

长 6990 小麦 EMS 突变体库构建及重要性状材料筛选

王泽宇^{1,2}, 王闪闪^{1,2}, 温宏伟¹, 王裕智¹, 张晋辉¹, 单皓¹, 闫金龙³, 张俊灵³, 杨斌¹

(¹山西农业大学小麦研究所, 临汾 041000; ²山西农业大学农学院, 晋中 030801; ³山西农业大学谷子研究所, 长治 046000)

摘要: 为加快旱地小麦优质种质资源的创制, 丰富遗传多样性, 本研究采用 EMS (甲基磺酸乙酯) 诱变技术构建了小麦长 6990 突变体库, 并对其表型性状和高分子量麦谷蛋白亚基 (HMW-GS) 进行了系统筛选。通过对 M₂ 群体中 20331 个单株进行表型性状统计分析, 共发现 3244 个突变单株, 涵盖茎秆、叶片、芒、穗型、育性和生育期等 10 个表型特征, 总突变率为 15.96%。此外, 对收获的 2064 份突变材料进行表型分析, 筛选出 25 份籽粒突变材料, 突变类型包括粒长、粒色和饱满度等, 突变率为 1.21%。通过 SDS-PAGE 鉴定, 共筛选出 23 份 HMW-GS 缺失突变材料, 占突变材料的 1.11%, 表现为 Glu-B1 和 Glu-D1 位点中 Bx7、By9、Dx5、Dy10 单亚基缺失。本研究采用 EMS 诱变技术, 创制了类型丰富的表型突变体和 HMW-GS 突变材料, 有效消除了遗传背景差异对小麦品质性状的潜在干扰, 为旱地小麦品质育种提供了宝贵的遗传资源, 并为深入了解小麦品质性状与遗传变异之间的关系提供了重要的基础数据。

关键词: EMS 诱变; 突变体库; 表型性状; 高分子量麦谷蛋白亚基 (HMW-GS); 抗旱育种

Construction of the EMS Mutant Library of Chang 6990 Wheat and Screening for Key Trait Materials

WANG Zeyu^{1,2}, WANG Shanshan^{1,2}, WEN Hongwei¹, WANG Yuzhi¹, ZHANG Jinhui¹, SHAN Hao¹, YAN Jinlong³, ZHANG Junling³, YANG Bin¹

(¹Institute of Wheat Research, Shanxi Agricultural University, Linfen 041000; ²College of Agriculture, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030801;

³Institute of Millet Research, Shanxi Agricultural University, Changzhi 046000)

Abstract: To accelerate the creation of high-quality germplasm resources for drought-resistant wheat and enrich genetic diversity, this study constructed a mutant library of wheat Chang 6990 using EMS (ethyl methanesulfonate) mutation technology and systematically screened its phenotypic traits and high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS). A phenotypic analysis of 20,331 individual plants from the M₂ population identified 3,244 mutant plants, covering 10 phenotypic traits, including stem, leaf, awn, spike type, fertility, and growth period, with a total mutation rate of 15.96%. Additionally, a phenotypic analysis of 2,064 harvested mutant materials revealed 25 grain mutants, with mutation types including grain length, color, and fullness, yielding a mutation rate of 1.21%. Through SDS-PAGE identification, a total of 23 HMW-GS deletion mutants were screened, which showed the deletion of Bx7, By9, Dx5 and Dy10 in Glu-B1 and Glu-D1 loci. In this study, EMS mutagenesis technology was used to create abundant phenotypic mutants and HMW-GS mutant materials, which effectively eliminated the potential interference of genetic background differences on wheat quality traits, provided valuable genetic resources for dryland wheat quality breeding, and provided important basic data for in-depth understanding of the relationship between wheat quality traits and genetic variation.

Key words: EMS mutagenesis; mutant library; phenotypic traits; high molecular weight glutenin subunit (HMW-GS); drought resistance breeding

小麦是全世界最重要的口粮作物之一, 为超过三分之一人口提供主要的碳水化合物和蛋白质来源, 在粮食安全和社会稳定中具有不可替代的地位^[1]。然而, 全球气候变化引发的干旱、高温等极端天气频发, 对小麦生产的产量与品质造成了严重威胁, 尤其是在我国北方旱地农业区, 干旱已成为限制小麦生产的重要环境胁迫因子^[2]。同时, 随着消费者对小麦加工品质需求的不断提高, 现代育种面临同时实现抗旱性与品质

收稿日期: 2025-01-23 网络出版日期:

URL:

第一作者研究方向为分子育种, E-mail: Wzy20233112@163.com

通信作者: 杨斌, 研究方向为小麦抗逆机理, E-mail: sxxmsyb83@126.com

基金项目: 山西省基础研究计划项目(202103021223156); 山西省农业关键核心技术攻关(NYGG26-1); 山西省科技成果转化引导专项(202304021301052) Foundation projects: Shanxi Provincial Basic Research Program (202103021223156); Shanxi Provincial Agricultural Key Core Technology Research and Development Program (NYGG26-1); Shanxi Provincial Science and Technology Achievement Transformation Guidance Special Project (202304021301052)

性状改良的挑战。然而，遗传多样性的匮乏和关键基因功能解析的局限性使得这一复杂目标的实现变得更加困难^[3]。因此，如何有效挖掘和开发新的遗传资源，是小麦功能基因组学和现代育种研究的重要任务。

突变体库作为遗传资源开发的重要工具，在功能基因组学和复杂性状改良中的广泛应用使其备受关注。突变体库通过系统筛选基因变异，为解析基因功能及其作用机制提供了重要基础，也为作物改良和新品种选育创造了丰富的遗传资源^[4-6]。EMS 诱变育种技术因其快速、高效和可操作性，被广泛应用于遗传研究和育种工作中^[7-9]。EMS 通过诱导 G: C 向 A: T 的碱基点突变，能够引起植物表型和农艺性状的多样化突变，从而创制类型丰富的突变体材料^[10]。前人研究表明，EMS 突变体库在抗病、产量改良等多方面育种目标中均具有重要价值。杨子博^[11]等利用 EMS 创制淮麦 33 突变群体，从中筛选出 17 份抗赤霉病突变体材料，为黄淮麦区的抗病育种提供了遗传支持；武银玉等^[12]通过 EMS 诱变晋麦 90，筛选出 5 份抗寒性状优于野生型的突变体材料，为小麦抗寒基因功能研究提供了材料基础；袁秀芳等^[13]利用 EMS 构建山农 666-2 和山农 861 突变体库，筛选出高抗条锈病和白粉病的突变体材料，为抗病基因定位和抗病品种选育提供了宝贵资源。然而，现有研究多以水地小麦品种构建 EMS 突变体库，针对抗旱性与品质性状综合改良的研究相对较少，仅有吕亮杰^[14]、张婷等^[15]构建了抗旱品种突变体资源库，尚未见到以国审旱地小麦品种长 6990 构建 EMS 突变体库的相关研究。

高分子量麦谷蛋白亚基（HMW-GS）是决定小麦加工品质的核心因子^[16]。HMW-GS 通过分子间和分子内的二硫键紧密交联，形成面筋网络的骨架结构，对面团的流变学特性产生重要影响，决定了面筋的弹性、延展性和沉降值，进而影响小麦制品的口感和质地^[17]。HMW-GS 基因位点位于小麦第一同源染色体长臂上，Glu-A1、Glu-B1、Glu-D1 分别位于 1A、1B、1D 染色体上，且每个 Glu-1 位点包含两个紧密连锁基因，编码 x 型和 y 型亚基^[18]。前人研究发现，不同 HMW-GS 组合对小麦加工品质的效应均存在显著差异。其中，Ax1、Ax2*、Bx7+By8、Bx17+By18 和 Dx5+Dy10 亚基被公认为优质亚基，对小麦面粉加工品质有正向效应^[19]；而 Bx20、Dx2+Dy12 亚基则对小麦品质有负向效应^[20]。然而，范玉顶等^[21]研究表明，Dx2+Dy12 亚基对小麦加工品质有正向效应，且亚基组合为 Ax1/Bx7+By8/Dx2+Dy12 和 Null/Bx7+By8/Dx2+Dy12 制作的馒头品质性状最佳。这可能是由于当前研究主要基于自然群体，遗传背景的复杂性限制了研究结果的一致性。

此外，现有关于突变体资源的 HMW-GS 变异筛选和功能验证的研究相对较少。张纪元等^[22]研究发现，宁麦 9 号 HMW-GS 单亚基缺失会极大程度改变 HMW/LMW 与 Glu/Gli 的比例，大幅度降低面筋强度和耐揉性。通过创制 HMW-GS 缺失系，发现 Dy10 和 Ax1 缺失会使面团强度减弱且形成时间缩短，证实了 HMW-GS 对小麦加工品质有重要作用。因此，通过 EMS 诱变技术创制 HMW-GS 突变材料，可以在消除遗传背景的基础上，解析其与品质形成之间的关系，从而挖掘具有特定功能的优质基因型，为现代育种提供新的可能。

长 6990 是山西农业大学谷子研究所选育的国审旱地小麦新品种, 凭借其高产、稳产和显著的抗旱性能, 在我国北方干旱地区得以大面积推广^[23]。尽管长 6990 在抗旱性方面表现优异, 但其加工品质的潜力尚未被充分挖掘。本研究利用 EMS 诱变技术构建长 6990 突变体库, 系统筛选与抗旱性和品质性状相关的突变材料, 特别是针对 HMW-GS 的遗传变异进行探索, 旨在弥补抗旱品种突变体库研究的不足。本研究为小麦抗旱性状与品质改良提供理论支持和遗传资源, 同时推动抗旱性与品质性状综合改良这一育种目标的实现。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

长 6990, 山西农业大学谷子研究所选育的旱地小麦新品种, 具有高产、稳产、抗旱等特性。2016 年通过山西省农作物品种审定委员会审定, 2018 年通过国家农作物品种审定委员会审定, 2024 年入选农业农村部农业主导品种, 在我国北方干旱地区大面积推广。

1.2 试验方法

1.2.1 EMS 诱变 将长 6990 小麦种子用 0.1% HgCl₂ 溶液浸泡消毒 15 s, 随后用无菌水漂洗 3 次, 然后在 20°C 条件下无菌水浸泡 8 h, 每隔 2 h 用无菌水清洗 1 次; 待种子萌发后, 浸泡于 0.6% EMS 磷酸缓冲液中, 30 r·min⁻¹ 震荡 6 h, 用 5% Na₂S₂O₃ 溶液冲洗 3 次, 最后用流水冲洗 5 min, 阴干备用。

1.2.2 田间种植与农艺性状调查 2022 年 10 月, 将处理好的 M₁ 长 6990 小麦种子种植于山西农业大学小麦研究所韩村试验基地 (111°34'36"E, 36°8'43"N), 全生育期定期去除杂草, 做好病虫害防治与田间灌溉措施。播种采用点播方式单行种植, 行长 1.5 m, 行间距 0.2 m, 株间距 0.08 m。2023 年 6 月, 收获突变体单株。2023 年 10 月, 将 M₂ 种子播种于试验田, 双行种植, 每行点播 30 粒, 行长、行间距和株间距与上年度相同。2024 年 5 月, 在小麦灌浆期对 M₂ 群体进行单株调查, 记录株型、穗型、叶型、芒型、育性和生育期等突变性状。2024 年 6 月, 每个 EMS 突变株系后代选取 3-5 株进行收获, 脱粒后进行籽粒突变材料筛选和 SDS-PAGE 测定。

1.2.3 小麦籽粒麦谷蛋白提取 小麦籽粒麦谷蛋白提取参考纪军等方法^[24] (略有改动)。挑选 3 粒大小一致的小麦籽粒, 充分研磨后放入 1.5 mL 的离心管中, 加入 300 μL 蛋白提取液制成悬浮液, 静置 12 h; 100°C 水浴 7 min, 期间振荡 2-3 次, 使其充分混匀; 4°C 条件下, 12000 r·min⁻¹ 离心 10 min; 吸取 60 μL 上清液至 0.5 mL 离心管中, 所得样品即为麦谷蛋白溶液, 放入 4°C 冰箱保存备用。

1.2.4 SDS-PAGE 测定 SDS-PAGE 测定参考刘永安等^[25]方法 (略有改动)。制备 8% 聚丙烯酰胺分离胶和 4% 聚丙烯酰胺浓缩胶, 取 3.5 μL 麦谷蛋白样品点样; 加入缓冲液进行电泳, 待溴酚蓝条带脱离凝胶 20 分钟后结束电泳; 取出凝胶后进行染色和脱色, 蒸馏水浸泡直至条带清晰。参照 Payne 等^[26-27]提出的“字母-数字”命名法确定长 6990 的 HMW-GS 类型 (7+9/5+10), 并将师栾 02-1 (1/7+9/5+10)、济麦 44 (1/7+8/5+10) 作为对照。

1.3 数据分析

采用 SPSS 20.0 进行描述性统计分析，采用 Origin 2024 绘制柱状图。

2 结果与分析

2.1 M₂ 表型突变类型和突变率

通过对 M₂ 群体的 20331 个单株表型性状进行统计分析，共发现 3244 个突变单株，突变类型涵盖了茎秆性状、叶性状、芒性状、穗型、育性和生育期等多个方面，突变率为 15.96%，各性状的突变株数如图 1 所示。在所有突变类型中，独秆、寡蘖和育性突变体数量最多，分别为 503 株、527 株和 397 株，突变率分别为 2.47%、2.59%和 1.95%（图 1）。

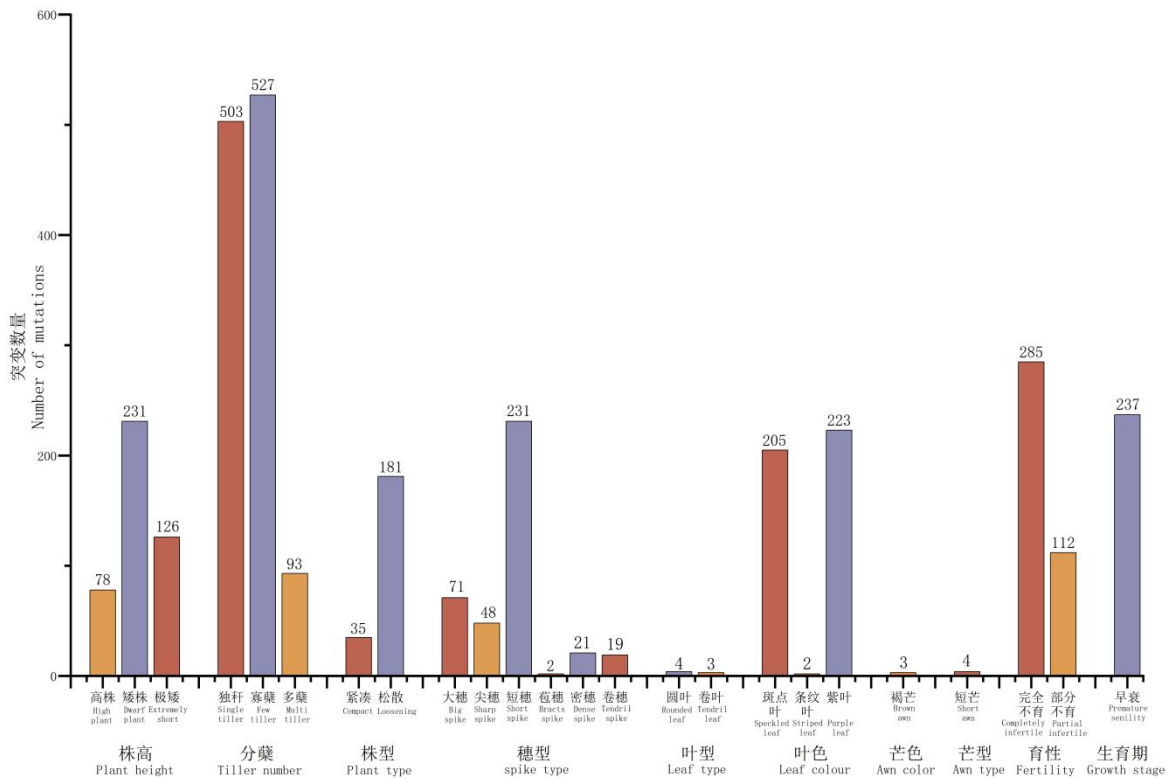
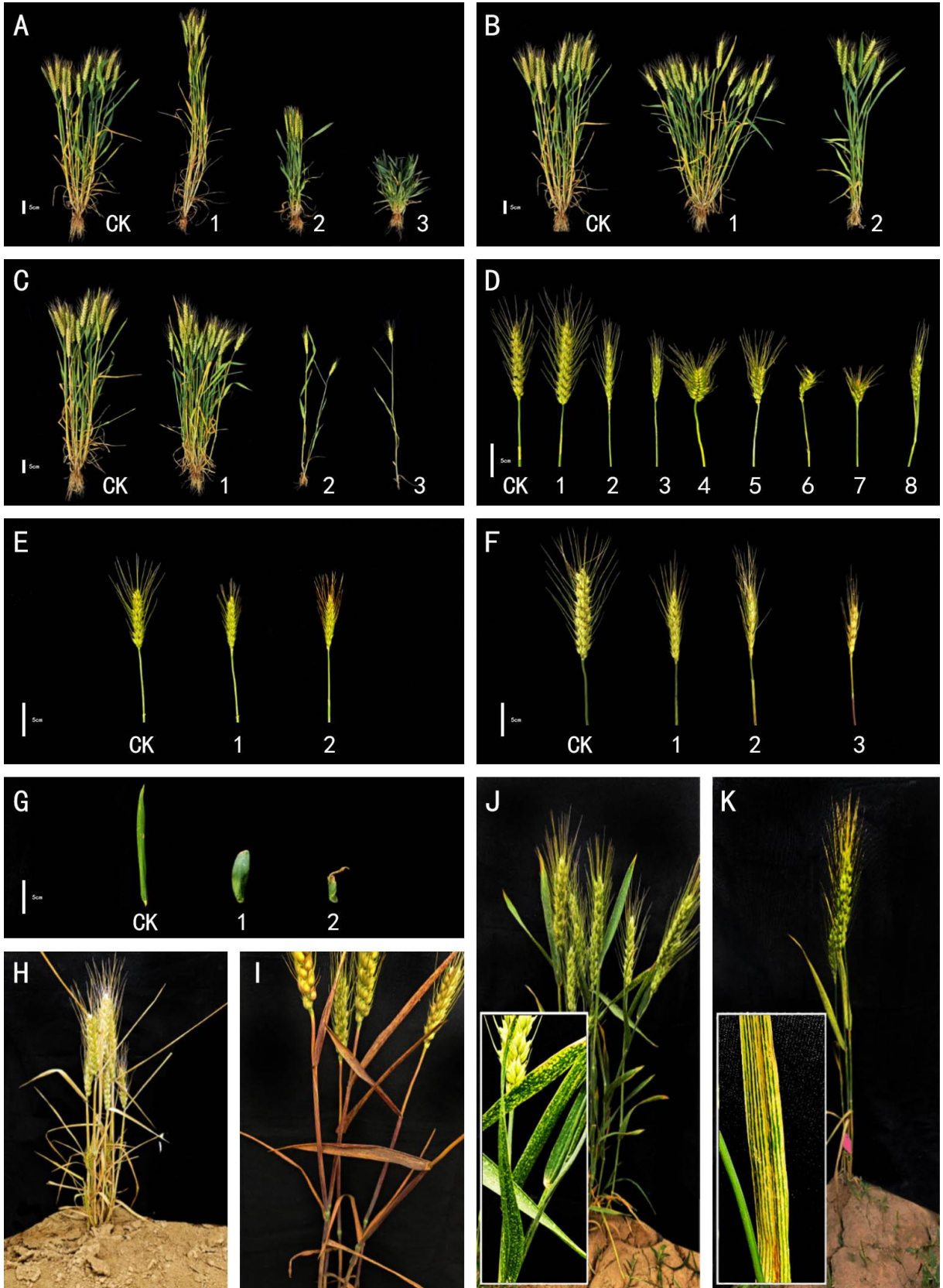


图 1 M₂ 表型突变类型及数量统计

Fig. 1 M₂ phenotype mutation type and quantity statistics

2.1.1 茎秆性状突变 长 6990 野生型株型表现为半紧凑型，株高约 65cm，分蘖数为 8~14 个。M₂ 群体中筛选出 1774 个茎秆性状突变体，主要分为株高突变、株型突变和分蘖突变，突变率为 8.73%。

株高突变主要分为高株、矮株和极矮株共 3 种类型（图 2A）。其中，高株突变体株高变异范围约为 77~83cm 左右，分蘖减少，共 78 株，突变率为 0.38%；矮株突变体株高变异范围约为 30~45cm，株型相对紧凑，共 231 株，突变率为 1.14%；极矮株突变体株高变异范围约为 10~25cm，表现为丛生，有效分蘖数相对增多，植株节间极度缩短，穗紧密包裹于叶鞘内，籽粒结实率相对较低，共 126 株，突变率为 0.62%。



A: 1.高株; 2.矮株; 3.极矮株; B: 1.松散型; 2.紧凑型; C: 1.多蘖; 2.寡蘖; 3.独秆; D: 1.大穗; 2.尖穗; 3.短穗; 4.密穗 (1); 5.密穗 (2); 6.卷穗; 7.密穗 (3); 8.苞穗; E: 1.短芒; 2.褐芒; F: 1.穗上部不育; 2.完全不育; 3.穗下部不育; G: 1.圆叶; 2.卷叶; H: 早衰; I: 紫叶; J: 斑点叶; K: 条纹叶

A: 1.High plant; 2.Dwarf plant; 3.Extremely dwarf plant; B: 1.Loose type; 2.Compact type; C: 1.Multi-tillers; 2.Oligo-tillers; 3.Single-stem; D: 1.Large spike; 2.Tip spike; 3.Short spike; 4. dense spike (1); 5. dense spike (2); 6. rolled spike; 7. dense spike (3); 8. bracted spike; 8 Bract spike; E: 1.Short awn; 2.Brown awn; F: 1.Infertility in the upper part of the panicle; 2.Complete sterility; 3.Infertility in the lower part of the panicle; G: 1.Round leaves; 2.Curly leaves; H: Premature aging; I: Purple leaves; J: Spotted leaves; K: Striped leaf

图 2 M₂ 突变类型的主要表现

Fig. 2 The main manifestations of M₂ mutation type

株型突变主要分为松散、紧凑两种突变类型（图 2B，分别为 181 株和 35 株，突变率分别为 0.89%和 0.17%。

分蘖突变主要分为独秆、寡蘖和多蘖共 3 种类型（图 2C）。其中，多蘖突变体有效分蘖数多达 22 个，共 93 株，突变率为 0.46%；寡蘖突变体有效分蘖数仅 2 个，共 527 株，突变率为 2.59%；独秆突变体仅有主茎，无分蘖，共 503 株，突变率为 2.47%。

2.1.2 穗型突变 长 6990 野生型穗型表现为纺锤形，穗长 9~11cm。M₂ 群体中发现 392 株穗型突变体，突变类型涵盖大穗、尖穗、短穗、苞穗和密穗共 5 个方面，突变率为 1.93%（图 2D）。

大穗突变体穗长约为 12~14cm，呈纺锤形，共 71 株，突变率为 0.35%；尖穗突变体穗长约为 6.5~8.5cm，穗细长呈锥形，穗码较稀，颖壳相对较硬，共 48 株，突变率为 0.24%。短穗突变体穗长约为 5~7cm，籽粒结实较少，共 231 株，突变率为 1.14%。密穗突变体共 21 株，突变率为 0.10%。其中，第一种密穗突变体穗长约 4~6cm，紧密着生，穗部整体呈圆形，共 15 株，突变率为 0.07%；第二种密穗突变体穗长约 4~6cm，穗下部发育正常，而穗上部紧密着生，呈大头状，共 4 株，突变率为 0.02%；第三种密穗突变体穗长约 2~4cm，籽粒结实相对较少，共 2 株，突变率为 0.01%。卷穗突变体穗长约为 4~6cm，穗中部发生卷曲，共 19 株，突变率 0.09%。苞穗突变体穗长约为 6~8cm，穗紧密包裹于叶鞘内，共 2 株，突变率为 0.01%。

2.1.3 芒性状突变 长 6990 野生型芒较长，颜色呈浅白色。M₂ 群体中发现 7 株芒性状突变体，分别为短芒突变体和褐芒突变体，突变率为 0.03%（图 2E）。

短芒突变体芒相对较短，共 3 株，突变率为 0.01%；褐芒突变体芒呈褐色，共 4 株，突变率为 0.02%。

2.1.4 育性突变 在 M₂ 群体中共发现 397 株育性突变体，突变类型分为完全不育和部分不育，突变率为 1.95%（图 2F）。

完全不育突变体表现为穗型单薄瘦弱，无籽粒结实，共 285 株，突变率为 1.40%；部分不育突变体表现为穗上部或下部小穗不育，共 112 株，突变率为 0.55%。

2.1.5 叶性状突变 长 6990 野生型叶片表现为旗叶上举，叶色鲜绿、黄亮。M₂ 群体中观察到 437 株叶性状突变体，突变类型包含叶型突变和叶色突变，突变率为 2.15%（图 2G）。

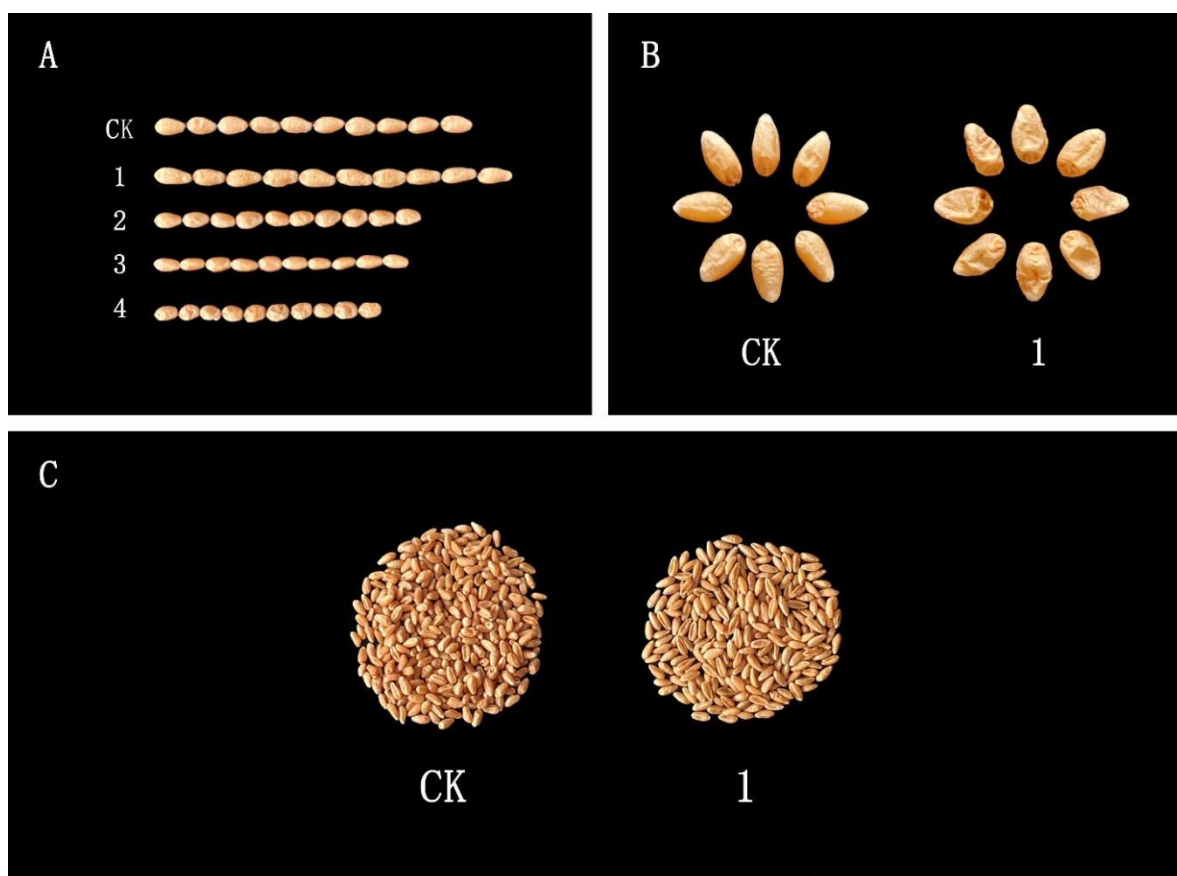
在叶型突变中，突变类型分为圆叶突变和卷叶突变。圆叶突变体叶长约为 6~8cm，呈椭圆形，叶色较深，共 40 株，突变率为 0.20%；卷叶突变体叶长约为 10~12cm，呈螺旋状，共 3 株，突变率为 0.01%。

在叶色突变中，突变类型表现为条纹叶、斑点叶和紫叶突变。紫叶突变体（图 2I）表现为小麦叶片或茎秆呈紫红色，其原因可能与花青素的积累有关，共 223 株，突变率为 1.10%；斑点叶突变体（图 2J）表现为白色斑点密布于叶片上，叶片失绿直至干枯，共 205 株，突变率为 1.01%；条纹叶突变体（图 2K）表现为淡黄色条纹整齐排列于叶片上，条纹呈现连续或断续性分布状态，共 2 株，突变率为 0.01%。

2.1.6 生育期突变 M₂群体中共发现 237 株早衰突变体，如图 2H 所示，植株表现为从旗叶部分开始干枯发黄，进而蔓延整个植株，直至枯死，突变率为 1.17%。

2.2 籽粒表型性状突变类型

长 6990 野生型籽粒较长，呈卵圆形，饱满度较好。通过对 2064 份突变材料进行统计分析，共发现 25 份籽粒突变材料，突变率为 1.21%，突变类型包含粒长突变、饱满度突变和粒色突变共 3 个方面。粒长突变中，8 份籽粒突变材料籽粒变长，11 份籽粒突变材料籽粒变短，2 份籽粒突变材料籽粒变短且宽度变窄，1 份籽粒突变材料籽粒变短且粒型变圆（图 3A）；饱满度突变中，2 份籽粒突变材料籽粒较瘪，饱满度较低（图 3B）；粒色突变中，1 份籽粒突变材料籽粒偏白（图 3C）。



A: 1.籽粒变长；2.籽粒变短；3. 籽粒变短且宽度变窄；4. 籽粒变短且粒型变圆；B: 1.籽粒干瘪；C: 1.粒色变浅（偏白）

A: 1. kernels become longer; 2. kernels become shorter; 3. kernels become shorter and narrower in width; 4. kernels become shorter and rounded;

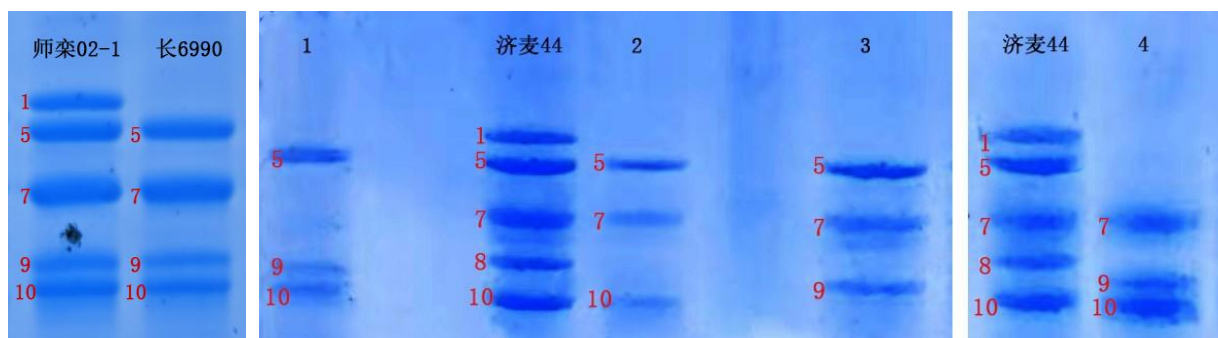
B: 1. kernels become shriveled; C: 1. kernels become lighter in color (whitish)

图 3 籽粒突变材料

Fig. 3 Grain mutant materials

2.3 HMW-GS 突变类型

经 SDS-PAGE 检测，长 6990 野生型 HMW-GS 组合为 7+9/5+10。在 2064 份突变材料中鉴定出 4 种 HMW-GS 缺失突变类型，分别为 Bx7、By9、Dx5 和 Dy10 单亚基缺失（图 4）。



1: Bx7 缺失; 2: By9 缺失; 3: Dy10 缺失; 4: Dx5 缺失

1: Bx7 deletion; 2: By9 deletion; 3: Dy10 deletion; 4: Dx5 deletion;

图 4 SDS-PAGE 测定 HMW-GS 突变类型

Fig. 4 The type of HMW-GS mutation was determined by SDS-PAGE

在 2064 份突变材料中检测出 23 份 HMW-GS 缺失突变材料，占突变材料的 1.11%。其中，Glu-B1、Glu-D1 位点中，By9 和 Dy10 缺失的突变材料数量最多，各 7 份，突变率均为 0.34%。Glu-D1 位点中，Dx5 缺失突变材料的数量最少，仅 3 份，突变率为 0.15%（图 5）。

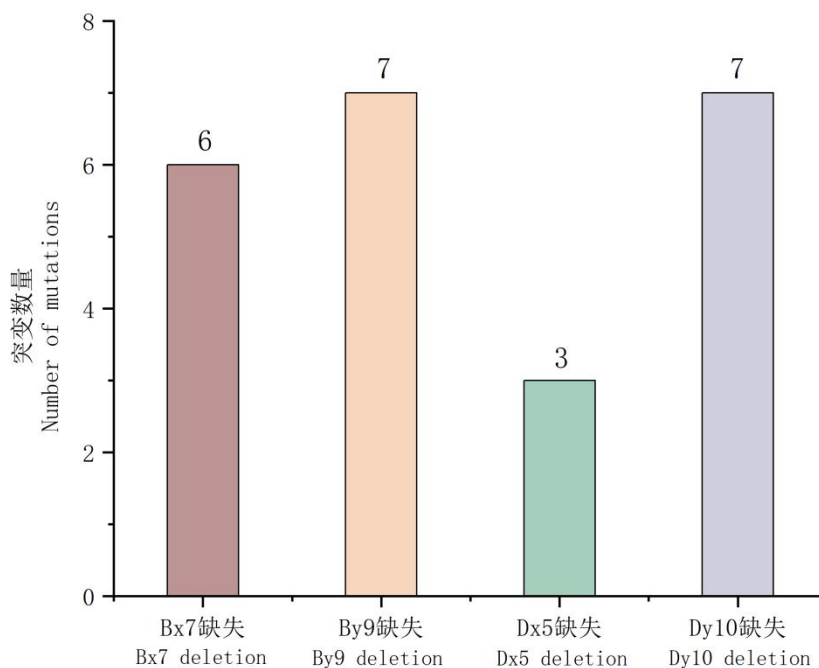


图 5 HMW-GS 缺失类型及突变数量统计

Fig. 5 Statistics of HMW-GS deletion types and mutation number

3 讨论

EMS 作为一种高效、稳定的化学诱变剂，主要通过活性烷基将 DNA 分子上的嘌呤和嘧啶碱基烷基化，从而引起 DNA 链断裂或碱基结构改变，诱导基因突变。这一特性使得 EMS 被广泛应用于突变体库的构建

[28-29]。孙玉龙等^[30]采用 EMS 溶液诱变处理盛农 1 号种子，从 4500 个穗系中筛选出 174 个突变体材料，突变率为 3.86%。倪永静等^[31]利用 EMS 诱变技术构建国麦 301 突变体库，从 12020 个单株中筛选出 769 个突变体，突变率为 6.398%。本研究采用 0.6% EMS 溶液诱变长 6990 小麦种子，从 M₂ 群体中筛选出 3244 个突变体，总突变率为 15.96%，显著高于前人研究的结果。这一差异可能与小麦品种的不同及 EMS 诱变方法的不同有关。研究表明，种子萌发过程中，不同生长阶段对 EMS 的敏感性存在差异，这一结论也得到许耀奎^[32]等的验证。因此，采用 EMS 溶液处理露白的种子，利用幼嫩分生组织对 EMS 的较高敏感性，大幅提高了突变体表型变异率，为小麦抗旱育种研究提供了新的研究思路和方法。

本研究从 M₂ 群体中筛选出大量类型丰富的突变体材料，突变类型涵盖茎秆、叶片、芒、穗、育性和生育期等共 10 个方面。其中，独秆、寡蘖和育性突变体材料数量最多，突变率分别为 1.95%、2.47%和 2.59%。赵天祥等^[33]利用 EMS 构建偃展 4110 突变体库，观察到育性突变体材料的突变率最高；袁凯等^[34]的研究也证实了育性基因对 EMS 的敏感性较强。在 EMS 诱变过程中，育性相关基因更容易发生突变，而其他突变类型的差异可能与基因间的相互作用或诱变方法的不同有关。因此，进一步探讨基因间相互作用的具体机制，以及如何优化诱变方式以获得更为理想的突变类型，将有助于我们更好地理解遗传变异机制，并为小麦育种和遗传改良提供更有效的方法和策略。

其次，EMS 诱变技术在 HMW-GS 突变筛选和品质改良具有重要作用。通过 EMS 诱变技术创制长 6990 HWM-GS 突变材料，能够有效消除遗传背景差异对试验结果的影响，更准确地研究 HMW-GS 与最终品质之间的关系，这有助于深入探究品质形成的机制，为小麦加工品质的改良提供可靠的理论依据和实践指导^[35]。徐艳花等^[36]采用 EMS 溶液诱变豫农 201 种子，筛选出 21 份 HWM-GS 缺失突变材料，突变频率为 2.26%。于利伟^[37]等利用 EMS 诱变技术构建西昌 69 突变体库，筛选出 101 份 HMW-GS 突变材料，突变类型包含亚基缺失、亚基置换、亚基增生等，总突变频率为 6.06%。本研究成功筛选出 23 份 HMW-GS 缺失突变材料，主要表现为 Glu-B1 和 Glu-D1 位点中 Bx7、By9、Dx5、Dy10 单亚基缺失。推测这一现象可能是由于小麦经过 EMS 诱变处理后，DNA 片段上的碱基发生插入、替换或缺失，导致基因沉默或新基因的表达。这一发现为小麦品质改良提供了新的思路，也为深入探究 HMW-GS 的遗传机制和功能基因组学研究提供了宝贵的遗传资源和理论支持。

然而，Glu-1 基因位点对小麦面粉加工品质也存在显著差异。Glu - 1 位点对小麦加工品质的贡献值 Glu - D1 > Glu - A1 > Glu - B1^[38]。在 Glu - A1 位点中，Ax2*亚基抗延阻力高于 Ax1 和 Null 1^[39]。在 Glu - B1 位点中，Bx7 + By8 和 Bx7 + By9 面筋强度和面团稳定性较高，且 Bx7 + By8 优于 Bx7 + By9^[40]。在 Glu - D1 位点中，Dx5 和 Dy10 被公认为优质亚基，且 Dx5 对烘焙品质影响更大^[41-42]。因此，深入研究不同基因位点（如 Glu-A1、Glu-B1、Glu-D1）亚基的作用机制，并通过基因编辑等精准育种技术优化这些位点的基因型，将有助于提升小麦的整体加工品质和市场应用价值。

此外, HMW-GS 突变材料在旱地小麦抗逆性改良中具有广阔的应用前景。HMW-GS 作为小麦籽粒储藏蛋白的重要组成部分, 参与了小麦面筋网络的构建, 直接影响面粉加工品质。不仅如此, HMW-GS 突变还能够通过优化蛋白质合成途径, 间接增强植物对干旱、盐碱等非生物胁迫的耐受能力, 提高水分利用效率和光合能力并维持生理功能的稳定性^[43], 从而提高旱地小麦的抗逆性和产量潜力。这些突变材料在旱地小麦品种改良中的应用, 尤其是在应对气候变化带来的极端环境条件方面, 具有重要的实际意义。本研究在 M₂ 群体中初步筛选出 3244 个表型性状突变单株和 23 份 HMW-GS 缺失突变材料。由于 M₂ 代植株为杂合体, 遗传性状不稳定, 因此后续需要在 M₃ 代对所有突变材料进行种植与验证, 以评估其遗传稳定性。并结合现代分子生物学技术, 从分子机制层面深入解析 HMW-GS 突变材料对小麦加工品质的影响。此外, 考虑到这些突变类型在旱地小麦品种改良中的应用潜力, 研究将重点评估其在提高抗旱性、改善面筋品质及增强抗逆性方面的作用, 旨在为小麦品种改良提供可靠的遗传资源, 推动旱地小麦“抗旱与优质”育种目标的实现。

参考文献

- [1] 郭军, 毛瑞喜, 李成磊, 刘悦, 李金生, 王燕, 刘爱峰, 刘建军, 李豪圣, 宋健民. 山东省小麦新品系高分子量麦谷蛋白亚基组成分析. 中国种业, 2022, (5): 84-89
Guo J, Mao R X, Li C L, Liu Y, Li J S, Wang Y, Liu A F, Liu J J, Li H S, Song J M. Composition analysis of high molecular weight glutenin subunits of new wheat lines in Shandong province. China seed industry, 2022, (5): 84-89
- [2] Wang B, Li L C, Feng P Y, Chen C, Luo J J, Taschetto S A, Harrison T M, Liu K, Liu L D, Yu Q, Guo X W. Probabilistic analysis of drought impact on wheat yield and climate change implications. Weather and Climate Extremes, 2024, 45: 100708-100708
- [3] Daoudy E L, Gataa E Z, Sbabou L, Tadesse W. Genome-wide association and genomic prediction study of elite spring bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes under drought conditions across different locations. Plant Gene, 2024, (39): 100461-100461
- [4] 王琨, 崔志钢, 顾昌华, 赵会芳, 张玲丽. 同名小麦地方品种形态农艺性状遗传多样性分析. 江苏农业科学, 2014, 42 (8): 77-80
Wang K, Cui Z G, Gu C H, Zhao H F, Zhang L L. Genetic diversity analysis of morphological agronomic traits of homonymous wheat landraces. Jiangsu Agricultural Sciences, 2014, 42 (8): 77-80
- [5] Wang D Z, Li Y P, Wang H J, Xu Y G, Yang Y M, Zhou Y X, Chen Z X, Zhou Y Q, Gui L X, Guo Y, Zhou C J, Tang W Q, Zheng S Z, Wang Lei, Guo X L, Zhang Y J, Cui F, Lin X L, Jiao Y L, He Y H, Li J M, He F, Liu X G, Xiao J. Boosting wheat functional genomics via an indexed EMS mutant library of KN9204. Plant communications, 2023, 4 (4): 100593-100593
- [6] 高志勇, 谢恒星, 王志平, 刘史力. 植物突变体库的作用及构建研究进展. 作物杂志, 2016, (6): 16-19
Gao Z Y, Xie H X, Wang Z P, Liu S L. Research progress on the function and construction of plant mutant library. Journal of Crops, 2016, (6): 16-19
- [7] Wang W Q, Guan X Z, Gan Y, Liu G J, Zou C H, Wang W K, Zhang J F, Zhang H F, Hao Q Q, Ni F, Wu J J, Epstein L, Fu D L. Creating large EMS populations for functional genomics and breeding in wheat. Journal of Integrative Agriculture, 2024, 23 (2): 484-493
- [8] Zhang X Y, Wang Y F, Chen Y M, Li Y Z, Guo K, Xu J, Guan P F, Lan T Y, Xin M M, Hu Z R, Guo W L, Yao Y Y, Ni Z F, Sun Q X, Hao M, Peng H R. Partial unidirectional translocation from 5 AL to 7 BS leads to dense spike in an EMS-induced wheat mutant. BMC Genomics, 2024, 25 (1): 1073-1073
- [9] 王黎明, 陈君焱, 姬敬敬, 孔维玮, 柳志浩, 董普辉. 小麦穗型突变体(库)的创制、鉴定及其遗传分析. 种子, 2022, 41 (1): 117-122+132
Wang L M, Chen J Y, Ji J J, Kong W W, Liu Z H, Dong P H. The creation, identification and genetic analysis of spike mutant (library) in wheat. Seeds, 2022, 41 (1): 117-122+132
- [10] 曹亚萍, 武银玉, 范绍强, 张凤琴, 连晋, 高炜. EMS 诱变技术在小麦上的应用. 激光生物学报, 2019, 28 (5): 394-404
Cao Y P, Wu Y Y, Fan S Q, Zhang F Q, Lian J, Gao W. Application of EMS mutagenesis technology in wheat. Journal of Laser Biology, 2019, 28 (5): 394-404

- [11] 杨子博, 张勇, 刘畅, 沈业松, 杜莹莹, 周羊梅, 王安邦, 顾正中. 利用 EMS 诱变创制淮麦 33 抗赤霉病突变体. 南方农业学报, 2023, 54 (4): 1010-1017
Yang Z B, Zhang Y, Liu C, Shen Y S, Du Y Y, Zhou Y M, Wang A B, Gu Z Z. A scab-resistant mutant of Huaimai 33 was created by EMS mutagenesis. Journal of Southern Agriculture, 2023, 54 (4): 1010-1017
- [12] 武银玉, 范绍强, 孙黛珍, 曹亚萍. 基于 EMS 诱变的晋麦 90 号小麦抗寒突变体创制. 山西农业科学, 2020, 48 (10): 1561-1565
Wu Y Y, Fan S Q, Sun D Z, Cao Y P. Creation of cold-resistant mutants of wheat Jinmai 90 based on EMS mutagenesis. Shanxi Agricultural Sciences, 2020, 48 (10): 1561-1565
- [13] 袁秀芳, 王丹峰, 殷慧娟, 何方, 刘树兵. 小麦 EMS 突变体的创制与性状鉴定. 山东农业科学, 2018, 50 (7): 61-66.
Yuan X F, Wang D F, Yin H J, He F, Liu S B. Creation and character identification of wheat EMS mutants. Shandong Agricultural Sciences, 2018, 50 (7): 61-66
- [14] 吕亮杰, 陈希勇, 张文英, 赵爱菊, 孙丽静, 张颖君, 刘玉平, 王莉梅, 李子千, 李辉. EMS 诱变抗旱小麦冀麦 418 的突变体筛选与鉴定. 华北农学报, 2020, 35 (S1): 47-55
Lv L J, Chen X Y, Zhang W Y, Zhao A J, Sun L J, Zhang Y J, Liu Y P, Wang L M, Li Z Q, Li H. Screening and identification of mutants of drought-resistant wheat Jimai 418 induced by EMS. North China Agricultural Journal, 2020, 35 (S1): 47-55
- [15] 张婷, 温宏伟, 袁凯, 逯腊虎, 史晓芳, 张明义, 姬虎太, 杨斌. 晋麦 47 EMS 突变体库的构建及高代突变材料品质性状的初步分析. 核农学报, 2021, 35 (8): 1731-1739
Zhang T, Wen H W, Yuan K, Lu L H, Shi X F, Zhang M Y, Ji H T, Yang B. The construction of EMS mutant library of Jinmai 47 and the preliminary analysis of quality traits of high-generation mutant materials. Journal of Nuclear Agriculture, 2021, 35 (8): 1731-1739
- [16] Laudencia-Chinguanco D. Isolation and characterization of EMS-induced Dy 10 and Ax1 high molecular weight glutenin subunit deficient mutant lines of elite hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) cv. Summit. Journal of Cereal Science, 2012, 56 (2): 296-299
- [17] Li Y, Fu J H, Qun S, Yang D. High-Molecular-Weight Glutenin Subunits: Genetics, Structures, and Relation to End Use Qualities. International journal of molecular sciences, 2020, 22 (1): 184
- [18] Rasheed A, Xia X C, Yan Y M, Appels R, Mahmood T, He Z H. Wheat seed storage proteins: Advances in molecular genetics, diversity and breeding applications. Journal of Cereal Science, 2014, 60 (1): 11-24
- [19] 陈杰, 朱保磊, 白冬, 杨一帆, 宋佳静, 宋全昊, 赵立尚, 朱统泉, 梁宝萍, 宋晓朋. 黄淮海区(南片)小麦高分子量麦谷蛋白亚基组成分析. 分子植物育种, 2024, 22 (21): 7102-7109
Chen J, Zhu B L, Bai D, Yang Y F, Song J J, Song Q H, Zhao L S, Zhu T Q, Liang B P, Song X P. Analysis of high molecular weight glutenin subunit composition of wheat in Huanghuai wheat area (south). Molecular plant breeding, 2024, 22 (21): 7102-7109
- [20] 范家霖, 陈晓杰, 张建伟, 程仲杰, 王嘉欢, 张福彦, 杨保安. 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
Fan J L, Chen X J, Zhang J W, Cheng Z J, Wang J H, Zhang F Y, Yang B A. Analysis of high molecular weight glutenin subunit composition and its relationship with wheat quality traits. Journal of Wheat Crops, 2021, 41 (5): 544-552
- [21] 范玉顶, 李斯深, 孙海艳, 李瑞军. HMW-GS 与北方手工馒头加工品质关系的研究. 作物学报, 2005, (1): 97-101
Fan Y D, Li S S, Sun H Y, Li R J. Study on the relationship between HMW-GS and the processing quality of northern handmade steamed bread. Journal of Crops, 2005, (1): 97-101
- [22] 张纪元, 张平平, 姚金保, 杨丹, 杨学明, 马鸿翔. 以 EMS 诱变创制软质小麦宁麦 9 号高分子量谷蛋白亚基突变体. 作物学报, 2014, 40 (9): 1579-1584
Zhang J Y, Zhang P P, Yao J B, Yang D, Yang X M, Ma H X. The high molecular weight glutenin subunit mutant of soft wheat Ningmai 9 was created by EMS mutagenesis. Journal of Crops, 2014, 40 (9): 1579-1584
- [23] 闫金龙, 张俊灵, 冯丽云, 张东旭. 抗旱优质高产稳产小麦新品种—长 6990. 麦类作物学报, 2019, 39 (5): 630
Yan J L, Zhang J L, Feng L Y, Zhang D X. Chang 6990, a new wheat variety with drought resistance, high quality, high and stable yield. Acta Triticeae Crops, 2019, 39 (5): 630
- [24] 纪军, 刘冬成, 王静, 李俊明, 张爱民. 一种小麦高、低分子量麦谷蛋白亚基的提取方法. 遗传, 2008, (1): 123-126

- Ji J, Liu D C, Wang J, Li J M, Zhang A M. A method for extracting high and low molecular weight glutenin subunits from wheat. *Hereditary*, 2008, (1): 123-126
- [25] 刘永安, 潘彬荣, 岳高红, 梅喜雪, 许立奎, 张宗宸, 周志辉. 浙南小麦核心育种亲本高分子量谷蛋白亚基组成分析. *浙江农业学报*, 2018, 30 (12): 2001-2006
- Liu Y A, Pan B R, Yue G H, Mei X X, Xu L K, Zhang Z C, Zhou Z H. Composition analysis of high molecular weight glutenin subunits of wheat core breeding parents in southern Zhejiang. *Journal of Zhejiang Agriculture*, 2018, 30 (12): 2001-2006
- [26] Payne I P, Law N C, Mudd E E. Control by homologous group 1 chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm. *Theoretical and Applied Genetics*, 1980, 58: 113-120
- [27] Payne I P, Corfield G K, Holt M L, Blackman A J. Correlations between the inheritance of certain high-molecular weight subunits of glutenin and bread-making quality in progenies of six crosses of bread wheat. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1981, 32: 51-60
- [28] 冷家业. 小麦诱变技术综述. *农业技术与装备*, 2020 (4): 145-146
- Len J Y. Summary of wheat mutation technology. *Agricultural Technology and Equipment*, 2020 (4): 145-146
- [29] 王艺程, 张世杰, 丁寒雪, 蒋成娣, 张浠然, 张志国, 刘翔. 甲基磺酸乙酯 (EMS) 在植物诱变育种中的应用. *分子植物育种*, 2023, 21 (19): 6455-6462
- Wang Y C, Zhang S J, Ding H X, Jiang C D, Zhang X R, Zhang Z G, Liu X. Application of ethyl methanesulfonate (EMS) in plant mutation breeding. *Molecular plant breeding*, 2023, 21 (19): 6455-6462
- [30] 孙玉龙, 朱欣欣, 何瑞士, 李俊畅, 安俊航, 焦志鑫, 姜玉梅, 李巧云, 牛吉山. EMS 诱导的盛农 1 号小麦突变体筛选与鉴定. *麦类作物学报*, 2018, 38 (7): 782-790
- Sun Y L, Zhu X X, He R S, Li J C, An J H, Jiao Z X, Jiang Y M, Li Q Y, Niu J X. *Journal of Wheat Crops*, 2018, 38 (7): 782-790
- [31] 倪永静, 朱培培, 刘红杰, 胡新, 李巧云, 牛吉山. EMS 诱导国麦 301 小麦突变体库的建立与鉴定. *河南农业科学*, 2015, 44 (4): 42-45+92
- Ni Y J, Zhu P P, Liu H J, Hu X, Li Q Y, Niu J S. Establishment and identification of EMS-induced wheat mutant library of Guomai 301. *Henan Agricultural Sciences*, 2015, 44 (4): 42-45+92
- [32] 许耀奎, 邬信康, 张富琴, 王志坚. 化学诱变剂 EMS 对春小麦诱变效应的研究. *作物学报*, 1985, (3): 215-216+198
- Xu Y K, Wu X K, Zhang F Q, Wang Z J. Study on the mutagenic effect of chemical mutagen EMS on spring wheat. *Journal of Crops*, 1985, (3): 215-216+198
- [33] 赵天祥, 孔秀英, 周荣华, 高双成, 贾继增. EMS 诱变六倍体小麦偃展 4110 的形态突变体鉴定与分析. *中国农业科学*, 2009, 42 (3): 755-764
- Zhao T X, Kong X Y, Zhou R H, Gao S C, Jia J Z. Identification and analysis of morphological mutants of hexaploid wheat Yanzhan 4110 induced by EMS. *Chinese Agricultural Sciences*, 2009, 42 (3): 755-764
- [34] 袁凯, 张伟, 温宏伟, 张婷, 杨斌, 史晓芳, 姬虎太, 张明义, 遼腊虎. EMS 诱导济麦 22 突变体库的构建及表型变异分析. *植物遗传资源学报*, 2021, 22 (4): 979-988
- Yuan K, Zhang W, Wen H W, Zhang T, Yang B, Shi X F, Ji H T, Zhang M Y, Lu L H. EMS induced Jimai 22 mutant library construction and phenotypic variation analysis. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22 (4): 979-988
- [35] Zhang P P, Song G C, Ibba I M, Wang H D, Ren R S. Dough properties and baking quality of near isogenic lines with single HMW-GS null at Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1 loci in soft wheat. *LWT-Food Science and Technology*, 2024, 213: 117084-117084
- [36] 徐艳花, 陈锋, 董中东, 崔党群. EMS 诱变的普通小麦豫农 201 突变体库的构建与初步分析. *麦类作物学报*, 2010, 30 (4): 625-629
- Xu Y H, Chen F, Dong Z D, Cui D Q. Construction and preliminary analysis of mutant library of common wheat Yunong 201 induced by EMS. *Journal of Wheat Crops*, 2010, 30 (4): 625-629
- [37] 于利伟, 陈爱艳, 郭雷, 羊阳, 李慧敏, 谢彦周, 刘树伟, 漆小泉, 王中华, 高欣. 小麦西昌 69 的 EMS 诱变系蛋白质品质变异分析及种质筛选. *麦类作物学报*, 2020, 40 (2): 154-161
- Yu L W, Chen A Y, Guo L, Yang Y, Li H M, Xie Y Z, Liu S W, Qi X Q, Wang Z H, Gao X. Protein quality variation analysis and germplasm screening of EMS mutant line of wheat Xichang 69. *Journal of Wheat Crops*, 2020, 40 (2): 154-161
- [38] 路建龙, 逢蕾, 柴守玺. HMW-GS 对春小麦品质的影响及不同亚基评分比较. *核农学报*, 2017, 31 (1): 80-87
- Lu J L, Pang L, Chai S X. The effect of HMW-GS on spring wheat quality and the comparison of different subunit scores. *Journal of Nuclear Agriculture*, 2017, 31 (1): 80-87

- [39] 张延滨. 一对普通小麦姊妹系及其衍生的 HMW-GS 近等基因系中 Glu-A1 位点 1 和 2* 亚基对烘烤品质的影响. 黑龙江农业科学, 2001, (4): 1-4
Zhang Y B. The effects of Glu-A1 locus 1 and 2* subunits on baking quality in a pair of common wheat sister lines and their derived HMW-GS near-isogenic lines. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2001, (4): 1-4
- [40] Pirozi R M, Margiotta B, Lafiandra D, MacRitchie F. Composition of polymeric proteins and bread-making quality of wheat lines with allelic HMW-GS differing in number of cysteines. Journal of Cereal Science, 2007, 48 (1): 117-122
- [41] Zhang X, Zhang B Q, Wu H Y, Lu C B, Lv G F, Liu D T, Li M, Jiang W, Song G H, Gao D R. Effect of high-molecular-weight glutenin subunit deletion on soft wheat quality properties and sugar-snap cookie quality estimated through near-isogenic lines. Journal of Integrative Agriculture, 2017, 17 (5): 1066-1073
- [42] Moloi J M, Biljon V A, Labuschagne T M. Effect of quantity of HMW-GS 1Ax1, 1Bx13, 1By16, 1Dx5 and 1Dy10 on baking quality in different genetic backgrounds and environments. LWT-Food Science and Technology, 2017, 78: 160-164
- [43] Alvarez L M, Guelman S, Halford G N, Lustig S, Reggiardo I M, Ryabushkina N, Shewry P, Stein J, Vallejos H R. Silencing of HMW glutenins in transgenic wheat expressing extra HMW subunits. TAG Theoretical and Applied Genetics, 2000, 100 (2): 319-327