

蚕豆种质资源清蛋白遗传多样性分析

石建斌¹, 侯万伟², 刘玉皎², 马晓岗²

(¹青海大学, 西宁 810016; ²青海省农林科学院, 西宁 810016)

摘要: 利用 SDS-PAGE 对 101 份蚕豆种质资源进行了清蛋白遗传多样性分析, 共检测出蛋白带 2625 条。除共有带外, 迁移率不同的谱带类型 36 种, 其中相对分子量为 92kD、75kD、62kD、40kD、34kD、17kD、13kD 的谱带在检测的种质材料中出现的频率最高, 分别为 92.08%、90.10%、99.01%、95.05%、95.05%、98.02%、95.05%。其余 29 种谱带类型具有较强的多态性, 多态性谱带平均为 16.09 条, 多态性比例为 44.69%。每份种质材料的清蛋白谱带数介于 21~31 条之间, 平均 25.99 条; 供试种质间遗传相似系数 0.6111~0.9722, 平均 0.7122。3 个地理类群内多样性指数 0.9879, 类群间多样性指数 0.0121, 表明蚕豆清蛋白的变异主要来源于类群内。聚类分析将参试种质分为 6 类, 与以往蚕豆种质分类研究结果类似, 表明清蛋白能在一定程度上反映种质间的亲缘关系。研究结果对于蚕豆蛋白质品质育种具有一定的参考价值。

关键词: 蚕豆; 清蛋白; SDS-聚丙烯酰胺凝胶电泳; 遗传相似系数; 聚类分析

Albumin Genetic Diversity Analysis of Faba Bean (*Vicia faba* L.) Germplasms

SHI Jian-bin¹, HOU Wan-wei², LIU Yu-jiao², MA Xiao-gang²

(¹Qinghai University, Xining 810016; ²Qinghai Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Xining 810016)

Abstract: In order to investigate genetic diversity of albuminous loci, 101 genotypes of faba bean (*Vicia faba* L.) were analyzed by SDS polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE). A total of 2625 protein bands were detected in tested genotypes. Except common bands, the protein bands of 92kD, 75kD, 62kD, 40kD, 34kD, 17kD and 13kD presented the highest frequencies of 92.08%, 90.10%, 99.01%, 95.05%, 95.05%, 98.02% and 95.05% respectively. The other 29 polymorphic protein bands showed higher polymorphism with 16.09 polymorphic bands in average. Each genotype had 21~31 albumin bands, with an average of 25.99. The genetic similarity of the tested genotypes varied from 0.6111 to 0.9722, with an average of 0.7122. The genetic diversity index within group was much higher than that among groups, which indicated the main variation of albumin occurred within populations. Cluster analysis divided the accessions into six major clusters, which somehow coincided with systematic classification of faba bean in previous studies of genetic resources. The research results provided reference to faba bean breeding on protein qualities.

Key words: Faba bean; Albumin; SDS-PAGE; Genetic similarity; Cluster analysis

蚕豆 (*Vicia faba* L.) 别名胡豆、罗汉豆等。蚕豆富含蛋白质^[1], 含量 25%~30%, 是水稻的 4.6 倍, 小麦的近 3 倍, 以清蛋白和球蛋白为主。蛋白质的高级结构决定蛋白质的生物特性和功能, 而亚基

是构成蛋白质四级结构的基础, 也是影响蛋白质营养价值 and 功能特性的重要因素之一^[2]。

Eckert 等^[3]从蛋白质水平分析大豆种质资源的多样性, 多集中于对 7S 和 11S 蛋白亚基的研究, 得

收稿日期: 2011-07-06 修回日期: 2011-10-12

基金项目: 国家“973”项目(2010CB134408); 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-09-G4); 青海省高校“135 高层次人才培养工程”项目

作者简介: 石建斌, 硕士研究生, 主要从事作物遗传育种研究。E-mail: shijianbin@163.com

通讯作者: 马晓岗, 研究员, 硕士生导师, 主要从事作物种质资源创新与改良利用研究。E-mail: mxg5988@sina.com

刘玉皎, 研究员, 硕士生导师, 主要从事蚕豆种质资源创新与改良利用研究。E-mail: Lyujiao2000@yahoo.com.cn

出了有实用价值的结论。而我国以往对于蚕豆种质资源的研究,多集中于地理分布和农艺及数量性状等方面^[4-6]。谭洪卓等^[7]通过研究 20 份中国蚕豆品种的化学组成、物理特性及其相互关系,得出蚕豆的特性受地域土壤环境影响很大的结论;刘玉皎等^[8]对 153 份青海蚕豆种质资源的形态多样性进行了鉴定,得出了青海蚕豆种质资源具有丰富形态多样性的结论。本试验通过 SDS-PAGE 技术,对蚕豆

种质资源的清蛋白进行分析,旨在从不同的角度探讨蚕豆种质的遗传多样性。

1 材料与方法

1.1 试验材料

国内外的供试蚕豆种质材料 101 份,部分蚕豆种质材料为青海当地品种,编号及品种名称详见表 1。

表 1 供试蚕豆种质材料

Table 1 Number and name of tested faba bean genotypes

编号 No.	品种名称 Name	编号 No.	品种名称 Name	编号 No.	品种名称 Name	编号 No.	品种名称 Name
1	伊拉克 45-2	27	陇引 3 号	52	青海马牙	77	8411-2
2	阿纹孚中来	28	共和蚕	53	蚕豆	78	大豆
3	青海 83-26-12	29	阿坝大金白	54	日本 324	79	马集蚕
4	81-236	30	民和杂蚕	55	日本 324-2	80	伊拉克 37
5	成都二板子	31	东德 63180	56	荷兰 109	81	大豆
6	大豆、小	32	小胡豆	57	8707-6-1-1	82	兴户蚕
7	白大豆	33	H8096-3	58	伊拉克 45-1	83	兴户蚕
8	大豆	34	蚕单 12-1	59	海门大青皮	84	伊拉克 45-1
9	大豆	35	新西兰蚕	60	北塬杂蚕	85	蚕豆
10	324	36	96073	61	府谷豆	86	大豆(大)
11	K0875	37	03007 青	62	8348-1-11	87	英 175-3-1
12	土耳其 853	38	01001 青	63	英 159	88	82 年 256
13	大豆	39	青海马牙-1-1	64	缓农 3 号	89	四川红胡豆
14	大豆	40	79-1-1-2	65	四川小胡豆	90	早蚕白
15	红古蚕	41	新疆饲料豆	66	突尼斯 42	91	伊朗 427
16	0980 蚕	42	荷兰 183-31	67	西班牙 299	92	大豆
17	英国 38	43	99018 青	68	岷县羊眼蚕	93	引 99-1
18	白皮 80-419	44	英 62-2	69	法国 315-2	94	小胡豆
19	伊拉克 785-3	45	8312-5-2	70	冀蚕二号	95	红大豆
20	民和杂豆 126	46	新西兰选	71	上海嘉红豆	96	吊滩蚕
21	大豆	47	云南弥勒	72	中农 123683	97	羊牙蚕豆
22	慈溪大白蚕	48	云南弥勒	73	广河红蚕	98	法 7(1638)
23	H219	49	青海胜利	74	大豆	99	945
24	武山蚕	50	K0729	75	大豆	100	IG10996
25	张掖小红豆	51	大豆	76	曲农自选-1	101	红大豆
26	浙农 4002						

1.2 试验方法

1.2.1 种子蛋白的提取 参照陈毓荃^[9]的方法,将待测蚕豆去皮,混匀磨碎后过 80 目筛,称干粉 0.05g,加 0.4ml 蒸馏水,振荡混匀,4℃ 下静置过夜(24h),离心(8000r/min,30min)取上清液,作为水溶蛋白(清蛋白),蛋白组分获得后 4℃ 保存备用。

1.2.2 电泳样品的制备^[10] 提取蛋白组分按 1:1 (V/V) 加入种子样品裂解液(3.125ml 1.0 mol/L, pH=6.8 的 Tris-HCl + 1g SDS + 5ml 甘油 + 1.5ml β-巯基乙醇 + 少许溴酚蓝,用蒸馏水定容至 50ml),

于沸水中煮沸 3~5min,置 4℃ 冰箱备用点样。

1.2.3 SDS-聚丙烯酰胺凝胶电泳 采用不连续垂直板状凝胶电泳,参考 Laemmli 法并稍作修改^[10-16],凝胶厚度 1.5mm,浓缩胶浓度 4%,分离胶浓度 12% 样品上样量 5μl,恒流 30mA 电泳。采用考马斯亮蓝 R-250 染色^[17] 1h,用蒸馏水漂洗 2~3 次,再用脱色液(无水乙醇:冰醋酸:水=4:1:5)在脱色摇床上脱色,直至各亚基条带清晰,用蒸馏水漂洗 2~3 次,电泳完成后用相机拍照。

1.3 数据处理

按条带有无分别赋值,有带记为 1,无带记为 0,具

有相同迁移率的条带视为同一条带,每一条带视为一个位点,统计位点总数和多态性位点数^[18],以蛋白 Marker 作为蚕豆水溶蛋白相对分子量的测定标准及条带分析的对照。按照下列公式计算各遗传参数^[19]。

平均多样性指数(H_{group})采用 Shannon-Weaver 指数 H 来估计各种质及其地理类群间的遗传多样性。各类群内多样性指数 $H_0 = -\sum P_i \ln P_i$, P_i 指某群体内第 i 条谱带的频率; $H_{group} = \sum H_0/n$, 指 n 个不同群体的平均多样性。总的多样性指数(H_{sp}) = $\sum P \ln P$ 是把所有的供试材料群体作为一个整体时,以表型频率 P 计算而得到的多样性。地理类群内的多样性指数和地理类群间的多样性指数: 各地理类群内的多样性(H_{within}) = H_{group} / H_{sp} ; 群体间的多样性($H_{between}$) = $(H_{sp} - H_{group}) / H_{sp}$ 。

表 2 供试蚕豆材料谱带总数

Table 2 The albumin band numbers of tested faba bean genotypes

编号 No.	总带 数 Total bands	多态位带 Polymorphic bands	多态百分 率(%) Polymorphism percentage	编号 No.	总带数 Total bands	多态位带 Polymorphic bands	多态百分 率(%) Polymorphism percentage	编号 No.	总带数 Total bands	多态位带 Polymorphic bands	多态百分 率(%) Polymorphism percentage
1	28	18	50.00	35	27	17	47.22	69	25	15	41.67
2	28	18	50.00	36	29	19	52.78	70	24	14	38.89
3	23	13	36.11	37	22	12	33.33	71	27	17	47.22
4	26	16	44.44	38	27	17	47.22	72	29	19	52.78
5	25	15	41.67	39	26	16	44.44	73	28	18	50.00
6	23	13	36.11	40	27	17	47.22	74	28	18	50.00
7	24	14	38.89	41	29	19	52.78	75	21	11	30.56
8	25	15	41.67	42	23	13	36.11	76	24	14	38.89
9	26	16	44.44	43	27	17	47.22	77	28	18	50.00
10	26	16	44.44	44	24	14	38.89	78	25	15	41.67
11	25	15	41.67	45	26	16	44.44	79	27	17	47.22
12	28	18	50.00	46	28	18	50.00	80	26	16	44.44
13	23	23	63.89	47	25	15	41.67	81	27	17	47.22
14	25	15	41.67	48	27	17	47.22	82	23	13	36.11
15	24	14	38.89	49	29	19	52.78	83	27	17	47.22
16	25	15	41.67	50	28	18	50.00	84	22	12	33.33
17	26	16	44.44	51	27	17	47.22	85	27	17	47.22
18	26	16	44.44	52	24	14	38.89	86	28	18	50.00
19	28	18	50.00	53	26	16	44.44	87	25	15	41.67
20	25	15	41.67	54	25	15	41.67	88	31	21	58.33
21	25	15	41.67	55	27	17	47.22	89	24	14	38.89
22	26	16	44.44	56	26	16	44.44	90	27	17	47.22
23	24	14	38.89	57	25	15	41.67	91	22	12	33.33
24	28	18	50.00	58	27	17	47.22	92	25	15	41.67
25	25	15	41.67	59	28	18	50.00	93	26	16	44.44
26	26	16	44.44	60	27	17	47.22	94	26	16	44.44
27	26	16	44.44	61	27	17	47.22	95	27	17	47.22
28	24	14	38.89	62	28	18	50.00	96	26	16	44.44
29	25	15	41.67	63	24	14	38.89	97	27	17	47.22
30	25	15	41.67	64	28	18	50.00	98	26	16	44.44
31	29	19	52.78	65	26	16	44.44	99	29	19	52.78
32	25	15	41.67	66	27	17	47.22	100	25	15	41.67
33	26	16	44.44	67	27	17	47.22	101	24	14	38.89
34	26	16	44.44	68	27	17	47.22				

原始数据采用 Excel 统计,图像处理采用 Hema GSG 核酸/蛋白凝胶图像分析管理系统(北京六一)。聚类分析利用 NTsys - pc 2.10 按基于 Nei-Li 遗传相似系数(GS ,即 Dice 系数)按不加权重对数算术平均法(UPGMA)进行。材料间的 Jaccard 遗传相似系数(GS), $GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$, 其中, N_i 为材料 i 的条带数, N_j 为材料 j 的条带数, N_{ij} 为 i 和 j 中都出现的条带数^[19-20]。

2 结果与分析

2.1 清蛋白谱带统计

各供试材料清蛋白谱带总数统计如表 2, 每个种质材料经 SDS-PAGE 电泳后分离出的谱带数 21~31 条, 平均为 25.99 条。

2.2 清蛋白带型多样性分析

部分蚕豆种质材料清蛋白电泳结果如图 1,检测材料和谱带分布结果见表 1、表 3。从 101 份蚕豆种质材料中共分离出 2625 条,36 种不同迁移率的谱带;其中多态性谱带平均 16.09 条,多态性比例 44.69%。不同材料的多态比例有所不同,最低 30.56%,最高 58.33%。

相对分子量为 68kD、42kD、35kD、29kD、26kD、

22kD、21kD、20kD、16kD、14kD 的谱带在 101 份种质材料中均检测出来,为共有带。除去共有带,相对分子量为 92kD、75kD、62kD、40kD、34kD、17kD、13kD 的谱带在检测的种质材料中出现的频率最高,分别为 92.08%、90.10%、99.01%、95.05%、95.05%、98.02%、95.05%,表明不同蚕豆种质材料在清蛋白水平上存在一定的遗传变异,具有比较丰富的遗传多样性。

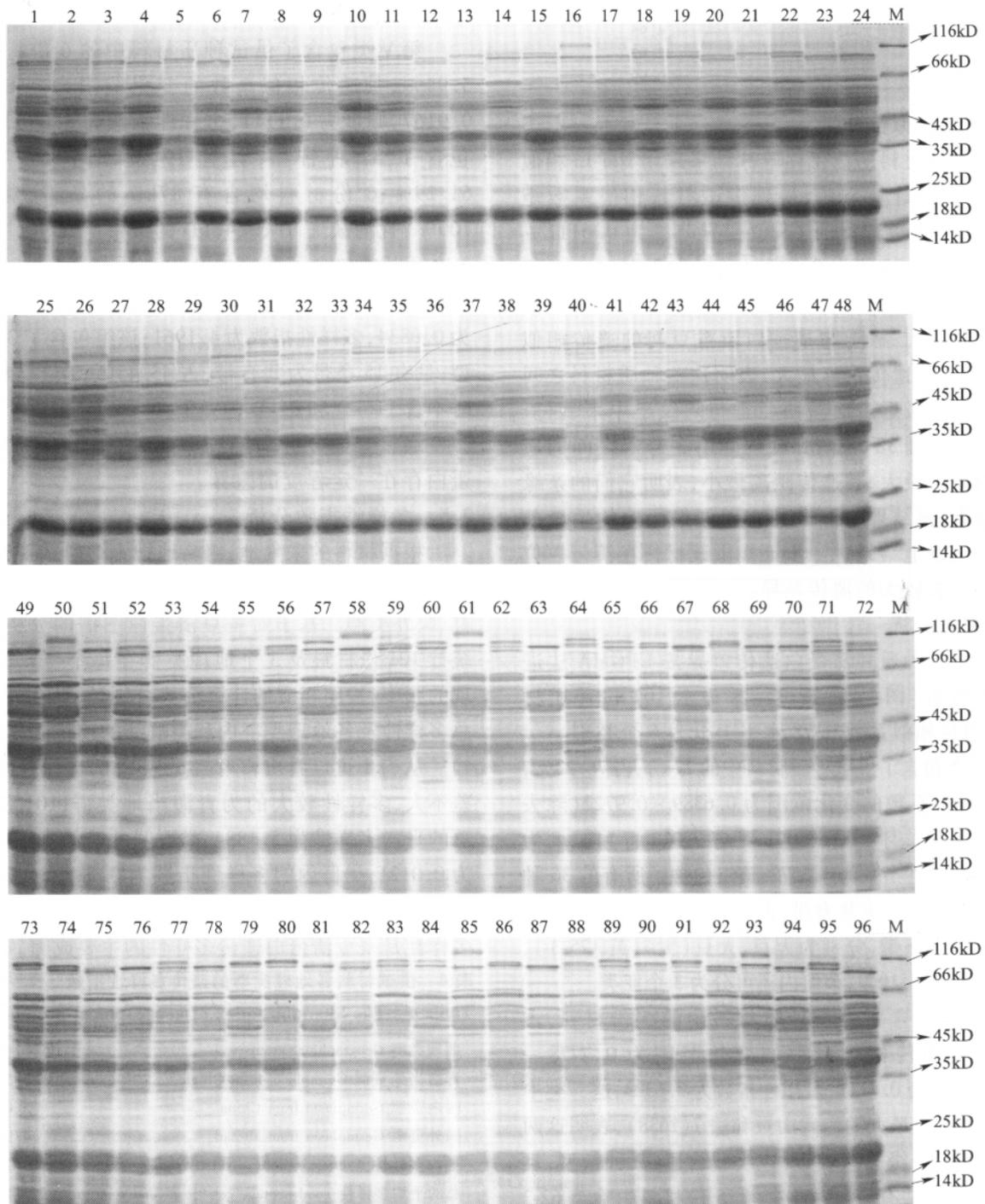


图 1 部分种质材料清蛋白带型图

Fig. 1 Albumin band patterns of some tested genotypes

表3 供试材料清蛋白条带分布情况

Table 3 The distribution of albumin bands in the tested genotypes

谱带总数 Total bands	材料总数 Accession	百分率(%) Frequency
31	1	0.99
29	6	5.94
28	14	13.86
27	21	20.79
26	20	19.80
25	19	18.81
24	11	10.89
23	5	4.95
22	3	2.97
21	1	0.99

2.3 遗传相似性分析

对供试材料的清蛋白电泳结果采用 Nei-Li 相似系数(GS)的计算方法,得到供试材料相似系数矩阵。101份蚕豆种质的 GS 值变异范围为0.6111~0.9722,平均 GS 值为0.7122,变幅为0.3611。由相似系数矩阵可以看出,绥农3号与324、北塘尔蚕与小胡豆、成都二板子与早蚕白及蚕豆间的遗传相似系数最小,其遗传距离最大,表明这些种质材料之间的亲缘关系最远。而新西兰蚕与阿纹孚中来、西班牙299与英国38、云南弥勒与陇引3号等之间的遗传相似系数最大,其遗传距离最小,表明它们的亲缘关系最近,该结果与参试种质不同来源地的生境条件有关。以上结果进一步证实供试材料在清蛋白位点上存在着较大的遗传差异。

2.4 聚类分析

对供试种质间清蛋白遗传差异按UPGMA法进行聚类分析(图2)。聚类结果显示101份种质材料在遗传相似系数0.78水平上分为6个类别。

第I类包含了供试种质材料中的77份,占76.23%,其遗传相似系数的变化范围为0.6389~0.9722(除去新西兰蚕与羊牙蚕豆、01001青与99018青),幅度为0.3333,多样性指数为4.6572;该组包含了所有的36种带型,且有11条为共有带,占30.56%;4种材料含有28kD的特异条带,分别为大豆、大豆(大)、英175-3-1、82年256,占5.19%;该组内还可分为3个亚类。

第II类包含了供试种质材料中的5份材料,占4.95%,其遗传相似系数的变化范围为0.7778~0.8889,幅度为0.1111,多样性指数为3.6323;这一类中遗传相似系数最大的为武山蚕和法7(1638),表明这两个品种间的亲缘关系较近;该组包含了32种带型,且有18条带为共有带,占56.25%;5份材料中除英62-2外,其他4份材料均含有46kD的条带,占80.00%,远高于其他组别,可以作为该类别的特征带。

第III类仅包含0980蚕这1份种质材料,占0.99%;其包含了25种带型,同时含有116kD和66kD的条带。

第IV类包含了供试种质材料中的3份材料,占3.96%,其遗传相似系数的变化范围为0.7778~0.8611,幅度为0.0833,多样性指数为3.1826;该组包含32种带型,且有22条带为共有带,占68.75%;3份材料含有较多的共有带,与其他类别相比,另共有66kD、60kD、55kD、50kD、45kD条带,并缺少57kD的条带。

第V类包含了供试种质材料中的6份材料,占5.94%,其遗传相似系数的变化范围为0.8056~0.9167,幅度为0.1111,多样性指数为3.0753;该组包含了31种带型,且有19条带为共有带,占61.29%;6份材料均含有87kD的条带,频率为100%,且均缺失81kD、46kD的条带。

第VI类包含了其余的9份种质材料,占8.91%,其遗传相似系数的变化范围为0.8333~0.9167,幅度为0.0834,多样性指数为4.1961;该组包含了33种带型,且有15条带为共有带,占45.45%;9份材料均同时不含116kD和81kD的条带。

通过聚类分析,表明101份蚕豆种质资源的清蛋白存在一定程度的差异。

2.5 多样性指数分析

根据材料的采集地,粗略地把101份蚕豆种质分为3个生态环境类群,即青海当地类群、国内其他类群、国外类群。基于对蚕豆清蛋白图谱的分析,分别统计101份材料及3个地理类群在每个位点谱带出现的频率,按照相应的计算公式分别计算101份材料总多样性及各地类群内和类群间的遗传多样性(表4)。从表4可以看出,3个生态类群的多样性指数相差不大,多样性较大的为青海当地类群;101份材料总的平均多样性为5.1884,类群间的遗传多样性指数为0.0121,类群内的多样性指数为0.9879,表明蚕豆种质资源清蛋白的变异更多的是来自群内,类群内的多样性是蚕豆清蛋白遗传多样性的主要成因。

表4 供试材料各地理类群的遗传多样性指数

Table 4 The Shannon index of geographical groups

地理类群 Geographical group	多样性指数 H
青海当地资源 Germplasm from Qinghai	5.3097
国内资源 Germplasm from China	5.0703
国外资源 Germplasm from abroad	4.9967
平均多样性 Average genetic diversity index	5.1255
总的平均多样性 Total average genetic diversity index	5.1884
类群内多样性 Genetic diversity index within group	0.9879
类群间多样性 Genetic diversity index among group	0.0121

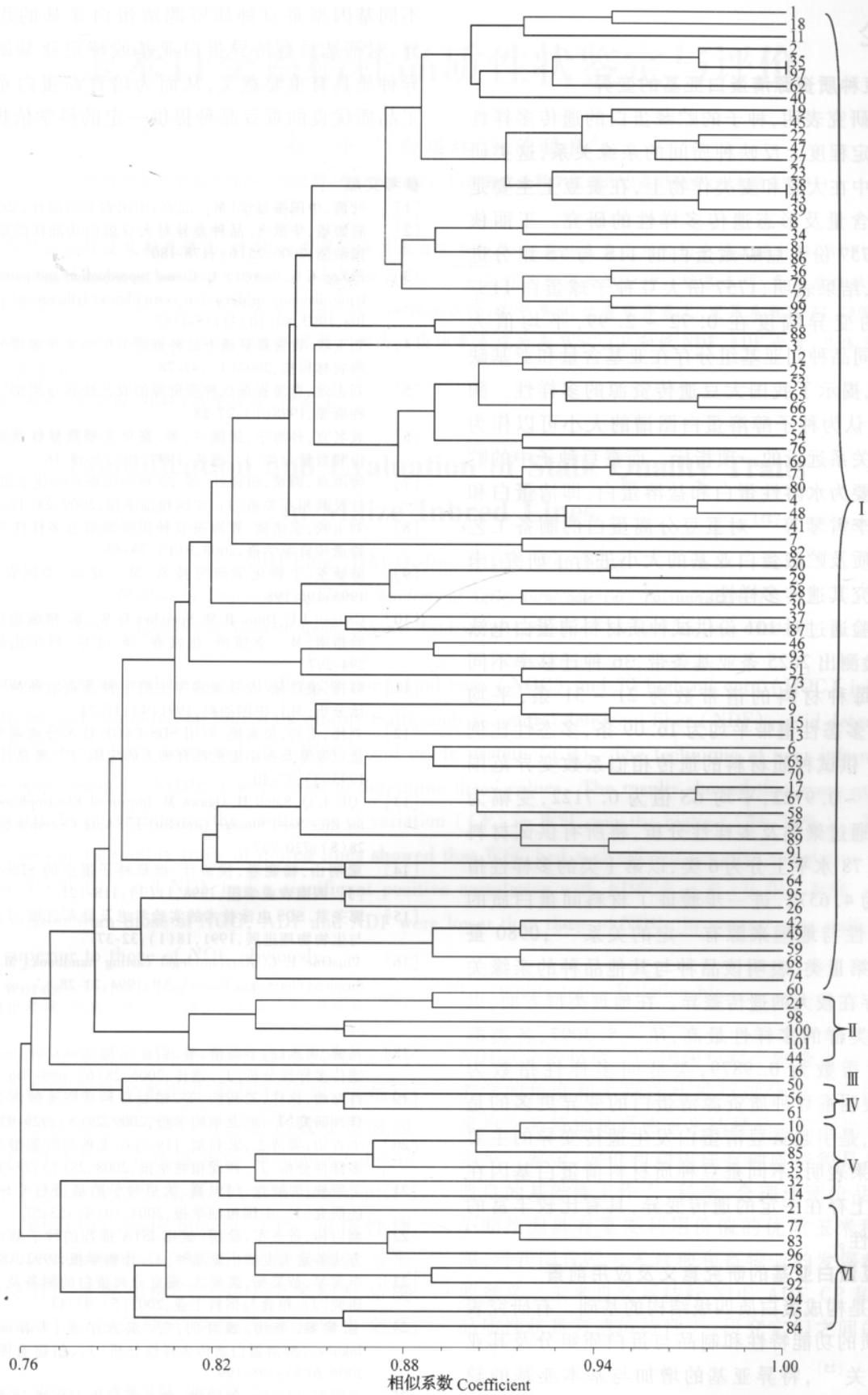


图 2 101 份种质材料清蛋白聚类图

Fig. 2 The clusters of the 101 accessions based on albumin band patterns

3 讨论

3.1 蚕豆种质资源清蛋白亚基的变异

众多研究表明,种子的贮藏蛋白的遗传多样性能够在一定程度上反映种质间的亲缘关系,这类研究主要集中在大豆和麦类作物上,在蚕豆上主要是对其蛋白含量及形态遗传多样性的研究。王丽侠等^[21]对 1757 份大豆贮藏蛋白的 11S 与 7S 组分进行了研究,结果表明,1757 份大豆种子球蛋白 11S/7S 比值的变异幅度在 0.72 ~ 2.99,平均值为 1.885,不同品种间亚基组分存在亚基含量和亚基缺失的变异,揭示了我国大豆遗传资源的多样性。颜启传等^[22]认为种子醇溶蛋白图谱的大小可以作为品种亲缘关系远近的一项指标。而蚕豆种子中的贮藏蛋白主要为水溶性蛋白和盐溶蛋白,即清蛋白和球蛋白。李雪琴等^[23]对蚕豆分离蛋白的制备工艺和物理性质及贮藏蛋白亚基的大小进行了研究,未进一步研究其遗传多样性。

本试验通过对 101 份供试种质材料清蛋白电泳分析,共检测出 2625 条亚基条带,36 种迁移率不同的谱带,每种材料的谱带数为 21 ~ 31 条,平均 25.99 条,多态性谱带平均为 16.09 条,多态性比例 44.69%。供试种质材料的遗传相似系数变异范围为 0.6111 ~ 0.9722,平均 GS 值为 0.7122,变幅为 0.3611。通过聚类及多样性分析,将所有供试材料在 GS=0.78 水平上分为 6 类,以第 I 类的多样性指数最大,为 4.6572,进一步验证了材料间蛋白质的遗传多样性与地理来源有一定的关系^[24];0980 蚕单独作为第 III 类,表明该品种与其他品种的亲缘关系较远,存在较大的遗传差异。在地理类群方面,以青海当地类群的多样性最高, $H_0 = 5.3097$,各类群内多样性指数为 0.9879,类群间多样性指数为 0.0121,表明蚕豆种质资源清蛋白的变异更多的是来自群内,是引起蚕豆清蛋白发生遗传变异的主要成因。结果表明,不同蚕豆种质材料清蛋白基因在表达水平上存在一定的遗传变异,具有比较丰富的遗传多样性。

3.2 蚕豆蛋白亚基的研究意义及应用前景

亚基是构成蛋白质四级结构的基础。有研究表明,蛋白质的功能特性和制品与蛋白质组分及其亚基密切相关^[25],特异亚基的增加与基本亚基的缺失,将直接影响蛋白质的含量,进而影响其加工品质。清蛋白是蚕豆贮藏蛋白的一个重要部分,研究

不同基因型蚕豆种质资源清蛋白亚基的组成与差异,对筛选具有特异蛋白亚基或特定亚基缺失的优异种质具有重要意义,从而为培育高蛋白蚕豆和加工品质优良的蚕豆品种提供一定的科学依据。

参考文献

- [1] 叶茵. 中国蚕豆学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003: 9-10
- [2] 陈海敏, 华欲飞. 品种差异对大豆蛋白功能性的影响[J]. 中国油脂, 2000, 25(6): 178-180
- [3] Eckert C G, Barrett S C. Clonal reproduction and patterns of genotypic diversity in *Decodon verticillatus* (Lythraceae) [J]. Amer J Bot, 1993, 80(10): 1175-1182
- [4] 刘玉皎. 青海蚕豆地方品种资源的生态型和地理分布[J]. 青海农林科技, 2007(1): 47-78
- [5] 刘志政. 青海省蚕豆种质资源的农艺性状与类型[J]. 作物品种资源, 1998(1): 27-28
- [6] 袁名宜, 孙海宁, 张佩兰, 等. 蚕豆主要数量性状的遗传主成份和数量分类[J]. 遗传, 1997, 19(5): 14-16
- [7] 谭洪卓, 谭斌, 田晓红, 等. 20 种中国蚕豆的化学组成、物理特性及其相互关系[J]. 中国粮油学报, 2009, 24(12): 153-157
- [8] 刘玉皎, 宗绪晓. 青海蚕豆种质资源形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(1): 79-83
- [9] 陈毓荃. 生物化学研究技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 1995: 196-198
- [10] Coligan J E, Dunn B M, Speicher D W, 等. 精编蛋白质科学实验指南[M]. 李慎涛, 张宫春, 译. 北京: 科学出版社, 2007: 294-297
- [11] 韩锋, 凌以禄. 大豆属多年生野生种及栽培种种子蛋白质电泳分析[M]. 中国油料, 1991(4): 17-21
- [12] 刘伟, 王岩, 吴秀艳. 利用 SDS-PAGE 技术分离高分子量麦谷蛋白亚基及在小麦优质育种上的应用[J]. 黑龙江农业科学, 1995(3): 37-40
- [13] QU L Q, Satoh H, Ogawa M. Improved Electrophoretic Analysis for Rice Seed Storage Glutelin [J]. Acta Genetica Sinica, 2001, 28(8): 730-737
- [14] 梁明山, 杨晓卷, 侯留计. 烟草种子蛋白的 SDS-PAGE 测定[J]. 西南农业学报, 1998, 11(3): 118-121
- [15] 郭尧君. SDS 电泳技术的实验考虑及最新进展[J]. 生物化学与生物物理进展, 1991, 18(1): 32-37
- [16] PlusOne E C. Acrylamide gel casting handbook [M]. Uppsala, Sweden: Pharmacia Biotech AB, 1994: 21-28
- [17] 郭尧君. 蛋白质电泳实验技术[M]. 北京: 科学出版社, 1999: 54-87
- [18] 马啸, 周永红, 于海清, 等. 野生垂穗披碱草种质的醇溶蛋白遗传多样性分析[J]. 遗传, 2006, 28(6): 699-706
- [19] 肖海峻, 徐柱, 孟利前, 等. 鹅观草种质资源醇溶蛋白遗传多样性研究[J]. 西北植物学报, 2009, 29(5): 929-936
- [20] 牛吉山, 梁清志, 朱利霞. 119 份小麦种质资源醇溶蛋白遗传多样性分析[J]. 西北植物学报, 2008, 28(1): 78-84
- [21] 王丽侠, 郭顺堂, 付翠真. 大豆种子贮藏蛋白 11S 与 7S 组份的研究[J]. 中国粮油学报, 2004, 19(4): 53-57
- [22] 颜启传, 黄亚军, 徐媛. 试用 ISTA 推荐的种子醇溶蛋白电泳方法鉴定大麦和小麦品种[J]. 作物学报, 1992, 18(1): 61-68
- [23] 李雪琴, 苗笑亮, 裴爱泳. 蚕豆分离蛋白的制备及其功能性研究[J]. 粮食与饲料工业, 2003(5): 41-43
- [24] 徐黎黎, 李伟, 魏育明, 等. 东方小麦 (*Triticum turanicum* Jakubz.) 醇溶蛋白遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(2): 195-199
- [25] 刘顺湖, 周瑞宝, 盖钧镒. 大豆蛋白质 11S 和 7S 组分及其亚基分析方法的研究述评[J]. 河南工业大学学报: 自然科学版, 2007, 28(4): 1-6