

山西省小麦品系 HMW-GS 的组成及品质分析

王倩, 任文斌*, 谢三刚 (山西农业大学棉花研究所, 山西运城 044000)

摘要 进一步了解山西小麦在育种过程中各品系材料的高分子量麦谷蛋白亚基组成及品质状况。采用 SDS-PAGE 技术对选取的 62 份品系材料的高分子量麦谷蛋白亚基组成进行分析, 结果显示 62 份供试品系材料中共检测出 8 种 HMW-GS。其中, Glu-A1 位点上有 2 种亚基类型, 亚基 1 占 79.03%, 亚基 Null 占 20.97%; Glu-B1 位点出现 4 种亚基类型, 以亚基 14+15 (35.48%) 为主; Glu-D1 位点出现 2 种亚基类型, 即亚基 5+10 (38.71%) 和亚基 2+12 (61.29%)。品质性状分析结果表明, 62 个小麦品系的蛋白质含量为 12.53%~16.56%, 湿面筋含量为 26.95%~37.95%, 沉淀值为 21.20~42.86 mL。Glu-A1 位点优质性得到了明显改善; Glu-B1 位点还有挖掘潜力; Glu-D1 位点优质性并未得到改善。

关键词 小麦; 高分子量麦谷蛋白亚基; 品质

中图分类号 S512.1 **文献标识码** A

文章编号 0517-6611(2022)10-0025-03

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2022.10.007



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

Composition and Quality Analysis of Wheat Strain HMW-GS in Shanxi

WANG Qian, REN Wen-bin, XIE San-gang (Institute of Cotton, Shanxi Agricultural University, Yuncheng, Shanxi 044000)

Abstract In order to further understand the composition and quality of high-molecular-weight glutenin subunits (HMW-GS) of Shanxi wheat strains during breeding, SDS-PAGE technology was used to analyze the composition of high-molecular weight glutenin subunits of 62 selected wheat strains. A total of 8 HMW-GS were detected in 62 tested strains. Among them, there were 2 subunit types at the Glu-A1 site, subunit 1 accounted for 79.03% and subunit Null accounted for 20.97%. There were four subunit types in Glu-B1 locus, and the subunit 14+15 (35.48%) was the main type. There were 2 subunit types at the Glu-D1 locus, namely, subunit 5+10 (38.71%) and subunit 2+12 (61.29%). The results of quality trait analysis showed that protein content of 62 wheat lines ranged from 12.53% to 16.56%, wet gluten content ranged from 26.95% to 37.95%, and sedimentation value ranged from 21.20 to 42.86 mL. The quality of Glu-A1 site was significantly improved. Glu-B1 site had the potential to be explored. The quality of Glu-D1 site was not improved.

Key words Wheat; HMW-GS; Quality

小麦是全球主要粮食作物之一, 提供了人们日常所需的主要植物性蛋白质^[1]。随着人们生活水平不断提高, 对小麦面粉制品的品质要求越来越高, 对优质小麦的需求不断上升。国内外大量研究表明, 高分子量麦谷蛋白亚基 (HMW-GS) 对小麦品质有很大影响, 某些特定的亚基 (如优质亚基 5+10) 可以明显改善小麦的品质, 而有些亚基 (如 Null、2+12) 则与较差的品质相关^[2-8]。

HMW-GS 基因定位于小麦第一同源染色体组 Glu-1 位点, 在 1A、1B、1D 染色体靠近着丝粒的位置, 每个位点包括 2 个紧密连锁的基因^[9]。小麦及其近缘种属在 Glu-1 位点的等位变异十分广泛, Payne 等^[10]对中国春的 HMW-GS 进行 SDS-PAGE 分析, 首次建立了小麦 HMW-GS 通用的标准图谱。自 1979 年, Payne 等^[11]利用 SDS-PAGE 分析了小麦谷蛋白组成, 发现 HMW-GS 影响小麦面粉的烘烤品质以来, 人们对小麦 HMW-GS 组成与加工品质关系开展了大量研究。目前, HMW-GS 改良已成为辅助小麦育种和提高小麦加工品质最主要的途径^[12-13]。国内研究者通过对各区域和各类型的小麦基因型 HMW-GS 组成进行分析调查, 为优质新品种选育提供了基础资料^[14-21]。鉴于此, 笔者选用山西农业大学棉花研究所水地小麦课题组育成的 62 份品系材料, 对 HMW-GS 组成和品质进行分析, 旨在为山西省小麦品质改

良育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料 以山西省农业科学院棉花研究所水地小麦课题培育的 62 份小麦品系为材料, 将其编号依次命名为 S1~S62, 对照品种为中国春 (Null/2+12/7+8) 和舜麦 1718 (1/5+10/17+18)。

1.2 试验方法

1.2.1 小麦种子蛋白的提取。取 1 粒或半粒小麦种子杂碎后放入 1.5 mL 离心管, 加入 50% 异丙醇 50 mL, 60 °C 水浴 30 min, 期间搅动 2 次, 10 000 r/min 离心 30 min, 弃上清液; 重复上一步骤 2 次; 在残留物中加 160 μL 提取液 B1 (10 mL 50% 异丙醇+0.03 g 二硫代苏糖醇 (DTT)) 混匀, 60 °C 水浴 30 min; 加入 160 μL 提取液 B2 (10 mL 50% 异丙醇+140 μL 4-乙炔基吡啶) 混匀, 60 °C 水浴烷化处理 1 h, 10 000 r/min 离心 10 min; 取 150 μL 上清液转移到新的离心管中, 加入 0.6 mL 丙酮, 摇匀, 静置 1.5~2.0 h 或有絮状物出现; 10 000 r/min 离心 10 min, 弃上清液, 在沉淀中加 100 μL 样品提取液 (1.63 g SDS; 10.2 mL 0.5 mol/L Tris-HCl, pH 6.8; 8.16 g 溴酚蓝; 4.8 mL β-巯基乙醇; 4.8 mL 蒸馏水) 溶解 2.0 h 以上或 4 °C 冷藏过夜。

1.2.2 SDS-PAGE 电泳。采用 10% 分离胶 ($T=10\%$, $C=2.67\%$) 和 5% 浓缩胶 ($T=5\%$, $C=2.67\%$) 进行电泳。用 Tris-甘氨酸 (含 1% 的 SDS) 作为电极缓冲液, 样品上样量每份 4~5 μL。用稳流 12 mA 进行电泳, 指示剂出胶后继续电泳 2 h。凝胶放入考马斯亮蓝染色液染色 1 h 左右后放入自来水中进行脱色, 期间更换 3~4 次自来水, 直至背景浅淡, 带型清晰。

基金项目 运城城市科技计划项目 (YCKJ-2021046)。

作者简介 王倩 (1989—), 女, 山西运城人, 助理研究员, 硕士, 从事小麦常规育种研究。* 通信作者, 副研究员, 硕士, 从事小麦常规育种研究。

收稿日期 2021-08-23

1.2.3 小麦品质性状测定。小麦品质指标蛋白质含量、湿面筋含量和沉淀值等采用 DA7200 二极管阵列近红外光谱仪(瑞典 Perten)进行分析。

1.3 数据分析 采用 SPSS 软件进行方差分析和差异显著性比较。

2 结果与分析

2.1 HMW-GS 组成分析 62 份山西小麦品系的 HMW-GS 亚基组成类型见表 1。由表 1 和图 1 可知,62 份小麦品系材料共出现 11 种亚基组成类型。其中 1/2+12/14+15、1/2+12/7+8 和 1/5+10/7+9 组成类型出现频率较高,分别为 27.42%、19.35%、12.90%。参加试验的材料中,Glu-A1、Glu-B1 和 Glu-D1 共 3 个位点均为优质亚基的材料(1/5+10/7+9、1/5+10/7+8、1/5+10/17+18),共计 17 份,所占频率为 27.42%。只有 2 个位点为优质亚基的材料(1/7+8、1/17+18、5+10/17+18)有 18 份,所占频率为 29.03%。

表 1 HMW-GS 亚基组成类型

Table 1 The genotype of HMW-GS compositions

亚基组成类型 Subunit composition	品系数 Number of strains	百分率 Percentage %
1/2+12/14+15	17	27.42
1/2+12/7+8	12	19.35
Null/2+12/7+8	2	3.23
Null/2+12/7+9	3	4.84
1/2+12/17+18	3	4.84
Null/2+12/14+15	1	1.61
1/5+10/7+9	8	12.90
1/5+10/7+8	6	9.68
1/5+10/17+18	3	4.84
Null/5+10/17+18	3	4.84
Null/5+10/14+15	4	6.45

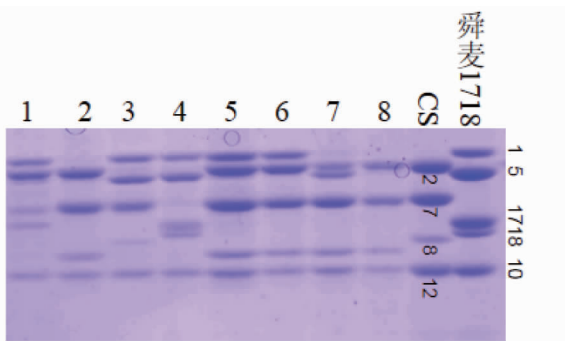


图 1 部分材料高分子量麦谷蛋白亚基的 SDS-PAGE 分析
Fig.1 SDS-PAGE of HMW-GS in selected wheat materials

2.2 HMW-GS 等位变异频率 62 份材料中,不同等位基因间亚基变异及频率见表 2。在 Glu-A1 位点,出现 2 种等位变异 Null 和 1 亚基,频率分别为 20.97% 和 79.03%。在 Glu-B1 位点,出现 4 种等位变异 17+18、14+15、7+8 和 7+9。其中,出现频率最高的是 14+15 亚基,其次是 7+8 亚基。在 Glu-D1 位点,出现 5+10 和 2+12 亚基的等位变异,频率分别为 38.71% 和 61.29%。

2.3 品质分析 62 份材料品质分析数据见表 3。从表 3 可以看出,小麦籽粒蛋白质含量的变异幅度为 12.53% ~

16.56%,平均蛋白质含量为 14.45%,变异系数为 1.03;湿面筋含量平均值为 32.98%,变异幅度为 26.95%~37.95%;沉淀值的变异系数为 1.02,变异幅度较大。

表 2 HMW-GS 等位变异

Table 2 Allele of HMW-GS

位点 Locus	亚基 Subunit	品系数 Number of strains	百分率 Percentage %
Glu-A1	Null	13	20.97
	1	49	79.03
Glu-B1	17+18	9	14.52
	14+15	22	35.48
	7+8	20	32.26
	7+9	11	17.74
Glu-D1	2+12	38	61.29
	5+10	24	38.71

表 3 供试材料品质性状

Table 3 Quality traits of the wheat

品质指标 Quality index	蛋白质含量 Protein content//%	湿面筋含量 Wet gluten content//%	沉淀值 Precipitation number//mL
平均值 Average value	14.45	32.98	31.89
标准差 Standard deviation	1.24	2.83	5.29
变异系数 Coefficient of variation	1.03	1.01	1.02
变异幅度 Variation range	12.53~16.56	26.95~37.95	21.20~42.86

3 讨论

在 62 份供试小麦品系中,共检测到 8 种 HMW-GS 类型,在 Glu-A1、Glu-B1、Glu-D1 位点分别检测到 2、4、2 种不同的亚基类型,亚基 1、14+15、2+12 在各自位点上出现的频率较高,分别达到了 81.48%、40.74%、70.37%。分析结果表明,组成 HMW-GS 的多样性较少,这可能与小麦组配杂交所选择的亲本有关。组配杂交所选择的亲本材料含有的 HMW-GS 种类较少,育成的品系材料多样性也较少。因此育种者在之后的育种过程中,应当尽量选择种类丰富的亲本材料,增加优质亚基的导入,丰富 HMW-GS 的多样性,从而提升小麦品质。另外,追溯这些材料的亲本关系可知,供试材料中部分材料为姊妹系,这也可能是造成该试验 HMW-GS 多样性较少的 1 个原因。

研究表明,各个位点不同亚基对小麦品质作用不同,特定 HMW-GS 能够提升小麦品质^[22-23]。在 Glu-A1 位点,亚基 1 对小麦品质的影响大于亚基 Null。在 Glu-B1 位点,因其等位变异位点较多,故该位点内各亚基对品质的效应大小较为复杂。在 Glu-D1 位点,亚基 5+10 对小麦品质的影响优于其他亚基^[24-25]。该试验选取 62 份小麦品系中,在 Glu-A1 位点,检测出含有优质亚基 1 的材料数量远大于劣质亚基 Null 的材料数量,表明该位点的优质性得到了明显改善。在 Glu-B1 位点,检测出的优质亚基占比较多,但劣质亚基 14+15 还占有较大比例,表明该位点还有挖掘空间,继续改良得到优化。在 Glu-D1 位点,含有劣质亚基的材料数高于含有劣质亚基的材料数,表明该位点的优质性并未得到改善,仍有利用空间。品质分析结果表明,蛋白质、湿面筋含量以及

沉淀值变异幅度较大,这可能是因为选取的小麦材料品质参差不齐。

4 结论

对 62 份供试材料进行高分子量麦谷蛋白亚基分析,共发现 8 种等位变异和 11 种亚基组合类型。Glu-A1 位点出现 2 种亚基类型,亚基 1 和亚基 Null。Glu-B1 位点出现 4 种亚基类型,亚基 14+15、7+8、7+9、17+18。Glu-D1 位点出现 2 种亚基类型,亚基 2+12 和亚基 5+10。品质性状分析结果表明,62 个小麦品系的蛋白质含量为 12.53%~16.56%,湿面筋含量为 26.95%~37.95%,沉淀值为 21.20~42.86 mL。

参考文献

- [1] 孙其信.作物育种学[M].北京:高等教育出版社,2011:20.
- [2] LAWRENCE G J, MACRITCHIE F, WRIGLEY C W. Dough and baking quality of wheat lines deficient in glutenin subunits controlled by the *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* loci [J]. *Journal of cereal science*, 1988, 7 (2): 109-112.
- [3] SHEWRY P R, HALFORD N G, TATHAM A S. High molecular weight subunits of wheat glutenin [J]. *Journal of cereal science*, 1992, 15 (2): 105-120.
- [4] 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 science of food and agriculture*, 1987, 40 (1): 51-65.
- [5] NAKAMURA H. Allelic variants on at high molecular weight glutenin subunit loci *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* in Japanese and Chinese hexaploid wheats [J]. *Euphytica*, 2000, 112: 187-193.
- [6] 程国旺,徐风,马传喜,等.小麦高分子量麦谷蛋白亚基组成与面包烘烤品质关系的研究[J].安徽农业大学学报,2002,29(4):369-372.
- [7] 朱金宝,刘广田,张树榛,等.小麦籽粒高、低分子量谷蛋白亚基及其与品质关系的研究[J].中国农业科学,1996,29(1):34-39.
- [8] 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[J].作物学报,1994,20(1):67-75.
- [9] D'OVIDIO R, MASCI S. The low-molecular-weight glutenin subunits of wheat gluten [J]. *Journal of cereal science*, 2004, 39 (3): 321-339.
- [10] PAYNE P I, LAWRENCE G J. Catalogue of alleles for the complex gene

loci, *Glu-A1*, *Glu-B1*, and *Glu-D1* which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat [J]. *Cereal research communications*, 1983, 11 (1): 29-35.

- [11] PAYNE P I, CORFIELD K G. Subunit composition of wheat glutenin proteins, isolated by gel filtration in a dissociating medium [J]. *Planta*, 1979, 145 (1): 83-88.
- [12] 庞斌双,张学勇,王兰芬,等.小麦 *Glu-B1* 位点 1Bx14 + 1By18 新亚基对材料的创制及其对加工质量的影响分析 [J]. *作物学报*, 2007, 33 (10): 1582-1586.
- [13] 张莉丽,张延滨,宋庆杰,等.龙辐麦 3 号小麦品种 HMW-GS Null 和 1 近等基因系间品质差异的研究 [J]. *中国农业科学*, 2007, 40 (9): 1864-1870.
- [14] HE Z H, PEÑA R J, RAJARAM S. High molecular weight glutenin subunit composition of Chinese bread wheats [J]. *Euphytica*, 1992, 64 (1/2): 11-20.
- [15] WANG G, SNAPE J W, HU H, et al. The high-molecular-weight glutenin subunit compositions of Chinese bread wheat varieties and their relationship with bread-making quality [J]. *Euphytica*, 1993, 68 (3): 205-212.
- [16] 张学勇,董玉琛,游光侠,等.中国小麦大面积推广品种及骨干亲本的高分子量谷蛋白亚基组成分析 [J]. *中国农业科学*, 2001, 34 (4): 355-362.
- [17] 张学勇,庞斌双,游光霞,等.中国小麦品种资源 *Glu-1* 位点组成概况及遗传多样性分析 [J]. *中国农业科学*, 2002, 35 (11): 1302-1310.
- [18] 董永梅,杨欣明,柴守诚,等.中国小麦代表性地方品种高分子量谷蛋白亚基组成分析 [J]. *麦类作物学报*, 2007, 27 (5): 820-824.
- [19] 朱炎辉,吉万全,王亚娟,等.西南冬麦区地方品种 HMW-GS 组成遗传多样性研究 [J]. *植物遗传资源学报*, 2007, 8 (4): 401-405.
- [20] 王亮,穆培源,徐红军,等.新疆小麦品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析 [J]. *麦类作物学报*, 2008, 28 (3): 430-435.
- [21] 杨宝菊,王亚娟,吉万全.长江中下游麦区小麦地方品种 HMW-GS 遗传多样性分析 [J]. *西北农业学报*, 2009, 18 (2): 59-63.
- [22] 张自阳,姜小琴,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.
- [23] LUO C, GRIFFIN W B, BRANLARD G, et al. Comparison of low-and high molecular-weight wheat glutenin allele effects on flour quality [J]. *Theoretical and applied genetics*, 2001, 102: 1088-1098.
- [24] 张勇,何中虎,王美芳,等.我国春麦区部分小麦品种品质状况分析 [J]. *麦类作物学报*, 2002, 22 (1): 27-32.
- [25] 王晓民,王咪,武林琳,等.运旱系列小麦品种 HMW-GS 组成和品质分析 [J]. *河南农业科学*, 2018, 47 (10): 27-30.

(上接第 10 页)

纤维素分解菌,并与实验室自存菌株进行复配,最终得到了一组复合菌剂,具有较高的 CMC 酶活性,并已在实验室秸秆降解试验和低温田间试验中,证明其具有高效加快秸秆降解的作用,为北方低温地区秸秆的资源化利用提供了菌种来源。但是由于微生物是活体,菌株发挥作用受到多方面条件的制约,作用效果不稳定,在提高纤维素分解菌对秸秆降解的稳定性方面还有待进一步深入研究。

参考文献

- [1] 刘晓东,李书田.中国秸秆养分资源及还田的时空分布特征 [J]. *农业工程学报*, 2017, 33 (21): 1-19.
- [2] 张海艳,王文磊,韩钰.纤维素分解菌的筛选与鉴定 [J]. *安徽农业科学*, 2020, 48 (15): 1-3, 8.
- [3] 王伟,郑大浩,杨超博,等.高效纤维素分解菌的分离及秸秆降解生物效应 [J]. *中国农业科技导报*, 2019, 21 (8): 36-46.
- [4] 于慧娟,郭夏丽.秸秆降解菌的筛选及其纤维素降解性能的研究 [J]. *生物技术通报*, 2019, 35 (2): 58-63.
- [5] 李海燕,苏媛,齐立志,等.多功能土壤添加剂对小麦土传病害的防控及对玉米秸秆的降解作用 [J]. *河南农业科学*, 2015, 44 (6): 84-89.
- [6] 高星爱,王鑫,解娇,等.低温秸秆降解复合微生物菌剂的研究进展 [J]. *生物技术通报*, 2020, 36 (4): 144-150.
- [7] 郑丽,张海鹏,宋艳培,等.纤维素降解菌的筛选、鉴定和糖化水平研究 [J]. *广东农业科学*, 2017, 44 (2): 104-111.
- [8] 姜立春,赵丽萍,林寿露,等.纤维素降解菌的筛选、鉴定与产酶条件优化试验 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2017 (11): 166-172.

- [9] 赵旭,王文丽,李娟.玉米秸秆低温降解菌的分离筛选及鉴定 [J]. *土壤与作物*, 2017, 6 (3): 192-198.
- [10] SELVAM K, SENBAGAM D, SELVANKUMAR T, et al. Cellulase enzyme: Homology modeling, binding site identification and molecular docking [J]. *Journal of molecular structure*, 2017, 1150: 61-67.
- [11] 王天生,李传博,王宁,等.纤维素降解菌的筛选与复合菌系的初步构建 [J]. *中国微生物学杂志*, 2018, 30 (1): 19-21.
- [12] 王垚,韩燕峰,梁宗琦.两株戴氏霉对水稻秸秆的降解及产酶研究 [J]. *菌物学报*, 2017, 36 (5): 598-603.
- [13] 赵欣.耐低温秸秆降解复合菌系的培养基组分优化及产酶分析 [D]. 哈尔滨:东北农业大学, 2017.
- [14] 邢慧珍,宋水山,黄媛媛,等.一株低温玉米秸秆降解真菌的筛选、鉴定及降解特性 [J]. *微生物学通报*, 2020, 47 (9): 2923-2933.
- [15] 尹蕾,王伟航,陈子璇,等.水稻秸秆高效降解菌株的筛选鉴定及其降解产物分析 [J]. *江苏农业科学*, 2018, 46 (19): 292-296, 305.
- [16] 杨娜,何鑫,杜春梅.一株纤维素降解菌的筛选与鉴定 [J]. *中国农学通报*, 2021, 37 (17): 26-31.
- [17] 孟建宇,陈勿力吉玛,郭慧琴,等.常温和低温纤维素降解菌的分离及其降解特性 [J]. *农业生物技术学报*, 2021, 29 (1): 73-84.
- [18] 胡海红,孙继颖,高聚林,等.低温高效降解玉米秸秆复合菌系发酵条件优化及降解菌剂的研究 [J]. *农业环境科学学报*, 2016, 35 (8): 1602-1609.
- [19] 张必周,高聚林,于晓芳,等.玉米秸秆低温降解菌的分离与鉴定及复配菌降解效果研究 [J]. *玉米科学*, 2020, 28 (6): 168-175.
- [20] 黄亚丽,黄媛媛,马慧媛,等.低温秸秆降解真菌的筛选及在秸秆还田中的应用 [J]. *中国农学通报*, 2020, 36 (21): 53-60.
- [21] 闫敏,李磊,庞金梅,等.玉米秸秆降解复合系的构建 [J]. *山西农业科学*, 2014, 42 (3): 257-259.
- [22] 刘青海,潘虎,朱兆静,等.高效纤维素降解复合菌系 M6 的构建及堆肥效果初探 [J]. *河南农业科学*, 2019, 48 (12): 56-62.