

玉米自交系酯酶同工酶酶谱的 聚类及其在遗传育种上的应用

刘正蒙 崔良国 都森烈

(山东省农业科学院玉米研究所, 济南 250100)

Zymogram Cluster Analysis of Isoenzymes of Esterase of Corn inbred Lines and its Application to Genetics and Breeding

Liu Zhengmeng Cui Liangguo Du Senlie

(Institute of Corn, Shandong Academy of Agricultural Sci. Jinan)

Abstract: Zymogram cluster analysis of isoenzymes of esterase was carried out in 25 conventional corn inbred lines which was classified into 5 groups. The zymogram distance between groups and within any group could truly reflect the genetic difference between inbred lines. The zymogram distance and geographical distribution of the lines have no direct relationship to each other. The correlativity between the zymogram distance among the parents of 41 cross combinations and their yield heterosis was also studied, indicating that there is a positive correlation significantly between the two ($r = 0.4583^{**}$).

Key Words: Corn inbred lines; Esterase Isozymes; Zymogram; Cluster Analysis; Heterosis.

摘要 本文对 25 个常用玉米自交系的酯酶同工酶酶谱性状进行了聚类分析, 可将其分为 5 大类。对 41 个组合间酶谱距离与其籽粒产量杂种优势的相关关系研究表明, 酶谱距离与其籽粒产量杂种优势呈显著正相关, r 值为 0.4583^{**} 。

关键词 玉米自交系 酯酶同工酶 酶谱 聚类分析 杂种优势

30 多年来, 一些生物科学工作者已将聚类分析方法用于生物分类, 并逐步发展成数量分类学 (Numerical Taxonomy)。农作物种质资源的数量分类, 是为育种取材提供客观标准, 以便合理利用。我们采用不相似值作为分类的统计量, 选用了 25 份有代表性的玉米常用自交系为材料, 初步探讨酯酶同工酶酶谱的聚类。同时, 根据聚类图谱研究组合间酶谱距离与其籽粒产量杂种优势的相关性。为玉米种质资源的研究整理和育种选配亲本制配组合提供参考指标。

1 材料和方法

1.1 酯酶同工酶酶谱的测定

供试玉米自交系 25 个。酶液制备: 将种子用 0.1% 氯化汞消毒 10 分钟, 洗净擦干后, 称取 1g 放入低温冰箱中 1 小时, 然后放入予冷的研钵中加入 0.1M pH8.0 Tris-HCl 提取缓冲液 3ml, 在水浴里研磨成匀浆, 匀浆液在 0℃ 1000 $\times$ g 下冰冻离心 20 分钟, 取上清液放入低温 (-20℃) 冰箱中备用。酯酶同工酶酶谱的测定采用垂直平板聚丙烯酰胺凝胶

胶电泳法。酶带显色用酯酸—Z—萘酯法染色,最后将凝胶片制成干板并照像。

1.2 酶谱不相似值的计算及聚类

两自交系间酶谱不相似值依下式计算:

$$D=1-\frac{zw}{a+b}$$

式中:D=两自交系间酶谱的不相似值(酶谱距离)

W=两自交系迁移率(Rf 值)相同的酶带数

a、b=两自交系的酶带数

将两两成对的自交系计算出的不相似值构成一矩阵(矩阵表略),根据其不相似值用类平均法进行聚类,绘制聚类图。

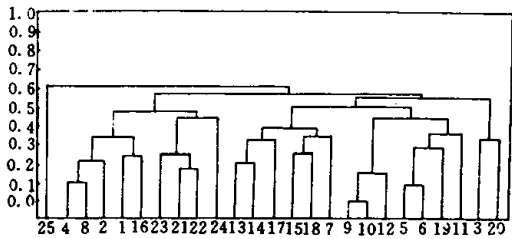


图1 自交系聚类图

1.3 组合间酶谱距离与其籽粒产量杂种优势相关关系的研究

根据聚类图找出组合间酶谱距离大小不同的组合制配杂种F₁代。将F₁代杂种及相应的亲本自交系于1988~1991年分期播种于本院试验农场。采用随机区组法排列,4行区,重复三次,小区面积为13.3平方米,每公顷种植54000株,收中间两行统计产量,计算杂种优势率并统计分析组合间酶谱距离与其F₁代籽粒产量杂种优势的相关性。

2 结果与分析

2.1 玉米自交系酶谱的表型

供分析的25个玉米自交系的酯酶同工酶酶谱,从负极到正极共出现了15条酶带。靠近阳极的酶带较多,染色深,在阴极区的酶

带呈现的较少且染色浅。各自交系除Mo17和齐302的酶谱相同外。其它各自交系均存在有差异。因此,可说明各自交系在遗传上存在差异。

2.2 酯酶同工酶酶谱的聚类

为了对本研究进行定量分析,首先计算出各自交系酶谱的迁移率(Rf 值),然后计算自交系两两成对的不相似值构成一矩阵。根据矩阵的不相似值用类平均法进行聚类,聚类结果如图1。我们将其分为5大类,类群间和类群内的酶谱距离如表1和图2所示。从表1和图2可得出:类群间的酶谱距离大于类群内的酶谱距离,这表明类群的划分是合理的。

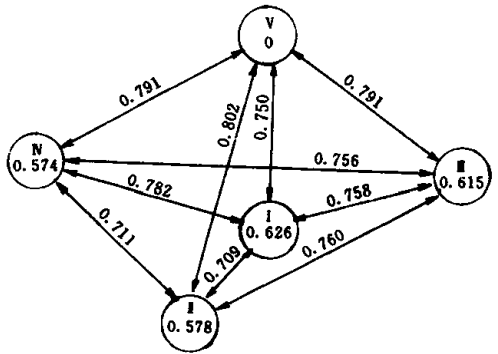


图2 5个类群的酶谱距离分布

2.3 亲本间酶谱距离与其杂种优势的相关性

F₁代杂种及其亲本自交系产量结果经变量分析,组合及系间均差异显著,重复间差异不显著(表略),表明产量结果可靠。

玉米杂交种F₁代籽粒产量优势率和亲本自交系酶谱距离列入表2中,41个杂交组合间酶谱距离与籽粒产量杂种优势率的相关关系呈极显著正相关,r 值为0.4583** (图3)。

选配玉米优良杂交组合,亲本的选配是关键。在常规育种中,亲本配置的重要原则之一是亲本遗传差异要大,这种差异大都以形态、解剖、生态类型以及地理位置等表型差异

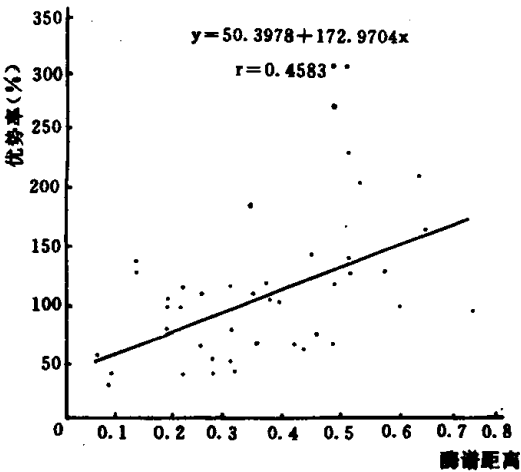


图 3 组合间酶谱距离与杂种优势率的相关关系

为基础,这在育种中无疑起到一定的作用,但也有失败。玉米育种中的若干表型性状都是数量性状,均受微效多基因控制,易受环境条件的影响,其稳定性较差,因此育种的效率较低。为了提高玉米育种的效率,减轻其负担,国内外许多遗传育种工作者都在极力于研究选配亲本组合更为有效地方法,以加速育种的进程。

表 1 自交系类群间和类群内酶谱距离

类群号	自交系数目	自 交 系 代 号	类内、类间、酶谱距离				
			I	II	III	IV	V
I	9	1. 2. 4. 8. 16. 21. 22. 23. 24	0.392 (0.626)				
II	6	7. 13. 14. 15. 17. 18	0.502 (0.709)	0.334 (0.578)			
III	7	5. 6. 9. 10. 11. 12. 19	0.575 (0.758)	0.592 (0.760)	0.379 (0.615)		
IV	2	3. 20	0.612 (0.782)	0.506 (0.711)	0.571 (0.756)	0.330 (0.574)	
V	1	25.	0.562 (0.750)	0.643 (0.802)	0.626 (0.791)	0.625 (0.791)	0 (0)

表 2 组合间酶谱距离与优势率

组 合	酶谱距离(不相似值)	优势率(%)	组 合	酶谱距离(不相似值)	优势率(%)
Mol17×齐 302	0.00	47.9	齐 307×齐 302	0.38	62.8
赤 302×Mol17	0.00	44.7	Mol17×齐 104	0.38	204.5
多黄 3×原齐 722	0.08	94.8	Mol17×330	0.40	123.3
齐 307×潍春	0.08	22.4	5022×齐 303	0.41	109.0
原齐 722×多黄 3	0.08	29.1	404×V 矮 141	0.43	103.0
Mol17×齐 305	0.14	147.2	Mol17×潍春	0.43	353.7
黄早 4×5022	0.16	91.0	V 矮 141×黄早 4	0.50	131.0
黄早 4×404	0.20	110.0	Mol17×V 矮 141	0.50	150.7
齐 104×齐 31	0.20	104.0	原齐 722×V 矮 141	0.50	70.0
多黄 6×5003	0.23	122.0	黄早 4×V 矮 141	0.50	150.0
多黄 6×原齐 722	0.23	104.4	齐 104×潍春	0.54	118.4
原齐 722×齐 304	0.23	30.1	Mol17×77	0.54	304.5
齐 307×E28	0.27	65.2	齐 307×原齐 722	0.54	60.0
齐 104×E28	0.27	118.1	Mol17×5003	0.57	255.8
5022×404	0.29	93.0	齐 303×V 矮 141	0.57	130.0
原齐 722×5003	0.29	29.3	Mol17×齐 102	0.60	224.3
黄早 4×齐 303	0.30	40.0	多黄 6×V 矮 141	0.64	132.0
Mol17×E28	0.33	121.1	原齐 722×E28	0.67	95.0
原齐 722×黄早 4	0.33	80.9	Mol17×原齐 722	0.71	227.7
齐 307×330	0.33	42.3	齐 307×V 矮 141	0.82	86.3
齐 307×77	0.33	31.4			

(上接第14页)

植物同工酶酶谱是基因的表达,基因的变化和差异在酶谱得以反映。把酶谱分析应用于遗传育种有诸多优点:可避免性状相关且少受环境条件的影响,分析起来简单明了,较少主观性并且分析快速^[5]。比较玉米自交系间酶谱距离的大小可度量出自交系间亲缘关系的远近,亦即系间遗传距离的大小。根据亲本间酶谱距离的大小来选配亲本组合,从我们对41个杂交组合的研究结果得到初步证实,同时目前在生产上推广的优良杂交种如掖单二号、鲁玉七号,丹玉13、烟单14和沈单七号等亲本间的酶谱距离都较大,而如Mo17×齐302、黄早4×齐303等杂交组合其亲本间的酶谱距离较小,属于类群内杂交,因此杂种优势较弱,所以没有中选。因此,利用同工酶酶谱分析技术以定量统计的方法来

研究玉米种质资源的分类要据此以亲本间酶谱距离的大小为尺度选配亲本组合提供重要的参考指标。

但是,杂种优势的表现是多方面的,在玉米育种中选配亲本组合应是多种指标的相互配合,取长补短,靠综合分析做出科学的诊断。

参 考 文 献

- [1]何国浩,马育华,江淮下游地区大豆地方品种的聚类分析,《大豆科学》,1983,2(4):253—265
- [2]蒋佐升,作物育种中三种聚类方法的比较分析,《湖南农学院学报》,1988,14(1):7—16
- [3]汤駿华,沈锦骅,关于水稻品种间遗传差异的研究,《作物学报》,1985,11(2):73—80
- [4]莫惠栋,顾世梁,江淮沪大麦品种农艺性状的聚类分析,《中国农业科学》,1987,20(3):28—38
- [5]胡志昂,杨属植物的同工过氧化物酶,《植物分类学报》,1981,19:291—292