K W. Effect of prolamins encoded by chromosomes 1B and 1D on the rheological properties of dough in near-isogenic lines of bread wheat. *Cereal Chemistry*, 1997, 74(2): 102-107.
- [10] Hussain A, Lukow O M, Watts B M, Mckenize R I H. Rheological properties of full-formula dough derived from near-isogenic 1BS/1RS translation line. *Cereal Chemistry*, 1997, 74: 342-348.
- [11] Popineau Y, Cornec M, Lefebvre J, Marchylo B. Influence of high Mr glutenin subunits on glutenin polymers and rheological properties of glutes and subunits subfractions of near-isogenic lines of wheat Sicco. *Journal of Cereal Science*, 1994, 19: 231-241.
- [12] Takata K, Yamachi H, Lefebvre T. Effect of high molecular weight glutenin subunits on bread-making quality using near-isogenic lines. *Breeding Science*, 2000, 50: 303-308.
- [13] 张延滨, 辛文利, 孙连发, 肖志敏, 祁适雨. 小麦 2+12 和 5+10 亚基近等基因系间面粉品质差异的研究. *作物学报*, 2003, 29: 93-96.
- Zhang Y B, Xin W L, Sun L F, Xiao Z M, Qi S Y. Flour quality differences between near-isogenic line with HMW gluten in subunits 2+12 and 5+10 in wheat. *Acta Agronomica Sinica*, 2003, 29: 93-96. (in Chinese)
- [14] Nieto-Tladriz M T, Ruiz M, Carrilo J M. Effect of glidins and HMM and LWM subunits of glutenin on dough properties in the F6 recombinant lines from a bread wheat cross. *Theoretical and Applied Genetics*, 1994, 88: 81-86.
- [15] 孙海燕, 李斯深, 江鸿明, 范玉顶, 李瑞军, 赵 倩. 利用 RIL 群体分析 HMW-GS 对小麦品质性状的量化效应. *作物学报*, 2004, 30: 253-257.
- Sun H Y, Li S S, Jiang H M, Fan Y D, Li R J, Zhao Q. Quantitative effects of high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS) on quality traits using the population of recombinant inbred lines (RIL). *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 30: 253-557. (in Chinese)
- [16] Sissons M J, Bekes F, Skerritt J H. Isolation and functionality of low molecular weight glutenin subunits. *Cereal Chemistry*, 1998, 75: 30-36.
- [17] Shahinnia F, Rezaie A M. Alelic variation of high molecular weight glutenin subunits and their effects on bread-making characteristics of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agri Sci Tech*, 2002, 16(1): 91-100.
- [18] Brites C, Carrillo T M. Influence of high molecular weight and low molecular weight glutenin subunits controlled by Glu-1 and Glu-3 loci on durum wheat quality. *Cereal Chemistry*, 2001, 78: 59-63.
- [19] Uthayakumaran S, Beasley H L, Stoddard F L, Keentok M, Phan

Thien N, Tanner R I, Bekes F. Synergistic and additive effects of three high molecular weight glutenin subunits loci effects on wheat drought rheology. *Cereal Chemistry*, 2002, 79: 294-300.

Liu Y H, Wang H G, Liu S B. Study on the relationship between 14+15, 7+8, 1 HMW glutenin subunits and some quality properties of wheat. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2003, 18(3): 4-7.

[20] 刘艳华, 王洪刚, 刘树兵, 高居荣, 张宏领. 小麦高分子量谷蛋白亚基 14+15、7+8、1 与部分品质性状关系的研究. *华北农学报*, 2003, 18(3): 4-7.

(责任编辑 孙雷心)

2006年转基因作物商业化生产的全球态势 (一)

2006年是转基因作物商业化第二个十年的头一年。这一年, 全球转基因作物种植面积继续增长, 增长率达13%, 即增加了1200万公顷, 这使得全球转基因作物种植面积首次突破1亿公顷大关, 达到1.02亿公顷。

在2006年, 转基因作物的商品化生产取得了多个里程碑式的进步: 年种植面积超过1亿公顷; 参与种植的农户数量(1030万户)超过1000万户; 1996年到2006年的累计种植面积超过5亿公顷(5.77亿公顷)。

值得注意的是, 尽管在美国的大豆和棉花生产中, 转基因品种的采用率已经超过80%, 但2006年转基因作物的种植面积仍增加了1200万公顷。另外, 棉花种植大国印度的抗虫棉种植面积也大幅增长, 增长了近两倍, 种植面积达到380万公顷。

2006年转基因作物种植国的数量达到22个。欧盟成员国斯洛伐克首次种植了转基因玉米, 这使欧盟成员国(25国)中转基因作物种植国的数量增加到6个。西班牙在欧洲依然处于领先地位, 2006年的种植面积为6万公顷; 另外5个国家(法国、捷克共和国、葡萄牙、德国和斯洛伐克), 转基因抗虫玉米的总种植面积增长到原来5倍多, 从2005年的约1500公顷增加到约8500公顷。预计2007年这5个国家的转基因作物种植面积有望继续增长。

2006年, 22个国家的1030万农户种植了转基因作物, 其中90%(即930万户)为发展中国家资源匮乏的小型农户。种植转基因作物的比较效益高, 有助于消减贫困。在930万小型农户中, 大多数都为转基因棉花种植户。其中包括: 680万中国农户、230万印度农户、10万菲律宾农户和数千南非农户, 以及其他7个发展中国家的农户。转基因作物的推广, 对实现联合国提出的2015年前将全球贫困人口减少50%的“千年计划目标”, 有巨大潜力。

2006年, 抗除草剂苜蓿首次在美国实现了商业化。这一多年生转基因苜蓿的种植面积已达8万公顷, 占美国130万公顷苜蓿总面积的5%。RR[®] Flex 抗除草剂棉也于2006年推出, 当年的种植面积达80万公顷以上。中国本地培育的抗环斑病毒番木瓜在2006年末被批准用于商业化生产。

22个转基因作物种植国中, 包括11个发展中国家和11个工业化国家。根据种植面积大小, 依次为美国、阿根廷、巴西、加拿大、印度、中国、巴拉圭、南非、乌拉圭、菲律宾、澳大利亚、罗马尼亚、墨西哥、西班牙、哥伦比亚、法国、伊朗、洪都拉斯、捷克共和国、葡萄牙、德国和斯洛伐克。这些国家中, 前8个国家的种植面积都超过了100万公顷。

印度的转基因棉花种植面积(380万公顷)首次超过了中国(350万公顷), 在全球排名中超过中国和巴拉圭, 上升到第五位。

2006年, 美国以及阿根廷、巴西、加拿大、印度和中国依然是全球转基因作物的主要种植国。美国的转基因作物种植面积占全球总种植面积的53%(5460万公顷), 其中约28%为具有两到三种遗传特性的复合性状品种。在美国、加拿大、澳大利亚、墨西哥、南非和菲律宾都种植了具有复合性状的转基因作物。多性状转基因作物的推广是转基因作物商业化生产的一种重要发展趋势。

2006年, 转基因大豆依然是最主要的转基因作物, 占全球转基因作物总种植面积的57%(5860万公顷), 其次是转基因玉米, (占25%, 2520万公顷)、转基因棉花(占13%, 1340万公顷)和转基因油菜(占5%, 480万公顷)。

(下转 498 页)