

# 醇溶蛋白水平上甘、青两省春小麦品种间的遗传多样性现状及演变趋势\*

沈裕琥, 王海庆, 黄相国, 窦全文, 张怀刚\*

(中国科学院西北高原生物研究所, 西宁 810001)

**摘要:** 用 A PAGE 技术检测了 43 个春小麦品种在醇溶蛋白水平上的遗传变异, 在计算 Jaccard 相似系数的基础上用 UPGMA 方法进行聚类分析, 共得到 42 种不同的带型, 电泳共分离出 37 条带, 其中 33 条具有多态性。品种间在醇溶蛋白水平上的遗传距离变异范围很大(0.0000~0.8148), 平均遗传距离  $GD = 0.5073$ 。说明 43 个品种在醇溶蛋白编码位点上存在较大变异。聚类结果显示, 除佛手麦自成一类外( $GS = 0.28$ ), 地方品种和引进品种与大多数育成品种( $GS = 0.46$ )分属不同的亚类, 说明育成品种同地方品种和引进品种在醇溶蛋白编码基因上存在较大变异。育成品种间在醇溶蛋白水平上的遗传多样性程度不高, 这一结果提示在这一地区进行与醇溶蛋白相关的品质育种很难在现有的育成品种间杂交的基础上取得成功。从遗传多样性的演变趋势来看, 历史上以地方品种间醇溶蛋白的遗传变异程度最大( $GD = 0.5455$ ), 50 年代引进品种变异程度最小( $GD = 0.3310$ )。从 60~90 年代, 育成品种醇溶蛋白水平上的遗传多样性有一先增后减的过程, 但总体上变异程度要低于地方品种, 其原因与亲本单一和育种目标由高产到优质变化条件下人工选择压由弱到强有关。

**关键词:** 春小麦 品种 遗传多样性 醇溶蛋白

中图分类号 Q941+.2 S512.1+2 文献标识码 A

## Detection on evolvement and present situation of genetic diversity of spring wheat cultivars planted in Gansu and Qinghai provinces by gliadin markers

SHEN Yu-hu, WANG Hai-qing, HUANG Xiang-guo, DOU Quan-wen, ZHANG Huai-gang\*

(Northwest Plateau Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810001, China)

**Abstract:** The genetic variation among 43 accessions was detected by A PAGE technique upon gliadin. 42 electrophoresis patterns were obtained. 37 bands were separated. Among them 33 bands are polymorphic. Jaccard genetic similarity ( $GS$ ) shows that there is large genetic variation in gliadin among 43 accessions. Range of genetic distance ( $GD$ ) among 43 accessions in gliadin is 0.0000~0.8148, mean genetic distance is 0.5073. So there exists extensive genetic variation at coding loci of gliadin among 43 accessions. Clustering results analyzed by UPGMA based on  $GS$  matrix show that except Foshoumai, landraces and introduced cultivars belong to the one group, but majority of bred cultivars belongs to the other group at the level of  $GS 0.46$ . So it could be concluded that there exists abundant genetic variation between bred cultivars and landraces (or introduced cultivars) at coding loci of gliadin. Above all, it is difficult to breed spring wheat

\* 收稿日期 2002-12-10 修改稿收到日期 2003-03-14

基金项目: This research was supported by the International Foundation for Science (IFS), Stockholm, Sweden, through a grant to SHEN Yuhu; 中国科学院西北高原生物研究所知识创新工程重点领域项目“适宜冷凉干旱区小麦和牧草遗传资源的研究和利用”课题及 2001 年度中共中央组织部、中国科学院“西部之光”人才培养计划“水母雪莲在离体培养条件下有效成分的积累和调控”课题资助

作者简介: 沈裕琥(1974-), 男(汉族), 硕士, 从事植物逆境生理和遗传研究。

\* 通讯联系人。Correspondence to Prof. ZHANG Huai-gang

cultivars related with gliadin successfully, which is based on the cross among existing bred cultivars in this region. As far as development of genetic diversity in gliadin, there exists the most extensive variation among landraces ( $GD = 0.5455$ ) and the least variation among introduced cultivars planted in 1950s ( $GD = 0.3310$ ). Genetic diversity among bred cultivars in gliadin, which has the trend from increase to decrease, is less than that among landraces in general. The reason is relation to poor germplasm and change of artificial selection, which keep pace with change of breeding targets. Artificial selection acted on the cultivars was changed from weak to strong when breeding targets were changed from high yield to high quality.

**Key words** : spring wheat ; cultivars ; genetic diversity ; gliadin

醇溶蛋白是小麦胚乳中的主要贮藏蛋白,其组成具有高度的异质性和复杂性. 研究显示醇溶蛋白的组成与小麦品种或种质间的遗传差异关系密切<sup>[1,2]</sup>,其组成和含量决定了面团的粘着性和延展性<sup>[3]</sup>. 另外,根据醇溶蛋白的组成及其变异特点,还可开展品种鉴定和遗传演变等方面的研究<sup>[4,5]</sup>. 因此,近年来国内外对醇溶蛋白的研究兴趣日益增加. 小麦中的醇溶蛋白在酸性聚丙烯酰胺凝胶电泳(acid polyacrylamid gel electrophoresis, APAGE)条件下,谱带分为 $\alpha$   $\beta$   $\gamma$   $\omega$  4个区,由第1和6部分同源群染色体短臂末端上的Gli-1(Gli-A 1, Gli-B 1和Gli-D 1)和Gli-2(Gli-A 2, Gli-B 2和Gli-D 2)位点编码<sup>[6]</sup>. 研究表明,编码醇溶蛋白的基因以遗传块或连锁群的方式遗传<sup>[7]</sup>. 6个编码位点都存在大量的等位基因变异<sup>[8]</sup>. 从电泳图谱上可发现不同的等位基因间的差异主要表现在蛋白谱带的数量、相对迁移率等方面. 目前已在普通小麦中鉴定和命名了111个醇溶蛋白等位基因<sup>[9]</sup>. 根据这些等位基因的分布特点可揭示某一国家或地区小麦品种或种质的遗传基础及其亲缘关系,还可对品质特性进行评价和预测. 过去已应用醇溶蛋白对一些国家广泛应用的小麦品种或种质间的遗传差异度和亲缘关系进行了检测和分析<sup>[5,9]</sup>. 在我国这方面的报道仅见于近年来的零星报道<sup>[3,10,11]</sup>. 为此,本研究采用改良的APAGE系统,检测甘、青两省自20世纪40年代以来在生产上大面积应用或具有广泛影响的43个春小麦品种间的多态性水平.

## 1 材料与方法

### 1.1 参试春小麦材料

供试43份材料如表1所列<sup>[12~17]</sup>. 所有参试材料为保证品种的纯合,均于1999~2000年度在温室中严格套袋自交. 以中国春Marquis和Neepawa为对照品种.

### 1.2 APAGE方法

**1.2.1 醇溶蛋白的提取** 种子醇溶蛋白的提取方法参照傅宾孝等<sup>[18]</sup>的方法并稍加改动. 具体方法如下:取单粒种子用研钵磨碎,放入1.5 mL离心管中,加入0.2 mL乙二醇,室温下间歇振荡提取30 min后,8 000  $\times$  g离心10 min,转移100  $\mu$ L上清液至另一离心管中,加入甲基绿甲酸溶液(称取甲基绿0.1 g,甲酸100  $\mu$ L,定容至100 mL)混合均匀备用.

**1.2.2 APAGE方法** 醇溶蛋白的分离综合了国际种子检验协会(ISTA)于1986年颁布的APAGE(pH 3.1)标准程序<sup>[19]</sup>和傅宾孝等<sup>[18]</sup>的方法,并加以改动. 用分离胶将胶板底部封严后,取20 mL浓度为10%的分离胶(丙烯酰胺 N,N-甲叉双丙烯酰胺=29:1,尿素6%,抗坏血酸0.1%,硫酸亚铁0.004%)<sup>[20]</sup>,加入20  $\mu$ L 0.6%过氧化氢液,迅速摇匀,灌胶,让其聚合10 min. 取5 mL浓度为6%的浓缩胶溶液(丙烯酰胺 N,N-甲叉双丙烯酰胺=25:1,抗坏血酸0.05%,硫酸亚铁0.004%),加入一滴1.2%过氧化氢液,摇匀,灌胶,插好样品梳,聚合1 h左右. 小心拔出样品梳,迅速用正极电极缓冲液(0.2%甲酸溶液)冲洗样品槽. 每个样品槽加样20  $\mu$ L,加入电极缓冲液(负极电极缓冲液为0.1%甲酸溶液),上槽接正极,下槽接负极. 200 V恒压下电泳至样品进入分离胶后,将电压升至400 V,电泳时间为甲基绿指示剂迁移至胶板底部所需时间的1倍. 电泳结束后,每块胶板吸取1%考马斯亮蓝R250 5 mL,10%三氯乙酸200 mL,染色24 h,用蒸馏水冲洗,加入10%三氯乙酸脱色24 h后记录、拍照.

### 1.3 数据处理

**1.3.1 性状编码** 醇溶蛋白电泳结果为二元性状(binary character). 按同一迁移率电泳条带的有(记为1)或无(记为0),参考对照品种的标准电泳图谱,记录电泳图谱,形成醇溶蛋白表型原始数据矩阵.

表 1 参试品种系谱

Table 1 Pedigrees and other relevant information of accessions

编号 No.	品种 Accessions	系谱 Pedigree	育成年份 Year of release	育成单位或原产地 Origin
S1	佛手麦	—	—	地方品种
S2	大白麦	—	—	地方品种
S3	老芒麦	—	—	地方品种
S4	红农 1 号	—	—	地方品种
S5	和尚头	—	—	地方品种
S6	白大头	—	—	地方品种
S7	南大 2419	Riet/W iehm ine//赤小麦	—	意大利
S8	阿勃	Fransincto405/M entana//A utgm ia/3/Fontatarronco	—	意大利
S9	欧柔	N ew thatch/M arroqui 588//Kenya C9908/M entana/3/Fronteria/M entana	—	智利
S10	内乡 5 号	南大 2419(M entana)/碧玉麦+ 白火麦+ 白芒麦	1958	河南省内乡
S11	晋 2148	晋江赤籽/华东 5 号//欧柔/3/瑞托(R icto)	1968	福建省晋江地区农业科学研究所
S12	晋麦 33	耐雪/5027//有芒白 2 号/3/晋麦 7 号/向阳 4 号	1986	山西省农业科学院小麦研究所
S13	波他姆	In ia Sib/N apo 63	—	墨西哥
S14	台子 30	尕老汉/碧玉麦	1958	青海省互助县台子公社
S15	青春 5 号	阿勃/欧柔	1969	青海省农林科学院作物研究所
S16	青春 18	欧柔/内乡 20	1969	青海省农林科学院作物研究所
S17	甘麦 8 号	五一麦/阿勃	1964	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S18	定西 24	白老芒麦/肯耶	1969	甘肃省定西地区农业科学研究所
S19	甘麦 35	五一麦/阿勃	1960's	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S20	高原 506	内乡 5 号/小偃 15	1973	中国科学院西北高原生物研究所
S21	曹选 4 号	青春 1 号/欧柔	1975	青海省农林科学院作物研究所 青海省互助县高寨公社
S22	青春 25	青春 3 号/南大 2419//青海 2 号/阿勃	1978	青海省农林科学院作物研究所
S23	青春 26	小偃 65-507//阿勃/欧柔	1970's	青海省农林科学院作物研究所
S24	互助红	从引进品种(原名不详)中系选	1981	青海省互助县双树公社
S25	互麦 11	青春 17 号/青春 5 号	1988	青海省互助县沙塘川乡
S26	互麦 12	晋 2148/互助红	1988	青海省互助县农业科学研究所
S27	青春 533	367B/A londra"S"-76	1988	青海省农林科学院作物研究所
S28	高原 602	高原 182/3987-88(3)	1987	中国科学院西北高原生物研究所
S29	高原 158 *		1994	中国科学院西北高原生物研究所
S30	高原 175 *		1994	中国科学院西北高原生物研究所
S31	青春 570 *		1996	青海省农林科学院作物研究所
S32	高原 913 *		1998	中国科学院西北高原生物研究所
S33	高原 V 028	Her/Sap"S"//V ee	1998	中国科学院西北高原生物研究所
S34	民和 853	A londra"S"-76//Opal/O rofen/3/71b7151/Saric F70//Tb902	1998	青海省民和县种子站
S35	高原 448	青春 533/高原 602	1999	中国科学院西北高原生物研究所
S36	宁春 13	永 219/中 7906	1990's	宁夏永宁县良种场
S37	陇春 8139	陇春 7 号/68-73-20-3	1993	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S38	陇春 13	68-73-20/75-33-1//陇春 11 号	1994	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S39	陇春 14	快中子辐照(地 16/陇春 7 号)F1 种子	1994	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S40	陇春 15	(750025-12/山前麦)变异株系选	1990's	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S41	陇春 16	Tal 不育小麦组建的轮选测验种群体中鉴选而成	1990's	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S42	陇春 17	晋 2148/80(8)	1990's	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
S43	高原 338	高原 506/4/龙丁/3/幸福麦//C285 龙皮 II	1976	中国科学院西北高原生物研究所

注: \* 高原 175、高原 158、高原 913 和青春 570 系谱较为复杂,故省略。

Notes: \* Complicated pedigrees of Plateau 175, Plateau 158, Plateau 913 and Qingchun 570 were omitted

1.3.2 遗传距离及聚类分析 计算各个品种间的遗传相似性系数(Genetic similarity,  $GS_{ij}$ )和遗传距离( $GD_{ij}$ ),遗传相似系数采用 Jaccard 系数(简称  $J$  系数)。公式如下<sup>[21,22]</sup>:

$$GS_{ij} = a / (a + b + c)$$

$$GD_{ij} = 1 - GS_{ij}$$

式中  $a$  指基因型  $i$  和  $j$  之间共有的条带数,  $b$  和  $c$  分别指基因型  $i$  和  $j$  所特有的条带数。

在遗传相似系数矩阵的基础上用非加权配对算术平均法(U n-weighted pair group method using

arithmetic average, UPGMA)进行聚类分析,并得到树形图。所有数据统计均由 B D SYS 软件完成。

## 2 结果与分析

### 2.1 醇溶蛋白标记的多态性

所有供试的 43 个春小麦品种共出现 42 种不同的醇溶蛋白 A PAGE 带型。电泳共分离出 37 条带,其中 33 条带具有多态性(占 89.19%)。品种间在  $\alpha$   $\beta$   $\chi$   $\omega$  4 个区均存在较大变异,在  $\alpha$  区有 12 种变异类型,  $\beta$  区有 5 种变异类型,  $\gamma$  区有 11 种变异类型,  $\omega$

区有9种变异类型。除晋2148和晋麦33具有相同的带型外,其余41个品种均具有独特的醇溶蛋白带型,表明43个春小麦品种在醇溶蛋白编码位点上存在着广泛的遗传变异,体现出不同品种在编码醇溶蛋白基因水平上的多态性较高。

### 2.2 醇溶蛋白揭示的春小麦品种间的遗传相似系数和遗传距离

43个供试品种间的遗传相似系数和遗传距离表明,品种间醇溶蛋白水平上的遗传距离变异范围很大(0.000 0~0.814 8),平均遗传距离为0.507 3。其中,因晋2148和晋麦33的醇溶蛋白谱带相同无法区分,故 $GD = 0.000 0$ ;而佛手麦与高原913之间的遗传距离最大( $GD = 0.814 8$ ),这个结果与数量性状检测结果相同。

### 2.3 聚类分析

在遗传相似系数的基础上,采用UPGMA法进

行聚类分析,聚类结果如图1(图1中品种编号同表1)和表2所示。在GS值0.28水平上,可将供试品种聚为两大类。染色体组型为AABB的佛手麦(圆锥小麦)自成一类;第二大类包括了染色体组型为AABBDD的其余42个品种。从结果来看,作为普通小麦二级基因源的圆锥小麦同具AABBDD基因组的一级基因源(包括普通小麦和其它六倍体栽培种和野生种)<sup>[23]</sup>聚成两类是合乎情理的。第二大类在GS值0.46水平上又可聚为两个亚类,第一亚类共21个品种,大多数为地方品种和引进品种;第二亚类21个品种,全部为60年代以后育成品种。说明育成品种同地方品种和引进品种之间在醇溶蛋白编码基因上存在较大变异。同时,育成品种醇溶蛋白的遗传变异水平不高,这也提示在这一地区进行与醇溶蛋白有关的品质育种很难在现有育成品种间杂交的基础上取得成功。

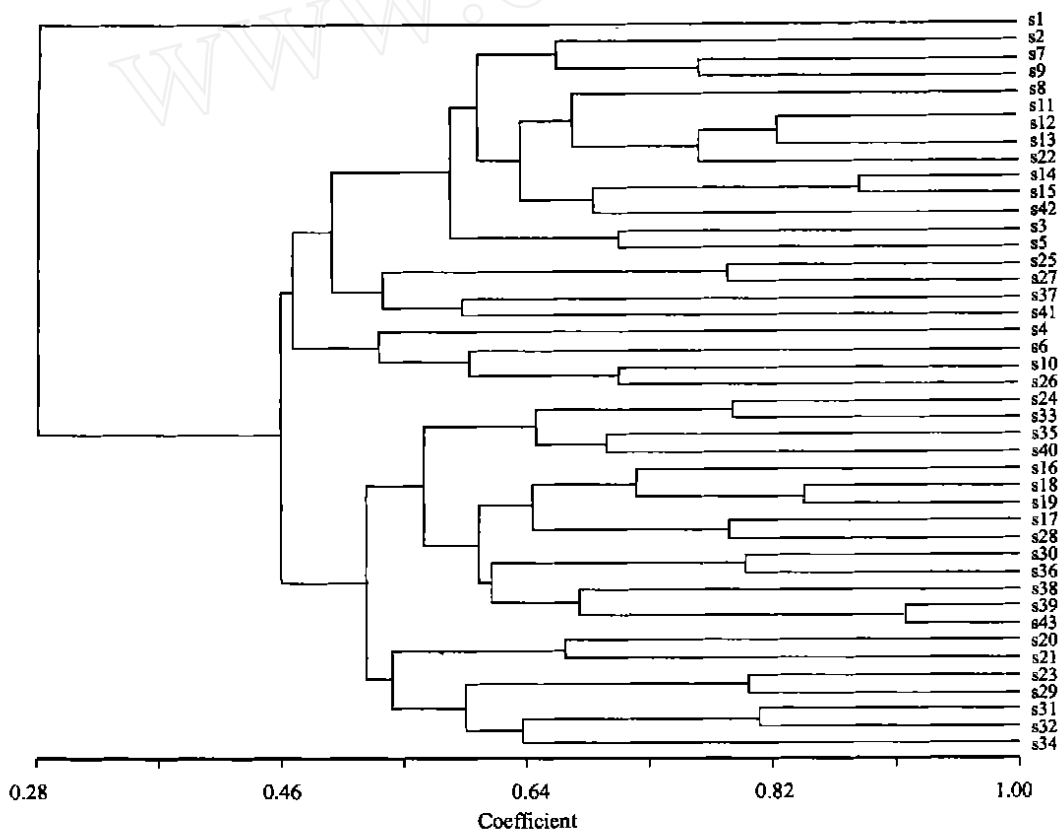


图1 43个春小麦品种醇溶蛋白数据聚类图  
(图中品种编号同表1)

Fig. 1 Dendrogram upon gliadin data of 43 spring wheat cultivars  
(No. of cultivars is the same as Table 1)

表 2 聚类后各类群组成

Table 2 Composition of every group after clustering

类群 Group	品种数 Number of cultivar	品种名称 Cultivars
第一大类 1 st group	1	佛手麦
第二大类 2 sd group	42	
第一亚类 1 st subgroup	21	老芒麦, 红农 1 号, 和尚头, 大白麦, 白大头, 南大 2419, 曹选 4 号, 阿勃, 欧柔, 晋 2148, 晋麦 33, 波他姆, 台子 30, 青春 5 号, 陇春 16, 互助红, 互麦 12, 互麦 11, 宁春 13, 陇春 15, 内乡 5 号
第二亚类 2 sd subgroup	21	青春 18, 高原 158, 定西 24, 高原 506, 青春 533, 高原 602, 青春 570, 民和 853, 高原 448, 甘麦 8 号, 甘麦 35, 高原 175, 陇春 8139, 陇春 14, 高原 338, 青春 25, 青春 26, 高原 V 028, 陇春 13, 陇春 17, 高原 913

2.4 醇溶蛋白水平上春小麦品种间遗传多样性演变趋势

计算 20 世纪 40 年代以来甘、青两省不同时期种植品种间醇溶蛋白水平上的平均遗传距离, 列于表 3, 并作图 2。可以看出, 历史上的地方品种间醇溶蛋白的遗传变异程度最大( $GD = 0.5455$ ), 20 世纪

50 年代的引进品种变异程度最小( $GD = 0.3310$ )。从 20 世纪 60 年代到 90 年代, 育成品种间醇溶蛋白的变异有一先增后减的过程, 但总体上变异程度要低于地方品种, 其原因与亲本单一和所承受人工选择压的变化有关。

表 3 醇溶蛋白水平上春小麦品种间遗传多样性演变趋势

Table 3 Evolutionary trend of genetic diversity development among wheat cultivars detected by gliadin markers

年代 Era	1940s	1950s	1960s	1970s	1980s	1990s
变异范围 Variance range	0.2941~ 0.7727	0.0000~ 0.5909	0.1176~ 0.4706	0.2778~ 0.5455	0.2143~ 0.6842	0.0833~ 0.7200
平均遗传距离 Mean GD	0.5455	0.3310	0.3320	0.4175	0.5027	0.4867

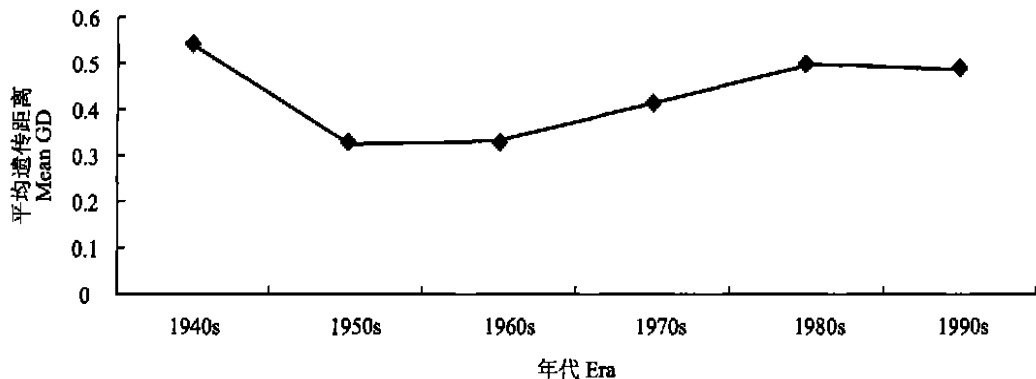


图 2 醇溶蛋白水平上的遗传多样性演变

Fig. 2 Evolutionary trend of genetic diversity detected by gliadin markers

3 讨论

醇溶蛋白标记能较好地地区分不同的基因型, 43 个供试品种间在醇溶蛋白水平上多态性较高, 间接地反映了品种间在编码醇溶蛋白位点基因上的遗传变异。但是, 利用醇溶蛋白编码位点的少数基因来反映品种间在整个基因组上的差异, 还是显得有些力不从心。例如不同亲本来源的晋 2148 和晋麦 33 不能通过醇溶蛋白进行区分。在陈玉清<sup>[24]</sup>的研究中,

也有两对品种无法利用醇溶蛋白进行区分。在本研究中, 由于所选方法限制, 所检测到的醇溶蛋白电泳条带数不多, 这也可能是造成这两个品种无法区分的原因之一。

地方品种和引进品种与 20 世纪 60 年代以后育成品种分属不同的亚类, 说明育成品种同地方品种和引进品种之间在醇溶蛋白编码位点上存在较大变异。同时, 育成品种醇溶蛋白的遗传变异水平不高, 这也提示在这一地区进行与醇溶蛋白有关的品质育

种很难在现有育成品种间杂交的基础上取得成功。

醇溶蛋白水平上品种间遗传多样性的演变规律反映了不同时期育种目标及其选择压的变化。从图 2 可以看出,地方品种间的多态性高于引进品种和育成品种,而育成品种间的多态性在 60~80 年代呈上升趋势,从 80 年代后开始下降,这与甘、青两省育种实践相吻合。在 90 年代以前,甘、青两省春小麦育种基本上是以追求高产为目标。进入 90 年代后,为

了适应人们不断增长的对小麦的品质需求,育种者开始注重育成品种的品质。因而加在品种上的与品质有关的选择压(如蛋白质含量、蛋白质组成等)相应加强,导致育成品种的遗传多样性下降。

因此,今后若想取得与醇溶蛋白有关的品质育种的突破,必须突破现有的育成品种的醇溶蛋白基因源,引入多样化醇溶蛋白基因,春小麦的品质育种工作才会取得较大突破。

## 参考文献:

- [1] COX T S, LOOKHART G L, WALKER D E, HARRELL L G, ALBERS L D, RODGERS D M. Genetic relationships among hard red winter wheat cultivars as evaluated by pedigree analysis and gliadin polyacrylamide gel electrophoretic patterns[J]. *Crop Science*, 1985, 25: 1 058- 1 063
- [2] PAYNE P I, HOLT L M, JACKSON E A, *et al*. Wheat storage proteins: their genetics and their potential for manipulation by plant breeding[J]. *Philos Trans R. Soc London Ser B.*, 1984, 304: 359- 379
- [3] ZHANG X Y (张学勇), YANG X M (杨欣明), DONG Y CH (董玉琛). Genetic analysis of gemplasm by acid polyacrylamide gel electrophoresis of gliadin[J]. *Scientia Agriculura Sinica* (中国农业科学), 1995, 28(4): 25- 32
- [4] YAN Y, JOVANOVIC B, PRODANOVIC S, *et al*. Application of electrophoresis for gliadin characterization and varietal identification in wheat[J]. *J. Sci Agric Res.*, 1994, 55: 93- 105.
- [5] VACCINO P, METAKOVSKY E V. RFLP patterns of gliadin alleles in *Triticum aestivum* L.: implications for analysis of the organization and evolution of complex loci[J]. *Theoretical Applied Genetics*, 1995, 90: 173- 181.
- [6] PAYNE P I. Genetics of wheat storage protein and the effect of allelic variation on bread-making quality[J]. *Annual Review Plant Physiology*, 1987, 38: 141- 153
- [7] MECHAM D K, KASARKA D D, QUALSET C O. Genetic aspects of wheat gliadin proteins[J]. *Biochem Genet.*, 1978, 16: 831- 853
- [8] SOZNOV A A, POPEREL YA F A. Genetic classification of prolamin and its use for plant breeding[J]. *Ann. Technol Agric.*, 1980, 29: 229- 245.
- [9] METAKOVSKY E V. Gliadin allele identification in common wheat II. Catalogue of gliadin alleles in common wheat[J]. *J. Genet & Breed.*, 1991, 45: 325- 344
- [10] 颜启传, 邓光联, 支巨振. 农作物品种鉴定手册[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1998: 139- 142
- [11] WEIYM (魏育明), ZHENG YL (郑有良), LIU D C (刘登才), ZHOU YH (周永红), LAN XJ (兰秀锦). Genetic diversity of Gli-1, Gli-2 and Glu-1A alleles in Sichuan wheat landraces[J]. *Acta Botanica Sinica* (植物学报), 2000, 42(5): 496- 501.
- [12] 金善宝, 刘安定. 中国小麦品种志[M]. 北京: 农业出版社, 1964: 478- 497.
- [13] 金善宝. 中国小麦学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 1- 2, 37- 39, 55- 57.
- [14] 金善宝. 中国小麦品种及其系谱[M]. 北京: 农业出版社, 1983: 236- 263, 336- 381.
- [15] 金善宝. 中国小麦品种志(1983- 1993)[M]. 北京: 农业出版社, 1997: 363- 391.
- [16] 陶于洪. 甘肃省农作物优良品种[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1995: 1- 76
- [17] 青海省农林科学院. 青海省农作物品种志[M]. 西宁: 青海人民出版社, 1983: 1- 52
- [18] FUBX (傅宾孝), YUGH (于光华), WANG LK (王乐凯), LAN J (兰静). An improved PAGE method for analyzing gliadin in wheat[J]. *Acta Agronomica Sinica* (作物学报), 1993, 19(2): 185- 187.
- [19] DRAPE S R. ISTA Variety committee report of the working group for biochemical test for cultivar identification 1983- 1986[J]. *Seed Science and Technology*, 1987, 15: 431- 434
- [20] 何忠效, 张树政. 电泳[M]. 北京: 科学出版社, 1999: 13- 14
- [21] 徐克学. 数量分类学[M]. 北京: 科学出版社, 1994: 63- 72
- [22] 邹喻苹, 葛颢, 王晓东. 系统与进化植物学中的分子标记[M]. 北京: 科学出版社, 2001: 68- 107.
- [23] DONG Y CH (董玉琛). Genepools of common wheat[J]. *Journal of Triticeae Crops* (麦类作物学报), 2000, 20(3): 78- 82
- [24] CHEN YQ (陈玉清), ZHENG YL (郑有良), WEIYM (魏育明). The Study on gliadin variation of sichuan major wheat cultivars[J]. *Journal of Sichuan Agricultural University* (四川农业大学学报), 1999, 17(3): 254- 260