

# 黄淮南片麦区新育成小麦品种（系） 高分子量麦谷蛋白遗传多样性分析

金艳<sup>1</sup> 宋全昊<sup>1</sup> 宋佳静<sup>1</sup> 郜战宁<sup>1</sup> 马红珍<sup>1</sup> 陈亮<sup>2</sup> 朱统泉<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>驻马店市农业科学院, 463000, 河南驻马店; <sup>2</sup>西北农林科技大学农学院, 712100, 陕西杨凌)

**摘要** 为明确黄淮南片麦区新育小麦品种（系）高分子量麦谷蛋白亚基（HMW-GS）的组成与品质性状的关系，以该区近年育成的93份小麦品种（系）为材料，采用SDS-PAGE方法鉴定HMW-GS组成，并结合籽粒品质性状系统分析其HMW-GS分布及品质特征。结果表明，共检测到 *Glu-1* 3个位点上共9种亚基类型，分别为 *Glu-A1* 位点的1（72.04%）和Null（27.96%）亚基，*Glu-B1* 位点的7+9（64.52%）、7+8（30.11%）和14+15（5.38%）亚基，以及 *Glu-D1* 位点的2+12（37.63%）、5+12（32.26%）、5+10（29.03%）和2+10（1.08%）亚基。15种亚基组合类型中出现频率最高的是1/7+9/2+12（19.35%），组合1/7+8/5+10的分布频率为8.60%。依据品质性状将参试材料聚类为3个类群，类群I、类群II和类群III分别占比47.3%、17.2%和35.5%。类群III材料的蛋白质含量、吸水率和湿面筋含量等品质指标均表现最优，该类群中14+15、7+8和5+10亚基出现的频率分别为6.06%、36.36%和30.30%。参试材料中含有豫麦2号和周8425B两个骨干亲本血缘的品种（系）占比达70.96%。筛选出郑麦366、新麦26、济麦44和富麦916等8个品种携带优质亚基及组合。研究结果为黄淮南片麦区小麦品质育种的亲本选配提供了理论依据，对进一步优化HMW-GS组成和改良小麦品质具有重要参考价值。

**关键词** 黄淮南片麦区；小麦；高分子量麦谷蛋白亚基（HMW-GS）；籽粒品质

小麦（*Triticum aestivum* L.）是全球主要的粮食作物，在人类膳食中提供近1/5的能量和蛋白质<sup>[1]</sup>。小麦的加工品质主要由贮藏蛋白组分决定，包括麦谷蛋白和醇溶蛋白，麦谷蛋白是影响面团弹性和强度的关键因素，依据分子量大小可分为高分子量谷蛋白亚基（HMW-GS，70~90 kDa）和低分子量谷蛋白亚基（LMW-GS，20~45 kDa）<sup>[1-3]</sup>。二者通过复杂的分子间和分子内二硫键网络构建谷蛋白聚合物<sup>[4]</sup>，HMW-GS虽然含量仅占谷蛋白总量的10%左右，但在决定小麦加工品质方面发挥着核心调控作用，特别是在面包烘焙品质方面具有40%~75%的贡献率<sup>[5]</sup>。

HMW-GS的基因由位于第一同源群染色体长臂上的 *Glu-1* 位点编码，该位点包含 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 3个基因座，每个位点均有 *x* 型和 *y* 型2个紧密连锁的基因<sup>[6-7]</sup>。研究<sup>[8]</sup>表明，不同HMW-GS亚基对小麦品质的贡献存在显著差异，其亚基组成与组合方式通过调控面团弹性和延展性影响面粉的加工品质<sup>[9-10]</sup>。*Glu-A1* 位点的1和2亚基对面包

烘烤品质具有正向贡献<sup>[11-12]</sup>；*Glu-B1* 位点的7+8亚基对蛋白质含量和面包烘烤体积具有正效应<sup>[13]</sup>；*Glu-D1* 位点的5+10亚基能显著提升面团弹性和稳定时间<sup>[12-15]</sup>。相反，*Glu-A1* 的 null 亚基、*Glu-B1* 的6+8亚基及 *Glu-D1* 的2+12亚基通常与面包烘烤品质呈负相关<sup>[16]</sup>。目前，因 *Glu-B1* 位点的等位变异较为复杂，7+9亚基对品质的贡献存在差异，需通过分子层面深入探究其机制<sup>[17]</sup>。在亚基组合上，已鉴定出多组对籽粒品质有显著正向影响的优势等位基因组合，如1/7+8/5+12能显著提升馒头品质，表现为更高的蛋白质含量、湿面筋含量、稳定时间和感官评分等<sup>[18]</sup>。HMW-GS的组成分析及其与品质性状的关联研究已成为现代小麦品质育种中不可或缺分子标记手段，为亲本选配和后代筛选提供了坚实的理论依据。

黄淮南片麦区作为我国最重要的小麦生产基地，尽管近年来通过育种攻关培育出如郑麦366和新麦26等优质强筋小麦品种，但优质亚基的分布频率仍然偏低<sup>[19]</sup>。值得关注的是，由于育种过程

作者简介：金艳，主要从事小麦育种和栽培技术研究，E-mail: 421156341@qq.com

宋全昊为通信作者，主要从事小麦育种和栽培技术研究，E-mail: songmanl.2005@163.com

基金项目：河南省中央引导地方科技发展资金项目（Z20231811144）；河南省科技攻关项目（242102111149）；驻马店市科技创新青年专项（QNZX202320）；国家现代农业产业技术体系建设专项（CARS-03）

收稿日期：2025-08-19；修回日期：2025-09-05；网络出版日期：2026-02-03

中对骨干亲本的过度依赖与重复利用,限制了小麦品质的进一步提升<sup>[20]</sup>。当前针对黄淮南片麦区小麦 HMW-GS 组成的研究<sup>[21-23]</sup>虽有开展,但重心多集中于优质亚基的鉴定与分布频率统计层面,关于该区域新育成品种的 HMW-GS 组成与蛋白质含量和沉降值等关键品质性状的系统性关联、品种品质多样性的聚类分析以及结合血缘遗传基础开展的 HMW-GS 组成效应研究鲜见报道。

本研究选取黄淮南片麦区 93 个新育成小麦品种(系)作为研究对象,通过 SDS-PAGE 技术鉴定其 HMW-GS 组成,并测定蛋白质含量、湿面筋含量和沉降值等 6 项关键品质指标,分析亚基及其组成分布特征及其与品质性状的关系,并结合聚类分

析探讨遗传血缘对品质的影响,以期为该区域 HMW-GS 组成结构的遗传改良提供理论依据,为优质小麦品种亲本选配及通过分子标记聚合特定亚基提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试材料为 93 份近年黄淮南片麦区审定或正在参试的普通小麦品种(系),能较好地反映黄淮南片麦区小麦资源的遗传多样性特征,由国家现代农业产业技术体系驻马店综合试验站收集并提供(表 1)。HMW-GS 亚基鉴定对照材料为中国春(Null/7+8/2+12)和西农 979(1/7+8/2+12),分

表 1 试验材料的亲本信息  
Table 1 Parent information of test materials

编号 Code	品种(系) Variety (line)	亲本 Parents	编号 Code	品种(系) Variety (line)	亲本 Parents
1	中育 1051	04 中 36/周麦 16	34	中农 867	中育 9307/漯 6082
2	郑麦 163	偃 9998/百农 AK58//郑麦 366	35	04 中 36	百农 64/周 11
3	济麦 44	954072/济南 17	36	中农 539	许科 1018/周麦 22 号
4	新农 23	(周麦 16/济麦 22) F <sub>1</sub> //西农 979	37	中农 031	(04 中 36/百农 AK58) F5/周 98165
5	周麦 16	周麦 9 号/周 8425B	38	郑大 181	冀麦 4 号/郑农 17
6	周麦 22	周麦 12/豫麦 49//周麦 13	39	安农 1928	丰德存麦 1 号/徐麦 9074
7	周麦 32	百农 AK58/周麦 24	40	漯丰 7011	S1012/郑麦 366//漯 6073
8	周麦 52	周麦 32 号/周麦 36 号	41	豫农 905	DH(新麦 26/周麦 28)
9	洛麦 45	周麦 22/洛麦 07450	42	中植麦 16	许科 316/百农 AK58//周麦 22
10	洛麦 44	周麦 22//周麦 22/洛麦 07450	43	瑞华 519	烟农 19/瑞华麦 516
11	徐麦 17106	百农 AK58/徐麦 8083	44	陕禾 1029	西农 979/西农 9718
12	新农 9799	周麦 32/郑麦 366	45	泛麦 26	新麦 26/西农 979/百农 AK58
13	中麦 698	中麦 895/周麦 22//中麦 895	46	西农 1125	西农 20/郑麦 7698
14	瑞华麦 513	瑞华麦 516/泛麦 8 号//瑞华麦 518	47	富麦 916	新麦 26/周麦 32
15	漯丰 1905	L103/漯麦 18	48	安科 1704	淮麦 25/07ELT203
16	郑麦 136	百农 AK58/济麦 22	49	良科 6 号	西农 979×泛麦 8 号
17	郑麦 618	周麦 16/选 04115-8//周麦 16	50	西农 1155	丰德存麦 1 号/03011
18	郑麦 22	周麦 22/百农 AK58//偃展 4110	51	西农 162	西农 519/陕麦 159
19	洛麦 28	洛麦 21/百农 AK58	52	连麦 12	刘虎 98/西农 4711//生选 6 号/漯 38
20	洛麦 26	百农 AK58/开麦 18	53	淮麦 404	徐农 029/淮麦 44
21	矮抗 58	周麦 11/温麦 6 号/郑州 8960	54	安农 859	瑞华麦 520/亿麦 11
22	中原丰 1 号	温麦 6/周麦 12 号//周麦 13 号/商麦 008	55	郑研麦 182	周麦 16/郑豫麦 9987
23	西农 979	西农 2611/(918×95 选 F <sub>1</sub> )	56	许科 108	郑麦 9023/兰考 906//丰德存麦 1 号
24	郑品麦 25	周麦 16/淮麦 20	57	百农 207	周麦 16/豫麦 54
25	存麦 35	兰考 198/存 1425//苏赖麦	58	周麦 18	内乡 185/周麦 9 号
26	西农 20	郑麦 366/陕农 981//郑麦 366	59	郑麦 113	百农 AK58/偃展 4110
27	赛德麦 5 号	豫农 982/周麦 22	60	周麦 36	百农 AK58/周麦 19//周麦 22
28	中育 1702	周麦 26 号/08 漯 33	61	西农 579	2001121-31/西农 822
29	中金 13	周麦 16/7979	62	新麦 65	新麦 26//济麦 20/新麦 26
30	中植麦 13	周 22/百农 AK58	63	西农 586	JY08S2-1-1-1/JY0752
31	驻麦 4 号	89 中 170/汴 8539-2	64	天民 360	小偃 784/矮特早 1-5//周麦 18//百农 AK58//扬麦 20
32	新麦 38	周麦 32/新麦 28	65	阜麦 16	宿 553/淮麦 21
33	郑麦 366	豫麦 47/PH82-2-2	66	科大 116	济麦 3 号/科大 28

续表 1 Table 1 (continued)

编号 Code	品种（系） Variety (line)	亲本 Parents	编号 Code	品种（系） Variety (line)	亲本 Parents
67	驻麦 562	驻 0204-721/良星 66	81	郑麦 21	兰考 198/周麦 22
68	天益科麦 11	中麦 895/华成麦 1688	82	扬麦 15	扬 89-40/川育 21526
69	洛麦 49	周麦 22/洛麦 07420	83	驻麦 328	百农 AK58/济 95519
70	豫州 136	豫州 109/扬麦 15	84	驻麦 305	周麦 16/04 中 36
71	豫农 917	DH（豫农 904/豫农 910）F2	85	驻麦 762	04 中 36/百农 AK58
72	郑麦 827	百农 AK58/洛麦 22	86	驻麦 256	04 中 36/周麦 16/04 中 36
73	郑麦 828	郑麦 158 辐射诱变	87	驻麦 586	周麦 26/泛麦 08206
74	豫州 121	科兴 404/扬麦 15//永川白麦子	88	驻麦 726	周麦 16/04 中 36
75	郑麦 825	（偃展 4110/周麦 16）F0 辐射诱变	89	驻麦 591	濮育 1 号/洛麦 23
76	郑麦 826	（郑 03876/兰考 198）F0 辐射诱变	90	驻麦 592	洛麦 23/许农 7 号
77	郑麦 823	开麦 26/咨 4	91	驻麦 596	04 中 36/周麦 13
78	郑麦 518	观 35/新 9944	92	驻麦 598	洛麦 23/周麦 22
79	豫农 911	DH（周麦 26/冀糯 200）	93	新麦 26	新麦 18/济南 17
80	豫农 914	DH（百农 AK58/扬糯麦 1 号）			

别编号为 CK1 和 CK2。

### 1.2 试验设计

试验于 2023–2024 年度在小麦生长季种植在国家小麦产业技术体系驻马店试验站（32.59° N，114.2° E）的试验田进行，该地海拔 110 m，土壤类型为黄褐土，前茬作物为玉米，土壤肥力中等。随机区组设计，3 次重复，各材料的每个重复种植 3 行，单粒点播种植，行长 2.0 m，行距 0.3 m，株距 0.1 m，田间管理措施统一同大田生产。自然成熟后每份材料选择 3 行的中间行进行人工整行收获与脱粒。

### 1.3 籽粒品质性状

采用 DA7200 型多功能近红外分析仪（Perten，瑞典）测定样品品质参数，检测指标包括含水量、吸水率、蛋白质含量、湿面筋含量、容重和沉降值，所有样品均进行 3 次重复测定。

### 1.4 HMW-GS 的提取与鉴定

选取单粒饱满种子研磨成粉，参照韩文蕾<sup>[24]</sup>的纯化方法提取麦谷蛋白，随后采用 10% SDS-PAGE 凝胶电泳进行分离；分离胶由 11.90 mL 蒸馏水、10.00 mL 30% 单体胶、7.50 mL Tris-HCl 分离缓冲液（pH 8.8）、0.30 mL 10% 十二烷基硫酸钠、0.30 mL 10% 过硫酸铵和 0.01 mL 四甲基乙二胺组成；浓缩胶由 6.80 mL 蒸馏水、1.70 mL 30% 单体胶、1.25 mL Tris-HCl 浓缩缓冲液（pH 6.8）、0.10 mL 10% 十二烷基硫酸钠、0.10 mL 10% 过硫酸铵和 0.01 mL 四甲基乙二胺组成。制胶时按先分离胶后浓缩胶的顺序灌注。样品上样量为 10~

20 μL/孔，初始以 100 V 电压电泳，待样品进入分离胶后调整为 160 V，直至溴酚蓝指示剂接近凝胶底部时停止电泳。电泳结束后，用考马斯亮蓝 R-250 溶液染色（10~12 h），经蒸馏水脱色至背景清晰后拍照记录，最后通过与标准样品比对完成 HMW-GS 亚基组成的鉴定。

### 1.5 数据处理

利用 Excel 2019 完成试验数据整理与初步统计分析；通过 RStudio 软件进行系统聚类分析；依据聚类分组结果，运用 SPSS 26.0 对不同类群的性状指标开展方差分析（ANOVA）和 Duncan 多重比较检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 HMW-GS 等位变异类型及频率

93 份参试品种（系）共检测到 *Glu-1* 3 个位点上 9 种亚基类型（图 1，表 2），*Glu-A1* 位点上检出 2 种亚基类型，分别是 1（频率 72.04%）和 Null（频率 27.96%）。*Glu-B1* 位点上 3 种亚基类型，分别为 7+9、7+8 和 14+15，频率分别为 64.52%、30.11% 和 5.38%，7+9 亚基的频率最高，共计 60 份材料。*Glu-D1* 位点上有 4 种亚基类型，分别为 2+12、5+12、5+10 和 2+10，分别占比 37.63%、32.26%、29.03% 和 1.08%。其中 2+10 亚基类型占比最低，仅有 1 份材料。

### 2.2 HMW-GS 亚基分布及其对小麦品质的影响

由表 2 表明，在 *Glu-A1* 位点上，含 1 亚基材料的蛋白质含量为 14.75%，略高于 Null 的品种

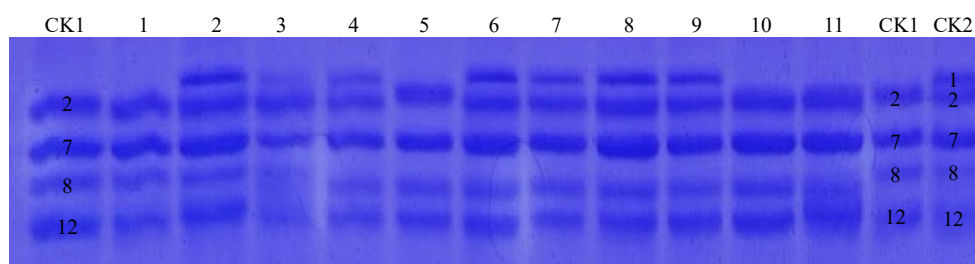


图1 部分材料高分子麦谷蛋白亚基 SDS-PAGE 分析

Fig.1 HMW-GS composition analysis of part wheat materials by SDS-PAGE

表2 HMW-GS 亚基分布及其对小麦品质的影响

Table 2 Distribution of HMW-GS subunits and their impact on wheat quality

位点 Locus	亚基 Subunit	数量 Number	频率 Frequency (%)	蛋白质含量 Protein content (%)	湿面筋含量 Wet gluten content (%)	沉降值 Zeleny sedimentation value (mL)	吸水率 Water absorption rate (%)	含水量 Moisture content (%)	容重 Test weight (g/L)
<i>Glu-A1</i>	1	67	72.04	14.75	30.53	27.07	57.77	12.06	772.80
	N	26	27.96	14.72	30.65	28.41	58.82	12.10	780.14
<i>Glu-B1</i>	14+15	5	5.38	15.01	30.65	27.36	54.18	12.14	772.81
	7+8	28	30.11	14.48	30.17	27.80	58.97	12.46	779.02
	7+9	60	64.52	14.84	30.74	27.29	57.97	11.88	773.07
<i>Glu-D1</i>	5+12	30	32.26	14.66	30.26	26.54	57.11	12.10	774.85
	5+10	27	29.03	14.86	30.94	28.22	58.72	12.03	775.06
	2+12	35	37.63	14.64	30.41	27.28	58.28	12.05	774.34
	2+10	1	1.08	17.60	34.82	39.44	61.66	12.76	786.75

(系)。在 *Glu-B1* 位点上, 3 种亚基中含 14+15 亚基的品种(系)蛋白质含量为 15.01%, 优于其他 2 种亚基类型; 含有 7+8 优质亚基的材料在沉降值、吸水率、含水量和容重较优, 但在蛋白质含量和湿面筋含量上并没有表现出优势。在 *Glu-D1* 位点上, 含有 5+10 亚基材料的蛋白质含量、湿面筋含量、沉降值、吸水率、含水量和容重 6 个品质指

标均优于含有 5+12 和 2+12 亚基的材料。2+10 亚基仅有 1 份材料, 虽然其品质指标较好, 但不具有统计的意义, 有待进一步验证。

### 2.3 HMW-GS 组合类型及品质评分

供试材料共检出 15 种亚基组合(表 3), 比例较高的前 3 位的亚基组合为 1/7+9/2+12、1/7+9/5+12 号和 1/7+9/5+10, 分别占参试品种(系)的 19.35%、

表3 93份小麦品种(系)HMW-GS组合类型、频率及得分

Table 3 HMW-GS composition types, frequencies and scores in 93 wheat varieties (lines)

编号 Code	HMW-GS			品种(系)编号 Codes of varieties (lines)	份数 Number of samples	频率 Frequency (%)	评分 Score
	<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>				
1	1	14+15	5+12	64, 72, 73	3	3.23	11
2	1	14+15	5+10	77	1	1.08	10
3	1	7+8	2+12	23, 39, 82	3	3.23	8
4	1	7+8	5+10	2, 3, 33, 47, 54, 59, 84, 93	8	8.60	10
5	1	7+8	5+12	16, 21, 25, 45, 48, 50, 56, 79, 85	9	9.68	11
6	1	7+9	2+12	4, 6, 7, 8, 9, 13, 22, 29, 30, 35, 42, 58, 60, 69, 71, 78, 86, 88	18	19.35	7
7	1	7+9	5+10	12, 19, 20, 26, 32, 40, 49, 51, 62, 74, 89, 90	12	12.90	9
8	1	7+9	5+12	15, 18, 27, 28, 36, 37, 57, 67, 76, 80, 87, 91, 92	13	13.98	8
9	N	14+15	2+12	75	1	1.08	6
10	N	7+8	2+12	1, 31, 52, 53, 66, 68	6	6.45	6
11	N	7+8	5+10	44, 46	2	2.15	8
12	N	7+9	2+10	43	1	1.08	<6
13	N	7+9	2+12	5, 10, 14, 17, 24, 61, 83	7	7.53	5
14	N	7+9	5+10	11, 41, 63, 65	4	4.30	7
15	N	7+9	5+12	34, 38, 55, 70, 81	5	5.38	8

13.98%和 12.90%。占比较低的组合为 1/14+15/5+10、N/14+15/2+12 和 N/7+9/2+10，每个组合仅有 1 份材料（占 1.08%）；其他亚基组合各占有一定比例。亚基组合 1/7+8/5+10 的频率为 8.6%，对应济麦 44、郑麦 366、富麦 916、郑麦 113、郑麦 163、安农 859、驻麦 305 和新麦 26 共 8 份材料。参考韩文蕾<sup>[24]</sup>的评分标准进行评分，15 种亚基组合的评分变幅为 5~11 分，其中品质评分在 10 分以上的组合类型有 4 种，分别为 1/7+8/5+12、1/7+8/5+10、1/14+15/5+10 和 1/14+15/5+12，对应组合频率分别为 9.68%（9 份）、8.60%（8 份）、3.23%（3 份）和 1.08%（1 份），共计 21 份材料，占供试材料总数的 22.58%。

#### 2.4 参试小麦品质性状的聚类分析及品质差异

根据品质性状的数据对 93 份试验材料进行聚类分析，可聚为 3 类（图 2）。类群 I 包含周麦 16、周麦 22、驻麦 762、郑麦 366 和新麦 26 等 44 个品种（系），占比 47.3%；类群 II 包含周麦 32、新农 9799、瑞华麦 513、洛麦 26 和西农 20 等 16 个品种（系），占比 17.2%；类群 III 包含郑麦 136、矮抗 58、百农 207 和周麦 36 等 33 个品种（系），占比 35.5%。

6 个品质性状的变异系数为 1.50%~13.95%，平均 7.16%，沉降值的变异系数最大（13.95%），其次是蛋白质含量（8.07%）和湿面筋含量（7.49%）；含水量、吸水率和容重的变异系数均低于平均值，分别为 6.04%、5.92%和 1.50%（表

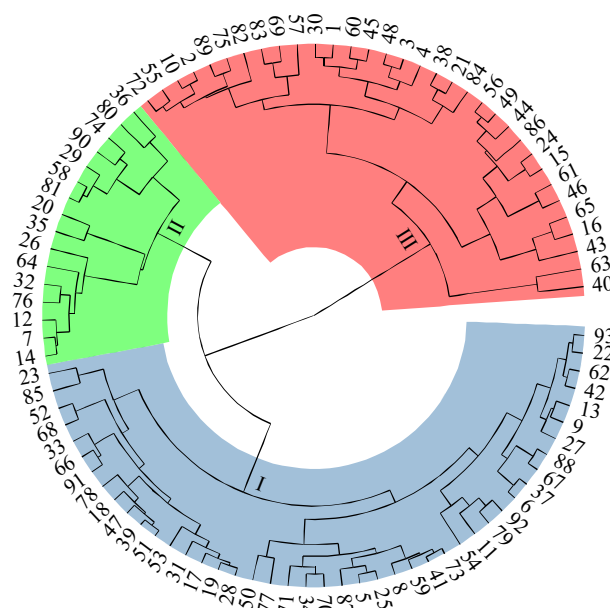


图 2 基于品质性状对 93 份小麦新品种（系）的聚类分析  
Fig.2 Cluster analysis of 93 wheat varieties (lines) based on quality traits

4)。对聚类结果分组进行多重比较，3 个类群间在蛋白质含量、含水量和容重 3 个性状间达显著差异水平；沉降值、湿面筋含量和吸水率均无显著性差异。类群 I 的容重显著低于类群 II 和类群 III，其他各项品质指标介于类群 II 和类群 III 之间。类群 II 的材料数最少，其容重（771.97 g）与其他 2 个类群达到显著性差异，介于类群 I 和类群 III 之间，其余指标如蛋白质和湿面筋含量等 5 个指标均为最低。类群 III 材料的 6 项品质指标均最高，且蛋白质含量、含水量和容重显著高于其他 2 个类群。

表 4 不同类群小麦的品质性状差异分析  
Table 4 Statistical analysis of wheat quality traits of different groups

项目 Item	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV (%)	类群 Group		
				I	II	III
蛋白质含量 Protein content (%)	14.74	1.19	8.07	14.88ab	14.35b	15.22a
含水量 Moisture content (%)	12.07	0.73	6.04	12.02ab	11.72b	12.33a
沉降值 Sedimentation value (mL)	27.45	3.83	13.95	27.54a	26.97a	27.57a
湿面筋含量 Wet gluten content (%)	30.56	2.29	7.49	30.59a	30.23a	31.17a
吸水率 Water absorption rate (%)	58.06	3.44	5.92	57.84a	57.57a	58.62a
容重 Test weight (g)	774.85	11.70	1.50	757.46c	771.97b	787.13a
类群内材料个数 Number of materials within group				44.00	16.00	33.00
占总材料数的比例 Proportion in total materials (%)				47.31	17.20	35.48

不同小写字母表示类群间差异显著 ( $P < 0.05$ )。  
Different lowercase letters indicate significant differences among groups ( $P < 0.05$ ).

#### 2.5 各类群小麦的 HMW-GS 亚基组成差异

不同类群间 HMW-GS 的亚基分布存在差异（表 5）。在 *Glu-A1* 位点上，各类群携带 1 亚基的

材料占比较 Null 亚基高，其中，类群 I、类群 II 和类群 III 分别为 75.00%、87.50%和 60.61%；Null 亚基的出现频率则依次为 25.00%、12.50%和 39.39%。

在 *Glu-B1* 位点上, 类群I和类群III的亚基分布较为相似, 14+15 亚基占比分别为 4.55%和 6.06%, 7+8 亚基均为 36.36%; 7+9 亚基占比分别为 59.09%和 57.58%。对比之下, 类群II的亚基组成高度单一, 93.75%的材料携带 7+9 亚基, 另有 1 份材料(6.25%) 含有 14+15 亚基, 7+8 亚基完全缺失。结合品质分析数据, 类群II的蛋白质和湿面筋含量最低。在 *Glu-D1* 位点上, 不同类群的亚基分布呈现多样性,

类群I以 2+12 亚基为主 (40.91%), 类群II以 5+10 占比最高 (37.50%), 而类群III中 2+12 亚基 (36.36%) 和 5+10 亚基 (30.30%) 分布均衡, 2+10 亚基低频出现 (3.03%)。综合来看, 品质较优的类群III的单个亚基虽无明显优势, 多介于类群I和类群II之间, 但后两者在亚基组合上均存在不足。具体表现为, 类群I虽在 7+8 亚基上与类群III相同, 但其 5+10 亚基含量明显低于类群III; 类群II的 5+10

表5 不同类群小麦的 HMW-GS 亚基类型差异分析

Table 5 Variance analysis of wheat HMW-GS subunit variations among different groups

亚基类型 HMW-GS	类群I Group I		类群II Group II		类群III Group III		
	材料数量 Number of materials	频率 Frequency (%)	材料数量 Number of materials	频率 Frequency (%)	材料数量 Number of materials	频率 Frequency (%)	
<i>Glu-A1</i>	1	33	75.00	14	87.50	20	60.61
	Null	11	25.00	2	12.50	13	39.39
<i>Glu-B1</i>	14+15	2	4.55	1	6.25	2	6.06
	7+8	16	36.36	0	0.00	12	36.36
	7+9	26	59.09	15	93.75	19	57.58
<i>Glu-D1</i>	5+12	15	34.09	5	31.25	10	30.30
	5+10	11	25.00	6	37.50	10	30.30
	2+12	18	40.91	5	31.25	12	36.36
	2+10	0	0.00	0	0.00	1	3.03

亚基含量虽最高, 却完全缺失 7+8 亚基。

## 2.6 参试小麦品种(系)的系谱来源分析

系谱分析结果见表 6, 部分材料的血缘有重叠(如泛麦 26, 其亲本来源有新麦 26、西农 979 和 百农 AK58), 因此频率占比统计值大于 100%。93 份参试材料的遗传基础主要来源于周 8425B 和 豫麦 2 号。利用含周 8425B 血缘的百农 AK58 和周麦 11 号等衍生品种选育的后续品种(系)共 22 份, 以含豫麦 2 号血缘的周麦 22 号和周麦 13 号等为亲

本选育的品种(系) 21 份, 利用同时含周 8425B 和 豫麦 2 号血缘的周麦 16、周麦 26 等衍生品种育成的有 23 份。总计含有这 2 个骨干亲本血缘的品种(系) 66 份, 占比达 70.96%, 充分体现了其在育种体系中的核心地位。此外, 直接以百农 AK58 (18 份, 19.35%)、周麦 22 号 (13 份, 13.97%) 和周麦 16 号 (14 份, 15.05%) 为亲本的材料占比最高。利用优质血缘品种(西农 979、郑麦 366 和 新麦 26) 作为亲本之一育成品种(系) 12 份, 占比

表6 93份小麦品种(系)的系谱分析

Table 6 Parental pedigree analysis of 93 wheat varieties (lines)

编号 Code	血缘 Genetic origin	衍生品种(系) Progeny varieties (lines)	以衍生品种为亲本的品种(系)数量 Number of bred varieties (lines) using progeny cultivars as parents	占比 Percentage (%)
1	周 8425B	百农 AK58	18	19.35
		周麦 11 号、周麦 12 号等	4	4.30
2	豫麦 2 号	周麦 22 号	13	13.98
		周麦 9 号、周麦 13 号、周麦 17 号、周麦 28 号等	7	7.53
3	豫麦 2 号+周 8425B	周麦 16 号	14	15.05
		周麦 32、周麦 26、周麦 24 等	9	9.68
4	优质血缘	郑麦 366	4	4.30
		新麦 26 号	4	4.30
		西农 979	4	4.30
		其他 Other	27	29.03

12.90%；以济麦系列和扬麦系列等其他血缘作为亲本之一的育成品种（系）共 27 份，占比 29.03%。

### 3 讨论

对黄淮南片麦区 93 份小麦材料的 HMW-GS 分析表明，*Glu-1* 位点共鉴定出 9 种亚基类型和 15 种组合模式，与该麦区既往研究相比，本研究在亚基类型与组合数量分别与范家霖等<sup>[25]</sup>报道的 8 种类型、14 种组合及张丽琴等<sup>[26]</sup>研究的 10 种类型、18 种组合基本吻合，印证了本研究的可靠性；但显著低于耿惠敏<sup>[27]</sup>对 714 份材料的研究结果（13 种类型、28 种组合），可能是供试材料遗传广度或筛选标准的差异所致。在关键优质亚基 1、7+8 和 5+10 的频率分布方面，近 20 年来该麦区呈现显著演变趋势，李博等<sup>[23]</sup>研究显示，这 3 种亚基的频率分别为 1.75%、77.13%和 34.74%；张丽琴等<sup>[26]</sup>的研究结果中，频率分别为 61.67%、21.59%和 40.97%；而本研究进一步发现，其频率分别为 72.04%、30.11%和 29.03%。综合分析表明，该麦区优质亚基的演变规律如下：*Glu-A1* 位点亚基 1 的频率持续逐步上升；*Glu-B1* 位点 7+8 亚基的频率表现为先降后升；而 *Glu-D1* 位点 5+10 亚基的频率则呈先升后降的趋势。这一结果说明，5+10 作为重要的优质亚基，其选育成效近期出现回落，在当前育种工作中亟待进一步加强。与亚基相对应的，亚基组合从李博等<sup>[23]</sup>报道的 Null/7+8/2+12 绝对主导（70.90%），转变为以优质亚基 1 为核心的类型。本研究与张丽琴等<sup>[26]</sup>的结果一致，1/7+9/2+12 均为最高频组合，但理想组合 1/7+8/5+10 频率仍较低。与国外材料相比，黄淮南片麦区材料的 HMW-GS 多样性差距较为明显。李艳丽等<sup>[28]</sup>对 67 份美国小麦种质的研究鉴定出 20 种亚基和 25 种组合，优质亚基 5+10 频率达 74.6%；田汉钊等<sup>[29]</sup>对外引 270 份小麦种质的研究发现 19 种亚基类型和 72 种组合，其中 CIMMYT 种质的 2 和 5+10 亚基频率分别为 69.39%和 44.90%，均远超黄淮南片麦区对应指标。这些差异为黄淮南片麦区小麦品质改良带来启示，可通过跨区域和国际种质交流，引入 17+18 和 2 等稀有优质亚基，提升 5+10 等关键亚基频率，为精准改良提供理论依据和资源支撑。

本研究系统分析了小麦 HMW-GS 亚基组合与品质性状的关系，发现 93 份材料中优质亚基组合

（评分 $\geq 10$ 分）占比达 22.58%，其中 1/7+8/5+10 组合的出现频率（9.68%）与张丽琴等<sup>[26]</sup>的研究结果（9.69%）高度吻合，组合 1/7+9/2+12（19.35%）和 1/7+9/5+10（12.90%）的分布规律也与前人<sup>[25]</sup>研究一致，并验证了 5+10 亚基对品质的正向效应。值得注意的是，部分携带组合 1/7+8/5+10 的品种（如驻麦 305），其实际品质性状表现却未达优质水平，显示出基因型与表型不一致的现象，揭示小麦品质形成除受 HMW-GS 影响外，还与 LMW-GS、醇溶蛋白含量、环境因素及基因互作等多重因素密切相关，这一发现与相关研究<sup>[25]</sup>结论相互印证，深化了对小麦品质复杂调控机制的认识。

聚类分析在小麦品种分类中的应用具有重要意义<sup>[30]</sup>，本研究基于多个品质指标通过聚类将参试小麦分为 3 个类群。类群 III 的蛋白质等各项指标均最高，但是黄淮南片麦区熟知和广泛应用的优质麦郑麦 366 和新麦 26 均在类群 I，一方面说明了类群划分的可行性，另一方面也说明了亚基组成与加工品质的优劣、蛋白质含量及蛋白质质量并不是简单的线性相关，而是存在着更为复杂的基因间互作和调控机理。5+12 亚基在各类群中占比相近（30.30%~34.09%），但其他亚基及品质数据存在差异，进一步证实了优质亚基组合对品质的显著影响。王倩等<sup>[31]</sup>通过对 49 份山西小麦品种（系）的 HMW-GS 组成及其对品质的影响进行分析，也得到了相同结论。因此，在优质育种实践中，将优质亚基组合检测与品质性状鉴定早期相结合更具指导价值。本研究筛选出郑麦 366、新麦 26、济麦 44 和富麦 916 等 8 个品种携带优质亚基及组合，这些材料可作为优质亚基基因克隆的基础材料进行优质亚基的转育，也可直接作为杂交亲本用于小麦品种的品质改良。

亲本溯源发现 93 份供试材料中，含豫麦 2 号和周 8425B 2 个骨干亲本血缘的品种（系）达 66 份，占比高达 70.96%。这一结果与李立等<sup>[32]</sup>对近 10 年黄淮麦区小麦新品系研究结果（70.1%）高度一致，表明近年来该麦区在小麦育种的亲本选择上仍高度依赖这 2 个骨干亲本，导致育成品种的遗传背景较为单一。虽然济麦、扬麦及其他未知血缘等也提供了部分遗传变异，但整体上仍难以突破骨干亲本带来的遗传限制。血缘结构的单一虽然保证了优良性状的稳定传递，但却严重限制了 HMW-GS

的多样性。因此,在保持骨干亲本优良农艺性状的同时,亟需通过分子标记辅助选择等手段,针对性地引入新的优质高分子量谷蛋白亚基类型,以丰富遗传基础,培育具有更优加工品质的新品种。

#### 4 结论

在 *Glu-1* 3 个位点共鉴定出 9 种亚基类型和 15 种组合, *Glu-A1* 位点的 1 亚基出现频率显著较高 (72.04%), *Glu-B1* 位点 7+8 和 14+15 亚基分别占比 30.11% 和 5.38%, *Glu-D1* 位点 5+10 亚基占 29.03%。亚基组合中比例较高的前 3 位是 1/7+9/2+12 (19.35%)、1/7+9/5+12 (13.98%) 和 1/7+9/5+10 (12.90%)。93 份小麦材料的聚类分析将其分为 3 个类群,其中类群 I 和 III 的亚基分布相似 (14+15: 4.55% 和 6.06%; 7+8: 均为 36.36%; 7+9: 59.09% 和 57.58%), 而类群 II 的亚基组成高度单一, 93.75% 的材料携带 7+9 亚基, 2+10 亚基仅 1 份材料, 7+8 亚基完全缺失。参试材料中含有豫麦 2 号和周 8425B 2 个骨干亲本血缘的品种 (系) 达 66 份, 占比高达 70.96%。

#### 参考文献

- [1] 何中虎, 晏月明, 庄巧生, 等. 中国小麦品种品质评价体系建立与分子改良技术研究. 中国农业科学, 2006, 36(6): 1091-1101.
- [2] D'Ovidio R, Masci S. The low-molecular-weight glutenin subunits of wheat gluten. *Journal of Cereal Science*, 2003, 39(3): 321-339.
- [3] Rhazi L, Cazalis R, Lemelin E, et al. Changes in the glutathione thiol-disulfide status during wheat grain development. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2003, 41(10): 895-902.
- [4] 杨梦晨, 崔帅, 杨雪敏, 等. 311 份小麦品种 (系) 优质麦谷蛋白亚基组成分析. 分子植物育种, 2021, 19(4): 1169-1181.
- [5] Ma W J, Yu Z T, She M Y, et al. Wheat gluten protein and its impacts on wheat processing quality. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 2019, 6(3): 279-287.
- [6] 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. *Cereal Research Communications*, 1983, 11: 29-35.
- [7] Li Y, Fu J H, Shen Q, et al. High-molecular-weight glutenin subunits: Genetics, structures, and relation to end use qualities. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22: 184.
- [8] Payne P I. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. *Annual Review of Plant Physiology*, 1987, 38: 141-153.
- [9] 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. 麦类作物学报, 2006, 26(2): 63-67.
- [10] Wang Y, Guo Z R, Chen Q, et al. Effect of high-molecular-weight glutenin subunit *Dy10* on wheat dough properties and end-use quality. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, 22(6): 1609-1617.
- [11] Kaneori T, Zenta N, Wakako F, et al. Difference in combination between *Glu-B1* and *Glu-D1* alleles in bread-making quality using near-isogenic lines. *Food Science and Technology Research*, 2003, 9(1): 67-72.
- [12] 孙辉, 李保云, 王岳光, 等. 普通小麦谷蛋白亚基与烘烤品质的关系. 中国农业大学学报, 2000, 5(3): 18-24.
- [13] 林红波, 刘云英, 李维琪. 小麦高分子量谷蛋白亚基及其基因的研究进展. 西北植物学报, 2002, 22(4): 1025-1029.
- [14] 宋建民, 刘爱峰, 吴祥云, 等. 高分子量谷蛋白亚基组成及其含量与小麦品质关系研究. 中国农业科学, 2003, 36(2): 128-133.
- [15] 王涛, 李竹林, 任正隆. 具有高分子量谷蛋白亚基 5+10 的稀有小麦品系的鉴定和特性研究. 作物学报, 2004, 30(6): 544-547.
- [16] Kanenori T, Hiroaki Y, Zenta N, et al. Effect of high molecular weight glutenin subunits on bread-making quality using near-isogenic lines. *Breeding Science*, 2000, 50(4): 303-308.
- [17] Karim A, Warren E K, 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.
- [18] Wang X F, An Y, Chen J P, et al. Genetic diversity of HMW-GS and the correlation of grain quality traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) in Hubei Province, China. *Agronomy*, 2024, 14(6): 1158.
- [19] 魏青, 马指挥, 杨晓雨, 等. 146 份黄淮麦区小麦参试品种 (系) 高分子量谷蛋白亚基分析. 西北农业学报, 2026, 35(1): 23-30.
- [20] 刘一凡, 刘少帅, 臧瑞, 等. 168 份小麦种质资源品质性状分析. 中国农业科技导报 (中英文), 2025, 27(9): 44-57.
- [21] 冯毅, 闵东红, 孙道杰, 等. 黄淮麦区部分推广小麦品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析. 麦类作物学报, 2006, 26(2): 68-71.
- [22] 王静, 刘东涛, 陈荣振, 等. 黄淮麦区部分小麦品种 (系) 高分子量麦谷蛋白亚基的 SDS-PAGE 和分子标记分析. 西北农业学报, 2015, 24(2): 27-32.
- [23] 李博, 张荣琦, 王亚娟, 等. 黄淮麦区部分小麦地方品种高分子量麦谷蛋白亚基组成分析. 麦类作物学报, 2007, 27(3): 483-487.
- [24] 韩文蕾. 山西省小麦品种 (系) HMW-GS 组成分析. 晋中: 山西农业大学, 2022.
- [25] 范家霖, 陈晓杰, 张建伟, 等. 高分子量麦谷蛋白亚基组成及其与小麦品质性状的关系分析. 麦类作物学报, 2021, 41(5): 544-552.
- [26] 张丽琴, 刘春雷, 杨雪, 等. 黄淮麦区小麦新品种 (系) 高分子量谷蛋白亚基多态性分析. 麦类作物学报, 2012, 32(1): 79-82.
- [27] 耿惠敏. 714 个黄淮麦区小麦新品种 (系) HMW-GS 组成的研究. 农业科技通讯, 2023(10): 62-65, 171.
- [28] 李艳丽, 鲁敏, 麻姗姗, 等. 67 份美国小麦种质资源的 HMW-GS 组成与品质分析. 植物遗传资源学报, 2014, 15(1): 18-23, 31.
- [29] 田汉钊, 冯龙婷, 应开, 等. 外引小麦种质麦谷蛋白亚基组成及评价. 作物学报, 2025, 51(10): 2663-2680.
- [30] 金艳, 宋全昊, 宋佳静, 等. 69 份小麦种质资源的综合性评价. 中国农业科技导报, 2024, 26(2): 33-45.
- [31] 王倩, 任文斌, 谢三刚. 山西省小麦品系 HMW-GS 的组成及

品质分析. 安徽农业科学, 2022, 50(10): 25-27.  
[32] 李立, 龚梦婕, 李锁平, 等. 黄淮麦区小麦新品系高分子量谷

蛋白亚基的组成及结构变化分析. 华北农学报, 2018, 33(2): 157-162.

## Genetic Diversity Analysis of Newly Developed Wheat Germplasm Based on HMW-GS in Southern Huang-Huai Wheat Region

Jin Yan<sup>1</sup>, Song Quanhao<sup>1</sup>, Song Jiajing<sup>1</sup>, Gao Zhanning<sup>1</sup>,  
Ma Hongzhen<sup>1</sup>, Chen Liang<sup>2</sup>, Zhu Tongquan<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Zhumadian Academy of Agricultural Sciences, Zhumadian 463000, Henan, China;  
<sup>2</sup>College of Agronomy, Northwest A & F University, Yangling 712100, Shaanxi, China)

**Abstract** To clarify the relationship between high-molecular-weight glutenin subunits (HMW-GS) composition and quality traits in newly developed wheat varieties (lines) in the Southern Huang-Huai Wheat Region, a total of 93 newly developed wheat varieties (lines) from this region were used as materials. The HMW-GS composition was identified using SDS-PAGE, and their distribution and quality characteristics were systematically analyzed in conjunction with grain quality traits. The results showed that nine subunit types were detected across the three *Glu-I* loci, specifically, subunits 1 (72.04%) and Null (27.96%) at the *Glu-A1* locus; subunits 7+9 (64.52%), 7+8 (30.11%), and 14+15 (5.38%) at the *Glu-B1* locus; and subunits 2+12 (37.63%), 5+12 (32.26%), 5+10 (29.03%), and 2+10 (1.08%) at the *Glu-D1* locus. Among the 15 identified subunit combinations, the most frequent combination was 1/7+9/2+12 (19.35%), while the frequency of the combination 1/7+8/5+10 was 8.60%. Based on quality traits, the tested materials were clustered into three groups, with Group I, Group II, and Group III accounting for 47.3%, 17.2%, and 35.5%, respectively. Group III exhibited the best performance across all quality indicators such as protein content, water absorption rate, and wet gluten content; the frequencies of subunits 14+15, 7+8, and 5+10 in group III were 6.06%, 36.36%, and 30.30%, respectively. Varieties (lines) carrying the pedigree of two founder parents, Yumai 2 and Zhou 8425B, accounted for 70.96% of the tested materials. Eight varieties such as Zhengmai 366, Xinmai 26, Jimai 44, and Fumai 916, were screened for carrying high-quality subunits and combinations. These results provide a theoretical basis for parent selection in wheat quality breeding in the Southern Huang-Huai Wheat Region and serve as an important reference for further optimizing HMW-GS composition and improving wheat quality.

**Key words** Southern Huang-Huai Wheat Region; Wheat; High-molecular-weight glutenin subunits (HMW-GS); Grain quality