

# 中国野生大豆 (*G. soja*) 种子蛋白的电泳分析: Ti和Spl各等位基因频率、地理分布与大豆起源地问题\*

徐 豹 赵述文 邹淑华 郑惠玉

(吉林省农业科学院大豆研究所)

胡志昂 王洪新

(中国科学院植物所)

## 提 要

339份中国不同地区野生大豆 (*G. soja*) 种子蛋白胰蛋白酶抑制剂 (Ti) 和  $\beta$  淀粉酶 (Spl) 各等位基因做了电泳分析, 约 80% 的材料有  $Ti^a$ , 只有一份材料有  $Ti^c$ , 47.5% 的材料有  $Spl^a$ , 发现一份材料既无  $Spl^a$  也无  $Spl^b$ , 根据  $Ti^a$  等位基因在我国各地分布的频率, 划分了 8 个地区, 比较各地区野生大豆和栽培大豆  $Ti^a$  的频率, 论证了大豆起源于长江以北黄河流域即华北地区的可能性。

大豆种子蛋白 Ti (胰蛋白酶抑制基因) 的三个互为显性的等位基因  $Ti^a$ 、 $Ti^b$ 、 $Ti^c$  和隐性基因  $ti$  的发现<sup>[13]</sup>, 曾用以筛选利于人体蛋白吸收的种质<sup>[9]</sup>。Hymowitz 和 Kaizuma<sup>[10][11]</sup>测定了亚洲 Ti 和 Spl<sup>[12]</sup> ( $\beta$  淀粉酶基因,  $Spl^a$ 、 $Spl^b$  为两个互为显性的等位基因) 各等位基因的频率分布, 讨论了大豆由中国起源向世界传播的途径。近来, 我们改进了检测上述两种种子蛋白各等位酶的方法<sup>[3]</sup>, 并测定了我国 82 份生态代表品种的各等位基因频率<sup>[4]</sup>。本文分析了我国近年搜集的不同地区野生大豆 (*G. soja*) 的上述等位基因频率。目的在于: (1) 明确地理分布规律, 做出初步区划, (2) 讨论大豆的起源地问题。

本文于1984年7月23日收到

\* 中国科学院科学基因资助课题

## 材 料 与 方 法

339份来源于中国24个省市自治区的野生大豆\*\* (百粒重<3克), 南起24°N\*\*\*, 北抵52°N, 东自135°E, 西达98°E, 海拔由0—2650米。另外, 来源于25°—51°N的22份栽培大豆 (G. max) 地方品种也加入做比较。

种子蛋白的提取按照 Hymowitz 和 Hadley 方法进行<sup>(7)</sup>。垂直平板电泳用 Davis 缓冲系统, 略加修改<sup>(3)</sup>。具体步骤如下: 大豆种子一粒, 温室下萌发12小时, 野生大豆用1 ml (栽培大豆4 ml) 附加0.023 M CaCl<sub>2</sub>、pH 8.1的0.092 M Tris—HCl 缓冲液研磨成匀浆, 取上清液50 ml 点样。7%聚丙烯酰胺凝胶用 Davis 缓冲系统。电泳后先在1%可溶性淀粉中浸泡30分钟, 用蒸馏水洗胶板数次, 最后在0.05 N HCl 酸化的碘——碘化钾溶液中浸泡2—3小时, 兰底色上没有染色的带为淀粉酶, Rf=0.44—0.48为 Spl<sup>b</sup>产物, Rf=0.37—0.43为 Spl<sup>a</sup>产物。深兰色的蛋白质带和提纯的胰蛋白酶抑制剂 (美国 Sigma 公司标样) 共同电泳来确定 Ti 产物的位置, 与主带一起电泳的是 Ti 产物。全部操作均在室温下进行。

## 结 果

### 一、野生大豆 Ti 和 Spl 各等位基因频率和地理分布。结果见表1、表2。

表 1

°N	Ti <sup>a</sup>	Ti <sup>b</sup>	Ti <sup>c</sup>	ti	总 计	Ti <sup>a</sup> %
>45°	15	8	0	0	23	65.2
41—45°	45	14	0	0	59	76.3
36—40°	66	3	0	0	68	95.8
31—35°	99	3	1	0	103	96.1
26—30°	46	34	0	0	80	57.5
<26°	4	2	0	0	6	66.7
总 计	274	64	1	0	339	80.8

表1说明, 全部材料中 Ti<sup>a</sup> 频率为80.8%, Ti<sup>b</sup> 为18.9%, Ti<sup>c</sup> 为0.3%, ti 为0%。从纬度分布看, Ti<sup>a</sup> 表现中纬度 (31°—40°N) 高而南北较低。

\*\* 材料除由本所在全国考察中自行采集外, 由中国农科院资源所和各省地农科院所提供, 谨致谢意。

\*\*\* 为了便于电脑储存, 纬度范围的计算方法为: x°N 的材料, 指 X±0.5°N 的材料。如 25°N 的材料, 即指 24.5°—25.5°N 的材料。

表 2

°N	Spl <sup>a</sup>	Spl <sup>b</sup>	Spl <sup>a</sup> 、Spl <sup>b</sup> 均无	总 计	Spl <sup>a</sup> %
>45°	4	19	0	23	17.4
41—45°	13	45	1	59	22.0
36—40°	42	26	0	68	61.8
31—35°	62	41	0	103	60.2
26—30°	38	42	0	80	47.5
<26°	2	4	0	6	33.3
总 计	161	177	1	339	47.5

表 2 说明，全部材料中，Spl<sup>a</sup> 频率为 47.5%，Spl<sup>b</sup> 为 52.2%，几乎各占一半，有一份材料既无 Spl<sup>a</sup>，又无 Spl<sup>b</sup>，频率为 0.3%。从纬度分布看，Spl<sup>a</sup> 表现也是中纬度 (31°—40°N) 高而南北较低。

考虑到经度分布，按省区分析，进一步做了地理分区。按每个区内 Ti<sup>a</sup> 出现的频率，将全国分为 I—Ⅷ 8 个区 (图 1, 表 3)。V 区的 Ti<sup>a</sup> 频率为 100%。以此为中心，一路向东北，由 IV—Ⅲ—Ⅱ—I，Ti<sup>a</sup> 频率顺次递减；一路向东南，由 VI—Ⅶ—Ⅷ，也顺次递减，最低区出现在赣、闽一带。I—Ⅷ 区各区内 Spl<sup>a</sup> 的频率，IV 区为最高，向东北也是顺次递减，最低区出现在黑龙江省，而向南，也大体有减低趋势。

表 3

区 号	材料份数	Ti <sup>a</sup> %	Spl <sup>a</sup> %	省 区 名
I	18	61.1	6.7	黑龙江
Ⅱ	60	78.0	23.3	吉林、辽宁、内蒙东部
Ⅲ	18	83.3	55.6	河北
Ⅳ	19	90.0	80.0	山西北部、内蒙部分
V	126	100.0	68.2	甘肃中南部、宁夏、陕西、河南、湖北、山东、江苏、山西南部、安徽北部
Ⅵ	16	89.5	43.8	四川东部
Ⅶ	42	71.9	38.1	浙江、湖南、安徽南部、广东北部
Ⅷ	40	25.6	47.3	江西、福建

除了上述 I—Ⅷ 区以外，广西，贵州，云南，西藏自治区，尤其是后二省区只发现个别野生大豆材料，它们的 Ti<sup>a</sup> 频率为 100%，Spl<sup>a</sup> 为 40.1%，值得注意。

## 二、栽培大豆 Ti 和 Spl 各等位基因频率

供试 22 份栽培大豆地方品种，Ti<sup>a</sup> 频率为 100%，Spl<sup>a</sup> 频率为 9.1%，远低于野生大豆。Spl<sup>a</sup> 出现在 35°N (夏大豆) 和 41°N (春大豆) 地区。

## 讨 论

## 一关于栽培大豆的起源地问题:

栽培大豆是由野生大豆进化而来的,栽培大豆源于中国<sup>[15]</sup>这两点是举世公认的。至于栽培大豆起源于中国何处,则有多种假说,有人主张起源于东北<sup>[6]</sup>,有人主张起源于华北或华中<sup>[11][14]</sup>,有的认为在长江流域以南地区<sup>[1]</sup>,有的提出起源多中心<sup>[2]</sup>等等。黄河流域是我国古代文化的主要发源地,是农耕活动最早的地区之一。根据中国不同纬度野生大豆和栽培大豆光温生态的比较分析,我们<sup>[5]</sup>提出了栽培大豆起源于我国黄河流域新的论据。本文通过我国339份野生大豆Ti各等位基因的频率和地理分布规律,提出了栽培大豆主要起源于长江以北黄河流域的新论据,根据我们测定,全国各地104份栽培大豆,Ti<sup>a</sup>频率为100%,又据Hymowitz<sup>[11]</sup>803份中国栽培大豆的测定,结果为98.9%。而野生大豆的测定,各地区的频率分布有明显区别,低区(Ⅳ区)仅25.6%,而高区(V区)达100%,这样,V区的野生大豆和栽培大豆的Ti<sup>a</sup>频率等于或接近100%,而其它各区野生大豆和栽培大豆Ti<sup>a</sup>频率差别均大于V区。可以推断,栽培大豆的起源地出现在V区的可能性是很大的。V区包括西自甘肃中南部,宁夏、陕西、山西大部,河南、山东黄河流域诸省区,(只有青海省考察时未发现野生大豆)。V区还包括湖北、安徽、江苏省大部分地区,即包括南起32°N北抵37°N,东起123°E,西达104°E广大地区。

## 二、关于野生大豆的迁移和起源问题:

野生大豆的世界分布仅限于东亚北回归线以北地区,包括中国,朝鲜,日本和苏联远东地区。中国是野生大豆资源最丰富的国家,类型多,分布广。在全国考察过程中,看到了野生大豆存在自然迁移的情况。明显的例证是黄河、长江出海口,过去是海洋而近百年淤积的滩岛上出现了野生大豆的大片群落,野生大豆既然存在迁移,这就提出了野生大豆起源地的问题。在我们野生大豆种子蛋白Ti和Spl各等位基因频率和分布的研究中,发现了很有兴趣的地理分布规律。(见图1、2),即Ti<sup>a</sup>%以V区(100%)为中心,向东北和东南两个方向顺次递减;Spl<sup>a</sup>%以Ⅳ区(80%)为中心,向东北和东南有减少趋势。出现这种规律性,一种可能的解释是:野生大豆起源于某个地区(例如Ⅳ区或V区)随着水力,风力,生物传带和地质变迁等,向其它地区迁移;另一种可能的解释是野生大豆起源于几个地区,由于各地生境不同而形成Ti<sup>a</sup>, Spl<sup>a</sup>频率上的地区差异。从我们的试验资料看,Ⅳ区与V区均位于中纬度,而向南北两个方向递减,再加我们在全中国不同纬度野生大豆的光温生态分析中,发现35°—40°N地区为温度反应临界区的结果<sup>[5]</sup>,从黄河流域野生大豆类型特别丰富等事实,我们认为:第一种解释似乎更为有力。即野生大豆起源于我国长江北黄河流域的可能性是比较大的,值得进一步研究。

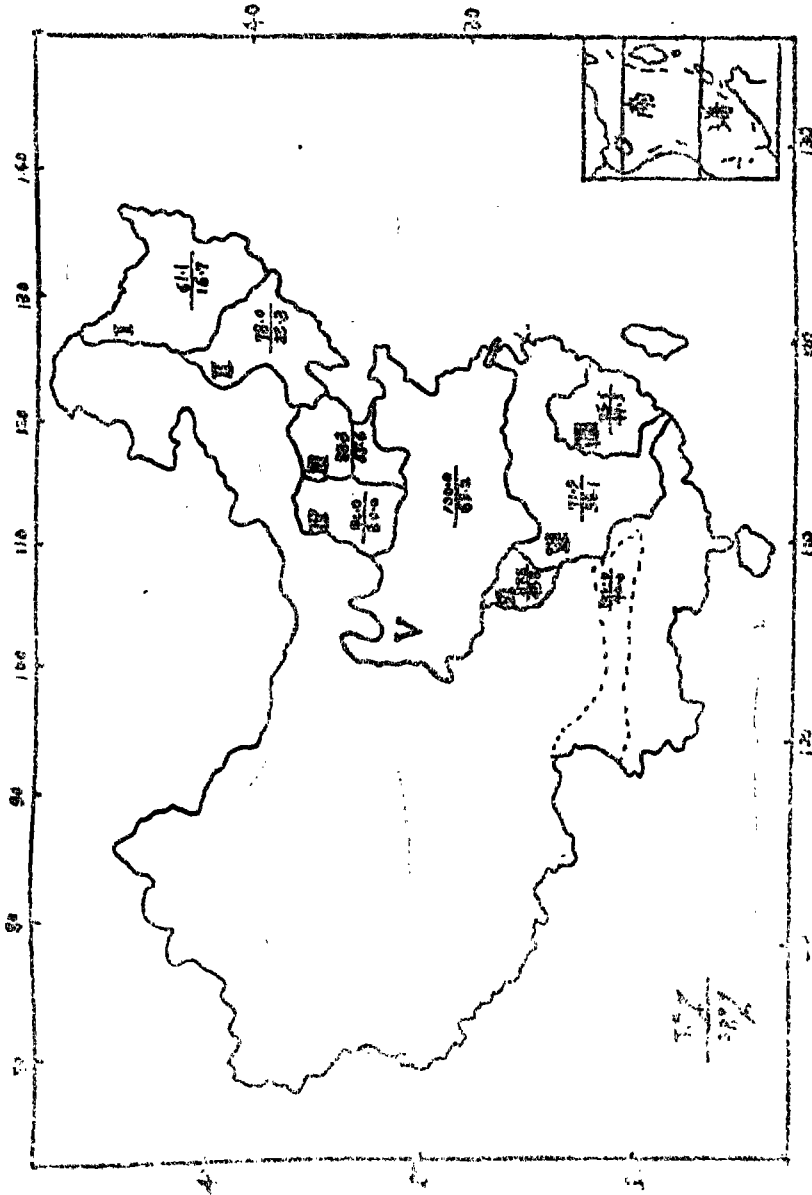


圖 1

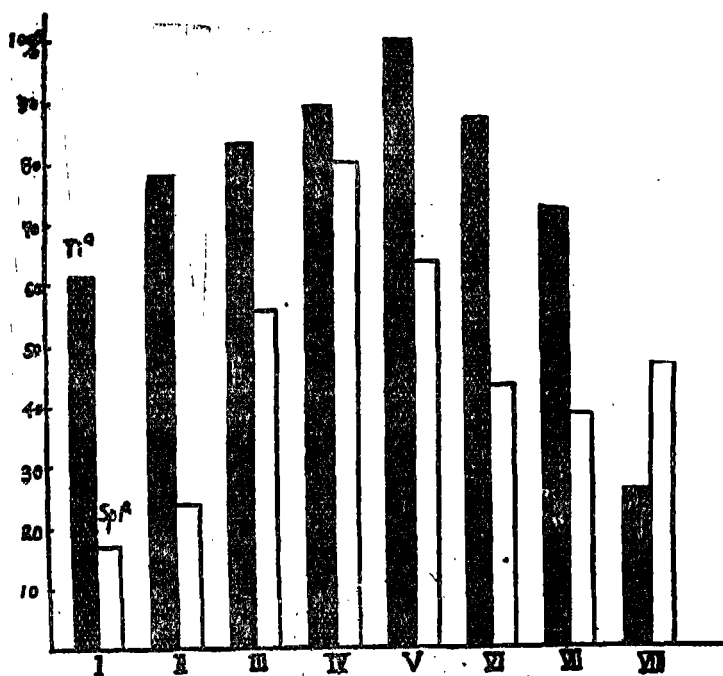


图2 实心柱: Ti<sup>a</sup> 空心柱: Spi<sup>a</sup> 在各区出现的百分率

### 参 考 文 献

- [1] 王金陵等, 1973. 遗传学通讯 3: 1—8
- [2] 吕世霖, 1978. 中国农业科学 4: 90—94
- [3] 胡志昂等, 1983. 植物学报 25(6): 532—536
- [4] 胡志昂等, 1984. 植物学报 26 (3): 328—332
- [5] 徐 豹等, 1983. 中美第二次大豆科学讨论会论文 大豆科学 1983, 2 (3): 155—168
- [6] Fukuda, Y. 1933. Jap, J. Bot. 6 (4): 439—506
- [7] Hymowitz, T. 1972. Crop Sci. 12: 197—198
- [8] Hymowitz, T. et. al. 1973. Crop Sci. 13: 420—421
- [9] Hymowitz, T. et. al. 1978. Soybean Genetic Newsletter 5: 19—24
- [10] Hymowitz, T. et. al. 1979. Econ. Bot. 33: 311—319
- [11] Hymowitz, T. et. al. 1981. Econ. Bot. 35 (1): 10—23
- [12] Orf, T. H. et. al. 1976a. Soybean Genetic Newsletter 3: 27—28
- [13] Orf, T. H. et. al. 1976b. Crop Sci. 17: 811—813
- [14] Tadao Nagata 1959. Proc. Crop Sci. Soc. Jap. 28 (1)
- [15] Vavilov N. I. 1973. "The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants" New York.

SEED PROTEIN ELECTROPHORESIS PROFILES OF WILD SOYBEAN  
(*G. SOJA*) IN CHINA : THE FREQUENCIES AND GEOGRAPHICAL  
DISTRIBUTION OF Ti AND Spl ALLELES AND THE HYPOTHESIS  
ON THE ORIGINAL AREA OF SOYBEAN

Xu Bao, Zhao Shu-wen, Zou Shu-hua, Zhen Hui-yu

(*Soybean Institute, Gongzhuling, Jilin, China*)

Hu Ziang, Wang Hong-Xin

(*Institute of Botany, Academia Sinica, Beijing, China*)

Abstract

The frequencies of Ti and Spl alleles of seed protein of 359 wild soybean (*G. soja*) accessions in China were calculated on the basis of protein electrophoresis analysis. About 80% of the accessions had the  $Ti^a$  allele and only one was identified as having the  $Ti^c$  allele. About 47% of the accessions had the  $Spl^a$  allele and only one had neither  $Spl^a$  nor  $Spl^b$ . According to the geographical distribution of  $Ti^a$  allele frequencies, 8 regions were divided in China. Judging from the difference of  $Ti^a$ % distribution between wild and cultivated soybean, it was supposed that North China might be the main original area of soybean.