

# 大豆种子蛋白组分研究及育种应用进展

侯云龙<sup>1</sup>, 陈健<sup>1</sup>, 崔正果<sup>1</sup>, 胡金海<sup>1</sup>, 魏代霞<sup>2</sup>, 张守娟<sup>3</sup>, 陈亮<sup>1</sup>,  
颜秀娟<sup>1</sup>, 王跃强<sup>1\*</sup>

(1. 吉林省农业科学院/大豆国家工程研究中心, 长春 130033; 2. 官地镇农业技术推广站, 吉林 敦化 133722; 3. 官地镇社会综合服务中心, 吉林 敦化 133722)

**摘要:**大豆因其高蛋白、高脂肪含量而在世界范围内被广泛种植, 亦成为全球饲料原料和食用油的主要来源。随着人口增长和饮食结构改变, 全球对大豆消费需求逐年增加, 进一步提高大豆单产和品质对于保障大豆生产具有重要意义。通过相关文献的回顾和整理, 本文对大豆种子蛋白质的组成、功能和营养特性等进行全面综述, 并探讨影响大豆种子蛋白质的遗传因素, 为大豆营养功能品质形成与遗传育种改良提供理论参考。此外, 对选育加工专用型品种促进优质大豆产业发展的趋势进行了展望。

**关键词:**大豆; 蛋白组分; 7S球蛋白; 11S球蛋白; 脂肪氧化酶; 育种

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2023)06-0059-05

## Research and Breeding Progress of Protein Components in Soybean Seed

HOU Yunlong<sup>1</sup>, CHEN Jian<sup>1</sup>, CUI Zhengguo<sup>1</sup>, HU Jinhai<sup>1</sup>, WEI Daixia<sup>2</sup>, ZHANG Shoujuan<sup>3</sup>, CHEN Liang<sup>1</sup>,  
YAN Xiujuan<sup>1</sup>, WANG Yueqiang<sup>1\*</sup>

(1. Jilin Academy of Agricultural Sciences/National Engineering Research Center for Soybean, Changchun 130033;  
2. Agricultural Technology Extension Station of Guandi Town, Dunhua 133722; 3. Social Comprehensive Service Center of Guandi Town, Dunhua 133722, China)

**Abstract:** Soybean is widely grown worldwide due to its high protein and high lipid content, and it has also become the main source of feed materials and edible oil in the world. With the increasing population and changes in dietary habits, there is a growing global demand for soybean consumption. Improving soybean yield and quality is crucial for ensuring sustainable soybean production. Through the review of literatures, this article comprehensively reviews the composition, function and nutritional characteristics of soybean seed protein, and discusses the genetic factors that affect the main protein components in soybean seed. The genetic factors that influence soybean seed protein composition are also discussed. Furthermore, the future trends in breeding processing-specific varieties to promote the development of high-quality soybean industry are also explored.

**Key words:** Soybean; Protein components;  $\beta$ -Conglycinin; Glycinin; Lipoygenase; Breeding

大豆是人类优质蛋白质的重要来源, 也是世界优质植物油的主要来源, 除此之外, 还含有异黄酮、磷脂等很多有益人体健康的特殊生物活性物质<sup>[1-2]</sup>。近些年, 人们对膳食平衡和健康生活追求的不断深入, 对大豆种子主要化学成分的研究也不断深入<sup>[3]</sup>。其中, 大豆蛋白质作为可食、可用、可穿、可降解的植物蛋白质资源, 在传统食品、

营养保健品行业发挥巨大作用, 在新兴材料领域内也展现出广阔应用前景<sup>[4]</sup>。每年数以千万吨的大豆蛋白质被广泛地用于传统食品和营养保健品行业, 除了干湿豆腐、豆浆豆奶、豆酱豆豉等餐桌上最直接的食品外, 脱脂大豆粉、大豆浓缩蛋白、大豆分离蛋白和大豆组织化蛋白是当前工业化提取大豆蛋白质的最主要制品。随着技术的快速发展, 大豆蛋白质更多的功能和用途被开发出来<sup>[5-6]</sup>, 比如: 大豆蛋白质作为胶黏剂在木材加工、纸张生产、食品包装等行业的应用已为大家所熟知; 作为可食用膜、生物降解塑料、纤维材料、纳米复合材料、生物材料在农业、建筑、纺织、日用、医学

收稿日期: 2022-03-09

基金项目: 吉林省农业科技创新工程项目(CXGC2021ZY103)

作者简介: 侯云龙(1982-), 男, 助理研究员, 主要从事栽培大豆资源研究。

通讯作者: 王跃强, 男, 博士, 研究员, E-mail: 825164942@qq.com

等领域的应用研究近年来呈现方兴未艾之态<sup>[7-8]</sup>。

为了进一步提高大豆单产和品质、保障优质大豆生产,本文对大豆种子蛋白质的组成、功能和营养特性等进行了全面综述,并探讨了影响大豆种子蛋白质合成的遗传因素。此外,还对进一步选育加工专用型大豆品种,促进我国优质大豆产业发展的方向进行了展望。

## 1 大豆蛋白组分特性

大豆种子由种皮、胚芽、胚轴、胚根和子叶构成<sup>[9-10]</sup>,其中子叶约占种子质量90%,两片子叶中富含脂肪和蛋白质,是储存营养物质和供给幼体生长所需营养物质的场所,也是加工业中提取大豆蛋白质和油脂的重要来源<sup>[11-12]</sup>。大豆种子中约含有40%的蛋白质及多种人体自身不能直接合成的必需氨基酸,是含量最为丰富的植物蛋白质来源之一。按照蛋白质生理功能分类,大豆种子中的蛋白质可分为贮藏蛋白、酶及生理活性蛋白,其中贮藏蛋白和脂肪氧化酶的研究较多。

### 1.1 大豆贮藏蛋白

贮藏蛋白占种子蛋白质总量的65%~80%。按照超速离心沉降分离系数划分,贮藏蛋白可分为2S、7S、11S和15S四种分级组分,其中7S和11S组分约占蛋白质总量的90%。7S和11S蛋白组分分别主要由7S球蛋白和11S球蛋白构成,前者占大豆蛋白质总量的四分之一,后者约占三分之一,二者含量因基因型、种植环境的不同而变化<sup>[13]</sup>。

7S球蛋白是一种糖蛋白,约含有3.8%的甘露糖和1.2%的氨基葡萄糖,主要包括 $\beta$ -伴大豆球蛋白和 $\gamma$ -伴大豆球蛋白。 $\beta$ -伴大豆球蛋白的含量极高,约占7S球蛋白总量的92%,因此通常将 $\beta$ -伴大豆球蛋白称为7S球蛋白。 $\beta$ -伴大豆球蛋白由 $\alpha'$ 、 $\alpha$ 、 $\beta$ 三种亚基组成。以上三种蛋白亚基的二级结构基本相同,均由一条氮末端酸性 $\alpha$ 链和一条碳末端碱性 $\beta$ 链组成。一些研究已证实,7S球蛋白肽链内和肽链间均不含有二硫键<sup>[14-15]</sup>,这就导致7S球蛋白结构紧密性较差、形成的蛋白凝胶硬度较小。由于许多豆制品就是利用大豆蛋白质凝胶化制作加工而成,因此7S球蛋白本身具有的理化特性对大豆蛋白质应用有着至关重要的影响。

11S球蛋白也是糖蛋白,但糖含量较少,仅有0.8%。11S球蛋白亚基对的二级结构与7S球蛋白类似,同样由一条氮末端酸性 $\alpha$ 链和一条碳末端碱性 $\beta$ 链组成,但 $\alpha$ 链和 $\beta$ 链却是由一个二硫键

彼此相连接<sup>[16-17]</sup>。根据氨基酸相对分子大小及同源性差异,组成11S球蛋白的5个亚基可被分为两组:第一组为 $A_{1a}B_{1b}$ 、 $A_{1b}B_2$ 和 $A_2B_{1a}$ ,第二组为 $A_3B_4$ 和 $A_5A_6B_3$ ,其中A代表酸性亚基,B代表碱性亚基。11S球蛋白对温度和离子浓度都较为敏感,脱脂大豆粉的水浸出蛋白液在0~2℃水中静置后,会有约86%的11S组分沉淀出来,该特性可用于11S球蛋白的浓缩和分离。

由于11S和7S有着各自特殊的氨基酸组成和结构,使它们对大豆蛋白质的功能特性产生不同贡献,从而影响大豆蛋白质应用<sup>[18-20]</sup>。7S球蛋白含硫氨基酸(甲硫氨酸和半胱氨酸)含量仅为11S球蛋白的16%~20%,且7S球蛋白中的 $\alpha$ 亚基是引起人体对大豆蛋白制品过敏的主要致敏因子之一<sup>[21]</sup>。已有研究表明:7S与11S球蛋白含量之间呈显著负相关(相关系数 $r=-1^{**}$ ),即可通过降低7S球蛋白含量,提高11S球蛋白含量,改良大豆种子贮藏蛋白中含硫氨基酸不足的弊端,还能降低食用大豆蛋白制品致敏风险。另外,大豆蛋白的溶解性、乳化性、凝胶透明性及稳定性、起泡性被认为是重要加工特性,均会随着11S/7S含量比值的改变而变化<sup>[22]</sup>。一般来说,大豆蛋白质凝胶硬度与11S/7S含量比值呈正相关,而大豆蛋白质膜断裂伸长率和透光率则与11S/7S含量比值呈负相关<sup>[23-24]</sup>。

### 1.2 大豆脂肪氧化酶

大豆种子中主要包含以下4种酶,即脂肪氧化酶(lipoxygenase,以下简称为脂氧酶,Lox)、 $\beta$ -淀粉酶( $\beta$ -amylase)、脲酶(urease)和蛋白酶(proteinase),其中大豆脂氧酶的研究和应用最为广泛。

脂氧酶约占大豆种子蛋白总量1%。大豆种子中脂氧酶共有3个同工酶(Lox1、Lox2和Lox3)分别由838、865、859个氨基酸构成<sup>[25]</sup>。在食品加工领域,大豆脂氧酶具有漂白小麦面粉和增强面团黏性和弹性的功效。一直以来,人们利用这一特性,在面食制作过程中,常添加适量豆粉,以增加其商品性和适口性。大豆脂氧酶作为一种含非血红素铁蛋白的氧化酶,能够专一催化多元不饱和脂肪酸的加氧反应,形成具有共轭双键脂肪酸氢过氧化物。这些产物经过裂解酶分解,产生醇、酮、醛类等挥发性物质,进而产生豆腥味。此外,大豆脂氧酶氧化分解不饱和脂肪酸,还会降低大豆油营养品质和保存期限,使豆油产生令人不快的气味<sup>[26]</sup>。因此,通过遗传育种改良手段去除种子中的脂氧酶,已成为大豆品质改良育种一

个重要目标。

## 2 大豆蛋白组分的编码基因结构及遗传特性

所有表达成为大豆蛋白质组分的编码基因信息都蕴含在基因组中,通过对基因组序列解析,能够直接了解蛋白质一级结构,通过一级机构预测二级和三级机构,例如螺旋和折叠的存在区域、二硫键的连接方式和位置等。因此,基因和基因组序列信息对于大豆种子蛋白质组成与其理化性能关系的研究有着重要指导意义。

### 2.1 7S、11S球蛋白的编码基因和遗传特性

7S球蛋白基因家族含有15个成员(*CG1*~*CG15*),至少分布在两条染色体上的不同区域,彼此之间存在很大程度的同源性。7S球蛋白编码基因被分成两组:第一组合成编码 $\alpha'$ 和 $\alpha$ 亚基的mRNA,约2.5 kb;第二组合成编码 $\beta$ 亚基的mRNA,约1.7 kb。很多研究已证实:*CG1*~*CG15*的转录方向在基因组上并不相同,这表明7S球蛋白基因家族成员均有各自独特的转录调控及剪接模式。以*CG1*和*CG4*基因为例,*CG1*合成2.5 kb的 $\alpha'$ 亚基mRNA,*CG4*转录合成1.7 kb的 $\beta$ 亚基mRNA,通过对比*CG1*和*CG4*基因序列发现,两个基因均包含6个外显子和5个内含子。其中,*CG1*基因5'端第一个外显子中含有长度为0.5 kb的序列,该序列会导致*CG1*和*CG4*基因转录合成的mRNA长度及 $\alpha'$ 、 $\beta$ 亚基分子量大小的差异。最新研究表明,*CG1*~*CG15*各基因调控序列之间的保守性很差,体现在各亚基及其mRNA在大豆种胚发育的不同时期积累、在子叶及胚轴中所占的比例不同、受外界硫源及甲硫氨酸缺失的影响不同等很多方面<sup>[27]</sup>。综上,鉴于7S球蛋白各亚基的编码合成具有独立调控的特性,研究人员能够借助分子育种学手段改变各蛋白亚基的含量,达到改良大豆蛋白质组成的目的。

11S球蛋白由多基因家族编码,迄今为止已有7个11S球蛋白基因(*Gy1*~*7*)被克隆、测序<sup>[25, 27]</sup>。按照11S球蛋白基因家族成员同源性,7个基因可分为3个类群:*Gy1*~*3*为第1类群,其编码的蛋白亚基具有相同分子量(58 kDa),并且蛋白序列之间具有约90%的同源性;*Gy4*和*Gy5*为第2类群,其编码的蛋白质相对于第1类群,具有更大的分子量(62 kDa),蛋白质序列之间也含有约90%同源性;*Gy6*和*Gy7*为第3类群,其中*Gy6*结构较为特殊,属于3'端缺陷型基因,无法编码合成有生理

活性功能的大豆球蛋白。11S球蛋白共6种酸性-碱性亚基对,分别由6个不同基因编码,即*Gy1*( $A_{1b}B_2$ )、*Gy2*( $A_2B_{1a}$ )、*Gy3*( $A_{1a}B_{1b}$ )、*Gy4*( $A_5A_4B_3$ )、*Gy5*( $A_3B_4$ )和*Gy7*。以上6个基因的结构完全相同,都包含4个外显子和3个内含子。

### 2.2 脂肪氧化酶的编码基因和遗传特性

大豆种子脂氧酶基因主要有*Lox1*、*Lox2*、*Lox3*三个等位基因,且均以单显性方式遗传。*Lox1*和*Lox2*基因位点紧密连锁,而*Lox3*基因位点独立遗传,各自隐性基因会导致脂氧酶缺失。研究表明,大豆种子无论是单缺失(*lox1*)、双缺失(*lox1lox3*和*lox2lox3*)还是三缺失(*lox1lox2lox3*),与正常品系相比,其农艺性状都没有显著差异<sup>[28]</sup>。

目前大豆种子中3种脂氧酶同工酶cDNA序列已基本清楚<sup>[25]</sup>。*Lox1*的cDNA序列,全长218 kb,共838个氨基酸,分子量约94 kDa;*Lox2*由865个氨基酸构成,分子量约97 kDa;*Lox3*基因组DNA由9个外显子和8个内含子组成,其蛋白质包含859个氨基酸,分子量约96 kDa。*Lox1*和*Lox2*存在81%的同源性,*Lox1*和*Lox3*存在74%的同源性,*Lox2*和*Lox3*存在70%的同源性。研究表明:在酶中间部位,含有较多组氨酸序列的保守域,该保守域包含2个非钼铁结合的His残基,主要负责脂氧酶活性的保持。脂氧酶缺失基因突变分子机制研究表明,*Lox2*基因序列上发生T-A点突变,使得His-532突变为Glu-532,导致*Lox2*酶活性丧失;*Lox3*基因序列上发生2个点突变导致*Lox3*无法正常合成。

## 3 大豆蛋白组分改良育种的途径与方法

目前,大豆蛋白组分遗传改良目标主要有以下三个:提高大豆蛋白质含量、提高大豆蛋白组分中含硫氨基酸含量、选育脂氧酶完全缺失型大豆新品种<sup>[29]</sup>。

众所周知,蛋白质含量与单株粒数、产量呈负相关<sup>[30]</sup>。近年来,我国及美国育种家成功选育出一批蛋白质含量高于平均水平的、产量显著提高的大豆新品种,例如:大豆品种Prolina含有高蛋白含量(干基蛋白含量44.8%),产量仅比高产对照低13%;品系R05-1415和R05-1771的干基蛋白含量为46.3%~46.9%,产量仅比常规高产品种50002T低6%~9%;大豆品系TN03-350和TN04-5321的湿基蛋白质含量为43.1%~43.9%,产量基本与常规高产对照品种持平。以上结果表明,大

豆种子产量与蛋白质含量之间的负相关关系可能在未来得到减弱或打破<sup>[31-32]</sup>。

从动物营养学角度来看,大豆蛋白品质(氨基酸组成)比总蛋白含量更为重要<sup>[33-34]</sup>。一直以来,含硫氨基酸和苏氨酸的低含量限制了原料大豆蛋白在家禽和猪饲料中的营养价值。借助遗传育种手段,增加原料大豆蛋白质组分中含硫氨基酸含量,可有效提高饲用豆粕营养价值,减少化学合成类甲硫氨酸添加剂的使用。对于养殖业生产者来说,氨基酸平衡的豆粕显然是“吸收更好、用得更多”的选择;而氨基酸成分结构更合理的原料大豆,也会帮助饲料加工企业生产出更具有市场竞争力的产品。鉴于7S球蛋白含硫氨基酸含量仅为11S球蛋白的16%~20%,目前提高含硫氨基酸含量最佳方法是改变7S与11S球蛋白比例,这不仅会改变大豆营养价值,还会改变大豆蛋白食品功能特性<sup>[35-36]</sup>。由表1可见,豆腐断裂应力会随着大豆种子中11S/7S含量比值的增加而增加,即大豆11S/7S含量比值高的品系会产生更为硬质的豆腐。此外,由于7S球蛋白热稳定性强、具有较强免疫原性,会造成犊牛、仔猪等幼龄家畜的消化道过敏反应<sup>[37]</sup>,提高大豆11S/7S含量比值还有助于提高大豆粗蛋白在畜禽饲料中的高效利用率<sup>[38]</sup>。

表1 不同11S/7S含量比值原料大豆制作豆腐的凝胶断裂应力

组分	11S蛋白亚基			豆腐凝胶断裂应力 (Pa)
	A <sub>1a</sub> B <sub>1b</sub> +A <sub>1b</sub> B <sub>2</sub> +A <sub>2</sub> B <sub>1a</sub>	A <sub>3</sub> A <sub>4</sub> B <sub>3</sub>	A <sub>3</sub> B <sub>4</sub>	
1.94	+	+	+	9 989
1.63	+	+	-	8 955
1.38	+	-	+	9 891
1.32	+	-	+	10 171
1.08	-	+	-	6 791
0.82	+	-	-	7 162
0.49	-	+	-	4 835
0.33	-	-	+	5 381
0.14	-	-	-	3 002

大豆脂氧酶能够专一催化具有顺式、顺式-1,4-戊二烯结构的多元不饱和脂肪酸加氧反应,产生由臭味、腥味、苦味、青草味、涩味等杂合而成的特殊气味特征的小分子醛、酮或醇类物质<sup>[26]</sup>。大豆脂氧酶一直都是豆制品加工过程中尽可能去除的成分,目前去除原料大豆中的脂氧酶多采用加热或酶包埋等方法,不但导致加工成本增加,而且降低豆制品的营养及其风味<sup>[39]</sup>。当前,选育出完全无腥味的大豆新品种,也是大豆深加工企

业对大豆原料市场的迫切需求。近年来,在大豆脂氧酶缺失遗传育种方面,黑龙江省农业科学院育成脂氧酶部分缺失大豆品种绥无腥豆1号、2号,河北省农林科学院育成的五星4号、东北农业大学育成的东富豆1号、东富豆3号均为脂氧酶完全缺失大豆品种,以上品种已实现小规模商业化种植<sup>[40]</sup>。

## 4 展 望

以大豆蛋白为主要成分的植物人造肉,在长期发展下正逐渐成为传统动物肉的替代产品。当前,美国Impossible Foods公司的Impossible Burger是市场上最受欢迎的人造肉类选择之一,Impossible Burger主要成分就是大豆浓缩蛋白。需要特别注意的是,若要用大豆蛋白部分或全部替代肉类蛋白,必须考虑提高大豆蛋白中含硫氨基酸含量,以均衡其营养价值,进而促进大豆蛋白在植物肉新产品开发中的深度应用。

为了实现大豆优质育种的未来目标,现有育种技术的瓶颈问题也需要被很好地解决。首先,在资源、资金及人力有限,育种群体规模和测试环境数量增加的情况下,高通量和高精度的蛋白表型鉴定是提高优质大豆育种效率的关键。其次,伴随着分子标记和测序技术的迅猛发展,不能仍停留在以杂交选育为主的传统育种方法上,而是要使用依赖于基因组、互联网、大数据、人工智能等技术的智能、高效、定向的现代育种手段。今后,在制定大豆育种目标时,必须充分了解国内外大豆的发展现状及未来趋势,预测今后生产条件变化及加工企业发展对品种加工性状的要求,使大豆品质改良育种研究成为引领和指导农户及企业加工发展的重要风向标。

## 参考文献:

- [1] 殷瑞锋. 2019年中国大豆市场形势回顾和2020年展望[J]. 东北农业科学, 2020, 45(1): 45-49.
- [2] 孙 君, 舒坤良, 庄 巍, 等. 基于国际贸易的中国大豆供给需求分析[J]. 东北农业科学, 2017, 42(6): 64-68.
- [3] 王继亮, 程芳艳, 蒋红鑫, 等. 大豆功能性成分研究及育种进展[J]. 现代化农业, 2019(7): 7-9.
- [4] 孙明明, 王 萍, 李智媛, 等. 大豆活性成分研究进展[J]. 大豆科学, 2018, 37(6): 975-983.
- [5] 刘 澜. 大豆的营养成分及其综合利用前景[J]. 内蒙古民族大学学报(自然科学版), 2014, 29(2): 175-178.
- [6] 张亚楠. 大豆营养成分研究进展[J]. 现代农村科技, 2017(10): 64-65.
- [7] 金晓飞, 曹凤臣, 徐丽娟, 等. 浅谈利用野生大豆创制育种

- 资源和新品种[J]. 东北农业科学, 2017, 42(1): 12-15.
- [ 8 ] 荆常亮, 周金辉, 张成省, 等. 野生大豆营养成分及生物活性因子的研究进展[J]. 大豆科学, 2019, 38(4): 644-649.
- [ 9 ] 罗舒蕾, 张树冰. 大豆的有效成分及其作用[J]. 湖南农业科学, 2019(12): 103-107.
- [ 10 ] 刘晓冬, 王英男, 齐广勋, 等. 大豆花色研究进展[J]. 东北农业科学, 2017, 42(6): 53-57.
- [ 11 ] 康立宁, 田志刚, 刘香英, 等. 大豆组织蛋白产品品质的因子分析和综合评价研究[J]. 吉林农业科学, 2012, 37(2): 45-48.
- [ 12 ] 吴 琼, 邹险峰, 陈丽娜, 等. 脂肪酶催化大豆油合成甘油二酯[J]. 吉林农业科学, 2012, 37(6): 72-74, 78.
- [ 13 ] 裴友财, 杨桐珩, 焦苏淇, 等. 大豆化学诱变后 M2 代主要品质性状的遗传变异及相关性分析[J]. 东北农业科学, 2018, 43(3): 8-12.
- [ 14 ] Ippoushi K, Tanaka Y, Wakagi M, et al. Evaluation of protein extraction methods for  $\beta$ -conglycinin quantification in soybeans and soybean products[J]. *Lwt Food Science & Technology*, 2020, 132: 109871.
- [ 15 ] Luthria D L, Maria John K M, Marupaka R, et al. Recent update on methodologies for extraction and analysis of soybean seed proteins[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2018, 98(15): 5572-5580.
- [ 16 ] Espinosa-Hernández E, Morales-Camacho J I, Fernández-Velasco D A, et al. The insertion of bioactive peptides at the C-terminal end of an 11S globulin changes the structural stability and improves the antihypertensive activity[J]. *Electronic Journal of Biotechnology*, 2019, 37: 18-24.
- [ 17 ] Liu Y, Dou B, Fan L, et al. MTCase mediated polymerization of 11S globulin to enhance its functionalities and the proteomics [J]. *Journal of Biobased Materials and Bioenergy*, 2019, 13(4): 564-569.
- [ 18 ] 李若姝, 刘香英, 田志刚, 等. 大豆品种籽粒品质对豆浆加工特性的影响[J]. 东北农业科学, 2017, 42(1): 50-55.
- [ 19 ] 刘香英, 田志刚, 范杰英, 等. 大豆品种籽粒品质与酸豆奶品质相关性研究[J]. 东北农业科学, 2016, 41(4): 100-105.
- [ 20 ] 田志刚, 刘香英, 范杰英, 等. 小粒大豆籽粒品质与豆芽品质的关系研究[J]. 东北农业科学, 2016, 41(3): 95-98.
- [ 21 ] Matsuo A, Matsushita K, Fukuzumi A, et al. Comparison of various soybean allergen levels in genetically and non-genetically modified soybeans[J]. *Foods*, 2020, 9(4): 522.
- [ 22 ] 于寒松, 宋 瑜, 刘香英, 等. 不同大豆品种蛋白质品质特性分析[J]. 吉林农业科学, 2013, 38(3): 68-71.
- [ 23 ] Wang X, Luo K, Liu S, et al. Textural and rheological properties of soy protein isolate tofu-type emulsion gels: influence of soybean variety and coagulant type[J]. *Food Biophysics*, 2018, 13(3): 324-332.
- [ 24 ] Shimoyamada M, Shikano H, Mogami S, et al. Effect of two-step heat treatment processes on the formation of protein particles and oil droplets in soymilk[J]. *Food Science and Technology Research*, 2020, 26(3): 445-450.
- [ 25 ] Patil G, Mian R, Vuong T, et al. Molecular mapping and genomics of soybean seed protein: a review and perspective for the future[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130(10): 1975-1991.
- [ 26 ] Choi S W, Chae W G, Kang G Y, et al. Breeding of tetra null soybean (*Glycine max*) for lipoxygenase, kunitz trypsin inhibitor, lectin, and 7S $\alpha'$  subunit proteins[J]. *Plant Breeding*, 2021, 140(1): 123-129.
- [ 27 ] Zhang S, Du H, Ma Y, et al. Linkage and association study discovered loci and candidate genes for glycinin and  $\beta$ -conglycinin in soybean (*Glycine max* L. Merr.)[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134: 1201-1215.
- [ 28 ] Wang J, Kuang H, Zhang Z, et al. Generation of seed lipoxygenase-free soybean using CRISPR-Cas9[J]. *The Crop Journal*, 2020, 8(3): 432-439.
- [ 29 ] Islam N, Krishnan H B, Natarajan S. Proteomic profiling of fast neutron-induced soybean mutant unveiled pathways associated with increased seed protein content[J]. *Journal of Proteome Research*, 2020, 19(10): 3936-3944.
- [ 30 ] 田志刚, 范杰英, 康立宁, 等. 我国东北地区大豆品种油脂与蛋白质含量现状分析[J]. 吉林农业科学, 2009, 34(5): 7-9.
- [ 31 ] 郑宇宏, 陈 亮, 孟凡凡, 等. 吉林省不同年代大豆育成品种产量与品质性状变化趋势[J]. 东北农业科学, 2016, 41(6): 45-49.
- [ 32 ] 仲 义, 鄂成林, 孙发明, 等. 大豆农艺性状和品质性状间相关性分析[J]. 吉林农业科学, 2012, 37(2): 1-3.
- [ 33 ] 郑洪兵, 刘武仁, 郑金玉, 等. 大豆在遗传改良过程中某些农艺性状演化的研究进展[J]. 吉林农业科学, 2008, 33(2): 13-16, 22.
- [ 34 ] Lee S, Van K, Sung M, et al. Genome-wide association study of seed protein, oil and amino acid contents in soybean from maturity groups I to IV[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(6): 1639-1659.
- [ 35 ] Kumar V, Rani A, Tayalkar T, et al. Assessment of processing and nutritional parameters in soybean genotypes with contrasting level of protein content[J]. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 2018, 9(4): 1403-1411.
- [ 36 ] Sudarić A, Kočar M M, Duvnjak T, et al. Improving seed quality of soybean suitable for growing in Europe[M]. London: IntechOpen, 2019: 416-680.
- [ 37 ] Oltmans-Deardorff S E, Fehr W R, Shoemaker R C. Marker-assisted selection for elevated concentrations of the  $\alpha'$  subunit of  $\beta$ -conglycinin and its influence on agronomic and seed traits of soybean[J]. *Crop Science*, 2013, 53(1): 1-8.
- [ 38 ] Jenkinson J E, Fehr W R. Agronomic and seed characteristics of soybean lines with alleles for modified glycinin concentration [J]. *Crop Science*, 2010, 50(5): 1896-1903.
- [ 39 ] Navicha W B, Hua Y, Masamba K, et al. Optimization of soybean roasting parameters in developing nutritious and lipoxygenase free soymilk[J]. *Journal of Food Measurement and Characterization*, 2017, 11(4): 1899-1908.
- [ 40 ] 王 磊, 王慧中, 藕 冉, 等. 大豆主要贮藏蛋白组分遗传改良研究进展[J]. 中国油料作物学报, 2018, 40(4): 608-612.

(责任编辑:刘洪霞)