

普通小麦醇溶蛋白和高分子量 麦谷蛋白亚基对品质的影响*

闫旭东**

卢少源

李宗智

(河北农业大学农学系,保定 071001)

摘 要 利用 SDS-PAGE 和改良的 APAGE 方法分析了 1124 份不同来源普通小麦材料的高分子量麦谷蛋白亚基和麦醇溶蛋白谱带的组成。根据多元线性回归分析筛选出 gli42.3, 62.7, 39.6(2), 11.4, 23.0, glu5+10 等蛋白谱带对以沉降值为代表的烘烤品质起增效作用。Gli 1, Gli 2 和 Glu 1 三位点对烘烤品质以加性效应为主。品种间品质性状变异的 28%~43% 由两种蛋白组份的差异所决定,而一种蛋白组份只能决定 12.3%~31.0%。研究结果表明,在后代选育中要立足于优中选优,避免非优质谱带组合的出现。按高效谱带做第一次分类效果最好。此外对两项生化技术在品质育种中的应用进行了讨论。

关键词 小麦 高分子量麦谷蛋白 麦醇溶蛋白 亚基 组份 品质

随着生活水平的提高,人们越来越注重面粉品质。与国外品种相比,我国小麦品种主要是烘烤品质差^[1,2],而品种本身影响烘烤品质的因素主要是麦谷蛋白和麦醇溶蛋白^[4]。研究表明,某些特定的麦谷蛋白亚基与烘烤品质直接有关,其中高分子量(HMW)麦谷蛋白亚基 Glu 5+10 与优良品质密切相关^[4,5]。对醇溶蛋白,人们主要证明了 gli 43.5, 59.0 带(按 Bushuk 相对迁移率命名)与强面筋相关,其等位谱带 gli 40.0 强带,58.0 带与弱面筋相关^[6,7]。本研究旨在利用大群体材料,着重对麦醇溶蛋白和 HMW 麦谷蛋白亚基对品质的交互影响展开研究,为在小麦品种改良中合理利用 SDS-PAGE 和 APAGE 技术提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料

供试材料从美、澳、欧、亚四大洲的一些国家和地区收集到的普通小麦品种共 1124 份,其中国外品种 406 份,国内 718 份。由河北省作物种质研究中心提供。

1.2 品质分析

对材料进行了 Zeleny 沉降值,干、湿面筋含量,籽粒蛋白含量等品质性状的分析。测试全

1994-06-27 收稿。

* 国家自然科学基金资助项目; ** 现在河北省沧州市农林科学院工作,邮编 061001。

部利用国际上通用仪器设备按标准程序进行,由河北省作物种质中心品质实验室完成。

1.3 HMW-麦谷蛋白亚基的分析

按 Walker 的 SDS-PAGE 方法进行。以“中国春”小麦做对照品种。亚基命名按 Payne 和 Lawrence(1983)的系统。

1.4 麦醇溶蛋白组份的分析

按 ISTA 的 APAGE 方法加以改良后进行^[3]。利用加拿大硬红春小麦品种 Marguis 或 Neepawa 做对照,谱带命名采用 Bushuk 和 Zillman 的相对迁移率命名系统。

2 结果与分析

2.1 Gli 1, Gli 2 和 Glu 1 位点对品质的方差分析

为了解 Gli 1, Gli 2 和 Glu 1 位点内蛋白组份变异形式对品质性状的作用及位点间的互作情况,对其进行了方差分析。对 Zeleng 沉降值的分析表明,三位点的 F 测验都达极显著水平,彼此间互作以 Gli 1×Gli 2 的最大,但尚未达显著水平。可见,三位点的蛋白变异形式对沉降值的作用以各自的加性效应为主,其中 Glu 1 位点的作用最大, Gli 2 位点作用最小。对干、湿面筋部分位点存在互作效应,但不占主要地位。

2.2 麦醇溶蛋白和 HMW 麦谷蛋白亚基对品质的作用及预测分析

利用多元线性逐步回归法筛选了对各品质性状作用显著的麦醇溶蛋白谱带和麦谷蛋白亚基,建立了对各性状预测的最优回归方程。

对沉降值分析后得到方程(1)、(2)、(3)。在方程(1)对醇溶蛋白谱带的回归分析中,入选了10条作用显著的谱带。其中正效谱带有7条,以 gli 39.6(2), 23.0, 42.3 三带的效应最大。负效带三条,是 gli 26.7, 39.6(5) 和 57.0。该方程对沉降值的决定系数 R^2 为 0.296。

$$Y = 29.7612 + 1.7521 \times \text{gli } 11.4 + 3.9244 \times \text{gli } 23 - 2.0572 \times \text{gli } 26.7 + 3.9773 \times \text{gli } 39.6(2) - 1.9871 \times \text{gli } 39.6(5) + 3.8325 \times \text{gli } 42.3 + 1.5864 \times \text{gli } 48.2 + 3.032 \times \text{gli } 55 - 2.3179 \times \text{gli } 57 + 3.1767 \times \text{gli } 62.7 \quad (r = 0.5436) \quad (1)$$

$$Y = 30.3 - 2.4375 \times \text{Glu}(\text{Null}) - 1.1927 \times \text{Glu}(7+9) - 2.8711 \times \text{Glu}(7+8) - 2.501 \times \text{Glu}(6+8) - 1.0675 \times \text{Glu}(14+15) + 1.5116 \times \text{Glu}(4+12) + 3.906 \times \text{Glu}(5+10) - 2.3633 \times \text{Glu}(2+12) \quad (r = 0.5584) \quad (2)$$

$$Y = 31.4202 + 1.972 \times \text{gli } 11.4 + 2.4146 \times \text{gli } 23 + 3.7739 \times \text{gli } 39.6(2) - 1.0713 \times \text{gli } 39.6(5) + 1.2431 \times \text{gli } 42.3 - 1.7620 \times \text{gli } 57 + 2.8003 \times \text{gli } 62.7 - 3.0851 \times \text{Glu}(\text{Null}) - 2.8597 \times \text{Glu}(7+9) - 4.2482 \times \text{Glu}(7+8) - 1.4511 \times \text{Glu}(6+8) + 3.9343 \times \text{Glu}(4+12) + 4.5752 \times \text{Glu}(5+10) - 1.0571 \times \text{Glu}(2+12) \quad (r = 0.6589) \quad (3)$$

方程(2)入选的8个 HMW-麦谷蛋白亚基中, Glu 5+10 亚基对沉降值的正向效应远大于其它亚基。该方程对沉降值的决定系数 R^2 为 0.312。

方程(3)是麦醇溶蛋白和 HMW-麦谷蛋白共同对沉降值的回归分析。最终入选14条影响显著的谱带,其中增效、减效谱带(亚基)各7条。该方程对沉降值的决定系数为 0.434, 即利用这14条醇溶蛋白谱带或 HMW-麦谷蛋白亚基对沉降值的预测可以决定其真实变异的 43.4%。这些谱带(亚基)可做为品质育种中对后代材料保留或淘汰的重要标准。

三个方程的决定系数表明,当单独考虑一种蛋白时, HMW-麦谷蛋白亚基对沉降值的决定作用高于麦醇溶蛋白,而当同时考虑两种蛋白组份时,对沉降值的预测能力比单纯利用一种蛋白组份大为提高。以上的结果亦说明影

响烘烤品质的醇溶蛋白谱带绝非前人着重研究的一、二条谱带,而是一组谱带。

对干面筋、湿面筋进行了同样分析。表1列出了各性状在三种情况下建立的最优回归方程的决定系数,都得出与沉降值类似的结论。

2.3 不同蛋白组份类型对小麦品质的影响

Glu 5+10和2+12, gli 43.5和40.0, gli 59.0和58.0(按 Bushuk 电泳方法的相对迁移率

A:按 HMW-麦谷蛋白分类:

	Glu 5+10		Glu 2+12	
样本数	55		116	
沉降值	34.12±12.54***		26.93±14.87	
蛋白质	14.62±1.02*		13.47±0.95	
干面筋	9.46±2.68*		11.80±2.63*	
湿面筋	28.70±4.06***		38.20±5.17	
	<div>gli 12.3 gli 39.6(5)</div>		<div>gli 12.3 gli 39.6(5)</div>	
样本数	26	5	35	23
沉降值	36.83±2.18*	33.54±12.40	30.63±2.19**	25.82±2.45
蛋白质	14.43±0.37	14.22±1.55	13.98±0.46	14.01±0.41
干面筋	10.25±0.60	10.15±1.88	11.63±0.60	11.80±0.56
湿面筋	30.04±1.96	30.26±3.22	35.50±1.66*	36.80±1.56

B:按醇溶蛋白分类:

	gli 42.3		gli 39.6(5)	
样本数	69		28	
沉降值	32.80±2.93***		27.33±2.87	
蛋白质	11.79±0.38		14.08±0.39	
干面筋	10.11±0.54*		11.51±0.57	
湿面筋	33.81±1.54*		35.64±1.66	
	<div>Glu 5+10 Glu 2+12</div>		<div>Glu 5+10 Glu 2+12</div>	
样本数	26	35	5	23
沉降值	36.83±2.18**	30.63±2.19	33.54±12.4*	25.82±2.45
蛋白质	14.43±0.37	13.98±0.46	14.22±1.55	14.01±0.41
干面筋	10.25±0.60*	11.63±0.60	10.15±1.88***	11.80±0.56
湿面筋	30.01±1.96**	35.50±1.66	30.26±3.22**	26.80±1.56

图1 分别按 Glu 5+10、2+12和 gli 42.3、39.6(5)分类的效应

命名)三对谱带分别由同一位点上的两个等位基因所控制^(5~7)。电泳图谱比较可知本试验的 gli 42.3和39.6(5)分别对应于 Bushuk 的 gli 43.5和40带, gli 62.7和61.7分别对应于 gli 59.0和58.0。这种差别是所采用凝胶配方及电泳装置不同于 Bushuk 的原因所致^[3,11]。本研究亦表明, Glu 5+10, gli 42.3和 gli 62.7与强面筋相关,而其等位谱带 Glu 2+12, gli 39.6(5)和61.7与弱

面筋相关,且这些带对烘烤品质的效应绝对值较大,为主效谱带,其中 Glu 5+10的效应最大。我们随机抽取200个品种分别按这些主效谱带进行了分组。图1A表明,按 Glu 5+10和2+12作第一次分组,对沉降值,干、湿面筋都相当有效,再分别按 gli 42.3和 gli 39.6(5)做第二次分组,品种间各性状差数比较的 t 测验显著性大大降低。但优质谱带结合的品种,其沉降值明显大于非优质结合的品种(图1B)。在按 gli 42.3和39.6(5)进行第一次分类后,再按 Glu 5+10和2+12做第二次分类, t 测验仍相当有效,但仍表现出优质带结合最好,非优质带结合最差。按 gli 61.7和62.7的分类也表现出类似的规律。由此认为,从高效谱带做第一次分类效果较好,低效谱带分类效果相对较差。后代选择中要立足于优中选优,不能过份期望从具有非优质的 HMW-麦谷蛋白亚基的材料中选择含有优质醇溶蛋白谱带的材料来弥补其烘烤品质,反之亦然。更不可能在非优质谱带的组合中得到优质材料。

3 讨论

3.1 利用两种蛋白组份对小麦品质预测的准确性验证

在 HMW-麦谷蛋白亚基与品质关系的研究中,具有代表性的是 Payne^[5]根据单个亚基与 SDS-沉降值的关系,对每个亚基作了评分,称为 Glu-1品质评分。近年来,赵友梅(1990),赵和(1990),毛沛(1992)等根据我国小麦品种 HMW-麦谷蛋白亚基的特点分别制定了新的 Glu-1评分系统。我们随机抽取了136份小麦材料,分别计算了 Payne 和毛沛的 Glu-1品质得分以及本研究所得方程(3)对沉降值的决定程度,其决定系数分别为0.125、0.1603和0.3852,都达极显著水平,毛沛改良后的评分系统比 Payne 的评分高约4%。方程(3)的决定系数分别比 Payne 和毛沛的评分高26%和22.5%,进一步说明同时利用麦醇溶蛋白和 HMW-麦谷蛋白亚基对烘烤品质的预测比以上两个 Glu-1评分系统更有效。

3.2 APAGE 和 SDS-PAGE 技术在小麦品质育种中的应用

利用蛋白质含量来提高小麦品质主要存在两个问题,一是蛋白含量受环境及农艺措施影响较大,年度间不稳定。二是蛋白含量一般与产量呈负相关。而麦谷蛋白亚基和麦醇溶蛋白组份受控于基因,受环境因素影响较小,与蛋白含量及大部分农艺性状无显著关系且对加工品质作用较大,因此通过优质亚基(组份)的转育可起到直接改良品质的作用。

SDS-PAGE 和 APAGE 技术只需1/2个籽粒,另外一半带胚籽粒仍可播种,加之其准确、快速的特点,所以特别适用于对后代大群体材料的亚基鉴定和优质材料的选育。由于各位点优质亚基结合在一个基因型中时对加工品质的作用以加性效应为主,因此亲本选配时一定要使优质亚基互补,其中应包括同一亲本内优质麦谷蛋白亚基和优质醇溶蛋白组份间的互补,也包括两个亲本间优质亚基(组份)的互补。如果双亲中同时含有较多的非优质亚基,则很难期望在后代中筛选出优质材料,双亲中同时含有优质带最为理想。在对 F_2 及以后世代材料筛选时,每份材料只有1/2个籽粒可供分析,很难将这半个籽粒再分别进行 SDS-PAGE 和 APAGE 分析。依据按高效谱带做第一次分类效果最好的原则,如果侧重于烘烤品质的改良则在早代首先利用 SDS-PAGE 技术对含有优质 HMW-麦谷蛋白亚基的材料进行筛选,以后世代在中选材料中再利用 APAGE 技术对含有优质醇溶蛋白组份的材料进行筛选或交替使用进行筛选,这样可保证在高代入选材料中含有较多的优质谷蛋白亚基和醇溶蛋白组份,再结合沉降值试验结

果进行综合决选。借助以上两项生化技术,利用回交、加代等方法可以迅速、准确地将优质亚基导入高产品种。

参 考 文 献

- 1 王光瑞. 浅谈烘烤面包对小麦品质的要求. 作物杂志, 1985, (2): 4~7
- 2 李宗智等. 作物品质育种. 北京: 农业出版社, 1991, 20~66 207~248
- 3 阎旭东等. 适用于我国的麦醇溶蛋白 APAGE 方法. 河北农业大学学报, 1994, 17(1): 7~10
- 4 Payne PI et al. The high-molecular-weight subunits of glutenin; classical genetics, molecular genetics and the relationship to bread-making quality. Proc 6th Intern Wheat Genet Symp, 1983, 827—834
- 5 Payne PI. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. Ann Rev Plant Physiol, 1987, 38: 141—153
- 6 Peruffo AD et al. Isolation and partial characterisation of γ -gliadins 40 and 43. 5 associated with quality in common wheat. Journal of Cereal Science, 1985(3): 355—362
- 7 Pogna NE et al. Genetic aspects of gliadin bands 40 and 43. 5 associated wheat gluten strength. Genet Agr, 1985, 39: 101—108

Effect of Gliadin Composition and HMW-Glutenin Subunits on Quality of Common Wheat

Yan Xudong Lu Shaoyuan Li Zongzhi

(Department of Agronomy, Hebei Agricultural University, Baoding 071001)

Abstract SDS-PAGE and an improved APAGE method were used to analyse the gliadin composition and HMW-glutenin subunits of 1124 wheat varieties. According to stepwise multiple linear regression, gli42. 3, 62. 7, 39. 6(2), 11. 4, 23. 0, Glu5+10 etc protein bands were selected and they showed a significantly positive effect to baking quality represented by Zeleny-sedimentation test. The three loci(gli1, gli2 and glu1) showed mainly an additive effect on baking quality. About 28% to 43% of the variation in quality characters among varieties could be explained by the two protein compositions, but only 12. 3% to 31% could be accounted for by any single protein. In addition the materials should be screen from those which had "good quality" subunits in the course of breeding. Application of the two biochemical techniques in wheat quality breeding was discussed.

Key words: Wheat; HMW-glutenin; Gliadin; Subunit; Band; Quality