



现代生物技术在小麦营养品质改良中的应用与展望

潘海波, 尹杨睿杰, 胡鑫, 陈伟*

作物遗传改良全国重点实验室, 湖北洪山实验室, 华中农业大学植物科学技术学院, 武汉 430070

* 联系人, E-mail: chenwei0609@mail.hzau.edu.cn

收稿日期: 2025-08-14; 接受日期: 2025-11-19; 网络版发表日期: 2026-02-12

农业生物育种重大专项(批准号: 2023ZD040690313)和华中农业大学自主科技创新基金(批准号: 2662025ZKPY005)资助

摘要 小麦作为全球三大主粮作物之一, 改良其营养品质是应对“隐性饥饿”和保障粮食安全的重要策略. 传统育种技术因存在育种周期长、选择效率低等局限, 在遗传基础复杂且难以通过常规方法筛选的营养品质性状改良中面临巨大挑战. 近年来, 随着代谢组学分析、基因编辑、转基因、双单倍体技术、分子标记辅助育种及智能设计育种等现代生物技术的突破性进展, 小麦营养品质遗传改良已迈入快速发展阶段. 本文系统综述小麦营养品质的组成特征及遗传基础, 重点阐述现代生物技术在该领域的研究进展与应用前景, 并针对当前育种瓶颈提出适应性解决方案. 未来, 多组学技术与智能设计育种的协同创新与深度融合, 将有望成为突破现有技术壁垒的关键路径, 为小麦营养品质的精准改良提供新的技术支撑和理论依据.

关键词 小麦, 现代生物技术, 营养品质, 遗传改良, 智能设计育种

在我国, 随着膳食结构中精制食品比例的持续提高, 一些公共健康问题日益凸显^[1]. 为应对这一趋势, 我国粮食生产体系正逐步从以“增量导向”为主, 转向更加注重“提质增效”的发展模式. 2024年, 国家卫生健康委发布的《体重管理指导原则(2024年版)》明确提出营养更全面更丰富的“全谷物替代”作为关键营养干预策略, 倡导通过优化主食结构以实现膳食营养均衡. 与此同时, 《国家全谷物行动计划(2024—2035年)》进一步指出, 推动全谷物消费不仅有助于实现节粮减损, 还能改善居民营养健康状况, 对提升国家粮食安全水平和人民健康水平具有双重意义. 在此背景下, 小麦营养品质的遗传改良已成为小麦育种领域的重要研究方向.

小麦营养品质由蛋白质、膳食纤维、微量元素、生物活性小分子(如维生素、类黄酮、多酚等)和抗性淀粉等多元组分构成, 其协同作用直接决定食品的营养价值^[2]. 然而, 营养品质性状由于其遗传基础的复杂性及表型获得的困难性, 常规育种在此类性状的改良上效率较低^[3]. 现代生物技术的飞速发展为解决上述问题提供了新途径: 智能设计育种利用大模型通过数字化模拟优化亲本组合, 加速育种进程^[4]; 分子标记辅助选择快速聚合目标基因, 选择变异^[5]; 代谢组学辅助育种精准获得营养物质性状的表型数据, 提升选择效率^[6]; 双单倍体技术快速纯合目标基因, 固定优良变异^[7]; 转基因技术突破遗传限制, 富集优异基因; 基因编辑技术拓宽基因资源, 实现精准育种^[8]. 本文首先系

引用格式: 潘海波, 尹杨睿杰, 胡鑫, 等. 现代生物技术在小麦营养品质改良中的应用与展望. 中国科学: 生命科学, 2026, 56: 1215–1227

Pan H B, Yin Y R J, Hu X, et al. Advances and prospects in the application of modern biotechnology for improving the nutritional quality of wheat (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2026, 56: 1215–1227, doi: 10.1360/SSV-2025-0266

统梳理小麦营养品质的化学组成及遗传基础, 进而阐述现代生物技术在该领域中的具体应用及研究进展, 最后对未来小麦营养品质遗传改良发展方向进行展望, 旨在为构建营养品质“设计-验证-优化”的闭环育种体系提供理论框架, 推动小麦营养品质的快速精准遗传改良。

1 小麦营养品质相关性状及遗传基础

小麦营养品质是多维复杂性状协同作用的结果, 涉及淀粉合成、蛋白质组装、次级代谢物合成与代谢、矿质元素运输与积累等多个关键调控网络。其遗传基础更为复杂, 涵盖籽粒形成、物质积累与代谢平衡的动态调控等多个过程。本章将系统梳理构成小麦营养品质的各类性状, 包括微量元素、维生素、蛋白质、类黄酮和多酚等, 并阐述其复杂的遗传基础(表1), 为理解后续技术应用奠定基础。

1.1 微量元素

微量元素在维持人体正常生理功能中具有不可替代的作用, 摄入缺乏导致的“隐性饥饿”已成为全球重大公共卫生问题^[9]。铁作为血红蛋白的核心成分, 参与氧气运输和线粒体呼吸链电子传递, 摄入不足会导致缺铁性贫血^[10]。锌作为多种金属酶的辅因子, 参与多种生物大分子的合成与代谢, 缺乏时表现为免疫功能降低和性成熟障碍^[11]。

小麦籽粒富含铁、锌、锰、铜、硼、钼等多种微

量元素, 对维持人体健康至关重要。小麦对低铁胁迫高度敏感, 缺铁可导致小麦叶绿体结构严重受损、叶片失绿, 影响光合作用^[12], 同时导致根部活性氧(reactive oxygen species, ROS)水平升高, 抑制根系生长发育^[13]。铁在小麦成熟籽粒中主要富集于糊粉层, 以植酸盐形式存在^[14]。我国冬小麦籽粒铁含量平均值(38.8 mg/kg)尚未达到推荐含量(50 mg/kg)^[15]。小麦铁稳态调控网络涉及多基因协同作用: *TaTOM1*通过合成麦根酸增强根系铁螯合能力^[16]; *TaYSL15*在韧皮部特异性表达, 负责将铁-麦根酸复合体转运至地上部^[17]; 液泡铁转运体*TaVIT2*在糊粉层特异性表达, 可使面粉铁含量增加一倍^[18,19]。

锌是维持小麦生长发育的重要元素, 在维持细胞膜结构完整性和稳定性中发挥关键作用^[20]。缺锌会抑制多种酶活性、损害光合作用、出现分蘖减少、延迟抽穗、千粒重下降等不利症状, 严重影响产量。我国小麦籽粒锌平均含量(31.4 mg/kg)远低于推荐量(50 mg/kg)^[21]。锌稳态涉及吸收、转运、分配和储存等多个环节。ZIP家族转运蛋白(*TaZIP3*, *TaZIP6*, *TaZIP7*, *TaZIP9*和*TaZIP13*)在缺锌条件下表达水平显著上调, 参与锌的吸收与转运^[22]。重金属ATP酶家族*TaHMA2*过表达会显著降低籽粒锌含量^[23]。沉默*TaIPK1*则显著增加籽粒锌元素的积累^[24]。此外, 锌调节转运蛋白(zinc regulated transporter, ZRT)能控制位于质膜的锌流入, 在小麦锌转运和金属稳态中起重要作用^[25]。

锰、铜、硼、钼等其他微量元素也是维持人体正常生命活动所必需的。锰作为谷氨酰胺合成酶、超氧

表 1 小麦重要营养品质相关指标、生理功能及主要调控基因/酶

Table 1 Important nutritional quality-related indicators, physiological functions, and major regulatory genes/enzymes in wheat

营养元素	对人体健康的意义	相关基因
微量元素	参与免疫调节、抗氧化和代谢功能, 缺乏可导致免疫力下降和认知障碍	<i>TaTOM1</i> , <i>TaNAM-2A/B/D</i> , <i>TaZIP3/6/7/9/13</i> , <i>TaYSL15</i> , <i>TaVIT2</i> , <i>TaHMA2</i>
维生素	维持上皮屏障功能、支持免疫细胞活性、抗氧化及预防慢性病	<i>TaPMM</i>
蛋白质	构成细胞结构, 参与酶和激素合成, 为能量代谢提供必需氨基酸	<i>Gpc-B1</i> , <i>TaNAC019</i> , <i>TaGAMYb</i> , <i>TaNAC46</i>
类黄酮	抗氧化、抗炎, 改善内皮功能, 降低心血管疾病风险	<i>Psyl1</i> , <i>TaPAL</i> , <i>TaCHS</i> , <i>TaANS</i>
膳食纤维	调节肠道菌群, 降低餐后血糖和胆固醇, 增加饱腹感, 减少结肠癌风险	<i>GT43</i> , <i>GT47</i> , <i>CsIF6</i> , <i>CsIH</i> , <i>PER1</i>
抗性淀粉	类似膳食纤维, 延缓葡萄糖吸收, 促进短链脂肪酸生成, 有益结肠健康	<i>GBSSI</i> , <i>SBEIIa/b</i> , <i>SSIII</i>
类胡萝卜素	抗氧化, 降低癌症风险; 需注意植物甾醇可能降低其吸收, 需通过饮食补充	<i>PSY</i> , <i>aPDS</i> , <i>HYD</i> , <i>LCYE</i> , <i>TaZDS</i> , <i>TaLCYB</i>
甾醇	降低低密度脂蛋白(low density lipoprotein, LDL)胆固醇, 保护心血管健康, 有抗癌和抗炎作用	<i>CYP51</i> , <i>ERG4</i> , <i>CYP710A</i>
植酸	影响矿物质吸收, 需适量摄入	<i>IPK1</i> , <i>TaMIPS</i>

化物歧化酶等多种酶的辅因子, 在糖脂代谢、抗氧化系统、免疫调节等多种生命活动中发挥重要作用^[26]. 铜在铁吸收、红细胞生成及神经递质合成中扮演关键角色^[27]. 小麦籽粒中微量元素的分布具有显著的空间特异性, 主要富集于麸皮中. 传统制粉工艺中, 大量麸皮被去除, 导致微量元素严重流失. 因此, 优化小麦加工方式、食用全麦及加速品种遗传改良对减少小麦微量元素流失至关重要. 目前微量元素含量较高的品种多为彩麦. 青研紫麦1号的铁含量(54.2 mg/kg)是普通小麦的2.3倍, 锌(17.9 mg/kg)、硒(0.32 mg/kg)含量也远高于普通小麦^[28]. 中黑麦6号的铁(56.7 mg/kg)、锌(30.8 mg/kg)、铜(5.6 mg/kg)含量均远高于对照品种石麦22^[29].

1.2 维生素

维生素是人体六大营养素之一, 大多数无法自身合成, 需从食物中摄取, 对维持人体正常生理功能有重要意义. 小麦籽粒作为重要的维生素来源, 其糊粉层和胚芽中富含多种维生素, 其中B族维生素(B₁, B₂, B₆)及维生素E的含量尤为显著^[30]. 维生素B₁有维持糖代谢和神经传导的功能^[31]. 缺乏维生素B₁常表现为便秘、腹胀、心动过速、心脏肥大、疲乏、失眠等症状^[32]. 维生素B₁生物合成酶基因*THI3*能调控其生物合成^[33]. *THIC*, *THI1*, *TH1*, *TH2*和*TPK*是维生素B₁生物合成的关键酶, 对植物维生素B₁的合成及调控起关键作用^[34]. 维生素B₂(核黄素)主要参与呼吸链能量产生、脂类氧化及物质代谢等活动. 缺乏维生素B₂会引发皮肤炎症、消化不良、神经系统功能失调等症状^[35]. *RIBA*基因是维生素B₂生物合成的关键基因. 维生素B₆有抗炎、抗氧化、调节神经系统等功效, 缺乏时会出现内分泌失调、头晕乏力失眠等神经性症状^[36]. *PDS1*, *PDS2*, *PDS3*及*SOS4*是维生素B₆生物合成的关键酶^[37]. 维生素E是一种脂溶性维生素, 具有抗氧化、抗癌、抗炎等生物活性, 尤其在清除机体自由基、阻断脂质氧化等方面功能显著. γ -TMT, HPT是维生素E生物合成的关键酶^[38,39]. 经过育种家的多年努力, 我国目前已培育出一批维生素含量较高的小麦品种. 南阳彩麦的维生素A和维生素C含量远高于对照品种兰优906^[40]. 红秃头小麦的维生素A及维生素E含量均高于对照品种晋麦21^[41]. 黑小麦76号的脂溶性维生素K含量远高于普通小麦.

1.3 蛋白质

小麦籽粒中的蛋白质是仅次于淀粉的第二大组分, 根据溶解性分为清蛋白、球蛋白、醇溶蛋白和谷蛋白. 清蛋白和球蛋白为代谢活性蛋白, 富含赖氨酸和色氨酸, 是人体必需氨基酸的重要来源, 也是评价小麦营养品质的重要指标^[42]. 醇溶蛋白和谷蛋白为不溶性蛋白, 是构成面筋的主要成分^[43]. 小麦中的蛋白质及氨基酸主要存储于胚乳, 占胚乳总重的10%~15%^[44]. 赖氨酸是小麦中重要的人体必需氨基酸之一, 天冬氨酸激酶(AK)和二氢吡啶二羧酸合酶(DHDPS)是赖氨酸合成的关键酶^[45]. 小麦蛋白质的合成与代谢受多基因控制, 遗传基础较为复杂. 除清蛋白主要受显性基因作用外, 其余蛋白主要受加性基因控制, 且在籽粒灌浆过程中各组分还存在动态变化^[46]. 研究表明, 彩麦中赖氨酸及其他人体必需氨基酸含量普遍高于普通小麦^[47,48]. 我国在小麦蛋白质品质育种领域取得显著突破, 已培育出多个具有国际竞争力的强筋品种(如郑麦583、新麦26、新麦58、济麦44等)^[49]. 针对烘焙和酿酒行业需求, 弱筋小麦育种同样成就斐然(如扬麦13、扬麦15、绵麦902等)^[50].

1.4 类黄酮和多酚

类黄酮是小麦中重要的功能活性物质, 属于植物次生代谢产物, 具有抗氧化、抗炎、抗肿瘤和预防心血管疾病等保健功能^[51]. 在小麦籽粒中主要富集于糊粉层和种皮, 具有显著的组织特异性^[52]. 花青素作为类黄酮的重要分支, 不仅是植物应对生物及非生物胁迫的关键活性物质, 更是决定彩麦籽粒颜色的重要色素^[53]. 彩麦主要包括紫麦、蓝麦和黑麦, 其颜色形成机制存在显著差异. 紫色种皮性状为数量性状, 主要物质组成为矢车菊素及其衍生物, 受多基因调控, 且种皮由母本珠被细胞发育而来, 为母系遗传模式, 遗传基础较为复杂, 因此目前尚未被完全解析^[54]. 蓝麦糊粉层中富含大量飞燕草素, 其蓝色表型受花粉直感效应调控^[55]. 黑麦为紫麦与蓝麦的杂交产物, 其黑色表型为紫色种皮与蓝色糊粉层的叠加效应. 目前, 花青素生物合成途径已经研究的较为清晰, 主要受苯丙烷途径中的生物合成基因及调节其基因的转录因子共同调控(图1). 这些转录因子主要以MYB-bHLH-WDR(MBW)复合物的形式调控花青素的生物合成及储存转运^[56]. 育种方面, 目前审定彩麦品种已有近百个(如

徐彩麦、灵黑麦、农大3753、冀紫黑小麦1号、山农蓝麦1号、灵绿麦1号等), 其中紫麦占80%以上。彩麦不仅富含大量花青素和原花青素, 也是类黄酮含量较高的主要品种。山东农业大学田纪春团队培育的山农101, 其麦黄酮含量达1.013 mg/kg, 是普通小麦的3.5~5倍, 为国内首个通过审定的高黄酮小麦品种^[57]。阿魏酸是小麦中多酚类的代表性物质, 约占籽粒中总酚酸的60%~90%, 具有较高的抗氧化活性^[58]。阿魏酸是苯丙烷代谢途径的产物, 是木质素和阿拉伯木聚糖交联的关键中间体, 主要通过COMT途径(咖啡酸-O-甲基转移酶途径)和CCoAOMT途径(咖啡酰辅酶A-O-甲基转移酶途径)合成^[59]。在小麦籽粒中阿魏酸通过酯键与细胞壁多糖(主要是阿拉伯木聚糖)和木质素相连, 构成不溶性的细胞壁结构成分, 在麸皮中含量较高^[60]。在人体中, 可通过调节肠道菌群、抑制炎症通路等多种机制, 发挥抗炎、预防结肠癌和改善代谢综合征的潜在功效, 是评价全麦食品营养价值的重要指标^[61]。烷基间苯二酚是小麦麸皮中另一类重要的脂溶性多酚类物质, 在全麦食品中含量较高, 常被用作全谷物摄入的生物标记。作为小麦全谷物的特异性生物标志物, 在流行病学研究中被用于客观评估人群全谷物食品的摄入量, 并与降低患2型糖尿病和心血管疾病的风险呈正相关^[62]。

1.5 其他营养品质

膳食纤维、抗性淀粉、类胡萝卜素、甾醇等物质也是评价小麦营养品质的重要指标。小麦成熟籽粒中富含大量膳食纤维, 主要包含纤维素、半纤维素、木质素、阿拉伯木聚糖和 β -葡聚糖^[63]。纤维素、半纤维素、木质素难以被人体吸收, 通过机械刺激有助于肠道健康。阿拉伯木聚糖的水溶形态可形成黏性胶体, 能延缓胃排空并调节血糖^[64]。 β -葡聚糖可通过与胆汁酸结合降低胆固醇吸收^[65]。

抗性淀粉是化学结构与普通淀粉相似, 却无法在小肠中被消化酶水解的一类具有特殊的物理或化学抗性的淀粉^[66]。这类淀粉能完整进入结肠, 并被肠道微生物群发酵, 产生短链脂肪酸, 发挥类似膳食纤维的生理功能^[67,68]。有调节血糖、调控脂质代谢、促进肠道健康等作用^[69]。糖寿麦一号抗性淀粉含量达10%左右, 远高于普通小麦(约1%), 是我国高抗性淀粉小麦的代表品种之一。

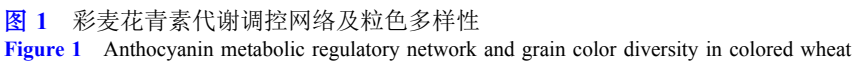
类胡萝卜素是小麦中重要的营养物质, 作为维生素A的前体物质, 主要存在于胚乳中, 包括叶黄素、 β -胡萝卜素和玉米黄质。这些物质对预防维生素A缺乏症、心血管疾病和视力健康具有重要意义^[70]。叶黄素是小麦籽粒中含量最高的类胡萝卜素, 占硬质小麦籽粒类胡萝卜素总含量的90%以上, 也是普通小麦籽粒呈黄色的重要因素之一^[71]。小麦籽粒中含有丰富的脂溶性甾醇类物质, 其疏水结构与胆固醇相似, 可通过竞争性抑制降低肠道对胆固醇的吸收^[72]。植酸是小麦麸皮中含量较多的抗营养因子, 在人体内能与二价、三价阳离子及蛋白质形成不溶物, 严重影响人体对无机盐与蛋白质的吸收和利用^[73]。目前已育成石麦12、衡4568等低植酸且高植酸酶活性品种, 为培育低抗营养因子小麦提供重要种质^[74]。

2 现代生物技术在小麦营养品质改良中的应用进展

随着现代生物技术的不断进步, 小麦营养品质的改良也取得了显著成果。本章将重点阐述双单倍体育种、分子标记辅助育种、代谢组学辅助育种、基因编辑育种、转基因育种及智能设计育种等现代生物技术在小麦营养品质改良中的具体应用与最新进展。

2.1 双单倍体育种

双单倍体育种技术通过单倍体诱导与染色体加倍实现基因快速纯合。其核心是利用植物配子(花粉或胚珠)培育单倍体植株, 再经秋水仙素加倍处理获得纯合双单倍体植株, 从而显著缩短育种周期^[75]。在小麦中, 双单倍体的获取主要依赖小麦-玉米远缘杂交法创制小麦双单倍体材料。利用玉米花粉诱导小麦产生单倍体胚, 经胚挽救和单倍体植株再生后, 进行染色体加倍产生纯合双单倍体小麦。该方法对小麦基因型依赖要求较低, 不易产生白化苗, 后代遗传稳定性较高^[76]。该技术不仅能快速固定与高产、抗病相关的优良基因, 在聚合控制蛋白质品质、微量元素含量等复杂营养性状的多个优良等位基因方面也展现出巨大潜力。云南省农业科学院粮食作物研究所利用该技术育成了高产多抗品种云麦110、云麦112^[77]。中国农业科学院作物科学研究所利用该技术育成了高产抗白粉品种中麦533^[78]。在微量元素强化育种中, 利用134个小麦DH



系材料, 通过SSR分子标记验证DH系群体中与铁、锌浓度相关的标记, 对营养品质性状的快速遗传改良具有重要指导意义^[79]。

2.2 分子标记辅助育种

小麦育种的核心目标是通过聚合多源优良基因创制小麦新品种, 分子标记辅助育种通过将DNA分子标记与目标基因连锁, 实现对营养品质性状的精准选择。相较于传统表型筛选, 该技术突破营养品质性状难以被直观检测的技术瓶颈, 显著提升育种效率和育种精度^[80]。近年来, 分子标记辅助育种在小麦营养品质遗传改良中取得显著进展: 通过设计1Dx5和1Dy10位点特异的分子标记, 成功培育出麦谷蛋白品质优异的育种中间材料^[81]; 在人工合成六倍体小麦衍生群体中, 利用Xgwm312标记筛选多酚氧化酶(polyphenol oxidase, PPO)低活性基因型, 结合Waxy蛋白缺失标记, 同步改善面粉色泽与淀粉特性, 为小麦面粉营养品质的遗传改良提供参考^[82]。

2.3 代谢组学辅助育种

代谢组学作为系统生物学的核心组成部分, 通过全面分析生物体内小分子代谢物的种类、丰度及动态变化规律, 为揭示基因-代谢-表型间的复杂调控网络提供独特视角^[83]。相较于基因组学、转录组学和蛋白质组学, 代谢组学更贴近表型终点, 能直接反映生物体在特定生理状态或环境压力下的分子响应, 在小分子表型关联性研究中较传统育种表现出显著的学科优势(图2A)^[79]。在作物营养品质遗传改良中, 代谢组学技术能精准捕获环境-基因互作下的代谢物动态响应图谱, 为营养品质性状分子标记筛选提供直接生化证据。华中农业大学陈伟团队建立的基于代谢组学的半粒检测技术体系, 通过对小麦的远胚端半粒种子进行靶向代谢物分析, 基于建立的代谢物定量模型筛选目标代谢物高值籽粒, 并利用剩余含胚半粒种子进行定向繁育(图2B)。该方法显著提高了目标性状筛选的准确性, 结合双单倍体育种及温室快繁技术, 大幅缩短育种周期, 构建了代谢物标记辅助选择的育种新模式, 为小麦营养品质的快速精准改良提供新的技术路径^[51]。

2.4 基因编辑育种

近年来, 伴随分子生物学和基因工程技术的突破

性进展, 基因编辑技术已成为作物遗传改良领域的重要研究方向(图2C)。该技术能够实现对基因组特定位点进行精准的敲除、替换、插入或调控等操作, 具有高度的灵活性。就遗传学本质而言, 基因编辑育种与传统杂交育种具有遗传同源性, 均通过基因转移实现性状改良^[84]。在营养品质改良方面, 基因编辑技术通过定向敲除或修饰某些关键基因, 如必需氨基酸合成相关基因、维生素生物合成关键酶基因及微量元素转运蛋白基因, 能显著提升小麦籽粒营养价值。值得注意的是, 麦麸中高含量的 α -醇溶蛋白和 γ -醇溶蛋白与乳糜泻的致病性密切相关, 是制约全麦食品推广的重要限制因子。研究表明, 应用CRISPR-Cas9基因编辑系统靶向敲除 α -醇溶蛋白和 γ -醇溶蛋白基因, 成功获得低致敏性小麦突变体, 为开发安全型全麦制品提供重要种质^[85]。姚颖垠团队通过敲除*Gli-1-1D*和*Gli-2-1B*, 降低小麦致敏性, 对创制低乳糜泻材料有重要意义^[86]。定向敲除小麦支链淀粉合成关键基因*TaSBEIIa/TaSBEIIb*(淀粉分支酶II), 显著提高了直链淀粉和抗性淀粉比例, 抗性淀粉含量提升至11%~15%^[80,87]。夏兰琴团队通过对*TaSBEIIa*进行精准编辑, 在冬、春两种小麦品种中成功构建高支链淀粉酶缺失的高直链淀粉小麦品系, 显著改善了淀粉的组成、结构及营养特性^[88]。利用基因编辑系统对小麦*TaIPK1*基因进行靶向突变, 可使突变体籽粒中的植酸含量显著降低, 同时显著提高锌和铁的积累水平^[89,90]。定向敲除天冬酰胺合成酶基因*TaASN2*能显著降低小麦籽粒中游离天冬酰胺的含量, 从源头上减少食品中丙烯酰胺的含量, 为利用基因编辑技术精准改造小麦籽粒氨基酸组分提供重要参考^[91]。

2.5 转基因育种

转基因育种是通过将外源目的基因导入受体植物基因组中, 使其获得新的优良性状的育种技术。该技术能够打破物种生殖隔离, 直接利用自然界中存在的优良基因资源, 实现跨物种的基因转移, 为作物遗传改良提供强大工具。与主要对内源基因进行精准修饰的基因编辑技术不同, 转基因技术侧重于引入外源功能基因。在小麦营养品质改良方面, 转基因技术已取得一系列进展。例如, 通过导入*CrtB*和*CrtI*基因, 显著提高小麦胚乳中 β -胡萝卜素的含量^[89]。利用基因枪法将高赖氨酸含量基因和赖氨酸合成关键酶基因导入小麦中, 使小麦中的赖氨酸含量提高到10%以上。将高分子

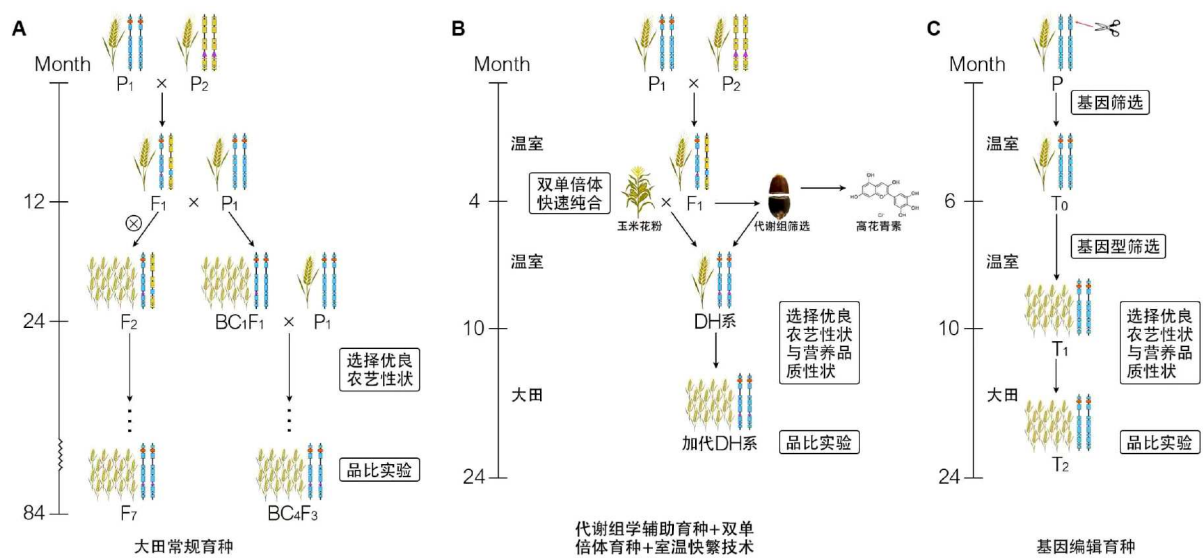


图2 现代生物技术加速小麦营养品质育种. A: 大田常规育种; B: 代谢组学辅助育种结合双单倍体育种及温室快繁技术; C: 基因编辑育种

Figure 2 Modern biotechnology accelerates the breeding of wheat nutritional quality. A: Conventional breeding in the field; B: metabolomics-assisted breeding combined with double haploid breeding and greenhouse fast-breeding technology; C: gene-editing breeding

量谷蛋白亚基(HMW-GS)基因, 如 $IDx5$, $IDy10$ 等导入小麦中, 能显著增加谷蛋白总量, 并重塑籽粒蛋白质组^[92]. 高彩霞团队将 $TaODORANT1$ 基因导入小麦中, 使成熟谷粒总SSP含量下降约13%~35%^[93]. 在小麦胚乳中表达日本曲霉植酸酶基因($phyA$), 使转基因系材料植酸酶活性提高了18%~99%, 种子中的植酸含量降低了12%~76%^[94]. 在微量元素生物强化领域, 通过农杆菌介导的转基因技术将小麦铁结合蛋白基因 $TaFer1-A$ 导入小麦中, 使转基因系籽粒铁元素积累量显著升高, 为开发铁元素生物强化小麦品种奠定重要基础^[95]. 在小麦中过表达水稻 $OsNAS2$ 基因, 使全谷物中铁和锌的含量分别增加了40%~100%和60%~250%^[96]. 尽管转基因作物在监管和公众接受度上面临更多挑战, 但其在直接引入复杂新性状方面具有不可替代的价值.

2.6 智能设计育种

随着大数据、人工智能和云计算等技术的深度交叉融合, 作物育种已迈入“基因型-表型-环境型”多源异构数据协同驱动的智能设计育种4.0时代^[97]. 相较于依赖经验判断和单一数据支撑的传统育种模式, 智能设计育种通过整合多组学数据, 构建基于机器学习和深度学习的预测模型, 可实现育种模式从“经验驱动”向

“模型驱动”的模式转变(图3)^[98]. 这一范式革命为克服小麦营养品质性状遗传复杂、检测通量低、易受环境干扰等瓶颈提供全新的解决方案. 智能设计育种可根据历史育种数据和多组学信息, 构建亲本配合力及后代遗传力预测模型, 对后代材料的营养品质性状进行早期、无损的育种值预测, 从源头上提高育种成功率, 避免盲目杂交带来的资源浪费. 例如, 可通过整合小麦籽粒代谢组数据与基因组数据, 构建花青素与关键mQTL的关联模型, 高效选配最佳亲本组合并制定育种方案, 以提高彩麦育种效率.

3 展望

小麦作为全球重要粮食作物, 其营养品质由蛋白质、必需氨基酸、微量元素(铁、锌、硒)、膳食纤维及植物活性物质(花青素、类胡萝卜素)等共同构成, 在调节人体代谢稳态、预防慢性疾病中发挥关键作用^[53]. 然而, 绝大部分营养物质在麸皮和胚芽中高度富集, 精制面粉加工过程导致其营养成分严重损失^[54]. 这一矛盾不仅凸显全谷物食品推广与优化加工方式的紧迫性, 更驱动育种家聚焦功能性特色小麦种质的研究. 在此背景下, 彩麦因其麸皮中富含大量花青素、微量元素、维生素、膳食纤维等营养物质的显著优



图 3 多种现代生物技术融合助力小麦营养品质快速定向遗传改良
Figure 3 Integration of multiple modern biotechnologies for rapid and targeted genetic improvement of wheat nutritional quality

势，正成为功能性主粮开发与代谢综合征防控的重要突破方向。

传统育种虽在产量与抗逆性改良中成效显著，但在营养品质改良中仍面临瓶颈：(i) 营养品质性状多受多基因调控网络控制，且存在显著的上位性互作；(ii) 表型选择效率易受基因型×环境互作效应干扰；(iii) 微量成分检测依赖破坏性取样和高成本的检测技术(如液相色谱-质谱联用)，难以实现高通量筛选^[66]。为突破这些限制，未来小麦营养品质遗传改良需重点

关注以下方向：(i) 建立小麦营养品质“基因-代谢物-表型”三元数据库，解析关键代谢通路(如苯丙烷类合成途径)的转录调控模块；(ii) 开发适用于多环境测试的深度学习算法，量化基因型×环境互作对营养品质稳定性的影响；(iii) 创制胚乳特异性启动子驱动的营养强化基因编辑体系，打破传统育种中“高产-优质”的负向连锁障碍。通过跨学科技术融合与数据驱动型创新，使小麦营养品质改良加速迈向“可预测、可设计、可定制”的精准育种新纪元。

参考文献

- 1 Lane M M, Gamage E, Du S, et al. Ultra-processed food exposure and adverse health outcomes: umbrella review of epidemiological meta-analyses. *BMJ*, 2024, 384: e077310
- 2 Zhang Y, Hao Y F, Zhang Y, et al. Research advances in wheat nutrition and health quality (in Chinese). *Sci Agric Sin*, 2016, 49: 4284–4298 [张勇, 郝元峰, 张艳, 等. 小麦营养和健康品质研究进展. *中国农业科学*, 2016, 49: 4284–4298]
- 3 Liu Y, Zhang J, Yuan H, et al. Non-destructive quality-detection techniques for cereal grains: a systematic review. *Agronomy*, 2022, 12: 3187
- 4 Rai K K. Integrating speed breeding with artificial intelligence for developing climate-smart crops. *Mol Biol Rep*, 2022, 49: 11385–11402
- 5 Ali M W, Borrill P. Applying genomic resources to accelerate wheat biofortification. *Heredity*, 2020, 125: 386–395
- 6 Lei G, Huang Y J. Application advances of metabolomics in rice research (in Chinese). *J Agric Sci Technol*, 2017, 19: 27–35 [雷刚, 黄英金. 代谢组学在水稻研究中的应用进展. *中国农业科技导报*, 2017, 19: 27–35]
- 7 Hooghvorst I, Nogués S. Chromosome doubling methods in doubled haploid and haploid inducer-mediated genome-editing systems in major crops. *Plant Cell Rep*, 2021, 40: 255–270
- 8 Ahmar S, Gill R A, Jung K H, et al. Conventional and molecular techniques from simple breeding to speed breeding in crop plants: recent advances and future outlook. *Int J Mol Sci*, 2020, 21: 2590
- 9 Xie Y, Liu F, Zhang X, et al. Benefits and risks of essential trace elements in chronic kidney disease: a narrative review. *Ann Transl Med*, 2022, 10: 1400
- 10 Ames B N, Basu A. Prevention of mutation, cancer, and other age-associated diseases by optimizing micronutrient intake. *J Nucleic Acids*, 2010, 2010: 725071

- 11 Kloubert V, Rink L. Zinc as a micronutrient and its preventive role of oxidative damage in cells. *Food Funct*, 2015, 6: 3195–3204
- 12 Hua Y, Wang Y, Zhou T, et al. Combined morpho-physiological, ionic and transcriptomic analyses reveal adaptive responses of allohexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) to iron deficiency. *BMC Plant Biol*, 2022, 22: 234
- 13 Yu Y, Zhang Y X, Yin H X, et al. Effects of antioxidative levels on iron deficiency tolerance and iron accumulation in wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings (in Chinese). *Chin J Eco Agr*, 2010, 18: 1256–1260 [于洋, 张玉秀, 殷恒霞, 等. 抗氧化水平对小麦幼苗耐缺铁及铁累积能力的影响. 中国生态农业学报, 2010, 18: 1256–1260]
- 14 Pongrac P, Arčon I, Castillo-Michel H, et al. Mineral element composition in grain of awned and awnletted wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars: tissue-specific iron speciation and phytate and non-phytate ligand ratio. *Plants*, 2020, 9: 79
- 15 Sun R Q, Dang H Y, She W T, et al. Factors influencing iron content in wheat grain and flour from major wheat-producing regions of China (in Chinese). *J Plant Nutr Fert*, 2024, 30: 627–640 [孙蕊卿, 党海燕, 余文婷, 等. 我国主要麦区小麦籽粒和面粉铁含量的影响因素. 植物营养与肥科学报, 2024, 30: 627–640]
- 16 Kenzhebayeva S, Atabayeva S, Sarsu F, et al. Organ-specific expression of genes involved in iron homeostasis in wheat mutant lines with increased grain iron and zinc content. *Peer J*, 2022, 10: e13515
- 17 Kabir A H, Khatun M A, Hossain M M, et al. Regulation of phytosiderophore release and antioxidant defense in roots driven by shoot-based auxin signaling confers tolerance to excess iron in wheat. *Front Plant Sci*, 2016, 7: 1684
- 18 Connorton J M, Jones E R, Rodríguez-Ramiro I, et al. Altering expression of a vacuolar iron transporter doubles iron content in white wheat flour. *bioRxiv*, 2017, 2017: 131888
- 19 Connorton J M, Jones E R, Rodríguez-Ramiro I, et al. Wheat vacuolar iron transporter TaVIT2 transports Fe and Mn and is effective for biofortification. *Plant Physiol*, 2017, 174: 2434–2444
- 20 Archana B, J S B, Pillai P S, et al. Zinc nutrition in rice based cropping systems: a comprehensive review. *JEAI*, 2024, 46: 574–583
- 21 Chu H X, Mu W Y, Dang H Y, et al. Evaluation on concentration and nutrition of micro-elements in wheat grains in major wheat production regions of China (in Chinese). *Acta Agronom Sin*, 2022, 48: 2853–2865 [褚宏欣, 牟文燕, 党海燕, 等. 我国主要麦区小麦籽粒微量元素含量及营养评价. 作物学报, 2022, 48: 2853–2865]
- 22 Evens N P, Buchner P, Williams L E, et al. The role of ZIP transporters and group F bZIP transcription factors in the Zn-deficiency response of wheat (*Triticum aestivum*). *Plant J*, 2017, 92: 291–304
- 23 Tan J, Wang J, Chai T, et al. Functional analyses of TaHMA2, a P_{1B}-type ATPase in wheat. *Plant Biotechnol J*, 2013, 11: 420–431
- 24 Aggarwal S, Kumar A, Bhati K K, et al. RNAi-mediated downregulation of inositol pentakisphosphate kinase (IPK1) in wheat grains decreases phytic acid levels and increases Fe and Zn accumulation. *Front Plant Sci*, 2018, 9: 259
- 25 Tiong J, McDonald G K, Gene Y, et al. HvZIP7 mediates zinc accumulation in barley (*Hordeum vulgare*) at moderately high zinc supply. *New Phytol*, 2014, 201: 131–143
- 26 Li L, Yang X, Chen P. The essential element manganese, oxidative stress, and metabolic diseases: links and interactions. *Oxid Med Cell Longev*, 2018, 2018: 7580707
- 27 Gromadzka G, Tarnacka B, Flaga A, et al. Copper dyshomeostasis in neurodegenerative diseases—therapeutic implications. *Int J Mol Sci*, 2020, 21: 9259
- 28 Li Y G, Wang S J, Li L, et al. A new colored wheat cultivar ‘Qingyan Zimai 1’ (in Chinese). *China Seed Ind*, 2024, 2024: 159–161 [李玉刚, 王圣健, 李磊, 等. 彩色小麦新品种青研紫麦1号. 中国种业, 2024, 2024: 159–161]
- 29 Zhang Z B, Xu P, Li F L, et al. Comparative analysis of micronutrients in 19 colored wheat germplasm resources (in Chinese). *China Seed Ind*, 2024, 2024: 54–61 [张正斌, 徐萍, 李奉令, 等. 19份彩色小麦种质资源微量营养元素比较分析. 中国种业, 2024, 2024: 54–61]
- 30 Yang Q H, Zhang Y F, Tian X J, et al. Research progress on nutritional function enhancement and probiotic functions of cereal fermented products (in Chinese). *Food Ferment Ind*, 2022, 48: 304–312 [杨庆华, 张亚飞, 田晓静, 等. 谷物发酵产品的营养功能提升与益生功能研究进展. 食品与发酵工业, 2022, 48: 304–312]
- 31 Cao X N, Tian X, Wang J J, et al. Rapid determination of dietary fiber content in quinoa using near-infrared spectroscopy (in Chinese). *J Anhui Agric Sci*, 2016, 44: 17–19 [曹晓宁, 田翔, 王君杰, 等. 基于近红外光谱法快速检测藜麦纤维含量. 安徽农业科学, 2016, 44: 17–19]
- 32 Zheng W. Analysis of vitamins B₁ and B₂ in Yongchang quinoa and other cereals (in Chinese). *Food Ind China Foreign*, 2024, 2024: 78–80 [郑炜. 永昌藜麦与其他谷物维生素B₁、B₂分析测试. 中外食品工业, 2024, 2024: 78–80]
- 33 Kong D, Zhu Y, Wu H, et al. AtTHIC, a gene involved in thiamine biosynthesis in *Arabidopsis thaliana*. *Cell Res*, 2008, 18: 566–576

- 34 Sun Y L, Tang J Q, Mao X C, et al. Research progress on biosynthesis and biofortification of plant vitamin B₁ (in Chinese). J Anhui Agric Sci, 2024, 52: 5–9,14 [孙亚丽, 唐家琪, 毛馨晨, 等. 植物维生素B₁生物合成及生物强化的研究进展. 安徽农业科学, 2024, 52: 5–9,14]
- 35 Hu H T, Guo L B. Research advances in biosynthesis and function of plant riboflavin (in Chinese). Chin Bull Bot, 2023, 58: 638–655 [胡海涛, 郭龙彪. 植物核黄素的生物合成及其功能研究进展. 植物学报, 2023, 58: 638–655]
- 36 Zhou C R, Wang M L, Huang J Z, et al. Research progress on physiological activity and synthesis of vitamin B₆ (in Chinese). China Biotechnol, 2024, 44: 88–101 [周楚然, 王美玲, 黄建忠, 等. 维生素B₆的生理活性与合成的研究进展. 中国生物工程杂志, 2024, 44: 88–101]
- 37 González E, Daneshmandi D, Daub M E. Vitamin levels, stress response, enzyme activity, and gene regulation of *Arabidopsis* lines mutant in the pyridoxine/pyridoxamine 5'-phosphate oxidase (*PDX3*) and the pyridoxal kinase (*SOS4*) genes involved in the vitamin B₆ salvage pathway. *Plant Physiol*, 2007, 145: 985–996
- 38 Qi Y H, Fan Y L, Wang L. Expression characteristics of *Arabidopsis* *HPT1*, *VTE3* and *VTE4* gene promoters under stress conditions (in Chinese). J Agric Sci Technol, 2008, 2008: 100–104 [齐圆晖, 范云六, 王磊. 拟南芥*HPT1*, *VTE3*及*VTE4*基因启动子在逆境条件下的表达特性分析. 中国农业科技导报, 2008, 2008: 100–104]
- 39 Zou L P, Gao H P. Cloning and sequence analysis of full-length cDNA of γ -tocopherol methyltransferase gene from cotton (in Chinese). Jiangsu J Agric Sci, 2009, 25: 490–493 [邹礼平, 高和平. 棉花 γ -生育酚甲基转移酶基因全长cDNA的克隆与序列分析. 江苏农业学报, 2009, 25: 490–493]
- 40 Gao X Y, Feng X Z, Sun L X, et al. Preliminary study on vitamin content in Nanyang colored wheat (in Chinese). J Anhui Agric Sci, 2006, 2026: 2355–2357 [高向阳, 冯晓枝, 孙灵霞, 等. 南阳彩色小麦中维生素含量的研究初报. 安徽农业科学, 2006, 2026: 2355–2357]
- 41 Tian Y H, Liu L F, Yang Z Y, et al. Determination and evaluation of nutritional components in Hong Tutou wheat (in Chinese). Sci Technol Food Ind, 2017, 38: 346–351 [田艳花, 刘林凤, 杨兆艳, 等. 红秃头小麦营养成分测定和评价. 食品工业科技, 2017, 38: 346–351]
- 42 Wang K J, Sun Z W, Guo M M, et al. Research progress and prospects of wheat nutritional quality (in Chinese). Agric Technol, 2020, 40: 7–12 [王康君, 孙中伟, 郭明明, 等. 小麦营养品质的研究进展与展望. 农业与技术, 2020, 40: 7–12]
- 43 Li M, Du X, Ma X, et al. Cloning and characterization of novel γ -gliadin genes from *Aegilops markgrafii* in relation to evolution and wheat breeding. *Crop J*, 2017, 5: 290–295
- 44 Mayer-Laigle C, Barakat A, Barron C, et al. DRY biorefineries: multiscale modeling studies and innovative processing. *Innov Food Sci Emerg*, 2018, 46: 131–139
- 45 Meng C M, Chen X Q, Liang R Q, et al. Expression of high-lysine genes in transgenic wheat and analysis of lysine content (in Chinese). Chin Sci Bull, 2004, 2004: 1731–1736 [孟超敏, 陈绪清, 梁荣奇, 等. 高赖氨酸含量基因在转基因小麦的表达及其赖氨酸含量分析. 科学通报, 2004, 2004: 1731–1736]
- 46 Yang X J, Zhang S H, Rong G Z. Analysis of combining ability and heritability of wheat protein component contents (in Chinese). Hereditas, 1999, 1999: 34–36 [杨学举, 张树华, 荣广哲. 小麦蛋白质组分含量的配合力和遗传力分析. 遗传, 1999, 1999: 34–36]
- 47 Chen Z C. Distribution analysis of main physicochemical parameters and study on stratified milling technology for colored wheat (in Chinese). Chin Agric Sci Bull, 2011, 27: 107–113 [陈志成. 彩色小麦主要理化参数的分布分析及分层制粉技术研究. 中国农学通报, 2011, 27: 107–113]
- 48 Gao X Y, Huang X S, Zhang B. Study and preliminary evaluation of amino acid content in Nanyang colored wheat (in Chinese). Grain Storage, 2007, 2007: 42–45, 48 [高向阳, 黄晓书, 张斌. 南阳彩色小麦中氨基酸含量的研究及初步评价. 粮食储藏, 2007, 2007: 42–45, 48]
- 49 Zhang T H, Wen X R, Zhang C D, et al. Analysis of quality traits in different strong-gluten wheat varieties (in Chinese). J Xinyang Agric For Univ, 2024, 34: 66–71 [张天海, 闻鑫茹, 张彩蝶, 等. 不同品种强筋小麦的品质性状分析. 信阳农林学院学报, 2024, 34: 66–71]
- 50 Zhou Y, Li F, Peng S B, et al. Current status and development strategies of weak-gluten wheat industry in China (in Chinese). J Huazhong Agric Univ, 2025, 44: 145–157 [周杨, 李枫, 彭少兵, 等. 我国弱筋小麦产业现状及发展对策. 华中农业大学学报, 2025, 44: 145–157]
- 51 Chen J, Chen W. Genetic basis of wheat flavonoids and application in functional wheat breeding (in Chinese). Sci Agric Sin, 2023, 56: 2431–2442 [陈杰, 陈伟. 小麦类黄酮的遗传基础与功能性小麦育种应用. 中国农业科学, 2023, 56: 2431–2442]
- 52 Shoeva O Y, Khlestkina E K. The specific features of anthocyanin biosynthesis regulation in wheat. In: Ogihara Y, Takumi S, Handa H, eds. Advances in Wheat Genetics: From Genome to Field. Tokyo: Springer Japan, 2015. 147–157
- 53 Li X, Lv X, Wang X, et al. Effects of abiotic stress on anthocyanin accumulation and grain weight in purple wheat. *Crop Pasture Sci*, 2018, 69: 1208–1214
- 54 Bu Z M. Mining of loci controlling purple grain color in wheat (in Chinese). Dissertation for Master's Degree. Taian: Shandong Agricultural

- University, 2021 [卜社木. 紫色小麦粒色调控位点的发掘. 硕士学位论文. 泰安: 山东农业大学, 2021]
- 55 Cai Y, Song Y, Li F, et al. Research progress on genetic mechanism of pigment traits in colored wheat (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2025, 45: 360–365 [蔡岳, 宋昱, 李峰, 等. 彩色小麦色素性状遗传机理研究进展. 麦类作物学报, 2025, 45: 360–365]
 - 56 Yan H, Pei X, Zhang H, et al. MYB-mediated regulation of anthocyanin biosynthesis. *Int J Mol Sci*, 2021, 22: 3103
 - 57 Xu Q, Miao Y H, Liu Z, et al. Research progress on special-colored cereals and development of new wheat varieties (in Chinese). *Sci Technol Cereals Oils Foods*, 2021, 29: 41–49 [胥倩, 苗永辉, 刘振, 等. 特殊颜色谷物研究进展和小麦相关新品种创制. 粮油食品科技, 2021, 29: 41–49]
 - 58 Wang C Y, Wang M L, Li Q Q, et al. Enhancing the antioxidant potential of wheatgrass to improve nutrient value. *Seed Biol*, 2024, 3: 0
 - 59 Shawai R S, Tian W, Liu S, et al. QTL mapping for wheat ferulic acid concentration using 50K SNP chip in a recombinant inbred line population of Zhongmai 578/Jimai 22. *Cereal Chem*, 2024, 101: 1345–1353
 - 60 Chen J, Wang X, Zhang B, et al. Integrating enzymatic hydrolysis into subcritical water pretreatment optimization for bioethanol production from wheat straw. *Sci Total Environ*, 2021, 770: 145321
 - 61 Ren Z, Zhang R, Li Y, et al. Ferulic acid exerts neuroprotective effects against cerebral ischemia/reperfusion-induced injury via antioxidant and anti-apoptotic mechanisms *in vitro* and *in vivo*. *Int J Mol Med*, 2017, 40: 1444–1456
 - 62 Tian S, Sun Y, Chen Z, et al. Bioavailability and bioactivity of alkylresorcinols from different cereal products. *J Food Quality*, 2020, 2020: 5781356
 - 63 Frølich W, Åman P, Tetens I. Whole grain foods and health—a Scandinavian perspective. *Food Nutr Res*, 2013, 57: 18503
 - 64 Freeman J, Lovegrove A, Wilkinson M D, et al. Effect of suppression of arabinoxylan synthetic genes in wheat endosperm on chain length of arabinoxylan and extract viscosity. *Plant Biotechnol J*, 2016, 14: 109–116
 - 65 Nemeth C, Freeman J, Jones H D, et al. Down-regulation of the *CSLF6* gene results in decreased (1,3;1,4)- β -D-Glucan in endosperm of wheat. *Plant Physiol*, 2010, 152: 1209–1218
 - 66 Kadyan S, Sharma A, Arjmandi B H, et al. Prebiotic potential of dietary beans and pulses and their resistant starch for aging-associated gut and metabolic health. *Nutrients*, 2022, 14: 1726
 - 67 Jain S, Sinha A, Rath I, et al. Resistant starch: way to a healthy life. *J Pharm Res Int*, 2024, 36: 21–32
 - 68 Roman L, Martinez M M. Structural basis of resistant starch (RS) in bread: natural and commercial alternatives. *Foods*, 2019, 8: 267
 - 69 Snelson M, Jong J, Manolas D, et al. Metabolic effects of resistant starch type 2: a systematic literature review and meta-analysis of randomized controlled trials. *Nutrients*, 2019, 11: 1833
 - 70 Li W, Zhai S, Jin H, et al. Genetic variation of carotenoids in Chinese bread wheat cultivars and the effect of the 1BL.1RS translocation. *Front Agr Sci Eng*, 2016, 3: 124–130
 - 71 Hussain A, Larsson H, Kuktaite R, et al. Carotenoid content in organically produced wheat: relevance for human nutritional health on consumption. *Int J Environ Res Public Health*, 2015, 12: 14068–14083
 - 72 Merah O, Mouloungui Z. Tetraploid wheats: valuable source of phytosterols and phytosterols. *Agronomy*, 2019, 9: 201
 - 73 Tian J C, Xu Q. Concept, categories and development prospects of functional wheat varieties (in Chinese). *Sci Technol Cereals Oils Foods*, 2021, 29: 1–8 [田纪春, 胥倩. 功能性小麦品种的概念、类别和发展前景. 粮油食品科技, 2021, 29: 1–8]
 - 74 Li Y R, Chen R M, Yan J, et al. Variability of phytate content and phytase activity among wheat cultivars from yellow and huai river valleys (in Chinese). *Acta Agronom Sin*, 2014, 40: 329–336 [李颖睿, 陈茹梅, 朱伟, 等. 黄淮冬麦区小麦品种植酸含量与植酸酶活性聚类分析. 作物学报, 2014, 40: 329–336]
 - 75 Shahin A A, Omara R I, Omar H A, et al. Evaluation of effectiveness resistance genes in wheat genotypes using marker-assisted selection for stripe rust resistance breeding. *BMC Plant Biol*, 2024, 24: 785
 - 76 Chen S P, Wang X Z, Tang H J, et al. Wheat×maize distant hybridization technique and its application evaluation in haploid breeding (in Chinese). *Mol Plant Breed*, 2011, 9: 519–524 [陈淑萍, 王雪征, 唐怀君, 等. 小麦×玉米远缘杂交技术以及在单倍体育种上的应用评价. 分子植物育种, 2011, 9: 519–524]
 - 77 Yang Z H, Yang M J, Li S X, et al. Research and application of efficient wheat DH production technology system in Yunnan (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2023, 43: 1311–1318 [杨忠慧, 杨木军, 李绍祥, 等. 小麦DH高效生产技术体系在云南的研究与应用. 麦类作物学报, 2023, 43: 1311–1318]
 - 78 Chen X M, He Z H, Liu C L, et al. Development of new wheat variety Zhongmai 533 using wheat×maize haploid induction technique (in

- Chinese). *J Triticeae Crops*, 2011, 31: 427–429 [陈新民, 何中虎, 刘春来, 等. 利用小麦×玉米诱导单倍体技术育成小麦新品种中麦533. 麦类作物学报, 2011, 31: 427–429]
- 79 Harrigan G G, Martino-Catt S, Glenn K C. Metabolomics, metabolic diversity and genetic variation in crops. *Metabolomics*, 2007, 3: 259–272
- 80 Kim K H, Kim J Y. Understanding wheat starch metabolism in properties, environmental stress condition, and molecular approaches for value-added utilization. *Plants*, 2021, 10: 2282
- 81 Lang S P, Wang H Y, Xu H Y, et al. Molecular marker-assisted breeding for *Fusarium* head blight resistance and high molecular weight glutenin subunits in wheat (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2008, 2008: 415–418 [郎淑平, 王海燕, 胥红研, 等. 小麦抗赤霉病、优质高分子量麦谷蛋白亚基聚合体的分子标记辅助选育. 麦类作物学报, 2008, 2008: 415–418]
- 82 Yang S J. Genetic diversity of derived populations from synthetic hexaploid wheat and molecular marker-assisted selection breeding (in Chinese). Dissertation for Doctoral Degree. Chengdu: Sichuan University, 2007 [杨松杰. 人工合成六倍体小麦衍生后代群体遗传多样性与分子标记辅助选择育种. 博士学位论文. 成都: 四川大学, 2007]
- 83 Hong J, Yang L, Zhang D, et al. Plant metabolomics: an indispensable system biology tool for plant science. *Int J Mol Sci*, 2016, 17: 767
- 84 Baack E J, Rieseberg L H. A genomic view of introgression and hybrid speciation. *Curr Opin Genet Dev*, 2007, 17: 513–518
- 85 Jouanin A, Schaart J G, Boyd L A, et al. Outlook for coeliac disease patients: towards bread wheat with hypoimmunogenic gluten by gene editing of α - and γ -gliadin gene families. *BMC Plant Biol*, 2019, 19: 333
- 86 Liu D, Yang H, Zhang Z, et al. An elite γ -gliadin allele improves end-use quality in wheat. *New Phytol*, 2023, 239: 87–101
- 87 Schönhofen A, Zhang X, Dubcovsky J. Combined mutations in five wheat *STARCH BRANCHING ENZYME II* genes improve resistant starch but affect grain yield and bread-making quality. *J Cereal Sci*, 2017, 75: 165–174
- 88 Li J, Jiao G, Sun Y, et al. Modification of starch composition, structure and properties through editing of *TaSBEIIa* in both winter and spring wheat varieties by CRISPR/Cas9. *Plant Biotechnol J*, 2021, 19: 937–951
- 89 Lee H. Transgenic pro-vitamin A biofortified crops for improving vitamin A deficiency and their challenges. *TOASJ*, 2017, 11: 11–23
- 90 Ibrahim S, Saleem B, Rehman N, et al. CRISPR/Cas9 mediated disruption of *Inositol Pentakisphosphate 2-Kinase 1 (TaIPK1)* reduces phytic acid and improves iron and zinc accumulation in wheat grains. *J Adv Res*, 2022, 37: 33–41
- 91 Raffan S, Sparks C, Huttly A, et al. Wheat with greatly reduced accumulation of free asparagine in the grain, produced by CRISPR/Cas9 editing of asparagine synthetase gene *TaASN2*. *Plant Biotechnol J*, 2021, 19: 1602–1613
- 92 Zhang X, Liang R, Chen X, et al. Transgene inheritance and quality improvement by expressing novel HMW glutenin subunit (HMW-GS) genes in winter wheat. *Chin Sci Bull*, 2003, 48: 771–776
- 93 Luo G, Shen L, Song Y, et al. The MYB family transcription factor *TuODORANT1* from *Triticum urartu* and the homolog *TaODORANT1* from *Triticum aestivum* inhibit seed storage protein synthesis in wheat. *Plant Biotechnol J*, 2021, 19: 1863–1877
- 94 Abid N, Khatoon A, Maqbool A, et al. Transgenic expression of phytase in wheat endosperm increases bioavailability of iron and zinc in grains. *Transgenic Res*, 2017, 26: 109–122
- 95 Gupta O P, Singh A K, Singh A, et al. Wheat biofortification: utilizing natural genetic diversity, genome-wide association mapping, genomic selection, and genome editing technologies. *Front Nutr*, 2022, 9: 826131
- 96 Singh S P, Keller B, Gruissem W, et al. Rice NICOTIANAMINE SYNTHASE 2 expression improves dietary iron and zinc levels in wheat. *Theor Appl Genet*, 2017, 130: 283–292
- 97 Xu Y, Zhang X, Li H, et al. Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-enviromic prediction. *Mol Plant*, 2022, 15: 1664–1695
- 98 Wang H, Lai J S, Wang H Y, et al. Intelligent design breeding of crops: smart combination of natural variation and smart creation of artificial variation (in Chinese). *J Agric Sci Technol*, 2022, 24: 1–8 [汪海, 赖锦盛, 王海洋, 等. 作物智能设计育种——自然变异的智能组合和人工变异的智能创制. 中国农业科技导报, 2022, 24: 1–8]

Advances and prospects in the application of modern biotechnology for improving the nutritional quality of wheat

PAN HaiBo, YIN YangRuiJie, HU Xin & CHEN Wei*

College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Hubei Hongshan Laboratory, National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Wuhan 430070, China

* Corresponding author, E-mail: chenwei0609@mail.hzau.edu.cn

Wheat is one of the three major global staple crops, therefore improving the nutritional quality of wheat is a crucial strategy for addressing “hidden hunger” and ensuring food security. Traditional breeding techniques face significant challenges in improving complex nutritional quality traits due to long breeding cycles and low selection efficiency. In recent years, with the breakthrough progress in modern biotechnologies such as metabolomics, gene editing, genetic transformation, doubled haploid technology, molecular marker-assisted breeding, and smart breeding, the genetic improvement of wheat nutritional quality has entered a rapid development stage. This review systematically summarizes the composition characteristics and genetic basis of wheat nutritional quality, elaborates on the research progress and application of modern biotechnologies in this field, and proposes adaptive solutions to current breeding bottlenecks. In the future, the integration of multi-omics technologies and smart breeding is expected to be a key path to break through existing technical barriers, providing new technical support and a theoretical basis for the precise improvement of wheat nutritional quality.

wheat, modern biotechnology, nutritional quality, genetic improvement, smart design breeding

doi: [10.1360/SSV-2025-0266](https://doi.org/10.1360/SSV-2025-0266)