

东北三省栽培大豆(*G. max*)种子 蛋白中 Ti 和 SP₁位点等位基因频率及分布*

赵述文 邹淑华 胡明祥 孟祥勋
李爱萍 王曙明

(吉林省农业科学院大豆研究所)

摘 要

1987~1989年,用聚丙烯酰胺凝胶电泳技术检测了东北三省的2277份栽培大豆种子蛋白中胰蛋白酶抑制剂(Ti)和 β -淀粉酶(SP₁)位点的等位基因型。检测结果:Ti位点,Ti^a型共2267份,占总检测品种数的99.56%,Ti^b8份,占0.35%,Ti^c2份,占0.09%,未发现ti型。SP₁位点,SP₁^b2141份,占94.03%,SP₁^a110份,占4.83%,SP₁^m12份,占0.53%,SP₁^l4份,占0.61%。

关键词 栽培大豆(*G. max*);胰蛋白酶抑制剂; β -淀粉酶;等位基因型

关于大豆种子蛋白中胰蛋白酶抑制剂(Ti)和 β -淀粉酶(SP₁)位点等位基因的检测研究工作,国内外已有很多报道。我们对东北三省2277份栽培大豆品种种子蛋白中的Ti和SP₁位点的等位基因型,进行了检测,并了解了地理分布情况。这不仅有助于从多方面了解和认识大豆品种资源,便于更好应用,同时对探讨大豆在中国的起源、传播问题,也有参考价值。

材 料 和 方 法

供检测用的2277份品种,均由本院大豆研究所品种资源研究室供给。其中属于黑龙江省的有719份、吉林省的814份,辽宁省的744份。

种子处理和电泳技术,采用Hymowitz(1972)^[1]的方法,用10%聚丙烯酰胺凝胶垂直

* 本项研究是与美国孟山都(Mosanto)公司合作研究的部分内容。

* Partial results of a cooperated research item with Mosanto Company, USA.

本文于1988年12月17日收到。This paper was received on Dec. 17, 1988.

平板电泳技术。缓冲系统及染色和定位方法,基本参照胡志昂等(1983)^[2]的改进方法。Ti的各等位基因用美国 Sigma 公司从大豆种子提取的 Ti^a、Ti^b、Ti^c混合标样与被检测材料的样品同时电泳对比确定。对具有 Ti^b、Ti^c基因型的稀有材料,则重复制样,在与标样对比确定的同时,并用胰蛋白酶—胰蛋白酶抑制剂复合物法进一步确定。

结果与讨论

一、Ti 位点基因型及其频率

表 1 东北三省 2277 份大豆品种 Ti 位点基因型及分布频率
Table 1 Ti locus genotype and distribution frequency of 2277 cultivars
of soybean from three provinces of Northeast

省别 Province	检测总数 Determined total	Ti ^a		Ti ^b		Ti ^c		ti
		份数 Number	%	份数 Number	%	份数 Number	%	
黑龙江 Heilongjiang	719	712	99.03	6	0.83	1	0.14	0
吉林 Jilin	814	812	99.75	2	0.25	0	0	0
辽宁 Liaoning	744	743	99.87	0	0	1	0.13	0
品种合计 % 平均值 Cultivar total. % Average value	2277	2267	99.56	8	0.35	2	0.09	0

表 2 东北三省 2277 份大豆品种 SP₁ 位点基因型及分布频率
Table 2 SP₁ locus genotype and distribution frequency of 2277 cultivars
of soybean from three provinces of Northeast

省别 Province	检测总数 Determined total	SP ₁ ^a		SP ₁ ^b		SP ₁ ^{an}		SP ₁	
		份数 Number	%	份数 Number	%	份数 Number	%	份数 Number	%
黑龙江 Heilongjiang	719	20	2.78	686	95.41	5	0.70	8	1.11
吉林 Jilin	814	47	5.77	754	92.63	8	0.98	5	0.62
辽宁 Liaoning	744	37	4.97	707	95.03	0	0	0	0
品种合计 % 平均值 Cultivar total. % Average value	2277	104	4.57	2147	94.29	13	0.57	13	0.57

东北三省 2277 份品种中, Ti^a 占 99.56%, Ti^b 占 0.35%, SP₁^b 占 94.03%, SP₁^a 占 4.83%, 与王衍桐等(1986)^[3] 对全国范围内 1858 份栽培大豆的检测结果很近似。但在东北三省之间, 则有一定差异。而等位基因型则差异更大。黑龙江省 Ti 有三种等位基因, Ti^a 占

99.03%;有6个品种为Ti^b,分布很分散,1个品种为Ti^c,位于45—46°N间的延寿。吉林省Ti仅有两种等位基因,Ti^a占99.75%,有2个品种为Ti^b,均位于44°N较南的蛟河地区。辽宁省744份品种中,仅有1份Ti^c,种子来源于40°N以北的丹东地区,其它均为Ti^a型,占99.87%(表1)。

从表1看出,三省的Ti^a频率虽然很接近,但辽宁—吉林—黑龙江之间,其频率具有由高到低顺序性差异趋势。

二、SP₁位点基因型及其频率

从表2看出,辽宁省种子蛋白中SP₁位点只有SP₁^A、SP₁^B两种等位基因,与Ti一样,变异较小。吉林省和黑龙江的品种,都具有四种等位基因,即SP₁^A、SP₁^B、SP₁^M、SP₁^I。黑龙江省和吉林省的SP₁^M类型大多位于中部平原地区,即在以哈尔滨、长春为中心的周围地区。而SP₁的隐性基因(sp₁)则多出现在两省东部多山地区。

三、种子蛋白中Ti、SP₁各等位基因的共存类型

辽宁省只有Ti^aSP₁^A、Ti^aSP₁^B、Ti^aSP₁^M三种类型,黑龙江省的品种,除具有上述三种类型外,还有Ti^a、Ti^aSP₁^M、Ti^aSP₁^B三种类型。吉林省无Ti^aSP₁^B型,只有其它5种(表3)。

表3 种子蛋白中Ti、SP₁各等位基因的共存类型

Table 3 Coexistence type of allelomorph of Ti and SP₁ in seed protein

省别 Province	检测总数 Determined total	Ti ^a SP ₁ ^A		Ti ^a SP ₁ ^B		Ti ^a SP ₁ ^M		Ti ^a SP ₁ ^I		Ti ^a	
		份数 Number	%	份数 Number	%	份数 Number	%	份数 Number	%	份数 Number	%
黑龙江 Heilongjiang	719	679	94.5	20	2.8	8	1.1	5	0.7	6	0.8
吉林 Jilin	814	751	92.3	48	5.9	5	0.6	8	1.0	2	0.2
辽宁 Liaoning	744	706	94.9	37	5.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
品种合计 % 平均值 Cultivar total. % Average value	2277	2136	93.9	105	4.6	13	0.57	13	0.57	8	0.33

王衍桐等(1988)^[3]指出辽宁丹东地区的太来黄,是小白脉和大白荚为Ti^b,但我们在1988和1989年对上述品种进行两次检测,太来黄,大白荚均为Ti^a,而小白脉(又名高丽黄)为Ti^c,(图1)。

从以上结果看出,辽宁省品种Ti和SP₁位点基因型较单一,与相邻的河北省^[3]很近似,但同在松辽平原上的吉林省和黑龙江省的大豆品种这两个蛋白位点上等位基因变异大,类型多。形成这种结果的原因,除了受地理位置等生态环境影响下;很可能与农耕发展历史及农业发达程度有关。应当指出野生大豆^[4]、中间型大豆及栽培大豆进行比较发现,越是进化程度较高的类型,Ti^a和SP₁^B频率越高,栽培大豆品种中两者分别达到99.0%和94%以上。

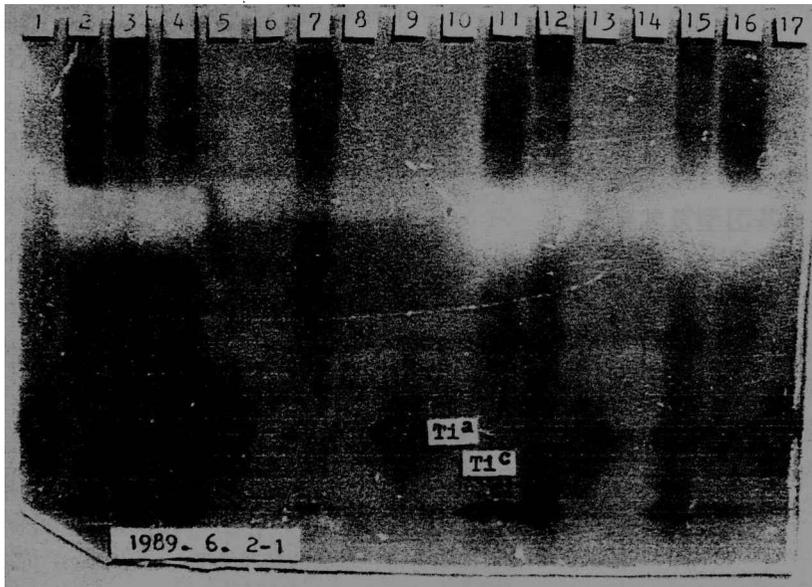


图1 1、5、9、13、17为Ti标样,7为标样加胰蛋白酶,6、8、10、14为空白(未点样)
2为小白菜样品加酶,3为小白菜;4、12为高丽黄,11为高丽黄加酶;15为大土黄,16为大土黄加酶。

Fig. 1 1、5、9、13、17—standard,7—standars+trypsin,6、8、10、14—blank (no sample),
2—sample of Dabaijia+trypsin,3—Dabaijia,4、12,—Gaoli Huang,
11—Gaoli Huang+trypsin,15—Datuhuang,16—Datuhuang+trypsin.

关于无胰蛋白酶抑制剂(即Ti的隐性基因型ti)的大豆种质资源,Hymowitz等人在对大量大豆品种检测中,来自朝鲜的大豆材料中发现了两份ti基因型。但我们对我国东北三省2277份栽培大豆品种及1000多份野生大豆,半野生大豆材料和来自全国24个自治区的300多份野生大豆、200多份半野生大豆以及部分代表性的栽培大豆品种的检测中,均未发现ti型材料。王衍桐等对取材于全国21个省、市自治区的1858份材料的检测中也未发现ti型。由此看来,ti型可能是在极特殊的生态条件影响下Ti位点形成的突变型。从目前国内外已进行的大量检测结果证明,这种隐性等位基因材料极其稀有。发现这种材料和探明形成原因,在生产实践和理论研究上都具有重要意义。

参 考 文 献

- [1] Hymowitz, T. 1972. *Crop Sci.* 12: 197—198
- [2] 胡志昂等, 1983, 《植物学报》25 (6) 532—536
- [3] 王衍桐等, 1986, 《作物学报》12 (1) 31—37
- [4] 徐豹等, 1985, 《大豆科学》4 (1) 7—13

THE FREQUENCIES OF Ti AND SP₁ ALLELES IN SOYBEANS FROM
THREE PROVINCES OF THE NORTHEAST OF CHINA

Zhao Shuwen Zhou Shuhua Hu Mingxiang
Meng Xiangxun Li Aiping Wang Shuming

(*Soybean Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences*)

Abstract

Two seed proteins, trypsin inhibitor (Ti) and β -amylase (SP₁), from 2277 accessions of soybean germplasm from three provinces of Northeast of China were analyzed by polyacrylamide gel electrophoresis. For Ti locus, 2267 accessions had the Ti^a allele, 8 Ti^b, and 2 Ti^c, accounting for 99.56%, 0.35% and 0.09% of the total tested, respectively. No ti type was found. For SP₁ locus, 2141 soybeans had the SP₁^b, 111 SP₁^a, 12 SP₁^m and 14 SP₁ allele, accounting for 94.03%, 4.83%, 0.53% and 0.61% of the total accessions respectively. The geographic distribution of the alleles in the Ti and SP₁ loci was examined. The results would be useful in the application of the soybean germplasm resource and in the exploration to the problem of soybean origin and dissemination.

Key words *Glycine max*; Trypsin inhibitor; β -amylase; Allele