

中国干面条品质性状的 QTL 分析

赵京岚^{1,2}, 陈民生², 马艳明¹, 李瑞军¹, 任勇攀², 孙庆泉¹, 李斯深¹

(¹ 山东农业大学农学院/国家作物生物学重点实验室, 山东泰安 271018; ² 泰山职业技术学院, 山东泰安 271000)

摘要: 【目的】分析影响面条品质性状的 QTL, 了解面条品质的遗传控制。【方法】利用 RIL 群体和 QTL 分析软件进行 QTL 分析。面条感官品质按商业部行业标准 (SB/T10137-93) 测定, 面条质构特性采用英国 TA.XTplus 型质构仪测定。【结果】检测到 8 个面条品质和质构特性的 10 个加性 QTL, 分别位于 1A、1D、3D、4A 和 6D 等 5 条染色体, 单个 QTL 贡献率变化范围为 4.07%~75.67%。在 1D 染色体 *Glu-D1* 附近检测到一个 QTL 簇, 包括适口性、粘性和光滑性等 3 个性状各 1 个 QTL, 贡献率较高, 增加效应均来自川 35050, QTL 间是正相关关系。在 4A 染色体上 *Xwmc420-Xswes620-Xswes615* 之间存在粘性和总分的 QTL, 贡献率较高, 其增加效应来自亲本山农 483, 是正相关关系。在 4A 染色体 *Xswes624c-Xissr25b* 间食味 QTL (*QStas.sdau-4A.1*) 贡献率高达 75.67%, 是一个主效基因位点, 其增加效应来自亲本山农 483。【结论】检测到 8 个影响面条品质和质构特性的 10 个加性 QTL, 分析了其在染色体上的位置和效应。

关键词: 小麦; 面条; 品质性质; 质构特性; QTL; RIL

QTL Mapping for Quality Traits of Chinese Dry Noodle

ZHAO Jing-lan^{1,2}, CHEN Min-sheng², MA Yan-ming³, LI Rui-jun¹, REN Yong-pan²,
SUN Qing-quan¹, LI Si-shen¹

(¹National Key Laboratory of Crop Biology/College of Agronomy, Shandong Agricultural University, Taian 271018, Shandong;

²Taishan Vocational and Technical College, Taian 271000, Shandong)

Abstract: 【Objective】This study was performed to map the QTLs for quality traits of Chinese dry noodle and understand the genetic control of noodle. 【Method】The QTLs for the noodle traits were mapped based on a population of recombinant inbred lines (RIL) derived from the cross between two Chinese winter wheat varieties, Chuan 35050 and Shannong 483. QTLMapper Version 1.0 was employed to analyze the QTLs. Noodle sensory qualities were tested according to the standard of the Ministry of Commerce of P. R. China (SB/T10137-93). The textural properties were detected using a Texture Analyser (TA.XTplus). 【Result】Ten additive QTLs for eight noodle quality traits with single QTL explaining 4.07%-75.67% of phenotypic variations on chromosomes 1A, 1D, 3D, 4A, and 6D were obtained. A cluster of three QTLs for noodle palate, elasticity and smoothness was found near the *Glu-D1* locus on 1D chromosome with high contributions. The increasing effects come from Chuan 35050 with positive relationship between the QTLs. On chromosome 4A, co-location QTLs for stickiness and total score were detected in region of *Xwmc420-Xswes620-Xswes615*. Their contributions were high and the increasing effects come from Shannong 483. A taste QTL, *QStas.sdau-4A.1*, was obtained in *Xswes624c-Xissr25b* region on chromosome 4A with a highest contribution of 75.67%. This QTL was a major gene with increasing effects from Shannong 483. 【Conclusion】 Chromosome locations and effects of ten additive QTLs for eight noodle quality traits were identified.

Key words: Wheat; Noodle; Quality trait; Textural property; QTL; RIL

收稿日期: 2007-09-24; 接受日期: 2008-01-09

基金项目: 农业结构调整重大技术研究专项 (06-02-04B)

作者简介: 赵京岚 (1972-), 女, 山东新泰人, 讲师, 研究方向为作物遗传育种。通讯作者李斯深 (1963-), 男, 山东即墨人, 教授, 研究方向为作物遗传育种。Tel: 05388242903; E-mail: ssli@sdau.edu.cn。通讯作者孙庆泉 (1968-), 男, 山东邹城人, 副教授, 研究方向为作物遗传育种。Tel: 0538-8242458; E-mail: qqsun18@163.com

0 引言

【研究意义】面条是中国的传统食品,有近两千年的悠久历史,是北方居民日常生活中最重要、最受欢迎的主食之一。面条也是世界上许多国家重要的食品之一^[1]。对面条品质性状进行 QTL 分析,可以了解面条品质的遗传控制,进而为面条品质的改良提供参考。**【前人研究进展】**面条品质的评价主要依赖于感官评价,随着质构仪器的诞生和不断改进,对面条品质进行仪器测定也逐步发展起来。目前,在面条品质与小麦品质指标的关系方面进行了大量研究。许多小麦品质指标,如蛋白质的含量和质量(包括 HMW-GS)^[2-8]、淀粉含量和糊化特性(包括 Waxy 基因)^[9-14]、面粉色泽^[15]等都与面条品质有关。面条品质性状是复杂的数量性状。利用分子标记图谱进行数量性状位点(quantitative trait loci, QTL)作图,可以建立 QTL 与分子标记的连锁关系,并确定 QTL 在染色体上的位置和效应大小。对于小麦品质性状的 QTL 分析已有许多报道^[16-20]。但尚未见对面条品质性状本身进行 QTL 分析的报道。**【本研究切入点】**笔者以小麦 RIL 群体为材料绘制了一张分子标记遗传图谱^[21],本文利用该图谱和 RIL 群体,进行中国干面条的感官品质性状和质构特性 QTL 分析。**【拟解决的关键问题】**了解控制中国干面条的感官品质性状和质构特性的加性 QTL 在染色体的位置及其效应。

1 材料与方法

1.1 材料

材料为稳定的重组自交系群体——RIL-8,其亲本组合为“川 35050×山农 483”。川 35050 为中国科学院成都生物研究所育成的大穗小麦品系;山农 483 为山东农业大学育成的小麦品系,其亲本之一为中国骨干亲本“矮孟牛”。1992 年配制杂交组合,2006 已到 F₁₄。2002~2003 年度,将 RIL-8 群体的 131 个系及其亲本在山东泰安种植,收获后测定其面条感官品质性状和质构特性。

1.2 面条的制作和感官品质鉴定

按中华人民共和国商业部行业标准(SB/T10137—93)进行面条的制作。制作过程作如下:称取 100 g 小麦粉,加入该种面粉所测粉质仪吸水率的 44% 的水,手工和面,面团在容器中室温下静置 20 min,手工压面机压面,室内自然风干 24 h,存放半个月备用,由经过培训的 6 人按 SB/T10137—93 的方法和标准进行

感官鉴定。

1.3 面条质构特性的测定

质构仪为英国 Stable Micro System 公司生产的 TA.XTplus 型,用 3 种不同的探头在压缩和拉伸模式下测定面条质构特性,TPA 参数按照文献[22]和[23]来选择,每样品至少重复 5 次,取平均值为该样品的最终测定结果。

1.4 QTL 作图方法

QTL 作图采用 QTLMapper Version 1.0 软件^[23]。有关选项如下: BGV (background genetic variation) 控制为 Main and Interaction Marker, Kosambi 图距, Walking Speed 为 1cM, QTL 入选临界值为 LOD ≥ 2.5, 采用 Bayesian test。QTL 命名方法按照 QTL+性状+机构+染色体命名。其中, QTL 以 Q 表示,性状和机构以英文缩写表示(为了区分,感官评价性状加字母 S,质构特性加字母 T),染色体以小麦染色体的名称表示,性状与机构间加“.”,性状和染色体之间加“-”,位于同一染色体的 QTL 在染色体名称后面用 1、2 等区分。

2 结果与分析

2.1 RIL 群体的面条品质性状表现

对 RIL 群体的面条感官品质和质构特性性状进行了测定,结果见表 1。RIL 群体面条感官品质性状的变异系数在 6.78%~17.41%,面条适口性、韧性、粘性、光滑性和总分的变异幅度都较大;面条质构性状的变异系数比感官品质的大,5 项指标的变异系数都大于 20%,其中熟面条硬度的变异系数高达 47.09%。

2.2 QTL 分析

利用 RIL 群体构建了一张分子标记遗传图谱^[21],该图谱包括 381 个位点,涉及小麦所有 21 条染色体,图谱总长 3636.7 cM,两标记间的平均距离为 14.8 cM。利用该图谱对面条的 8 个感官品质性状和 5 个质构特性性状进行了 QTL 分析,共检测到 8 个性状的 10 个加性 QTL(表 2,图),涉及 1A、1D、3D、4A 和 6D 等 5 条染色体。

2.2.1 面条感官品质性状的 QTL 分析 共检测到适口性、韧性、粘性、光滑性和总分等 6 个性状的 8 个加性 QTL。粘性和食味均检测到 2 个 QTL,其它性状均检测到 1 个 QTL。*QSpal.sdau-1D*、*QSela.sdau-6D*、*QSsti.sdau-1D* 和 *QSsmo.sdau-1D* 等 4 个 QTL 加性效应为正值,表明其增加的效应来自亲本川 35050,这 4 个 QTL 分别涉及适口性、韧性、粘性和光滑性等 4 个

表 1 RIL-8 群体的面条品质性状参数统计

Table 1 Statistical parameters for noodle quality traits in RIL-8 population

性状 Traits	平均数 Means	标准差 SD	变异范围 Range	变异系数 CV (%)
感观品质 Sensory quality				
色泽 Color	8.74	0.59	6.8~9.8	6.79
表观 Appearance	8.54	0.58	7.0~9.6	6.78
适口性 Palate	16.09	2.03	12.0~19.0	12.60
韧性 Elasticity	19.00	3.31	10.0~24.0	17.41
粘性 Stickiness	18.00	2.52	12.0~24.0	15.64
光滑性 Smoothness	4.01	0.50	3.0~4.8	12.38
食味 Taste	4.35	0.34	3.0~4.9	7.86
总分 Total score	78.74	8.33	56.0~92.4	10.58
质构特性 Textural properties				
干面条断裂强度 Breaking strength (g)	50.30	17.31	19.19~118.63	34.41
熟面条弹性 Springiness (g)	23.19	7.09	9.11~37.37	30.50
熟面条延伸性 Extensibility (sec)	9.21	2.49	3.21~14.82	27.03
熟面条韧性 Elasticity (gsec)	405.53	93.30	159.69~737.26	23.01
熟面条硬度 Hardness (g)	914.27	430.55	171.77~2846.56	47.09

表 2 面条性状 QTL 的加性效应

Table 2 Additive effects of QTLs on noodle quality traits

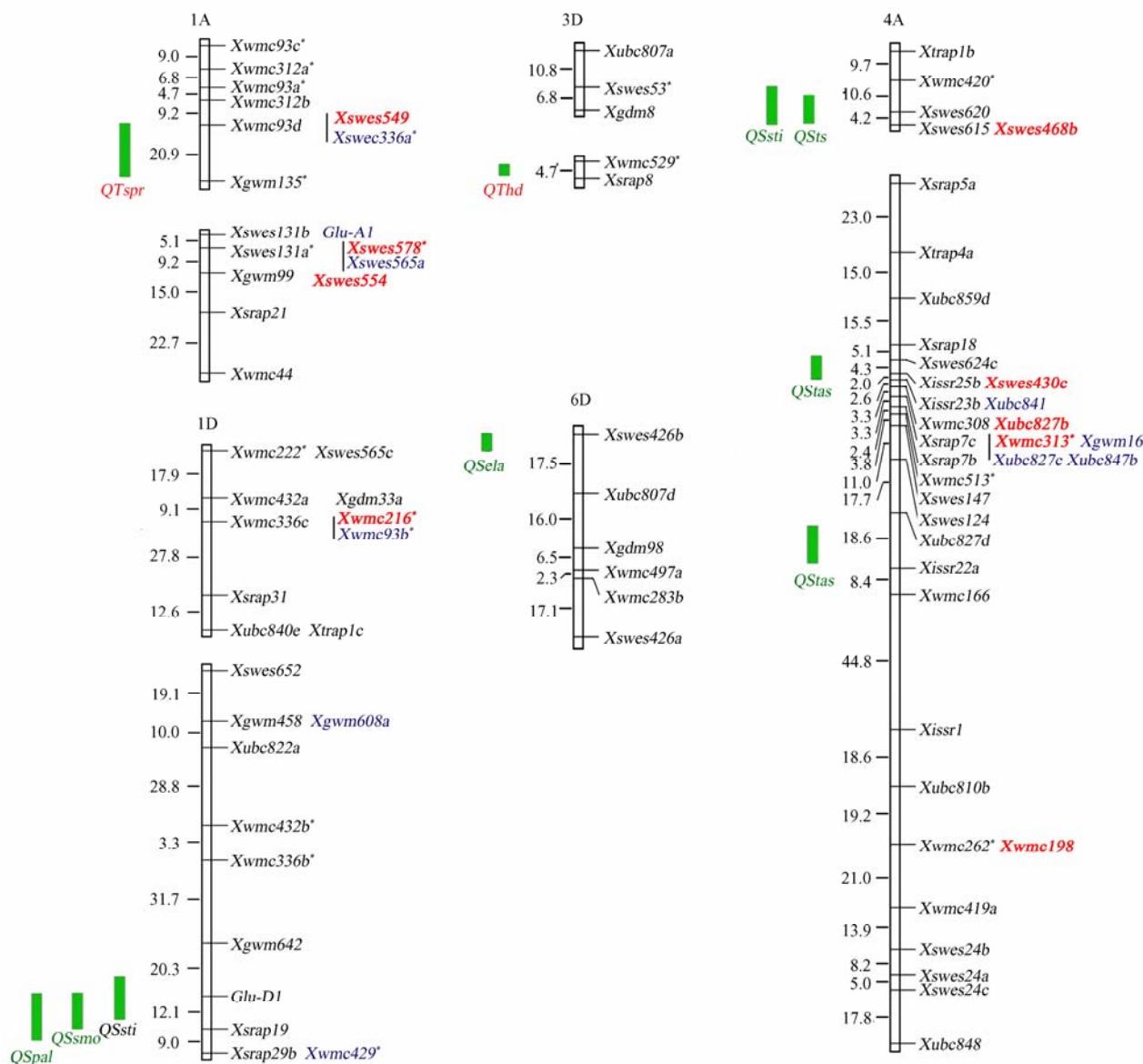
性状 Traits	QTL	标记区间 Marker interval	位置 Sites (cM)	LOD	加性效应 Additive effect	贡献率 Contribution (%)
感观品质 Sensory quality						
适口性 Palate	<i>QSpal.sdau-1D</i>	<i>Glu-D1-Xsrap19</i>	8	3.28	0.89	20.35
韧性 Elasticity	<i>QSela.sdau-6D</i>	<i>Xswes426b-Xubc807d</i>	0	3.47	1.29	18.08
粘性 Stickiness	<i>QSsti.sdau-1D</i>	<i>Glu-D1-Xsrap19</i>	0	4.57	0.88	16.07
	<i>QSsti.sdau-4A</i>	<i>Xswes620-Xswes615</i>	0	6.78	-1.09	24.53
光滑性 Smoothness	<i>QSsmo.sdau-1D</i>	<i>Glu-D1-Xsrap19</i>	4	3.66	0.25	23.21
食味 Taste	<i>QStas.sdau-4A.1</i>	<i>Xswes624c-Xissr25b</i>	4	3.07	-0.64	75.67
	<i>QStas.sdau-4A.2</i>	<i>Xubc827d-Xissr22a</i>	11	2.75	-0.15	4.07
总分 Total score	<i>QSts.sdau-4A</i>	<i>Xswes620-Xswes615</i>	0	2.98	-3.45	16.73
质构特性 Textural properties						
熟面条弹性 Springiness	<i>QTspr.sdau-1A</i>	<i>Xwmc93d-Xgwm135</i>	20	3.55	-2.79	23.81
熟面条硬度 Hardness	<i>QThd.sdau-3D</i>	<i>Xwmc529-Xsrap8</i>	3	2.58	0.96	27.59

“标记区间”为 QTL 的 LOD 峰值所在区间; “位置”为 LOD 峰值在“标记区间”中第一个标记后的距离; “加性效应”为正表示增加效应来自亲本川 35050, 为负表示增加效应来自亲本山农 483

“Marker interval” means the interval of LOD peak value for QTL. “Site” means the distance of LOD peak value for QTL after the first marker in “Marker interval”. Positive “Additive effect” showed that increasing effect parent was Chuan 35050, while negative was Shannong 483

性状。*QSsti.sdau-4A*、*QStas.sdau-4A.1*、*QStas.sdau-4A.2*、*QSts.sdau-4A* 等 4 个 QTL 加性效应为负值, 表明其增加的效应来自亲本山农 483, 这 4 个 QTL 涉及粘性、食味和总分等 3 个性状。单个 QTL 贡献率变化范围为 4.07%~75.67%, 除食味的 *QStas.sdau-4A.2* 外, 其它

QTL 贡献率均较大。其中, 韧性的 *QSela.sdau-6D*、粘性的 *QSsti.sdau-1D* 和总分 *QSts.sdau-4A* 均超过 15%; 适口性的 *QSpal.sdau-1D*、粘性的 *QSsti.sdau-4A* 和光滑性 *QSsmo.sdau-1D* 均超过 20%; 而食味的 *QStas.sdau-4A.1* 高达 75.67%。



图群体为“川 35050×山农 483”组合的 RIL 群体；分子标记名称列在染色体的右面，QTL 列在染色体的左面。QTL 区间为 $LOD \geq 2.0$ （峰值大于 2.5）。侧面标记的 LOD 为 3.0~1.0，粗体标记为 $LOD \geq 3.0$ ，星号 (*) 表示该标记通过中国春缺体—四体系定位在染色体上
Map was constructed based on RILs derived from Chuan 35050×Shannong 483. QTLs are indicated on the left side of each chromosome, and the names of markers on the right side. The intervals of QTLs were $LOD \geq 2.0$ with LOD peak values more than 2.5. The most likely intervals of the marker loci with LOD from 3.0 to 1.0 were showed in far right, and with $LOD \geq 3.0$ were showed in bold letters. Asterisk (*) indicates that the loci were located on chromosomes using Chinese Spring nulli-tetrasomic lines

图 面条品质性状加性 QTL 在染色体的位置

Fig. Locations of additive QTLs on noodle quality traits

在 1D 染色体 *Glu-D1* 附近检测一个 QTL 簇，包括适口性、粘性和光滑性等 3 个性状各 1 个 QTL，贡献率较高，其增加效应均来自亲本川 35050，表明这 3 个 QTL 间是正相关关系，与简单相关分析的结果一致（表 3），同时表明川 35050 的这个区段有利于改善面条适口性、粘性和光滑性。

在 4A 染色体上 *Xwmc420-Xswes620-Xswes615* 之间存在粘性和总分的 QTL，贡献率较高，其增加效应来自亲本山农 483，是正相关关系，这也与简单相关分析的结果相符（表 3），说明山农 483 的这个区段有利于改善面条的粘性和总分。

2.2.2 面条质构性状的 QTL 分析 对于面条质构性

表 3 面条品质性状间的简单相关系数

Table 3 Simple correlation coefficients (r) between noodle quality traits

性状 Traits	色泽 Color	表观 Appearance	适口性 Palate	韧性 Elasticity	粘性 Stickiness	光滑性 Smoothness	食味 Taste
表观 Appearance	0.308**						
适口性 Palate	0.434**	0.282**					
韧性 Elasticity	0.400**	0.374**	0.756**				
粘性 Stickiness	0.290**	0.186	0.593**	0.798**			
光滑性 Smoothness	0.259**	0.088	0.513**	0.636**	0.720**		
食味 Taste	0.202*	0.250*	0.280**	0.315**	0.209*	0.185*	
总分 Total score	0.479**	0.387**	0.836**	0.956**	0.884**	0.713**	0.348**

*, $P=0.05$; **, $P=0.01$

状, 仅检测熟面条弹性和熟面条硬度的加性 QTL 各 1 个。熟面条弹性的 *QTspr.sdau-1A* 的贡献率为 23.81%, 增加熟面条弹性的效应来自亲本山农 483。熟面条硬度的 *QThd.sdau-3D* 贡献率为 27.59%, 增加熟面条硬度的效应来自亲本川 35050。这 2 个 QTL 的贡献率均超过 20%。

3 讨论

面条品质与许多小麦品质性状相关, 目前对影响面条色泽的 PPO 活性进行了深入的遗传分析^[11,14,18~20,24]。最终品质的评价主要依赖于感官评价, 感官评价接近消费者的真实感觉, 在面条品质评价中起决定性的作用。前人对面包感官评价指标进行了 QTL 分析^[25,26], 尚未见对面条品质性状进行 QTL 分析的报道。本研究利用 RIL 群体对小麦面条品质进行了 QTL 定位, 检测到 8 个面条品质性状的 10 个加性 QTL。但色泽、表观、干面条断裂强度、熟面条延伸性和面条熟面条韧性等 5 个性状没有检测到 QTL。可能原因主要有二, 一是笔者所构建的遗传图谱覆盖的区域不够, 个别染色体覆盖的区域较小, 有的还有一些缝隙^[21]; 一是可能这些性状遗传较为复杂, 如 QTL 互作等。

在 1D 染色体上的 QTL 簇包括 3 个 QTL, 涉及适口性、粘性和光滑性等 3 个性状。这 3 个 QTL 的 LOD 峰值均在 *Glu-D1* 附近, LOD 值大于 2.0 的区域覆盖该位点, 贡献率均较高, 增加效应来自亲本川 35050; 而亲本川 35050 和山农 483 在 *Glu-D1* 位点的亚基分别是 5+10 和 2+12。因此, 认为川 35050 的 5+10 亚基很可能比山农 483 的 2+12 亚基有较好改善适口性、粘性和光滑性作用。这与利用该 RIL 群体分析 HMW-GS 对面条品质性状的量化效应的结果符合^[7]。值得注意的是 *Xswes624c-Xissr25b* 标记间食味的

QTL——*QStas.sdau-4A.1*, 其贡献率高达 75.67%, 这在 QTL 分析中非常罕见, 说明食味主要由该 QTL 控制, 是一个主效位点。而且, 其附近的标记密度较高, 对实施标记辅助选择是有利的。尽管从简单相关来看, 多数面条感官品质都相关系数都达到显著水平(表 3), 但是没发现更多的相关 QTL。此外, 面条感觉品质性状和质构特性间也没发现相关 QTL。

笔者还利用该 RIL 群体对小麦品质性状进行了 QTL 分析^[27], 其中, 某些小麦品质性状的 QTL 被定位到和面条品质性状 QTL 相同的染色体区段。例如, 在 1D 染色体 *Glu-D1* 位点附近同时检测到沉降值、面团形成时间、面团稳定时间和断裂时间的 QTL, 这些 QTL 间是正相关关系, 同时它们与面条的适口性、粘性和光滑性的 QTL 也均成正相关关系, 表明该位点面条品质的 QTL 主要受蛋白质质量的影响。在 6D 染色体面条韧性 QTL 处, 同时存在干、湿润面筋的 QTL, 并成正相关关系。此外, 3D 染色体熟面条硬度 QTL 处同时发现了成正相关关系的淀粉糊化特性的 QTL (高峰粘度、低谷粘度、最终粘度和糊化时间), 说明淀粉糊化特性对面条质构特性有一定影响。上述结果, 为感官和质构仪评价指标的 QTL 定位找到了小麦品质指标的依据, 有助于人们更深刻地理解面条指标的遗传控制。

4 结论

本研究检测到 8 个面条感官品质和面条质构特性性状的 10 个加性 QTL, 分别位于 1A、1D、3D、4A 和 6D 等 5 条染色体上, 单个 QTL 贡献率变化范围为 4.07%~75.67%。在 1D 染色体上 *Glu-D1* 附近检测一个 QTL 簇, 包括适口性、粘性和光滑性等 3 个性状各 1 个 QTL, 贡献率较高, QTL 间是正相关关系。在 4A

染色体检测到 4 个 QTL，其中包括存在正相关关系的粘性和总分的各 1 个 QTL，贡献率较高。在标记 *Xswes624c*~*Xissr25b* 间食味 QTL (*QStas.sdau-4A.I*) 贡献率高达 75.67%，是一个主效位点，其增加效应来自亲本山农 483。

References

- [1] Huang S, Morrison W R. Aspects of protein in Chinese and British common (hexaploid) wheat related to quality of white and yellow Chinese noodles. *Journal Cereal Science*, 1988, 8: 177-187.
- [2] 胡新中, 魏益民, 张国权, 欧阳韶晖, Kovacs M I P, 王春. 小麦籽粒蛋白质组分及其与面条品质的关系. 中国农业科学, 2004, 37: 739-743.
Hu X Z, Wei Y M, Zhang G Q, Kovacs M I P, Wang C. Protein fractions of wheat and their relationships. *Scientia Agricultura Sinica*, 2004, 37: 739-743. (in Chinese)
- [3] 胡新中, 张国权, 张正茂, 欧阳韶晖, 郑建梅, 郭波莉, 周立. 小麦面粉、面条色泽与蛋白质组分的关系. 作物学报, 2005, 31: 515-518.
Hu X Z, Zhang G Q, Zhang Z M, OuYang S H, Zheng J M, Guo B L, Zhou L. Relationship between wheat flour color, noodle color and protein components. *Acta Agronomica Sinica*, 2005, 31: 515-518. (in Chinese)
- [4] 杨金, 张艳, 何中虎, 阎俊, 王德森, 刘建军, 王美芳. 小麦品质性状与面包和面条品质关系分析. 作物学报, 2004, 30: 739-744.
Yang J, Zhang Y, He Z H, Yan J, Wang D S, Liu J J, Wang M F. Association between wheat quality traits and performance of pan bread and dry white Chinese noodle. *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 30: 739-744. (in Chinese)
- [5] He Z H, Yang J, Zhang Y, Quail K J, Peña R J. Pan bread and dry white Chinese noodle quality in Chinese winter wheats. *Euphytica*, 2004, 139: 257-267.
- [6] 雷激, 张艳, 王德森, 阎俊, 何中虎. 中国干白面条品质评价方法研究. 中国农业科学, 2004, 37: 2000-2005.
Lei J, Zhang Y, Wang D S, Yan J, He Z H. Methods for evaluation of quality characteristics of dry white Chinese noodles. *Scientia Agricultura Sinica*, 2004, 37: 2000-2005. (in Chinese)
- [7] 赵京岚, 李斯深, 范玉顶, 孙海燕, 李瑞军. 利用 RIL 群体分析 HMW-GS 对面条品质性状的量化效应. 中国粮油学报, 2005, 20: 9-12, 21.
Zhao J L, Li S S, Fan Y D, Sun H Y, Li R J. Quantitatively evaluating the effects of HMW glutenin subunits on noodle quality using RIL population. *Journal of the Chinese Cereals and Oils Association*, 2005, 20: 9-12, 21. (in Chinese)
- [8] Zhang Y, Nagamine T, He Z H, Ge X X, Yoshida H, Peña R J. Variation in quality traits in common wheat as related to Chinese fresh white noodle quality. *Euphytica*, 2005, 141: 113-120.
- [9] Araki E, Miura H, Sawada S. Differential effects of the null alleles at the three *Wx* loci on the starch-pasting properties of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, 100: 1113-1120.
- [10] Yamamori M, Quynh N T. Differential effects of *Wx-A1*, *-B1* and *-D1* protein deficiencies on apparent amylose content and starch pasting properties in common wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, 100: 32-38.
- [11] Liu J J, He Z H, Zhao Z D, Peña R J, Rajaram S. Wheat quality traits and quality parameters of cooked dry white Chinese noodles. *Euphytica*, 2003, 131: 147-154.
- [12] 陈东升, Kiribuchi-Otobe C, 徐兆华, 陈新民, 周阳, 何中虎, Yoshida H, 张艳, 王德森. Waxy 蛋白缺失对小麦淀粉特性和中国鲜面条品质的影响. 中国农业科学, 2005, 38: 865-873.
Cheng D S, Kiribuchi-Otobe C, Xu Z H, Chen X M, Zhou Y, He Z H, Yoshida H, Zhang Y, Wang D S. Effect of *Wx-A1*, *Wx-B1* and *Wx-D1* protein on starch properties and Chinese fresh noodle quality. *Scientia Agricultura Sinica*, 2005, 38: 865-873. (in Chinese)
- [13] 阚世红, 王宪泽, 于振文. 淀粉化学结构、面粉黏度性状与面条品质关系的研究. 作物学报, 2005, 31: 1506-1510.
Kan S H, Wang X Z, Yu Z W. Relationships between starch chemical structure, flour viscosity traits and noodle quality. *Acta Agronomica Sinica*, 2005, 31: 1506-1510. (in Chinese)
- [14] 张立平, 葛秀秀, 何中虎, 王德森, 阎俊, 夏先春, Sutherland M W. 普通小麦多酚氧化酶活性的 QTL 分析. 作物学报, 2005, 31: 7-10.
Zhang L P, Ge X X, He Z H, Wang D S, Yan J, Xia X C, Sutherland M W. Mapping QTLs for polyphenol oxidase activity in a DH population from common wheat. *Acta Agronomica Sinica*, 2005, 31: 7-10. (in Chinese)
- [15] 胡瑞波, 田纪春, 邓志英, 张永祥. 中国白盐面条色泽影响因素的研究. 作物学报, 2006, 32: 1338-1443.
Hu R B, Tian J C, Dong Z Y, Zhang Y X. Factors related to Chinese white salted noodle color. *Acta Agronomica Sinica*, 2006, 32: 1338-1443. (in Chinese)
- [16] Parker, G D, Chalmers K J, Rathjen A J, Langridge P. Mapping loci associated with milling yield in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Molecular Breeding*, 1999, 5: 561-568.
- [17] Udall J A, Souza E, Anderson J, Sorrells M E, Zemetra R S. Quantitative trait loci for flour viscosity in winter wheat. *Crop Science*,

- 1999, 39: 238-242.
- [18] Sun D J, He Z H, Xia X C, Zhang L P, Morris C F, Appels R, Ma W J, Wang H. A novel STS marker for polyphenol oxidase activity in bread wheat. *Molecular Breeding*, 2005, 16: 209-218.
- [19] Pozniak C J, Knox R E, Clarke F R, Clarke J M. Identification of QTL and association of a *phytoenesynthase* gene with endosperm colour in durum wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 114: 525-537.
- [20] Raman R, Raman H, Martin P. Functional gene markers for polyphenol oxidase locus in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Molecular Breeding*, 2007, 19: 315-328.
- [21] Li S S, Jia J Z, Wei X Y, Zhang X C, Chen H M, Sun H Y, Fan Y D, Li L Z, Zhao X H, Lei T D, Xu Y F, Jiang F S, Wang H G, Li L H. A intervarietal genetic map and QTL analysis for yield traits in wheat. *Molecular Breeding*, 2007, 20: 167-178.
- [22] Baik B K and Lee M R. Effects of starch amylose content of wheat on textural properties of white salted noodles. *Cereal Chemistry*, 2003, 80: 304-309.
- [23] Wang D L, Zhu J, Li Z K, Paterson A H. Mapping QTLs with epistatic effects and QTL-environment interactions by mixed linear model approaches. *Theoretical and Applied Genetics*, 1999, 99: 1255-1264.
- [24] He X Y, He Z H, Zhang L P, Sun D J, Morris C F, Fuerst E P, Xia X C. Allelic variation of polyphenol oxidase (PPO) genes located on chromosomes 2A and 2D and development of functional markers for the PPO genes in common wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 115: 47-58.
- [25] Zanetti S, Winzeler M, Feuillet C, Keller B, Messmer M. Genetic analysis of bread-making quality in wheat and spelt. *Plant Breeding*, 2001, 120: 13-19.
- [26] Groos C, Bervas E, Chanliaud E, Charmet G. Genetic analysis of bread-making quality scores in bread wheat using a recombinant inbred line population. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 115: 313-323.
- [27] Sun H Y, Lü J H, Fan Y D, Zhou Y, Kong F M, Li R J, Wang H G, Li S S. Quantitative trait loci (QTLs) for quality traits related to protein and starch in wheat. *Progress in Natural Science*, 2008, 18: 825-831.

(责任编辑 于 竞)