

大豆蛋白和油分含量的 QTL 分析

闫海波, 王艳, 赵琳, 韩英鹏, 李文滨, 王桂玲

(东北农业大学 大豆生物学教育部重点实验室/农业部东北大豆生物学与遗传育种重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150030)

摘要:以东农 47 和 PI317334-B 杂交衍生的 136 个 $F_{4:8}$ 代重组自交系 (RILs) 为对象, 对其蛋白和油分含量进行正态分布检验及分析, 同时利用 182 个 SSR 标记构建遗传图谱, 并定位分别与大豆蛋白和油分含量相关的 QTL, 为深入改良及培育优质的大豆新品种提供了重要依据。结果表明: RILs 在蛋白与油分含量的表型上的变异系数较大, 分离程度好, 且基本上呈正态分布; 共检测到 9 个 QTL, 其中与蛋白含量相关的 QTL 有 3 个, 分别位于 N、C1 和 B2 染色体上的标记 SSR03_0428、SSR04_1192 和 SSR14_1153 附近, 贡献率范围为 7% ~ 8%; 与油分含量相关的 QTL 有 6 个, 分别位于 C2、B1、B2、D2、G 和 I 染色体上的标记 SSR06_1630、SSR11_0460、SSR14_0395、SSR17_0721、SSR18_0278 和 SSR20_0273 附近, 贡献率变化范围为 7% ~ 43%。

关键词:大豆; 品质性状; 重组自交系; QTL 分析; 蛋白含量; 油分含量

中图分类号: S565.1 **文献标识码:** A **DOI:** 10.11861/j.issn.1000-9841.2016.02.0228

QTL Analysis Associated with Protein and Oil Content in Soybean

YAN Hai-bo, WANG Yan, ZHAO Lin, HAN Ying-peng, LI Wen-bin, WANG Gui-ling

(Key Laboratory of Soybean Biology, Ministry of Education/Key Laboratory of Soybean Biology and Breeding/Genetics, Ministry of Agriculture, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

Abstract: In this study, a $F_{4:8}$ population of 136 recombinant inbred lines (RILs) derived from soybean cultivars Dongnong 47 and PI317334-B was used to analyze normal distribution of protein and oil content, respectively. And a total of 182 SSR markers were used to construct linkage map and identify QTLs associated with protein and oil content respectively, in order to provide important basis for further soybean improving and quality breeding. The results showed that a high variation coefficient of each trait in RILs was found and belonged to basically normal distribution. A total of 9 QTLs were identified with the two quality traits. Three QTLs were associated with protein content on LG (linkage group) N, C1 and B2 linked with SSR mark SSR03_0428, SSR04_1192 and SSR14_1153, respectively, explained 7% - 8% of phenotypic variation. Six QTLs associated with oil content were located on LG C2, B1, B2, D2, G and I linked with SSR mark SSR11_0460, SSR14_0395, SSR06_1630, SSR17_0721, SSR18_0278 and SSR20_0273, respectively, explained 7% - 43% of phenotypic variation.

Keywords: Soybean; Quality trait; Recombinant inbred lines; QTL genetic map; Protein content; Oil content

大豆起源于我国, 是世界上重要的粮油作物和食用蛋白来源, 同时还是重要的饲料和工业原料^[1-2], 在农业和经济生产中占有举足轻重的地位^[3-5], 因此深入研究大豆蛋白及油分含量的遗传机制具有重要的应用价值。蛋白和油分作为大豆重要的品质性状, 属于受多基因控制的数量性状^[6-9], 因此深入分析与之相关的 QTL 位点, 对发掘利用新基因, 提高大豆品质, 改良大豆种质具有重要的理论价值和现实意义。

目前, 国内外关于大豆蛋白^[7,10-14]、油分含量^[12-15]相关的 QTL 报道较多, 并发现了一些与分子标记紧密连锁的主效 QTL。随着更新的研究进展不

难看出, 控制蛋白和油分性状的 QTL 基本分散在 20 条染色体上^[16-21]。但是, 由于数量性状的遗传基础复杂, 同时受环境及多个基因调控, 不同试验材料的研究侧重点差异也较大, 因此深入挖掘大豆蛋白、油分相关的 QTL, 可为大豆品质性状分子辅助育种、丰富大豆转基因资源等提供理论支持。

本研究以高油大豆品种东农 47 和美国高蛋白品种 PI317334-B 杂交衍生的 136 个重组自交系群体 (RILs) 为研究对象, 利用 182 个 SSR 标记构建遗传图谱并定位与大豆蛋白和油分含量相关的 QTL 位点, 为更高效地、有针对性地改良及培育优质大豆新品种提供重要依据。

收稿日期: 2015-06-17

基金项目:国家重点基础研究发展计划“973 计划”前期项目(2012CB126311); 国家自然科学基金(31201227, 31301339); 国家“十二五”科技支撑计划(2011BAD35B06-1); 现代农业产业技术体系(CARS-04-PS04); 中国博士后项目(20110491024); 黑龙江省博士后项目(LBH11220, LBH-TZ1210); 黑龙江省教育厅青年学术骨干项目(1252G014); 黑龙江省教育厅新世纪优秀人才项目(1253-NCET-005); 教育部博士点项目(20122325120012); 东北农业大学博士后启动基金项目(2012RCB11)。

第一作者简介:闫海波(1986-), 男, 硕士, 主要从事分子辅助育种研究。E-mail: 823767595@qq.com。

通讯作者:王桂玲(1958-), 女, 博士, 副教授, 主要从事作物生物技术研究。E-mail: wglhsd@126.com。

1 材料与方法

1.1 材料

以高产优质大豆品种东农 47 为母本,以美国高

蛋白品种 PI317334-B 为父本配置杂交组合,以双亲杂交衍生的 $F_{4:8}$ 代的 136 个 RILs 为 QTL 作图群体。双亲农艺性状见表 1。

表 1 亲本农艺性状的比较

Table 1 Comparison on agronomic traits of parents

品种 Variety	叶形 Leaf shape	花色 Color	茸毛色 Pubescence color	籽粒型 Seed type	种皮色 Seed coat color	脐色 Hilum color	蛋白质含量 Protein content /%	油分含量 Oil content /%
东农 47 Dongnong 47	长叶	白花	灰色	圆形	黄色	浅褐色	40.20	21.53
PI317334-B	圆叶	紫花	灰色	圆形	黄色	黄色	42.20	19.99

1.2 方法

1.2.1 试验设计 2014 年将亲本及 $F_{4:8}$ 重组自交系材料种植于东北农业大学香坊实验实习基地,行长 3 m,行距 0.6 m,株距 0.05 m,随机区组设计,3 次重复,采用常规管理。

1.2.2 大豆蛋白和油分含量的测定 取每株中籽粒完好、大小一致、无杂质的大豆籽粒,用近红外线谷物分析仪^[22]测定籽粒蛋白和油分含量,采用 soybean STM 程序,对每个样本扫描 10 次,结果取平均值,所得数据即为大豆干物中的蛋白含量和油分含量。

1.2.3 DNA 提取及浓度检测 取 1 g 大豆新鲜嫩叶片研磨成粉,采用 CTAB 法^[23]提取基因组 DNA,并用 RNAase 消解基因组 DNA 中的 RNA。利用 UV-2102 PC 型紫外可见光光度计对 DNA 浓度进行测定,并稀释成使用浓度 $30 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 。

1.2.4 SSR-PCR 检测 从 SoyBase (<http://129.186.26.94/ssr/html>) 网站获取 SSR 引物序列,引物由上海生物工程有限公司合成。PCR 反应体系为 $20 \mu\text{L}$, $50 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ DNA $3 \mu\text{L}$, $25 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ Buffer $2 \mu\text{L}$, $10 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTP $0.3 \mu\text{L}$, $5 \text{ U} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ Taq 酶 $0.2 \mu\text{L}$, $10 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ primer $3 \mu\text{L}$, 石蜡 $20 \mu\text{L}$ 。PCR 反应程序为: 94°C 预变性 5 min, 94°C 变性 30 s, 53°C 退火 30 s, 72°C 延伸 30 s, 38 个循环; 72°C 延伸 10 min; 4°C 保存。

每个 PCR 产物中加入 $8 \mu\text{L}$ Loading Buffer ($2.5 \text{ mg} \cdot \text{mL}^{-1}$ 二甲苯青, $2.5 \text{ mg} \cdot \text{mL}^{-1}$ 溴酚兰, $10 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ EDTA, 95% 去离子甲酰胺), 在 PCR 仪 (PTC-200, USA) 上 94°C 变性 10 min, 冰箱 4°C 保存备用。使用 6% 聚丙烯酰胺凝胶, 取 $8 \mu\text{L}$ 变性后的 PCR 产物上样, 以 $1 \times \text{TBE}$ 为缓冲液进行电泳分离 (POWER-PAC3000 电泳仪, 恒定电压 1500 V , $1 \sim 2 \text{ h}$), 最后

对凝胶进行银染、显色^[24]。

1.3 数据分析

1.3.1 蛋白和油分含量的表型分析 采用 SAS 和 Excel 2010 计算 RILs 的蛋白和油分平均值、变异系数, 并进行正态分布检验及分析。

1.3.2 SSR 标记的统计和处理 将在两亲本之间具有多态性的 SSR 引物在 RILs 上进一步进行多态性筛选。与母本 (东农 47) 带型一致的基因型记为 “A”, 与父本 (PI317334-B) 带型一致的基因型记为 “B”, 双亲杂基因型记为 “H”, 缺失的基因型记为 “-”。

1.3.3 遗传图谱构建及 QTL 分析 利用 Mapmaker/EXP 3.0b^[25] 的 group、sequence、compare 等命令和 Kosimbi 函数计算各 SSR 标记的遗传距离, 采用 Mapcart 2.1^[26] 绘制精确的遗传图谱。利用 QTL Ici-Mapping V 3.2 软件^[27] 对大豆的蛋白及油分性状进行 QTL 定位分析。

2 结果与分析

2.1 大豆蛋白和油分含量分析

对大豆重组自交系群体的蛋白含量和油分含量两个重要数量性状进行统计分析。由表 1 可见, 两亲本在蛋白含量和油分含量之间存在较大差异。 $F_{4:8}$ 群体的蛋白和油分含量如表 2 所示, 两个性状的最小值、最大值之间差异比较明显。对 RILs 蛋白和油分含量的频率分布和偏度、峰度进行分析, 发现其偏度值均较小, 其中油分含量偏度值为负值 (呈现左偏分布), 蛋白含量的偏度值为正值 (呈现右偏分布), 且峰度较窄, 基本上均呈正态分布 (图 3), 可以用于后续进行 QTL 分析。而且, 两个性状的变异系数都较大, 说明 RILs 的离散程度较大, 分离程度好。

表2 大豆重组自交系群体蛋白和油分含量基本数据分析
Table 2 Analysis on basically data of protein and oil content in soybean RILs

性状 Trait	平均值 - 标准误 Mean \pm SD	变异系数 CV/%	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	最小值 Min.	最大值 Max.	极差 Range
蛋白质含量 Protein content/%	40.70 \pm 1.35	3.31	1.08	4.28	37.70	47.60	9.90
油分含量 Oil content/%	19.99 \pm 0.96	4.80	-0.42	0.02	17.04	21.85	4.81

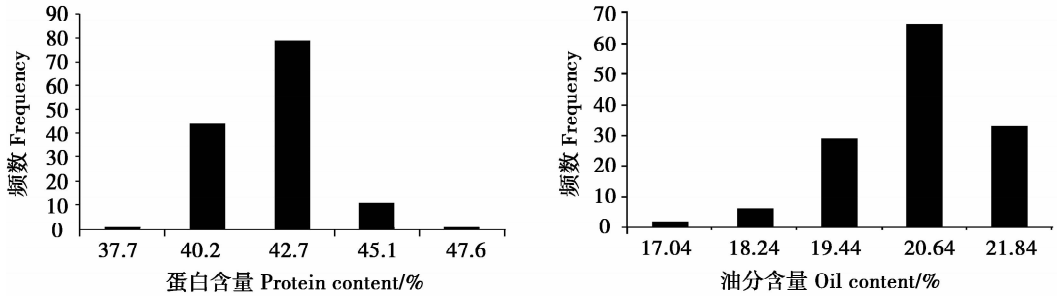


图1 大豆重组自交系群体蛋白和油分含量分布情况

Fig. 1 Distribution of protein and oil content in soybean RILs

2.2 SSR 标记的筛选及图谱构建

利用 1 200 对覆盖大豆整个基因组的 SSR 引物在东农 47 与 PI317334-B 中进行多态性分析,共检测到 347 对引物具有多态性(图 2),多态性引物在亲本间所占的频率为 33.91%。

将 347 对多态性引物在 RILs 中进一步筛选,共

检测到 182 对多态性引物(图 3),占引物总数的 15.17%。将检测到的 182 对多态性引物在 RIL 群体中进行基因型分析,统计带型并记录数据。

本研究将筛选出的 182 个多态性 SSR 标记用来构建遗传图谱(图 4)。



1,3,5,7,9,11,13,15,17,19,21,23,25,27,29,31,33 分别代表不同引物下母本的扩增条带; 2,4,6,8,10,12,14,16,18,20,22,24,26,28,30,32,34 分别代表不同引物下父本的扩增条带。

1,3,5,7,9,11,13,15,17,19,21,23,25,27,29,31,33 represents amplified bands of the female parent of different primers, respectively; 2,4,6,8,10,12,14,16,18,20,22,24,26,28,30,32,34 represents amplified bands of the male parent of different primers, respectively.

图2 部分 SSR 标记在亲本间的多态性

Fig. 2 Polymorphic SSR markers screened between parents



1 和 2 分别代表母本和父本的扩增条带; 3~31 分别代表重组自交系中的 1~29 号个体的扩增条带。

1 and 2 represents the amplified bands of female parent and male parent; 3-31 represents the amplified bands of 1-29 recombinant inbred line.

图3 部分 SSR 引物扩增多态性结果

Fig. 3 The PCR product amplified by polymorphic SSR primers

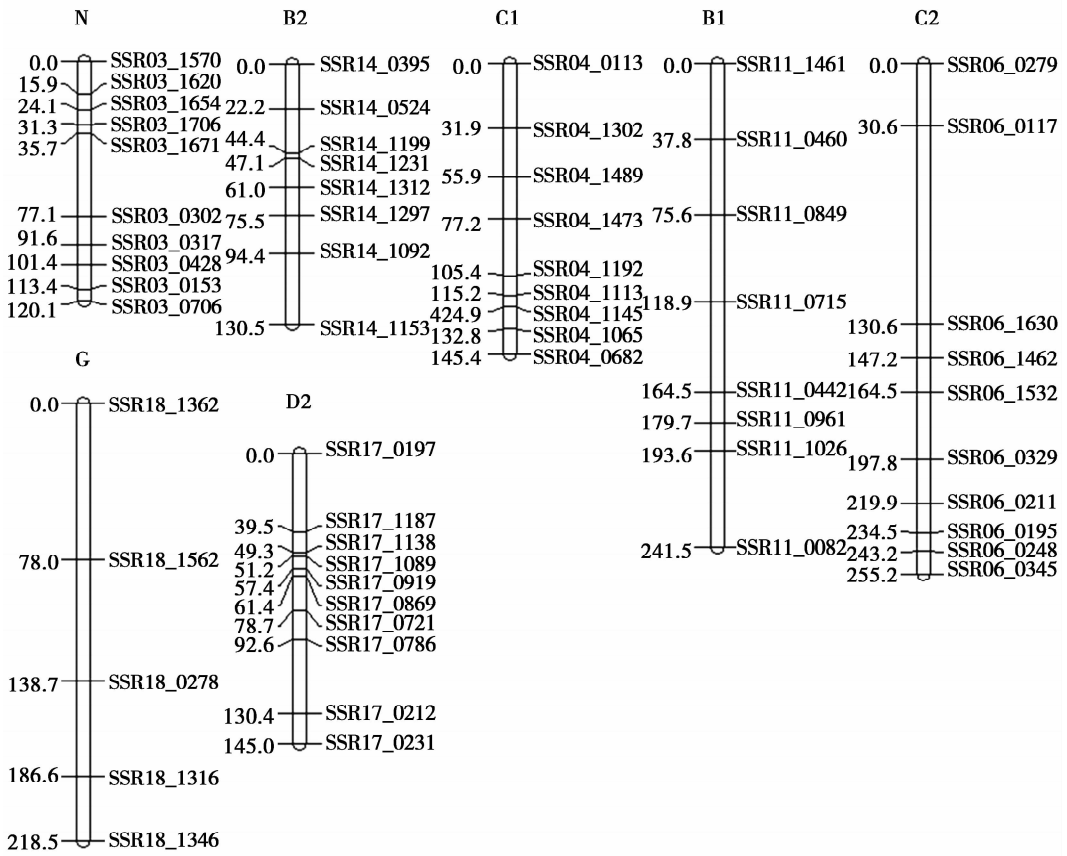


图 4 基于东农 47 × PI317334-B 杂交的重组自交系群体建立的大豆部分遗传连锁图谱

Fig. 4 Soybean genetical linkage map based on a soybean RILs from a cross between Dongnong 47 and PI317334-B

2.3 大豆蛋白和油分含量的 QTL 分析

利用 QTL IciMapping V 3.2 软件对 $F_{4:8}$ 重组自交系群体的蛋白和油分含量性状进行 QTL 分析,将 LOD 值设定为 2.0 时,共检测到 9 个 QTL (表 3)。其中在 N、C1 和 B2 这 3 条染色体上共检测到 3 个与蛋白相关的 QTL,分别与 SSR 标记 SSR03_0428、SSR04_1192 和 SSR14_1153 连锁,能够解释的表型

变异范围为 7% ~ 8%; 在 C2、B1、B2、D2、G 和 I 染色体上共检测到 6 个与油分含量相关的 QTL,分别与 SSR 标记 SSR06_1630、SSR11_0460、SSR14_0395、SSR17_0721、SSR18_0278、SSR20_0273 连锁,能够解释的表型变异范围为 7% ~ 43%,且加性效应值均为正。

表 3 大豆性状相关的 QTL 分析

Table 3 QTL analysis associated with soybean traits

性状 Trait	QTL	标记 Marker	位置 Position/cM	LOD 值 LOD value	贡献率 R ² /%	加性效应 Additive effect
蛋白质含量 Protein content/%	qPC-N	SSR03_0428-SSR03_0153	0.01	2.64	7.0	-0.36
	qPC-C1	SSR04_1473-SSR04_1192	24.69	2.44	8.0	-0.39
	qPC-B2	SSR14_1092-SSR14_1153	21.19	2.67	8.0	-0.40
油分含量 Oil content/%	qOC-C2	SSR06_0117-SSR06_1630	73.58	2.08	37.0	0.59
	qOC-B1	SSR11_1461-SSR11_0460	20.24	2.85	22.0	0.46
	qOC-B2	SSR14_0395-SSR14_0524	13.18	2.76	13.0	0.37
	qOC-D2	SSR17_0869-SSR17_0721	12.61	2.58	8.0	0.28
	qOC-G	SSR18_1562-SSR18_0278	33.95	3.44	43.0	0.64
	qOC-I	SSR20_0273-SSR20_0761	0.01	2.63	7.0	0.27

3 结论与讨论

本研究以东农 47 和 PI317334-B 杂交所得的 $F_{4,8}$ 重组自交系群体为材料,并对其蛋白和油分含量进行了遗传分析,研究发现,二者变异系数均较大,离散程度也较大,分离程度好,且基本上呈正态分布。本研究构建了一个包含 182 个 SSR 标记的遗传图谱,标记间平均遗传距离为 20.13 cM,而且部分染色体的标记密度较大,标记间的遗传距离较小,为 QTL 分析奠定了良好的基础。

利用复合区间作图法进行 QTL 分析,共检测到 9 个与蛋白和油分相关的 QTL,能够解释的表型变异为 7%~43%。其中,在 C1 染色体上定位到的与蛋白含量相关的 QTL (qPC-C1, SSR04_1473-SSR04_1192),能够解释 8% 的表型变异,而且该位点与 Lee 等^[28]和 Hyten 等^[14]定位的蛋白含量 QTL 相一致。位于 B1 染色体上的油分含量相关 QTL (qOC-B1),能够解释 22% 的油分含量变异,而且与 Qi 等^[20]定位出的油分含量位点一致,具有较高的应用价值,可以应用于今后的分子辅助选育高油大豆工作中。在 B2 染色体上定位到的油分含量 QTL (qOC-B2) 与 Diers 等^[21]定位出的大豆油分位点邻近,且能够解释 13% 的油分含量变异;而位于 D2 染色体上的油分 QTL (qOC-D2) 与 Qi 等^[20]和 Lee 等^[28]在标记 Sat_292 附近识别的油分位点相一致。这些研究结果表明,本研究定位出的部分 QTL 与前人的定位结果相一致,具有较高的应用价值。此外,本研究还定位出几个贡献率大于 10% 的 QTL,如 qOC-C2 能够解释 37% 的油分含量变异,qOC-G 能够解释 43% 的油分含量变异。这些 QTL 的表型贡献率较大,具有重要的潜在利用价值,应在今后对其稳定性等进行深入分析,以期为大豆分子辅助育种提供高效准确的分子标记,并为相应基因的图位克隆奠定基础。

参考文献

[1] 韩立德,盖钧镒,张文明.大豆营养成分研究现状[J].种子,2003(5):57-59.(Han L D, Gai J Y, Zhang W M. Research status of nutritional components in soybean[J]. Seed, 2003(5): 57-59.)

[2] 王艳,韩英鹏,李文滨.大豆分子标记研究新进展[J].大豆科学,2015,34(1):148-154,162.(Wang Y, Han Y P, Li W B. The advance of molecular markers in Soybean[J]. Soybean Science, 2015, 34(1): 148-154, 162.)

[3] 毕影东,李炜,肖佳雷,等.大豆分子的育种现状、挑战与展望[J].中国农学通报,2014,30(6):33-39.(Bi Y D, Li W, Xiao J L, et al. Soybean molecular breeding: Current status, challenges and perspectives[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2014, 30(6): 33-39.)

[4] 潘文华,许世卫.黑龙江省大豆产业困境与差异化发展战略[J].农业经济问题,2014(2):26-33.(Pan W H, Xu S W.

Development predicament and differences strategy of Heilongjiang soybean industry[J]. Issues in Agricultural Economy, 2014(2): 26-33.)

[5] 杨光明.大豆科研实力的国际比较[D].北京:中国农业科学院,2014.(Yang G M. International comparison of soybean research level-based on bibliometric analysis[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences Dissertation, 2014.)

[6] 宋启建,盖钧镒,马育华.大豆品种蛋白质、油分含量的遗传特点[J].中国农业科学,1989,22(6):24-29.(Song Q J, Gai J Y, Ma Y H. A study on genetic property of protein and oil content in soybean[J]. Scientia Agricultura Sinica, 1989, 22(6): 24-29.)

[7] 吴晓雷,王永军,贺超英,等.大豆重要农艺性状的 QTL 分析[J].遗传学报,2001,28(10):947-955.(Wu X L, Wang Y J, He C Y, et al. QTL analysis of important agronomic traits in soybean[J]. Acta Genetica Sinica, 2001, 28(10): 947-955.)

[8] 张忠臣,战秀玲,陈庆山,等.大豆油分和蛋白性状的基因定位[J].大豆科学,2004,23(2):81-85.(Zhang Z C, Zhan X L, Chen Q S, et al. Localization of genes of oil and protein traits in soybean[J]. Soybean Science, 2004, 23(2): 81-85.)

[9] Mansur L M, Orf J H, Chase K, et al. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean[J]. Crop Science, 1996, 36(5): 1327-1336.

[10] Brummer E C, Graef G L, Orf J, et al. Mapping QTL for seed protein and oil content in eight soybean populations[J]. Crop Science, 1997, 37(2): 370-378.

[11] Orf J H, Chase K, Jarvik T, et al. Genetics of soybean agronomic traits: I. Comparison of three related recombinant inbred populations[J]. Crop Science, 1999, 39(6): 1642-1651.

[12] Fasoula V A, Harris D K, Boerma H R. Validation and designation of quantitative trait loci for seed protein, seed oil, and seed weight from two soybean populations[J]. Crop Science, 2004, 44(4): 1218-1225.

[13] Chung J, Babka H L, Graef G L, et al. The seed protein, oil and yield QTL on soybean linkage group I[J]. Crop Science, 2003, 43(3): 1053-1067.

[14] Hyten D L, Pantalone V R, Sams C E, et al. Seed quality QTL in a prominent soybean population[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 109(3): 552-561.

[15] Reinprecht Y, Poysa V W, Yu K, et al. Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase-free soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) germplasm [J]. Genome, 2006, 49(12): 1510-1527.

[16] Liang H Z, Yu Y L, Wang S F, et al. QTL mapping of isoflavone, oil and protein contents in soybean (*Glycine max* L. Merr.) [J]. Agricultural Sciences in China, 2010, 9(8): 1108-1116.

[17] Palomeque L, Li J L, Li W, et al. QTL in mega-environments: II. Agronomic trait QTL co-localized with seed yield QTL detected in a population derived from a cross of high-yielding adapted × high-yielding exotic soybean lines [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119(3): 429-436.

[18] Wang X, Jiang G L, Green M, et al. Quantitative trait locus analysis of saturated fatty acids in a population of recombinant inbred lines of soybean [J]. Molecular Breeding, 2012, 30(2): 1163-1179.

[19] Rossi M E, Orf J H, Liu L J, et al. Genetic basis of soybean adaptation to North American vs. Asian mega-environments in two

- independent populations from Canadian × Chinese crosses [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, 126(7): 1809-1823.
- [20] Qi Z, Wu Q, Han X, et al. Soybean oil content QTL mapping and integrating with meta-analysis method for mining genes [J]. *Euphytica*, 2011, 179(3): 499-514.
- [21] Diers B W, Keim P, Fehr W R, et al. RFLP analysis of soybean seed protein and oil content [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1992, 83(5): 608-612.
- [22] 陆婉珍,袁洪福,徐广通,等. 现代近红外光谱分析技术 [M]. 北京:中国石化出版社,2000: 146-156. (Lu W Z, Yuan H F, Xu G T, et al. *Modern near-infrared spectrum analysis technology* [M]. Beijing: Chinese Petrochemistry Press, 2000: 146-156.)
- [23] Doyle J J. Isolation of plant DNA from fresh tissue [J]. *Focus*, 1990, 12: 13-15.
- [24] Trigiano R N, Caetano-Anolles G. Laboratory exercises on DNA amplification fingerprinting for evaluating the molecular diversity of horticultural species [J]. *HortTechnology*, 1998, 8(3): 413-423.
- [25] Lander E S, P Green J, Abrahamson A, et al. Mapmaker: An interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations [J]. *Genomics*, 1987, 1:174-181.
- [26] Trigiano R N, Caetano-Anolles G. Laboratory exercises on DNA amplification Finger printing for evaluating the molecular diversity of horticultural species [J]. *HortTechnology*, 1998, 8: 413-423.
- [27] Li H H, Ye G Y, Wang J K. A modified algorithm for the improvement of composite interval mapping [J]. *Genetics*, 2007, 175: 361-374.
- [28] Lee S H, Bailey M A, Mian M A R, et al. RFLP loci associated with soybean seed protein and oil content across populations and locations [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1996, 93(5-6): 649-657.

专家辟谣喝豆浆容易患乳腺癌:大豆降低乳腺癌风险

喝豆浆易患乳腺癌? 正好相反! 国内外研究均显示摄入大豆制品能降低乳腺癌风险。

每天早餐一杯热豆浆,是不少人的选择。然而近日宁波有媒体报道,宁波市中医院特检科主任医师孙一红接诊了一位 45 岁的女病人,为了养生每天早上喝自磨豆浆,坚持近三年,后来体检中竟检出了乳腺癌。文章大意是说,豆浆里面有植物雌激素,食用豆浆会提高女性雌性激素水平,进而引发乳腺癌。

“喝豆浆会得乳腺癌”的消息一下子被传得沸沸扬扬,刷爆朋友圈。不少女性被吓到,称再也不敢喝豆浆了。

喝豆浆真的会喝出乳腺癌么? 植物雌激素和雌激素是同一回事么? 二者是否有关联? 华西都市报记者对此进行了求证。

国内外研究显示大豆制品防范乳腺癌风险

《美国医学杂志》2009 年已刊登研究表明:在中国,罹患乳腺癌并食用较多大豆食品的妇女其相关的死亡及乳腺癌复发的风险比较低。范德堡大学医学中心研究人员对大豆异黄酮的摄取与乳腺癌的复发和患者存活率之间的关联进行了检定,该项目对 5 000 多名中国女性乳腺癌存活情形进行了研究。

研究人员发现,与大豆蛋白摄入量最低的人相比,那些大豆蛋白摄入量最多的乳腺癌患者,其死亡风险降低了 29%,而乳腺癌复发风险则下降了 32%。研究提示,“大豆食品的摄取是安全的,并与乳腺癌患者的死亡率和复发的减少具有关联性,可能对罹患乳腺癌的妇女有益。”

对于大豆摄入和乳腺癌风险的研究,国内专家也有所结论。

国内著名乳腺癌专家邵志敏、沈镇宙、徐兵河主编的《乳腺肿瘤学》一书中介绍,对 3 000 多例乳腺癌的病例和健康对照研究发现,摄入大豆制品最高的女性,乳腺癌危险可以降低 30%;青少年时期大豆制品类食物摄入多,可能会降低成年后患乳腺癌的危险。

乳腺科专家:异黄酮能双向调节雌激素

四川省肿瘤医院乳腺科主任李卉长期从事乳腺癌临床研究工作,对于乳腺癌诊断、治疗、预防方面积累了丰富经验。

对于网络流传的“喝豆浆患癌”,李卉认为这一说法缺乏科学依据。她指出,喝豆浆或者常吃豆制品不但不会引发乳腺癌,反而能降低乳腺癌风险。

李卉介绍,豆腐、豆浆中所含的大豆异黄酮是植物雌激素,并非人体雌激素。虽然两者有相似作用,但是不能混为一谈。“植物雌激素对女性体内雌激素水平发挥的是双向调节作用:当体内的雌激素不足时,大豆异黄酮可以起到补充雌激素的作用;而当体内雌激素水平过高时,大豆异黄酮又可以起到抑制的作用,降低雌激素水平。”李卉说,因此适量喝豆浆不但没有坏处,相反还有好处,能够调节雌激素水平,因此降低乳腺癌风险。

那么,喝豆浆、吃豆类食品有没有需要注意的? 记者还邀请西南大学教授、食品专家刘文宗从食品安全、营养学的角度做了相应介绍。

刘文宗说,人体内组成蛋白质的氨基酸有 20 余种,体内只能合成一部分,其余则须由食物蛋白质供给,故又称为“必需氨基酸”。人体必须的氨基酸有 8 种,而大豆、黑豆中的蛋白质在人体中分解,提供人体所必需的 8 种氨基酸。大豆及豆制品富含蛋白质和不饱和脂肪酸,具有较高营养价值,而豆浆还有易于人体消化吸收的好处。

不过,须注意的是,喝豆浆也有讲究! 刘文宗强调,豆浆必须煮熟,没有熟的豆浆对人体是有害的。因为生豆浆含有胰蛋白酶抑制剂和皂角素,未煮熟就饮用,这两类物质摄入过多时可能使人恶心、呕吐、消化不良、腹泻甚至发生中毒。豆浆经过充分加热,可以消除这两种物质。

“煮豆浆一定要选底厚一点的锅,以免豆浆煮糊、蛋白质变性;烧开之后要煮 5 min,以便豆浆完全煮熟,等泡沫自动消失完就可以喝了。”刘文宗说,家庭而言,可以使用高压锅煮豆浆。

转自《华西都市报》