

人工合成小麦中 HMW-GS 6+8 和 1.5+10 的品质效应

汤永禄^{1,2}, 杨武云², 田纪春³, 李俊², 陈放¹

(¹四川大学生命科学学院, 成都 610081; ²四川省农业科学院作物研究所, 成都 610066; ³山东农业大学农学院, 山东泰安 250100)

摘要: 【目的】研究人工合成小麦中 6+8、1.5+10 HMW-GS 对小麦主要品质性状的影响。【方法】选用一份含 6+8 和 1.5+10 HMW-GS 的人工合成六倍体小麦 Syn-CD780, 与栽培品种川育 12-1 (CY12-1) (亚基组合为 1、7+8、2+12) 杂交, 构建 F₂ 重组近交系群体 (RIL), 分别在 3 个环境下种植 (G05、G06、J06), 测定 16 个品质参数。【结果】(1) 2 个亲本之间除 FY 之外, 其他品质性状均存在显著差异。籽粒和蛋白质参数 (TW、GH、GPC、FY、WGC、SED 等) 的群体均值在 G06、J06 环境下介于亲本之间; 粉质仪参数表现不一, 群体均值或处于亲本之间 (FWA、SOF) 或亲本范围之外 (DST、BRT、QN、NS、LOV 等)。(2) 所有品质性状在不同亚基组合之间均存在显著差异, 尤其是 GH、SED 和大部分粉质仪参数。同一 HMW-GS 编码位点上不同等位变异之间的差异, 因品质参数而异, 并受其它位点的影响。多数品质性状 6+8 优于 7+8, 1.5+10 与 2+12 差异不明显。(3) 不同亚基组合对小麦品质影响较大, LOV 和 BS 以 (1、6+8、1.5+10) 最高; NS 以 (1、7+8、1.5+10) 最高。NS 与 FN 呈正相关, 与其它品质参数的相关性因试验地点不同而存在较大差异; LOV 与 SOF 呈显著负相关、与多数品质参数呈显著正相关。【结论】来自人工合成六倍体小麦中的 HMW-GS 6+8 优于普通小麦中的 7+8, 1.5+10 则依品质参数和亚基组合方式而异。含 HMW-GS 6+8 和 1.5+10 的人工合成小麦在普通小麦品质改良上具有一定潜力。

关键词: 人工合成小麦; 重组近交系; 6+8 亚基; 1.5+10 亚基; HMW-GS; 亚基组合; 品质性状

Effect of HMW-GS 6+8 and 1.5+10 on Wheat Quality Traits in Synthetic Hexaploid Wheat

TANG Yong-lu^{1,2}, YANG Wu-yun², TIAN Ji-chun³, LI Jun², CHEN Fang¹

(¹College of Life Sciences, Sichuan University, Chengdu 610064; ²Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Science, Chengdu 610066; ³College of Agronomy/Shandong Agricultural University, Taian 250100, Shandong)

Abstract: 【Objective】This study was conducted to determine the effect of 6+8 and 1.5+10 HMW-GS on main quality parameters in synthetic hexaploid wheat. 【Method】A set of RILs derived from the cross between a synthetic hexaploid wheat with 6+8 and 1.5+10 HMW-GS and cultivar Chuanyu12-1 (CY12-1) with 1, 7+8, 2+12 was planted in three environments in 2005 and 2006. A total of 16 quality parameters were tested. 【Result】Significant difference between parents was observed for all quality parameters except flour yield. The mean values of the RILs were intermediate to the parents for grain and protein parameters and some Farinograph parameters (FWA, SOF), but beyond parents at DST, BRT, QN, NS, LOV. There was a significant difference among combinations of HMW-GS in all quality traits, especially in GH, SED, and most of Farinograph parameters. The difference between alleles at same locus was both influenced by quality parameter and other two loci. For most parameters tested, 6+8 was better than 7+8 while there was no difference between 1.5+10 and 2+12. End-use quality was greatly influenced by combinations of HMW-GS as the combination of 1, 6+8, 1.5+10 had the highest LOV and BS, and the combination of 1, 7+8 and 1.5+10 with the highest NS. NS displayed a positive linear relationship with FN and its relationships with other quality parameters were based on experimental environments. LOV had a significantly negative relationship with SOF and positive associations with most of quality

收稿日期: 2007-11-15; 接受日期: 2008-01-08

基金项目: 四川省青年基金 (04ZQ026-009), 四川应用基础项目, 四川省国际合作项目和国家科技支撑计划项目 (2006BAD01A02)

作者简介: 汤永禄 (1966-), 男, 重庆江津人, 研究员, 研究方向为小麦栽培与遗传生理。通讯作者陈放 (1960-), 男, 浙江诸暨人, 教授, 博士, 研究方向为植物发育生物学、植物天然产物及生物技术。Tel: 028-85412053; E-mail: chenfang@scu.edu.cn。通讯作者杨武云 (1965-), 男, 四川南充人, 研究员, 博士, 研究方向为作物资源与小麦遗传育种。Tel: 028-84504657; E-mail: yangwuyun@yahoo.com.cn

parameters. 【Conclusion】 HMW-GS 6+8 in synthetics showed better overall quality characteristics than 7+8. The effect of 1.5+10 on quality varies with quality parameters and combinations of HMW-GS. Synthetics with subunits 6+8 and 1.5+10 have potential application value in end-use quality improvement of common wheat.

Key words: Synthetic hexaploid wheat; RIL; Subunit 6+8; Subunit 1.5+10; HMW-GS; Combinations of HMW-GS; Quality traits

0 引言

【研究意义】小麦是人类赖以生存的最重要的粮食作物之一, 2005 年种植面积达到 2.2 亿公顷、总产 6.3 亿吨。不断提高小麦产量和改善品质, 是确保世界粮食安全的根本途径。利用野生近缘种或原始祖先种拓展和丰富小麦的遗传基础, 成为应对日益严重的病虫害压力和各种环境胁迫的关键^[1], 但直接采用没有生产性能的野生近缘种或原始祖先种进行杂交, 很难获得具有高产潜力的品种。因此, 远缘相关种质从来没有被用作提高小麦抗病、抗虫、抗逆改良的育种资源。由硬粒小麦 (*durum wheat*, $2n=4x=28$, AB 基因组) 和节节麦 (*A. tauschii* Coss., $2n=2x=14$, D 基因组) 杂交而成的人工合成六倍体小麦 (synthetic hexaploid wheats, SHW), 已被用作将野生祖先种优良抗性基因转移到栽培小麦的桥梁和手段^[1-3]。研究表明, SHW 在提高小麦抗病、抗逆和丰产潜力方面具有突出优势, 但能否在提高抗病抗逆性的同时, 改善小麦品质, 则成为许多育种家普遍担心的问题^[2]。因此, 加强人工合成小麦相关品质研究对于指导小麦育种和深入利用 SHW 资源, 具有重要意义。【前人研究进展】小麦高分子量谷蛋白亚基 (HMW-GS) 与小麦品质, 尤其是面包制作质量之间存在密切关系。在人工合成六倍体小麦中, 来自于硬粒小麦的 6+8 亚基出现频率较高, 同时还出现了一些来自于节节麦的新亚基, 如 1.5+10, 5+12 等^[4-6]。Pena 等研究发现, 含 1.5+10 或 5+12 的 SHW 的品质较好, 但涉及的品质指标很少。Nelson 等报道, 在人工合成小麦 (W7985) × 栽培小麦 OpataITMI 群体中有一些系的品质显著优于亲本材料^[7]。【本研究切入点】相对于抗病、抗逆性研究, SHW 相关品质研究非常少。另外, 由于普通小麦中 6+8 亚基出现频率较低^[8-11], 其品质效应研究也不深入^[12,13]。【拟解决的关键问题】四川省农业科学院作物研究所从 CIMMYT 引进了一大批 SHW, 并以此为材料育成了川麦 42 等高产抗病新品种^[3]。为了深入研究和挖掘利用 SHW 的优异基因, 改良四川小麦抗性和品质, 选用一份含 6+8 和 1.5+10 亚基且高抗条锈病的人工合成六倍体小麦 Syn-CD780, 与一个品质优良、

丰产性好的栽培品种川育 12-1 (CY12-1) (含 1、7+8、2+12 亚基) 杂交, 构建重组近交系群体 (RIL), 以研究 6+8 和 1.5+10 亚基对小麦品质性状的影响, 以及利用 SHW 协同改良小麦产量和品质的可能性。

1 材料与方法

1.1 试验材料

用于本研究的材料包括 131 份 F_8 重组近交系 (RIL) 及其亲本 (人工合成六倍体小麦 Syn-CD780 和普通栽培小麦品种 CY12-1)。

Syn-CD780 引自国际玉米小麦改良中心 (原编号 DW68-510), 其植株较高、熟期较迟, 但分蘖力强、高抗~免疫条锈病, 亚基组合为 (N, 6+8, 1.5+10)^[4]。川育 12 (CY12) 是中国科学院成都生物研究所选育的春性品种, 实际有 2 个系, CY12-1 (1, 7+8, 2+12) 和 CY12-4 (1, 7+8, 5+10), 用于本研究的为 CY12-1 (吴瑜私人通讯), 植株较矮、熟期较早, 磨粉品质和面条加工品质好, 但已丧失条锈病抗性^[14]。

1.2 田间试验

2005 年、2006 年连续两年在代表平原麦区的四川广汉市连山镇锦花村一社开展田间试验, 2006 年在代表川中浅丘麦区的四川井研县集益乡大同村四组安排田间试验。

广汉试验点质地属二泥, 前作水稻。土壤有机质含量 4.12%、全氮 0.253%、全磷 0.107%、全钾 1.941%, 速效氮 $169.3 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、速效磷 $17.7 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、速效钾 $106.6 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。试验采取随机区组设计, 3 次重复, 每个重复中每个亲本播 6 个小区。小区面积 2.16 m^2 , 宽 1.2 m、长 1.8 m, 6 行, 行距 20 cm、窝距 10 cm。10 月 27 日免耕撬窝播种, 每窝 6 粒, 出苗后通过匀苗将各小区基本苗控制在每平方米 180 苗左右。氮、磷、钾施用量分别为: 纯氮 $150 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ 、 P_2O_5 $60 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ 、 K_2O $40 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ 。氮肥为尿素, 磷肥为过磷酸钙, 钾肥为氯化钾。磷、钾肥全部用作底肥, 氮肥按 60% 底肥和 40% 拔节肥施用。

井研试验地为二台土, 质地粘壤, 前作玉米。土壤有机质含量 1.15%、全氮 0.061%、全磷 0.084%、全钾 2.595%, 速效氮 $58.16 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、速效磷 13.28

mg·kg⁻¹、速效钾 184.90 mg·kg⁻¹。随机区组设计, 2 次重复, 每小区 4 行, 每行长 1.5 m, 行距 25 cm, 窝距 10 cm。10 月 30 日播种, 每窝 7 粒, 出苗后通过匀苗将基本苗控制在每平米 200 苗。氮、磷、钾肥用量和用法同广汉试点。

两地均采用竹架和鱼网控制倒伏。同时, 从灌浆中期开始, 搭建塑料棚遮雨以消除降雨对遗传群体品质造成的干扰。塑料棚边沿高 1.8 m、顶梁高 2.5 m, 四周通风, 棚内外温差很小。防治锈病、白粉病和蚜虫各一次。收获之后, 将 2 个(井研)或 3 个重复(广汉)的籽粒等量混合, 用于品质测定。亲本按小区收

获, 并分别测定品质。

1.3 HMW-GS 分离鉴定

SDS-PAGE 电泳在中国科学院成都生物研究所进行, 方法参照周利等^[15]。同时, 采用 AS-PCR 方法检测 1.5+10 亚基^[16]。

1.4 品质测试

理化性状测试在山东农业大学进行, 面条、面包制作与评分在中国农业科学院作物科学研究所进行。因种子数量限制, J06 环境未进行面包制作与评分。

具体方法和标准见表 1。

1.5 数据处理与分析

表 1 品质性状、测试方法及试验环境

Table 1 Quality traits measured in RIL and RIL parents at different experimental environments

性状及单位 Traits (Units)	测试方法 Method of measurement	环境 Environment ¹⁾
容重(Test weight, TW) (g/1 000 ml)	上海衡器总厂 HGT-1000 型容量器, GB/T5498-1985 HGT-100 test-weight instrument, GB/T5498-1985	G05, G06
籽粒硬度(Grain hardness, GH) (-)	瑞典产 Perten SKCS4100 型单粒谷物硬度测定仪 Near infrared reflectance (NIR), Perten SKCES4100	G05, G06, J06
籽粒蛋白质含量(Grain protein content, GPC) (%)	瑞典 Perten DAT200 型近红外分析仪, AACC Near infrared reflectance (NIR), Perten DAT200	G05, G06, J06
出粉率(Flour yield, FY) (%)	中国无锡 BuHLER BuHLER, Wuxi, China	G06, J06
Zeleny 沉降值(Sedimentation volume, SED) (ml)	ICC Standard No. 116/1 according to Zeleny	G06, J06
湿面筋含量(Wet gluten content, WGC) (%)	瑞典 Perten 2200 型面筋仪, 干面筋 GB/T14607-93, 湿面筋 GB/T14608-93 Perten 2200, dry and wet gluten according to GB/T14607-93 and GB/T 14608-93	G05, G06, J06
降落值(Falling number, FN) (s)	瑞典 Perten 1500 真菌型降落值仪, GB10361-89 Perten 1500, GB10361-89	G05, G06, J06
面粉吸水率(Flour water absorption, FWA) (%)	德国 BRABENDER 粉质仪, AACC54-21 BRABENDER, AACC54-21	G05, G06, J06
面团形成时间(Dough development time, DDT) (min)	德国 BRABENDER 粉质仪, AACC54-21 BRABENDER, AACC54-21	G05, G06, J06
面团稳定时间(Dough stability time, DST) (min)	德国 BRABENDER 粉质仪, AACC54-21 BRABENDER, AACC54-21	G05, G06, J06
软化度(Farinograph softening, SOF) (B.U.)	德国 BRABENDER 粉质仪, AACC54-21 BRABENDER, AACC54-21	G06, J06
断裂时间(Breakdown time, BRT) (min)	德国 BRABENDER 粉质仪, AACC54-21 BRABENDER, AACC54-21	G06, J06
评价值(Quality number, QN)	德国 BRABENDER 粉质仪, AACC54-21 BRABENDER, AACC54-21	G06, J06
面包体积(Loaf volume, LOV) (ml/100 g flour)	NATIONAL 发酵烘烤装置, GB/T14611-1993 NATIONAL baking instrument, GB/T14611-1993	G06
面包评分(Bread score, BS) (-)	NATIONAL 发酵烘烤装置, GB/T14611-1993 NATIONAL baking instrument, GB/T14611-1993	G06
面条评分(Noodle score, NS) (-)	LS/T320-1993	G06, J06

¹⁾ 缩写代表含义: G: 广汉; J: 井研; 05: 2005; 06: 2006

¹⁾ Abbreviation of the location[Jingyan(J),Guanghan(G)] and the year[2005(05), 2006(06)]

用 EXCEL 和 DPS6.55 版本进行数据处理。

2 结果与分析

2.1 群体主要品质性状

方差分析表明(数据略), 各品质性状在基因型之间和环境之间均达极显著水平。因此, 分环境将 RIL 群体及其亲本的主要品质参数列于表 2。

从表 2 看出, 两个亲本之间 FY 在 G06 和 J06 两种环境条件下、TW 在 G05 环境下及 DDT 在 G06 环境下差异不显著, 其它各性状在其所处的环境条件下均达显著或极显著差异。其中, 5 个性状(TW、DST、BRT、QN、NS) CY12-1 高于 Syn-CD780, 其余 8 个性状(GH、GPC、WGC、SED、FWA、DDT、SOF、LOV) 则相反。

表 2 RIL 群体及其亲本的主要品质性状

Table 2 Major quality traits in RIL and RIL parents

环境 Environ- ments	RIL 群体及 其亲本 RIL and RIL parents	TW	GH	GPC	FY	WGC	SED	粉质仪参数 Farinograph parameters						NS	LOV
								FWA	DDT	DST	SOF	BRT	QN		
G05	范围 Range	660~804	-2.8~73.2	11.9~17.0	/	16.5~44.4	/	52.5~67.5	1.1~11.3	1.0~20.3	/	/	/	/	/
	平均数 Mean	762.8	26.6	14.3	/	29.2	/	59.3	5.1	6.2	/	/	/	/	/
	标准误 SE	24.5	12.2	1.03	/	4.0	/	2.6	1.8	3.5	/	/	/	/	/
	CY12-1	756	22.7	14.3	/	29.8	/	56.5	2.0	13.1	/	/	/	/	/
	Syn-CD780	753	37.7	16.6	/	32.3	/	65.1	7.8	7.3	/	/	/	/	/
	DBP	3 ⁿ	-15.0**	-2.3**	/	-2.5*	/	-8.6**	-5.8*	5.8**	/	/	/	/	/
G06	范围 Range	727~829	-1.7~75.6	10.3~15.9	62.6~76.1	18.8~42.4	12.0~51.8	52.7~65.0	0.5~6.0	1.3~13.2	5.2~164.0	0.4~13.0	4.0~130.0	63~83	525~865
	平均数 Mean	798.1	26.2	13.1	70.8	30.3	31.7	58.2	3.3	4.2	71.3	5.4	54.3	75.3	688.9
	标准误 SE	17.8	12.3	0.93	2.5	3.3	7.5	2.5	1.0	2.0	24.9	1.8	18.0	3.0	62.2
	CY12-1	807	21.9	12.3	70.2	28.6	35.1	56.2	5.8	9.7	31.0	10.8	108	73	614
	Syn-CD780	778	32.3	15.4	72.5	36.3	41.8	62.1	4.7	5.2	62.0	7.3	73	70	668
	DBP	29*	-10.4**	-3.1**	-2.3n	-7.7**	-6.7**	-5.9**	1.1n	4.5**	-31.0**	3.5*	35.0**	3.0*	-54**
J06	范围 Range	/	-14.4~67.2	10.6~13.9	64.9~76.4	14.8~34.7	11.9~39.8	51.1~64.3	0.9~6.2	1.1~11.6	16.0~123.0	1.4~10.8	14.0~108.0	54~78	/
	平均数 Mean	/	22.2	12.1	71.4	23.0	25.0	58.5	2.3	4.1	62.2	4.8	48.1	68.9	/
	标准误 SE	/	12.1	0.74	2.1	3.4	6.6	2.2	1.1	1.9	21.9	2.0	20.0	4.4	/
	CY12-1	/	21.4	11.5	72.2	20.6	24.8	57.3	1.7	7.0	24.0	7.7	77.0	78	/
	Syn-CD780	/	32.1	14.3	69.1	28.8	39.7	59.9	4.7	5.1	71.0	6.9	69.0	74	/
	DBP	/	-10.7**	-2.8**	3.1n	-8.2**	-14.9**	-2.6*	-3.0*	1.9**	-47.0**	0.8*	8.0*	4.0*	/

SHW: 人工合成六倍体小麦; RIL: 重组近交系。*, **和 n 分别代表 0.05, 0.01 水平上有差异和无显著差异。缩写含义与表 1 同

DBP: Difference between parents (CY12-1 — Syn-CD780). *, ** and n mean significant at 0.05, 0.01 and no difference, respectively. Abbreviations represent the same denotation as in table 1, the same as below

各品质性状在群体中的变异幅度很大, 尤其是容重、籽粒硬度、公差指数、评价值、面包体积等。TW、GH、GPC、FY、WGC 和 SED, 在 G06、J06 2 个环境下群体平均值都介于 2 个亲本之间, 只有 G05 环境下 TW、WGC 例外。粉质仪参数相对复杂一些, 3 个环境下的 FWA 群体均值均介于两亲本之间, DDT 在 G06 环境明显低于两亲本。其他粉质仪参数(DST、SOF、BRT、QN、NS、LOV)除 J06 的 SOF 外, 群体均值都落在 2 个亲本值范围之外, 尤其是 DST、BRT、QN 的群体均值低于最低亲本。不过, 3 个小麦品质指标 NS 和 LOV 在 G06 环境下的群体均值均高于最高亲本。

将 3 个环境的数据平均后进行统计分析表明(数据略), TW、GH、FY、WGC、FN、NS、LOV 等品质参数, 都存在一定数量的超亲品系, 其参数值显著高于相应的最高亲本。其中, 有 13 个系的 TW 显著高于 CY12-1, 有 5 个系的 GH 显著高于 Syn-CD780, 有 2 个系的 FY 显著高于 CY12-1, 有 1 个系的 WGC 显著高于 Syn-CD780, 有 10 个系的 FN 显著高于 CY12-1, 有 5 个系的 NS 显著高于 CY12-1, 有 6 个系的 LOV 显著高于 Syn-CD780。但 SED、FWA、DDT、DST、SOF、BRT、QN 等参数均没有显著高于相应最高亲本的品系。

2.2 HMW-GS 组合及同一位点不同亚基之间的品质差异

根据 SDS-PAGE 和分子检测分析结果, 亲本 Syn-CD780 和 CY12-1 的 HMW-GS 类型分别为 N (*Glu-A1*)、6+8 (*Glu-B1*)、1.5+10 (*Glu-D1*) 和 1 (*Glu-A1*)、7+8 (*Glu-B1*)、2+12 (*Glu-D1*)。在 RIL 群体中出现的亚基组合类型有 8 种: (N、6+8、1.5+10), (N、6+8、2+12), (N、7+8、1.5+10), (N、7+8、2+12), (1、6+8、1.5+10), (1、6+8、2+12), (1、7+8、1.5+10), (1、7+8、2+12)。

按不同亚基组合和 HMW-GS 编码位点 2 种方式, 将品质参数和产量列于表 3、表 4。

从表 3、表 4 可以看出, 对于所有品质参数, 不同亚基组合之间都存在显著差异, 但变异程度因品质参数不同而不同, 变异系数(C.V.)从 0.7 (FY)到 20.2 (DST)不等。磨粉品质和蛋白质性状当中, GH、SED 的 C.V.很大, 其余较小; 在粉质仪参数中, 仅 FWA 的 C.V.值较小(1.5), 而其余都很大。

1.5+10 与 2+12 比较: 如果不考虑 *Glu-A1*、*Glu-B1* 位点效应, 2+12 和 1.5+10 亚基之间仅在 FWA、DST、QN 3 个粉质仪参数上存在显著差异, 1.5+10 的面粉吸水率显著高于 2+12, 但 2+12 的面团稳定时间和评价

值都显著高于 1.5+10。磨粉品质和蛋白质性状方面, 1.5+10 的 GH、GPC、WGC 高于 2+12, FY、SED、FN 等参数则相反, 但都未达到显著水平。

3 个位点中有 2 个位点相同的情况下, 更能反映某一个编码位点上不同亚基之间的差异。当 *Glu-A1* 为 1、*Glu-B1* 为 7+8 时, 有 3 个参数(FN、DST、SOF) 1.5+10 优于 2+12, 但差异不显著; 其余参数则是 2+12 优于 1.5+10, 且 GH、WGC、FWA 和 QN 都达到了显著水平。如果 *Glu-A1* 为 1、*Glu-B1* 从 7+8 变为 6+8 时, 1.5+10 和 2+12 的各参数值就发生了很大变化, 原本存在显著差异的 GH 和 WGC 两参数, 两亚基之间的差异缩小且不显著了, 而原本不显著的 DST 却以 2+12 显著高于 1.5+10 的形式出现。当 *Glu-A1* 为 N、*Glu-B1* 为 7+8 时, 所有品质参数都是 1.5+10 优于 2+12, 但只有 GH、GPC 两参数达到显著水平; 如果 *Glu-A1* 为 N、*Glu-B1* 从 7+8 变为 6+8 后, GH、FY、GPC、WGC、FWA 等性状 1.5+10 优于 2+12, 其余性状则相反, 不过只有 FWA 和 QN 两个参数达到显著水平。很明显, D1 位点 1.5+10 亚基对品质参数的影响程度取决于另外两个位点。

7+8 与 6+8 比较: 不考虑 *Glu-A1*、*Glu-D1* 位点效应的情况下, 两个品质参数(GH、WGC) 7+8 显著高于 6+8, FY、GPC、FWA 等 3 个参数二者相当, 而 SED、FN、DST、SOF、BRT、QN 等都是 6+8 显著优于 7+8。进一步分析发现, 当 A1 位点为 1、D1 位点为 2+12 时, GH、WGC、FWA 仍然是 7+8 显著高于 6+8, FY、GPC 二者差异不显著, 而 SED、FN 和多数粉质仪参数仍以 6+8 亚基为优; 当 A1 位点为 1、D1 位点为 1.5+10 时, 仅有 2 个参数 6+8 亚基次于 7+8 亚基, 但都不显著, 而其它所有参数都是 6+8 优于 7+8, 其中 6 个达到显著性差异; 当 A1 位点为 N、D1 位点为 2+12 时, 绝大多数品质参数都以 6+8 优于 7+8, 其中 6 个参数达到显著水平; 当 A1 位点为 N、D1 位点从 2+12 变为 1.5+10 之后, 总体趋势一致, 即多数参数以 6+8 为优, 其中 SED、FN、SOF、QN 等参数达显著差异。无论采取哪种比较方法, 6+8 总体上优于 7+8。

1 与 N 比较: 不考虑 *Glu-B1*、*Glu-D1* 位点效应的情况下, 除 FY 参数之外, *Glu-B1* 位点上 1 亚基均优于 N 亚基, 其中 GH、SED 和所有粉质仪参数都达到显著水平。当 B1 位点为 7+8、D1 位点为 2+12 时, 仍然是 1 亚基显著优于 N 亚基; 当 B1 位点为 7+8、D1 位点为 1.5+10 时, 1 与 N 的差异因品质参数而异, 其中 GH、WGC 和 FWA, 1 亚基反而不及 N, 说明 D1

表 3 磨粉品质、蛋白质性状及产量 HMW-GS 组合的平均值、标准差及差异显著性比较 (2 个或 3 个环境平均)

Table 3 Mean values and SE of each HMW-GS combination for milling and protein traits (The average of two or three environment levels)

等位基因组 Allelic group	家系数 No. of lines	GH			FY			GPC			WGC			SED			FN			GY		
		平均 Mean	标准差 SD ¹⁾	显著水平 Sig. ²⁾	平均 Mean	标准差 SD	显著水平 Sig.															
1,7+8, 2+12	14	30.1	18.0	a	71.8	2.4	a	13.5	0.9	a	28.7	3.6	a	28.9	6.9	ab	371	68	ab	6.10	0.48	a
1,7+8,1,5+10	9	20.7	11.0	d	71.3	2.4	ab	13.2	0.6	ab	26.3	2.6	c	26.4	6.7	bc	380	46	ab	6.20	0.48	a
1,6+8, 2+12	20	23.9	11.1	cd	71.1	2.2	ab	13.1	0.8	ab	26.8	2.8	bc	31.0	7.3	a	387	48	a	6.17	0.45	a
1,6+8,1,5+10	14	28.0	9.1	abc	70.0	2.1	b	13.5	0.9	a	28.3	3.2	ab	32.1	5.3	a	370	62	ab	6.15	0.50	a
N,7+8,2+12	15	21.7	6.0	d	71.2	2.2	ab	12.8	1.0	b	27.3	4.2	abc	22.5	5.6	d	344	56	b	6.31	0.53	a
N,7+8,1,5+10	13	29.5	17.1	ab	71.3	2.9	ab	13.3	1.0	a	28.2	4.9	ab	24.7	6.7	cd	346	51	b	6.14	0.61	a
N,6+8,2+12	23	22.1	11.0	d	71.1	1.6	ab	13.1	1.0	ab	27.1	3.7	abc	30.2	7.5	a	380	44	ab	6.23	0.56	a
N,6+8,1,5+10	21	24.4	7.5	bcd	71.2	2.6	ab	13.3	0.7	a	27.4	3.0	abc	29.0	5.5	ab	379	46	ab	5.98	0.79	a
C.V.	/	14.7	/	/	0.7	/	/	1.8	/	/	3.0	/	/	11.7	/	/	4.4	/	/			
<i>Glu-A1</i> 等位基因																						
<i>Glu-A1</i> alleles																						
N	72	24.0	10.9	b	71.2	2.0	a	13.1	0.8	a	27.4	3.5	a	27.3	6.4	b	366	46	a	6.16	0.56	a
1	57	25.9	12.9	a	71.0	2.0	a	13.3	0.7	a	27.6	2.8	a	30.0	6.1	a	378	51	a	6.12	0.61	a
<i>Glu-B1</i> 等位基因																						
<i>Glu-B1</i> alleles																						
6+8	78	24.2	9.9	b	70.9	1.8	a	13.2	0.7	a	27.3	2.8	b	30.4	5.6	a	380	44	a	6.09	0.47	a
7+8	51	25.8	14.4	a	71.4	2.2	a	13.2	0.8	a	27.7	3.7	a	25.5	6.4	b	358	52	b	6.19	0.42	a
<i>Glu-D1</i> 等位基因																						
<i>Glu-D1</i> alleles																						
1.5+10	57	25.9	11.3	a	70.9	2.3	a	13.3	0.7	a	27.6	3.2	a	28.4	5.8	a	370	48	a	6.08	0.55	a
2+12	72	24.1	12.2	a	71.3	1.7	a	13.1	0.8	a	27.4	3.2	a	28.6	6.8	a	373	49	a	6.20	0.60	a

1) 标准差; 2) HMW 麦谷蛋白基因型间的显著差异通过 LSD 测试法比较。下同

1) Standard deviation; 2) Significant differences between HMW glutenin genotypes were compared with LSD test. The same as below

表 4 粉质仪参数 HMW-GS 组合的平均值、标准差及差异显著性比较 (3 个环境平均)

Table 4 Mean values and SE of each HMW-GS combination for Farinograph parameters (the average of three environment levels)

HMW 麦谷蛋白 基因型 HMW glutenin genotype	家系数 No. of lines	FWA			DDT			DST			SOF			BRT			QN		
		平均 Mean	标准差 SD	显著水平 Sig.															
1,7+8, 2+12	14	59.5	2.9	a	3.8	1.3	ab	4.6	1.9	bc	67	24	b	5.3	1.8	ab	53.1	18.0	bc
1,7+8,1.5+10	9	57.8	2.3	c	3.3	1.2	bcd	4.8	2.1	bc	63	25	b	4.8	2.1	bcd	47.5	21.2	cd
1,6+8, 2+12	20	58.3	2.0	bc	4.1	1.5	a	6.2	3.0	a	57	24	b	5.9	2.2	a	58.6	21.9	a
1,6+8,1.5+10	14	59.8	1.8	a	3.9	1.2	a	4.9	1.8	b	62	24	b	5.6	1.6	ab	55.7	16.4	ab
N,7+8,2+12	15	57.6	2.4	c	2.8	0.8	d	3.2	1.0	d	82	20	a	3.9	0.9	d	39.1	9.2	e
N,7+8,1.5+10	13	59.5	3.0	a	3.0	1.2	cd	3.7	2.0	cd	81	23	a	4.2	1.4	cd	42.0	14.3	e
N,6+8,2+12	23	57.9	2.3	c	3.8	1.4	ab	5.6	2.9	ab	60	18	b	5.7	2.0	ab	57.0	20.2	a
N,6+8,1.5+10	21	58.9	1.9	ab	3.5	1.0	abc	4.7	2.5	bc	68	21	b	5.1	1.9	abc	50.5	18.5	cd
C.V.	/	1.5	/	/	13.0	/	/	20.2	/	/	13.8	/	/	14.2	/	/	14.1	/	/
<i>Glu-A1</i> 等位基因																			
<i>Glu-A1</i> alleles																			
N	72	58.4	2.1	b	3.4	1.0	b	4.5	2.0	b	70.7	19.7	a	4.9	1.5	b	48.7	15.1	b
1	57	58.9	2.1	a	3.8	1.0	a	5.3	2.0	a	61.5	21.3	b	5.5	1.6	a	54.8	16.0	a
<i>Glu-B1</i> 等位基因																			
<i>Glu-B1</i> alleles																			
6+8	78	58.6	1.8	a	3.8	1.0	a	5.4	2.2	a	61.6	18.6	b	5.5	1.5	a	55.4	15.2	a
7+8	51	58.7	2.5	a	3.2	1.0	a	4.0	1.5	b	74.2	22.0	a	4.5	1.5	b	45.1	14.6	b
<i>Glu-D1</i> 等位基因																			
<i>Glu-D1</i> alleles																			
1.5+10	57	59.1	2.0	a	3.5	0.9	a	4.6	1.8	b	68.5	20.7	a	4.9	1.5	a	49.4	14.8	b
2+12	72	58.3	2.2	b	3.7	1.1	a	5.1	2.2	a	65.1	21.0	a	5.3	1.6	a	52.9	13.2	a

位点的改变对1亚基的效应影响较大；当B1位点为6+8、D1位点为2+12时，除WGC外的所有参数，1亚基都略优于N，但都未达显著水平；当B1位点为6+8、D1位点从2+12变为1.5+10之后，对于绝大多数品质指标，仍然以1亚基为优，但只有粉质仪参数QN达到显著水平。总体上1亚基优于N亚基。

2.3 不同亚基组合小麦品质差异及同一亚基组合内的小麦品质变化

统计检验表明（数据略），对于所测品质参数，同一亚基组合内不同株系之间均存在极显著差异，其标准差列于表3、表4。

将不同亚基组合的平均面包体积（LOV）、面包评分（BS）和面条评分（NS）分别绘于图1~图4。从图1看出，在同样含1.5+10亚基的情况下，以（1、6+8、1.5+10）亚基组合的面包体积最大，且极显著高于（N、6+8、1.5+10）、（1、7+8、1.5+10）、（N、7+8、1.5+10）亚基组合。在（1、6+8、1.5+10）亚基组合内，最高面包体积为792 ml、最低为630 ml，标准差50.7 ml。同样，平均面包评分仍然以（1、6+8、1.5+10）亚基组合最高（73.8分），分别比（N、6+8、1.5+10）、（1、7+8、1.5+10）、（N、7+8、1.5+10）亚基组合的平均面包评分高18.2%、23.4%、35.9%。并且，含（1、6+8、1.5+10）亚基组合的R109、R126株系的面包评分达到了81.5分和83分（图2）。

2006年广汉试点的面条评分（图3）则以（1、7+8、1.5+10）亚基组合最高（76.3分），不过与其他亚基组合的绝对差异不是很大，仅比最低的（N、6+8、

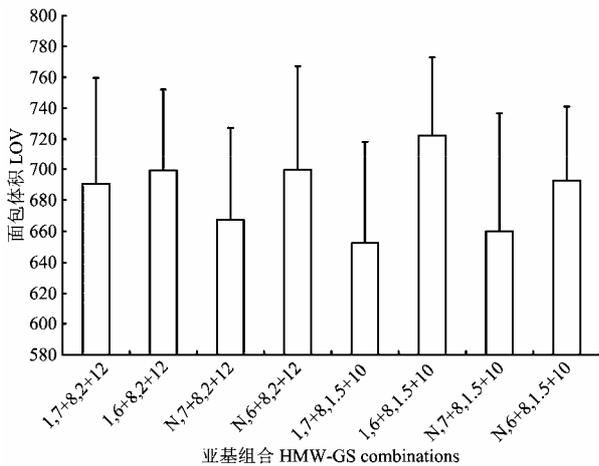


图1 2006年广汉试点各亚基组合的平均面包体积
Fig. 1 Mean loaf volume (LOV) of each HMW-GS combination at G06

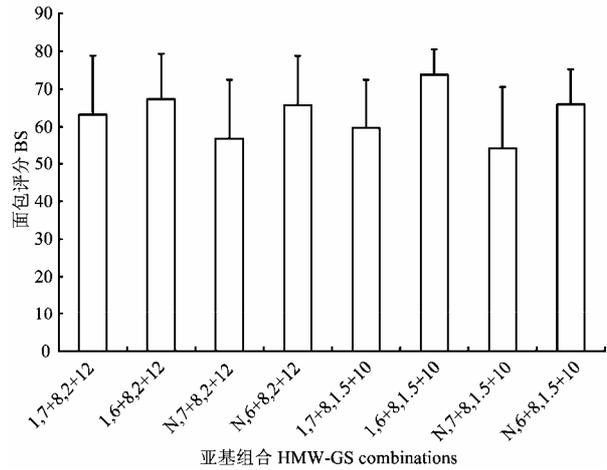


图2 2006年广汉试点各亚基组合的平均面包评分
Fig. 2 Mean bread-making score (BS) of each HMW-GS combination at G06

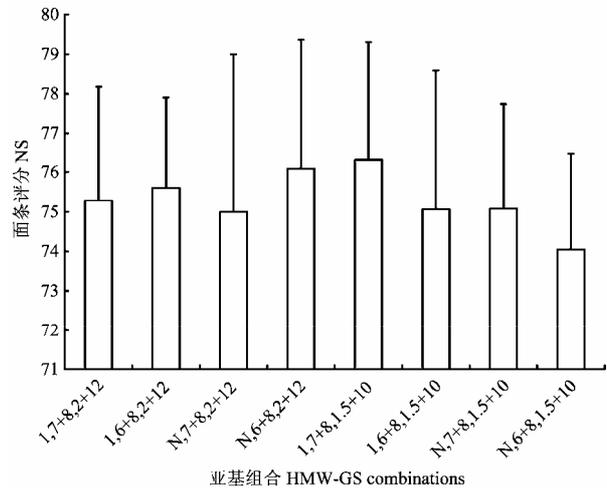


图3 2006年广汉试点各亚基组合的平均面条评分
Fig. 3 Mean noodle score (NS) of each HMW-GS combination at G06

1.5+10)亚基组合高3.1%。在（1、7+8、1.5+10）亚基组合内，株系R2、R8的面条评分达到81分和80分；在（1、6+8、1.5+10）亚基组合中也有R1、R36、R79株系的面条评分达到80分。并研试点的面条评分（图4）与广汉试点稍有差异，最高评分是（N、6+8、2+12），其次是（1、6+8、1.5+10）和（1、6+8、2+12）亚基组合。

2.4 品质性状间及其与籽粒产量间的相关分析

将2个环境（G06、J06）的籽粒产量及主要品质性状间的相关系数列于表5、表6。

从表5可看出，面包体积LOV与GPC、WGC、

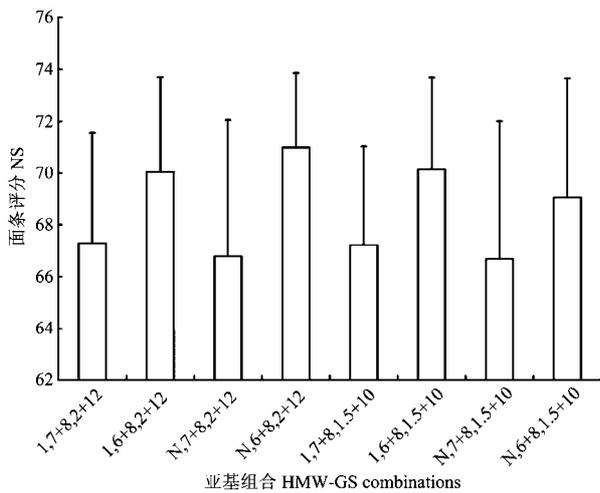


图 4 2006 年井研试点各亚基组合的平均面条评分

Fig. 4 Mean noodle score (NS) of each HMW-GS combination at J06

SED 及粉质仪参数 FWA、DDT、DST、BRT、QN 均呈极显著正相关，与弱化度 SOF 呈极显著的负相关。LOV 与 TW 之间存在一定的正相关、与 FY、FN、NS 之间有一定负相关关系，但都不显著。

面条评分 NS 仅与 1 个品质参数 (FN) 呈极显著正相关，与 TW、DST、BRT、QN 也有一定正相关，但未达显著水平。NS 与 GPC、WGC、FWA 等呈显著或极显著负相关关系 (表 5)。在井研试点，NS 与各品质参数的相关性在总体趋势上跟广汉试点一致，但在相关程度上有所差异，如广汉试点 NS 与 GH、SOF 虽呈负相关但不显著，而井盐点则呈显著的负相关；而原来相关显著的却变得不显著了，如 GPC、FN 等参数。

磨粉品质性状当中，容重 TW 与 GH、FY 呈显著正相关，与多数蛋白质性状和粉质仪参数也有一定程度的正相关，但都不显著。籽粒硬度 GH 与主要品质参数均呈正相关关系，其中与 GPC、WGC、FN、FWA、DDT 的相关达到显著或极显著水平 (表 5)。GPC 与其他品质参数的关系，两个试点之间的总体趋势一致，但某些指标的相关程度不同。

籽粒产量 GY 与多数品质参数呈显著负相关或相关不显著，仅与少数品质参数 (广汉 TW、井研 SOF) 呈显著的正相关关系 (表 5, 6)。

3 讨论

3.1 主要品质参数的群体分布

试验结果表明，磨粉和蛋白质性状 (主要包括 TW、GH、GPC、WGC、SED 等) 的群体均值大多介于两

个亲本之间，与 Carrillo 等的研究结果一致^[17]。但粉质仪参数在环境之间的波动较大，在 G06、J06 环境下多数介于亲本之外，且低于最低亲本。可能既有年际间生态环境差异之影响，也有受年度间测试稳定性的影响。不过，统计检验显示，各品质参数在群体中仍然呈正态分布 (数据略)。

TW、GH、FY、WGC、FN、NS、LOV 等品质参数都出现了数量不等的超亲品系，其参数值显著高于相应的最高亲本。但多数粉质仪参数都没有超亲品系出现。

3.2 6+8 和 1.5+10 亚基的品质效应

在已有的研究中，6+8 与 7+8 对小麦品质的影响差异很不一致。在 Payne 等^[18]、傅宾孝等^[19]、赵友梅等^[20]、潘幸来等^[21]的评分系统中，给 6+8 亚基的分值均为 1 分、7+8 的分值为 1.5~3 分不等。似乎认为 6+8 对面包制作品质的贡献不及 7+8。但也有不少研究显示，6+8 在许多品质指标上优于 7+8 或其它亚基。Sewa Ram 对硬粒小麦品种研究结果^[22]，6+8 的面团强度显著高于 20 亚基；Ammar K 等研究结果也显示，含 6+8 的硬粒小麦的面包烘焙品质总体上优于 7+8 或 20^[23]。Labuschagne 等研究，含 6+8 亚基的品系具有较高的面粉蛋白含量、吹泡仪 P/L 比值和较多的玻璃质颗粒，但和面时间较短、吹泡仪膨胀性和膨胀强度较低^[24]。Uhlen 认为 6+8 和 7+8 对面团延展性无显著性影响^[13]，但 Pena 等研究结果，6+8 的 P/G 显著高于 7+8，其它参数 (如 FP、SDSS、W、LV) 均无显著差异^[4]。

本研究结果表明，多数品质参数都是 6+8 优于 7+8。粉质仪参数中除 FWA、DDT 不显著外，6+8 的 DST、BRT、QN 均显著高于 7+8，SOF 则显著低于 7+8。SED、FN 等蛋白质性状也是 6+8 显著高于 7+8。最终反映在面包制作质量上，6+8 的面包体积和面包评分都高于 7+8。在以硬粒小麦为亲本的人工合成六倍体小麦中，6+8 亚基出现频率较高^[5-6]，当然也不排除人工合成六倍体小麦中的 6+8 亚基与普通小麦中的 6+8 亚基由不同基因编码的可能 (二者基因编码序列可能存在差异但是迁移率相似)。无论何种条件下，从本研究结果来看，利用 SHWs 作为小麦育种材料，不会对品质带来负面影响。

1.5+10 是一个源自节节麦的新亚基，其品质效应研究还非常少。Pena 等研究认为，含 1.5+10 的人工合成六倍体小麦，其总体品质优于 *Glu-D1* 位点其它任何亚基。在 *Glu-D1* 位点 13 种等位变异中，1.5+10 的面粉蛋白质含量和粉质仪参数 W (deformation energy)

都处于第 3 位, 沉降值处于第 7 位、P/G 比值处于第 5 位、面包体积居第 1 位。本研究结果, 在不考虑 *Glu-A1*、*Glu-B1* 位点效应的情况下, *Glu-D1* 位点上 1.5+10 与 2+12 仅在 FWA、DST、QN 等 3 个参数上存在显著差异(1.5+10 的 FWA 显著高于 2+12, 但 DST 和 QN 都显著低于 2+12)。当 *Glu-A1*、*Glu-B1* 位点都相同的情况下, 2+12 与 1.5+10 的效应差异取决于 *A1*、*B1* 位点上具体的亚基及其组合, 当 *Glu-A1* 为 N、*Glu-B1* 为 7+8 时, 所有品质参数都是 1.5+10 优于 2+12; 当 *Glu-A1* 为 N、*Glu-B1* 为 6+8 时, GH、FY、GPC、WGC、FWA 等性状 1.5+10 优于 2+12。结果还显示, 1.5+10 对小麦品质的影响较大, 特别是与 1、6+8 亚基组合形成(1、6+8、1.5+10)后对面包体积和面包评分的正向效应较大, 与 1、7+8 亚基组合形成(1、7+8、1.5+10)后对面条评分的正向效应较大。

3.3 品质与产量协同改进的可能性

相关分析表明, 产量与大多数品质参数呈负相关关系, 似乎改善品质与提高产量难以同步实现, 这同前人的很多研究结果一致^[25]。但是, 不同亚基组合之间、同一位点不同等位变异之间, 对籽粒产量并没有显著影响(表 3-1), 与赵和等人的研究结果一致^[26], 说明通过改良亚基和亚基组成有可能会达到品质和产量协调提高的目的。Carrillo 等认为, *Glu-D1* 位点比 *Glu-A1*、*Glu-B1* 位点对产量的影响更大^[17], 这可能与所用遗传材料和试验环境不同有关。有关亚基和亚基组合对产量的影响还有待进一步深入研究。

4 结论

同一 HMW-GS 编码位点上不同等位变异之间品质效应的差异, 因品质参数而异, 并受其他位点的影响。当 *Glu-A1* 为 N 时, 无论 *Glu-B1* 为 7+8 还是 6+8, 大多数品质参数都是 1.5+10 优于 2+12, 尤其是磨粉和蛋白质性状(GH、FY、GPC、WGC 等)。1.5+10 对小麦品质影响较大, 特别是与 1、6+8 亚基组合形成(1、6+8、1.5+10)后对面包体积和面包评分的贡献较大, 与 1、7+8 亚基组合形成(1、7+8、1.5+10)后对面条评分的贡献较大。而 6+8 亚基总体品质显著优于 7+8, 至于人工合成六倍体中的 6+8 亚基是否与普通小麦中的 6+8 亚基属于相同基因编码, 尚需进一步分析验证。

总之, 本文研究表明, 含 HMW-GS6+8 和 1.5+10 的人工合成六倍体在小麦品质改良方面具有一定潜力。

References

- [1] Hajjar R, Hodgkin T. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica*, 2007, 156: 1-13.
- [2] Van Ginkel M, Francis O. Novel genetic diversity from synthetic wheats in breeding cultivars for changing production conditions. *Field Crops Research*, 2007, 104: 86-94.
- [3] 汤永禄, 朱华忠, 李朝芬, 黄 钢, 余秀芳, 陈 放, 杨武云. 利用人工合成六倍体小麦育成的新品种川麦 42 的生态适应性及产量潜力研究. *西南农业学报*, 2007, 20(2): 275-280.
Tang Y L, Zhu H Z, Li C S, Huang G, Yu X F, Chen F, Yang W Y. Study on ecological adaptability and yield potential of new wheat cultivar "Chuanmai42" derived from synthetic hexaploid wheat. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2007, 20(2): 275-280. (in Chinese)
- [4] Pena R J, Zarco-Hernandez J, Mujeeb-Kazi A. Glutenin subunit compositions and bread-making quality characteristics of synthetic hexaploid wheats derived from *Triticum turgidum*×*Triticum tauschii* (coss.) Schmal crosses. *Journal of Cereal Science*, 1995, 21: 15-23.
- [5] 陈国跃, 李立会. 人工合成六倍体小麦的高分子量谷蛋白亚基组成分析. *麦类作物学报*, 2005, 25(1): 94-97.
Chen G Y, Li L H. Composition analysis of high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS) in synthetic hexaploid wheat. *Journal of Triticeae Crops*, 2005, 25(1): 94-97. (in Chinese)
- [6] 张义荣, 倪中福, 梁荣奇, 李继刚, 李保云, 刘广田. 从 CIMMYT 引进的人工合成六倍体小麦高分子量谷蛋白亚基组成分析. *中国农业大学学报*, 2001, 6(3): 38-43.
Zhang Y R, Ni Z F, Liang R Q, Li J G, Li B Y, Liu G T. Compositions of high molecular weight glutenin subunits in synthesized hexaploid wheat introduced from CIMMYT. *Journal of China Agricultural University*, 2001, 6(3): 38-43. (in Chinese)
- [7] Nelson J C, Andreescu C, Breseghello F, Finney P L, Gualberto D G, Bergman C J, Pena R J, Perretant M R, Leroy P, Qualset C O, Sorrells M E. Quantitative trait locus analysis of wheat quality traits. *Euphytica*, 2006, 149: 145-159.
- [8] 刘 丽, 阎 俊, 张 艳, 何中虎, Pena R J, 张立平. 冬播麦区 *Glu-1* 和 *Glu-3* 位点变异及 1B/1R 易位与小麦加工品质性状的关系. *中国农业科学*, 2005, (10): 1944-1950.
Liu L, Yan J, Zhang Y, He Z H, Pena R J, Zhang L P. Allelic variation at the *Glu-1* and *Glu-3* loci and presence of 1B/1R translocation, and their effects on processing quality in cultivars and advanced lines from autumn-sown wheat regions in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2005, (10): 1944-1950. (in Chinese)
- [9] 高 翔, 全胜利, 张改生. 150 个小麦品种高分子量谷蛋白亚基组成与蛋白质含量和沉降值关系的研究. *西北植物学报*, 2005, (2):

- 299-303.
- Gao X, Tong S L, Zhang G S. Relationship between composition of high-molecular-weight subunits and protein contents and sedimentation values in 150 wheat varieties. *Acta Botanica Boreali Occidentalia Sinica*, 2005, (2): 299-303. (in Chinese)
- [10] 宋建民, 吴祥云, 刘建军, 刘爱峰, 赵振东, 刘广田. 小麦品质的白谷蛋白亚基评定标准研究. *作物学报*, 2003, (6): 829-834.
- Song J M, Wu X Y, Liu J J, Liu A F, Zhao Z D, Liu G T. Study on quality scoring system assessed by wheat high-molecular-weight glutenin subunits. *Acta Agronomica Sinica*, 2003, (6): 829-834. (in Chinese)
- [11] 张玲丽, 李秀全, 杨欣明, 李洪杰, 王 辉, 李立会. 小麦优良种质资源高分子量麦谷蛋白亚基组成分析. *中国农业科学*, 2006, 39(12): 2406-2414.
- Zhang L L, Li X Q, Yang X M, Li H J, Wang H, Li L H. High-molecular-weight glutenin subunit composition of chinese wheat germplasm. *Scientia Agricultura Sinica*, 2006, 39(12): 2406-2414. (in Chinese)
- [12] 吴 芳, 潘志芬, 韩兆雪, 刘 毅, 邓光兵, 余懋群. 普通小麦 HMW 谷蛋白亚基与蛋白质含量和沉降值的关系. *种子*, 2006, 25(7): 5-8.
- Wu F, Pan Z F, Han Z X, Liu Y, Deng G B, Yu M Q. Relationship between composition of high-molecular-weight glutenin subunits and protein content and sedimentation values in common wheat. *Seed*, 2006, 25(7): 5-8. (in Chinese)
- [13] Færgestad E M, Flåte N E S, Magnus E M, Hollung K, Martens H, Uhlen A K. Relationships between storage protein composition, protein content, growing season and flour quality of bread wheat. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2004: 877-886.
- [14] 朱华忠, 敖栋辉. 小麦品质及加工. 见: 余 遥. 四川小麦. 成都: 四川科学技术出版社, 1998: 471-486.
- Zhu H Z, Ao D H. Wheat quality and processing. In: Yu Y. *Sichuan Wheat*. Chengdu: Sichuan Science Publishing House, 1998: 471-486. (in Chinese)
- [15] 周 利, 吴 瑜, 李竹林. 川育小麦高分子量谷蛋白亚基组成分析. *应用与环境生物学报*, 2004, (2): 150-153.
- Zhou L, Wu Y, Li Z L. High molecular weight glutenin subunits in Chuanyu wheats. *Chinese Journal of Applied Environmental Biology*, 2004, (2): 150-153. (in Chinese)
- [16] Lu C M, Yang W Y, Zhang W J, Lu B R. Identification of SNPs and development of allelic specific PCR markers for high molecular weight glutenin subunit *Dx1.5* from *Aegilops tauschii* through sequence characterization. *Journal of Cereal Science*, 2005, 41: 13-18.
- [17] Carrillo J M, Rousset M, Qualset C O, Kasarda D D. Use of recombinant inbred lines of wheat for study of associations of high-molecular-weight glutenin subunit alleles to quantitative traits. 1. Grain yield and quality prediction tests. *Theoretical and Applied Genetics*, 1990, 79: 321-330.
- [18] Payne P I, Corfield K G, Blackman J A. Identification of high molecule weight subunits of glutenin and bread-making quality in wheat of related pedigree. *Theoretical and Applied Genetics*, 1979, 55: 153-159.
- [19] 傅宾孝. 储藏蛋白电泳分析鉴定小麦基因型及其应用. *中国农学通报*, 1993, 9(1): 44-46.
- Fu B X. Analysis of wheat genotype and its application using storage protein electrophoresis. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 1993, 9(1): 44-46. (in Chinese)
- [20] 赵友梅, 王淑检. HMW 麦谷蛋白亚基的 SDS-PAGE 图谱在小麦品质研究中的应用. *作物学报*, 1990, 16(3): 208-218.
- Zhao Y M, Wang S J. The application of HMW glutenin subunits in the study of wheats baking quality property. *Acta Agronomica Sinica*, 1990, 16(3): 208-218. (in Chinese)
- [21] 潘幸来, 潘前颖, 史引红, 姚麦萍. 高分子量麦谷蛋白亚基的编号、基因、带谱及品质权重. *麦类作物*, 1999, (5): 16-19.
- Pan X L, Pan Q Y, Shi Y H, Yao M P. The code, gene and band of HMW-GS and their importance to quality. *Journal of Triticeae Crops*, 1999, (5): 16-19. (in Chinese)
- [22] Ram S. High molecular weight glutenin subunit composition of Indian wheats and their relationships with dough strength. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 2003, 12(2): 151-155.
- [23] Ammar K, Kronstad W E, Morris C F. Breadmaking quality of selected durum wheat genotypes and its relationship with high molecular weight glutenin subunits allelic variation and gluten protein polymeric composition. *Cereal Chemistry*, 2000, 77(2): 230-236.
- [24] Labuschagne M T, Vandeventer C S. The effect of Glu-B1 high molecular weight glutenin subunits on biscuit-making quality of wheat. *Euphytica*, 1995, 83(3): 193-197.
- [25] Cox T S, Sears R G, Bequette R K, Martin T J. Germplasm enhancement in winter wheat×*Triticum tauschii* backcross populations. *Crop Sciences*, 1995b, 35: 913-919.
- [26] 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他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)