

# 大豆籽粒中异黄酮含量的质量 - 数量性状的遗传分析初探<sup>\*</sup>

孙君明 丁安林

(中国农业科学院作物育种栽培研究所 北京 100081)

常汝镇

(中国农业科学院作物品种资源研究所 北京 100081)

## 摘 要

应用质量 - 数量性状的遗传分析方法,研究大豆异黄酮含量的遗传。结果显示,在 3 个杂交组合中,籽粒中异黄酮含量具有质量 - 数量性状的遗传特点,由一个主效基因和若干微效基因共同控制;在主效基因遗传效应中,同时存在加性和显性效应,且各组合的加性和显性效应不同。微效基因的遗传变异亦因组合而异,约为主效基因变异的 1/17- 1/3

**关键词** 大豆 (*Glycine max*);异黄酮含量;质量 - 数量性状;主效基因;微效基因

大豆种子中含有异黄酮(isoflavone)化合物。它是引起大豆食品苦涩味的主要因子之一<sup>[8]</sup>。近几年的研究证实,它又具有特殊的生物效能,如:可有效的限制病原微生物的生长<sup>[10-11]</sup>,抑制人和动物肿瘤细胞的繁殖<sup>[5]</sup>,诱导大豆结瘤<sup>[9]</sup>等重要的活性,其广泛的应用前景受到人们的普遍关注。因此,深入研究大豆体内异黄酮的含量,提高大豆的综合利用价值,具有十分重要的意义。

大豆异黄酮含量受多种内外因素的影响<sup>[6]</sup>,其中遗传因素是其重要的影响因子之一。关于大豆异黄酮含量的遗传,作者已对其进行了初步分析,发现具有数量性状遗传特点(待发表)。在此基础上,对 F<sub>3</sub> 代的平均数进行了质量 - 数量性状的遗传分析,进一步发掘异黄酮基因,研究其遗传规律,为培育异黄酮高/低含量的大豆品种提供依据。

<sup>\*</sup> 收稿日期 1997- 12- 29

This paper was received on Dec. 27, 1997.

材料和方法

1 试验与田间设计

1995年用经筛选的异黄酮含量显著不同的大豆品种 5个(表 1),按低× 低、高× 低和高× 高配制 3个杂交组合。其中, 1)楚秀× 灌县穿心绿为低× 低组合, 2)鲁黑豆 2号× 灌县穿心绿为高× 低组合, 3) 90I- 5024× 吉林 3号为高× 高组合。1995年冬季在温室中种植 F<sub>1</sub>代及其亲本,获得 F<sub>1</sub>植株上的自交种子 F<sub>2</sub>。1996年夏季按随机区组设计将亲本 F<sub>1</sub>和 F<sub>2</sub>代种子分别种植于北京昌平试验基地, 3次重复,行长 3. 0m,行距 0. 5m,株距 0. 1m。成熟时各组合的 F<sub>3</sub>代种子按所着生的 F<sub>2</sub>代植株为单位分别选收 50株左右, F<sub>2</sub>代种子全部收获,对于杂交亲本连续选收 20株。

表 1 5个大豆品种或品系的异黄酮含量类型及其产地

Table 1 Types of isoflavone content and locations in 5 soybean cultivars or lines

序号 No.	品种或品系 Varieties or lines	异黄酮含量类型 Type of isoflavone	异黄酮含量 (μg/g)* Content of isoflavone	地区 Locations
01	灌县穿心绿	低水平 (Low level)	700- 1100	四川 Sichuan
02	楚 秀	低水平 (Low level)	500- 1800	淮阴 Huaiyin
03	吉林 3号	高水平 (Hgh level)	2000- 5000	吉林 Jilin
04	90I- 5024	高水平 (Hgh level)	2400- 5000	北京 Beijing
05	鲁黑豆 2号	高水平 (Hgh level)	2100- 5000	山东 Shandong

\* 以 1994- 1996年 3年测定结果为依据。  
\* On the basis of determined results for three years from 1994- 1996.

2 大豆异黄酮的提取与测定及统计分析方法

大豆异黄酮的提取与测定方法同孙君明等 (1995)<sup>[1]</sup>。对杂种 F<sub>3</sub>代组合按株进行测定,每株随机抽取 4个籽粒单粒测定,并计算 F<sub>3</sub>代的株平均数 ( $\bar{y}$ )和方差 ( $s^2$ ),每组合测定 20株。对每个杂交亲本进行重复测定 10次,计算平均数 ( $\bar{x}$ )和方差 ( $s^2$ ),用双亲的平均方差计算环境方差。根据莫惠栋的质量-数量性状的遗传的后裔测验法<sup>[2 3]</sup>对大豆异黄酮进行分析,以 F<sub>3</sub>的株平均数和方差作两向分组,若 F<sub>3</sub>可以分成 3个组,且组株数符合 1: 2: 1的理论比率,则推断存在一个主效基因位点,并进一步推测和估计主效基因加性效应 d<sub>M</sub>和显性效应 h<sub>M</sub>,以及主微效基因的遗传变异 σ<sub>M</sub>和 σ<sub>m</sub>,其中 d<sub>M</sub>= [F<sub>3</sub>(1)- F<sub>3</sub>(3)]/3, h<sub>M</sub>= 2F<sub>3</sub>(2)- F<sub>3</sub>(1)- F<sub>3</sub>(4)<sup>[4]</sup>。

结果与分析

1 各组合各世代异黄酮含量的分布

由表 2可以看出,各组合双亲的异黄酮含量变幅均较小,一般在 2级以内变化,说明异黄酮在种子中含量相对较稳定; F<sub>2</sub>代异黄酮含量的分离幅度较大,基本上呈单峰分布,其次数分布具有明显的分组趋势而又组界模糊,表现出质量-数量遗传特征,说明 3个组

合的双亲既有主效基因差异,也有微效基因差异; F<sub>3</sub> 代异黄酮含量的株平均数分布类似于 F<sub>2</sub> 代的分布。

2 大豆异黄酮的主效基因基因型的鉴别

由图 1可以看出,3个组合的 F<sub>3</sub> 都可明显分成 3个组,且根据  $\chi^2$  测验结果组株数之表 2 各组合各世代异黄酮含量的次数分布

Table 2 Frequency distribution of isoflavone content in different crosses and generations

异黄酮含量 ( $\mu\text{g/g}$ ) Isoflavone content	世代 Generation			
	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>
组合 1 Cross 1				
200- 600			2	
600- 1000			6	1
1000- 1400	1	7	12	4
1400- 1800	5	3	14	13
1800- 2200	4		7	2
2200- 2600			2	
2600- 3000			1	
组合 2 Cross 2				
500- 850			11	
850- 1150			32	
1150- 1450		7	45	4
1450- 1750		3	26	5
1750- 2050			20	3
2050- 2350			12	4
2350- 2650			5	3
2650- 2950	7		3	1
2950- 3250	3		2	
3250- 3550			1	
组合 3 Cross 3				
500- 1000			2	
1000- 1500			11	1
1500- 2000		8	19	4
2000- 2500	6	2	12	6
2500- 3000	4		12	5
3000- 3500			8	2
3500- 4000			2	2
4000- 4500			2	

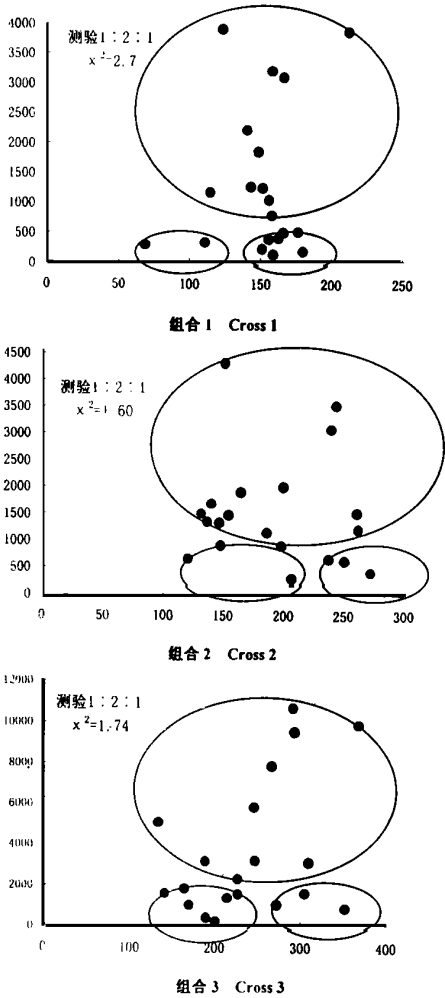


图 1 各组合 F<sub>3</sub> 代异黄酮含量的株平均数  $\bar{y}$ (横轴) 和方差  $s^2$ (纵轴)的散点图

Fig. 1 Scatter diagram of isoflavone content plant average  $\bar{y}$ (horizontal axis) and variance  $s^2$ (vertical axis) in F<sub>3</sub> crosses

比均符合 1: 2: 1 的分离比率,说明在 3 个组合中均有一定控制异黄酮积累的主效基因位点存在

3 大豆异黄酮的主效基因效应和主微效基因的遗传变异估计

由表 3 的方差分析可知,控制异黄酮含量的主效基因的遗传变异是极显著的,微效基因变异不显著,因此可进一步估计主效基因的加性、显性变异分量。

表 3 各组合异黄酮含量的方差分析

Table 3 ANOVA for isoflavone content in 3 crosses

变异来源 Source of variation	组合 1 Cross 1			组合 2 Cross 2			组合 3 Cross 3		
	df	MS	F Value	df	MS	F Value	df	MS	F Value
E <sub>2</sub> (2)	27	5709.2	4.95 *	30	2149.3	6.54 *	36	1950.0	2.87 *
F <sub>3</sub> (1) and F <sub>3</sub> (3)	27	1154.6	1.57	24	328.6	1.02	18	679.2	1.38
亲本 parents	11	737.5		8	322.3		8	504.4	

表 4 各世代组合异黄酮含量 (mg /g) 的平均数 ( $\bar{y}$ ) 和方差 ( $s^2$ )

Table 4 Mean ( $\bar{y}$ ) and variance ( $s^2$ ) of isoflavone content in carious crosses and generations

世代或组 Generation	组合 1 Cross 1		组合 2 Cross 2		组合 3 Cross 3	
	$\bar{y}$	$S^2$	$\bar{y}$	$S^2$	$\bar{y}$	$S^2$
P <sub>1</sub>	245.7	734.4	174.2	1626.5	2136.0	686.4
P <sub>2</sub>	132.0	740.6	120.4	322.3	120.4	322.3
E	249.9	1385.8	188.5	2845.2	149.4	2911.7
F <sub>3</sub> (1)	310.2	1173.2	164.4	334.4	253.8	562.2
F <sub>3</sub> (2)	267.5	5709.2	152.5	2149.3	186.2	2001.4
F <sub>3</sub> (3)	187.1	1146.6	89.9	308.3	168.6	687.6
F <sub>3</sub>	245.8	3581.9	150.4	1477.4	192.9	1505.2

表 5 各组合异黄酮含量 (mg /g) 的主效基因效应和主、微效基因遗传变异估计

Table 5 Estimates of the effect of major gene and the genetic variation of major gene and polygenes for isoflavone content in each cross

效应和变异 Effect and variation	组合 1	组合 2	组合	效应和变异 Effect and variation	组合 1	组合 2	组合 3
	Cross 1	Cross 2			Cross 1	Cross 2	Cross 3
dm	41.0	24.8	28.4	$\sigma_m$	20.4	2.5	11.4
hm	37.7	50.7	- 50.0	$\sigma_M$	67.5	42.7	37.0

根据各组合各世代异黄酮含量的平均数 ( $\bar{y}$ ) 和方差 ( $s^2$ ) 可以估计出不同组合中主效基因的效应和主、微效基因的遗传变异分量 (表 4)。由表 5 可以看出,在主效基因遗传效应中,同时存在加性和显性效应,且各组合的加性和显性效应不同。组合 1 3 以加性效应为主,显性效应相对较小;组合 2 的显性效应较大,而加性较小,这与其 F<sub>1</sub> 代分析的势能比的表现相一致 (待发表)。另外,在 3 个组合中,既存在主效基因遗传变异,又存在微效基因遗传变异。微效基因的变异幅度因组合和世代而异,如组合 2 (高×低) 的 F<sub>3</sub> 代,主效基

因变异约为微效基因的 17 倍左右;组合 1(低 $\times$ 低)和组合 3(高 $\times$ 高)的  $F_3$  代,主效基因变异分别为微效基因的 3.3 倍和 2.6 倍,表明亲本异黄酮含量差异较大的组合其主、微效基因间的差异也较大,亲本差异较小的组合其主、微效基因间的差异也较小。由此说明大豆异黄酮含量的遗传存在主效基因和微效多基因的共同作用,且微效基因的作用受组合和亲本差值的影响。

## 讨 论

1 从大豆异黄酮的质量-数量性状的遗传分析可知,由于异黄酮的遗传存在主效基因效应,因此在大豆异黄酮的品质改良中,亲本的选择十分重要。要选择高或低异黄酮含量的杂交后代,亲本之一亦应具有高或低异黄酮含量,而且微效基因有正反两方面作用,特别在微效基因的遗传变异相对较大的组合或世代中,其效应更不应忽视,此外本研究只发现一个主效基因控制异黄酮含量变化,故对异黄酮的选择可以在较早的分离世代进行,但在单株选择时,应优先选择主效基因基因型纯合的植株,再选择农艺性状优良的植株。

2 大豆异黄酮在种子中的积累是经过一系列的酶催化完成的<sup>[7]</sup>,在这些酶中,有的对异黄酮的合成起着关键性的作用,有些起着次要的作用。这正说明了大豆异黄酮的质量-数量性状的遗传特点,关键酶代表主效基因,次要酶代表微效基因。当合成异黄酮的关键酶受到抑制时,异黄酮的积累量相对很少,次要酶受到抑制时,虽然其异黄酮的积累也相应减少,但对总异黄酮的影响较小。因此要进一步研究异黄酮的积累和遗传规律,必须用酶学、分子生物学手段深入研究其机理,并探索其主、微效基因的相互关系。

## 参 考 文 献

- [1] 孙君明,丁安林,常汝镇等,1995,中国大豆异黄酮含量的初步分析,中国粮油学报,4,51-54
- [2] 莫惠栋,1993a,质量-数量性状的遗传分析I.遗传组成和主效基因基因型鉴别,作物学报,19(1),1-6
- [3] 莫惠栋,1993b,质量-数量性状的遗传分析II.世代平均数和遗传方差,作物学报,19(3):193-200
- [4] 徐辰武,莫惠栋,1996,籼稻米糊化温度的质量-数量遗传分析,作物学报,22(4):385-391
- [5] Coward, L., Barnes, N. C., Setchell, K. D. R. et al. 1993, Genistein, daidzein, and their  $\beta$ -glycoside conjugates: antitumor isoflavones in soybean foods from American and Asian diets. J. Agric. Food Chem. 41, 1961-1967
- [6] Eldridge, A. C. and Kwolek, W. 1983, Soybean isoflavones: Effect of environment and variety on composition. J. Agric. Food. Chem. 31, 394-396
- [7] Graham, T. L. and Graham M. Y. 1991, Glyceollin elicitors induce major but distinctly different shifts in isoflavonoid metabolism in proximal and distal soybean cell populations. Molecular Plant-Microbe Interactions, 4, 60-68
- [8] Huang, A. S., Hsieh O. A. L. and Chang S. S. 1981, Characterization of the nonvolatile minor constituents responsible for the objectionable taste of defatted soybean flour. J. of Food Sci. 47, 19-23
- [9] Kosslak, R. M., Bookland, R., Barkei, J. et al. 1987, Induction of *Bradyrhizobium japonicum* common nodule genes by isoflavones isolated from *Glycine max*. Proc. Acad. Sci. USA 84, 7428-7432
- [10] Morris, P. F., Savard, M. E., Ward, E. W. B. 1991, Identification and accumulation of isoflavonoids and isoflavone glucosides in soybean leaves and hypocotyls in resistance responses to *Phytophthora*

*megasperma* f. *sp. glycines*. 39, 229– 244

- [11] Naim, M., Gestetner B., Zilkah S. et al., 1974, Soybean isoflavones characterization, determination and antifungal activity. J. Agri. Food Chem. 22(5): 806– 810

## QUALITATIVE– QUANTITATIVE ANALYSIS FOR INHERITANCE OF ISOFLAVONE CONTENT IN SOYBEAN SEEDS

Sun Junming Ding Anlin

(*Institute of Crop Breeding and Cultivation, CAAS, 100081*)

Chang Ruzhen

(*Institute of Crop Germplasm Resource, CAAS, 100081*)

### Abstract

Inheritance of isoflavone content in soybean seeds was investigated by the genetic model of qualitative– quantitative (Q– Q) traits. Results indicated that isoflavone content was a typical Q– Q trait controlled by a major gene as well as polygenes. In the major gene effect, there existed additive effect and dominant effect, and different in various crosses. Genetic variation caused by polygenes also varies with crosses, which was about one seventeenth to one third of the genetic variation of the major gene.

**Key words** Soybean ( *Glycine max* ); Qualitative– quantitative trait; Isoflavone; Content; Major gene; Polygenes