

大豆同工酶与杂种优势及产量性状变异的相关研究*

杨琪 王金陵 杨庆凯 刘丽君

(东北农学院)

(黑龙江省农业科学院)

摘 要

利用具有明显差异的三种不同类型的大豆品种,采用完全双列杂交方式配制类型内及类型间共15个杂交组合,研究大豆同工酶与主要产量性状杂种优势及遗传变异的相互关系的结果表明,大豆 F_1 代酯酶和过氧化物酶同工酶酶谱与主要产量性状的杂种优势有关,具有互补带的组合,杂种优势最高。试验还显示,类型内杂交组合, F_1 代酯酶、过氧化物酶同工酶均没有出现互补酶带;含有秣食豆种质的组合, F_1 代具有互补带比率最高。本试验结果证实: F_2 代单株同工酶酶谱表型丰富的组合,其主要产量性状变异潜力大。含有秣食豆种质的种间杂交后代,与栽培大豆品种间杂交比较, F_2 代酯酶、过氧化物酶同工酶表达类型丰富。从酶学以及分子标记的角度,明确了秣食豆种质向栽培大豆的渗进。

关键词 同工酶;秣食豆;杂种优势

前 言

近年来,国内外许多研究者应用同工酶作为判断遗传差异的一个指标,藉以鉴定植物起源和亲缘关系,取得很有意义的成果。大量试验表明,酯酶、过氧化物酶同工酶能够反映特定植物的遗传本质,故被遗传学、育种学、系统学和分类学工作者作为系统发育信息的一个来源和分类学的证据。

植物体内某些同工酶与杂种优势有一定的相关性。最早利用同工酶来研究杂种优势

* 1. 本文为杨琪博士学位论文的部分结果。

2. 本研究为国家自然科学基金资助项目部分内容。

本文于1991年5月3日收到。 This paper was received on May 3, 1991.

的是 Schwartz(1966),他发现玉米杂种 F_1 代的酯酶酶谱中,出现了一条新的“杂种酶谱”,并假定杂种酶可能提供生理优势。在水稻中,也有类似报道(吕忠庶 1980 朱英国 1983,丁宝莲 1982,周光宇 1979)。在大豆研究方面,许多学者在大豆进化,个体发育、分类方面做了许多工作(虞京葳 1988、1985,李云荫 1984,刘丽君 1989),明确提出大豆同工酶与其分类,性状表现和亲缘关系等都有一定的相关性。苗期酯酶同工酶比较稳定,具有较明显的专一性,可做为分类、进化等研究工作的指标,然而关于同工酶与杂种后代产量及产量性状的关系及 F_2 代酶谱的分离与主要产量性状遗传变异的关系,尚属空白。本实验旨在探索其规律,为大豆生理育种及高产育种的亲本选配提供参考。

材料与 方法

一、试材:本试验以半栽培类型的绿株食豆和龙 79—6804,无限结荚习性,分枝多繁茂性强的满仓金和荆山朴;以及秆强不倒主茎发达的合丰 25 和东农 72—806 六个亲本品种为材料,采用双列杂交的方式,配制了类型间及类型内共 15 个杂交组合,并获得了 F_0 、 F_1 种子,按系谱法获得 F_2 种子,并对其亲本 F_0 、 F_1 、 F_2 的芽期进行过氧化物酶、酯酶同工酶酶谱分析。

二、同工酶的提取:试材种子在 28℃ 室温下发芽 4 天取 1~2cm 长的大豆下胚轴 1g,置预先冰冻的研钵中,加入 4ml pH7.2 的 0.3M 蔗糖 0.01MKCl 0.05M 磷酸缓冲液,研磨成匀浆,以 4000 转/分离心 10 分钟,取上清液,置冰箱中备用。

三、同工酶的分离:采用垂直板聚丙烯酰胺凝胶电泳的不连续系统,分离胶浓度为 7.5%,浓缩胶为 2.8%,电极缓冲系统为 pH8.3 Tris—甘氨酸缓冲液,酯酶同工酶酶带的显示采用 α —乙酸钠酯—坚牢兰染色法,过氧化物酶同工酶采用醋酸联苯胺染色法。每个样品重复测定 2 次,胶片图谱经制图、照象、记录迁移率保存结果。

结果与分析

(一)不同类型组合大豆过氧化物酶同工酶(IPO)的比较及其与杂种优势的关系

大豆 F_1 代 IPO 同工酶酶谱的表达取决于双亲的谱型。双亲谱带相同, F_1 代酶谱与双亲谱型完全相同(如荆山朴×满仓金),只是某一位点上的酶活性有差异;双亲酶谱有差别,则 F_1 代表现为同父型(如合丰 25×荆山朴、东农 72—806×绿株食豆等组合)或表现为遗失型(龙 79—6804×绿株食豆、合丰 25×东农 72—806、合丰 25×龙 79—6804 等)或表现为互补型(如合丰 25×绿株食豆、合丰 25×满仓金、东农 72—806×龙 79—6804 等)见图 1。

大豆杂交亲本类型不同,其后代 IPO 表达类型及产量性状表现也不同。从表 1 可见,类型内组合 66.7%为遗失型,33.3%为同父母型,没有出现互补型谱带。无限×绿株食豆类型组合,有 50%为同父母型,50%为遗失型。亚有限×无限类型组合,有 50%为同父或同母型。25%为互补型,25%为遗失型,亚有限×绿株食豆类型组合,有 25%为同父或同母型。

50%为互补型。由此看出,类型内组合及无限×秣食豆类型组合,后代均为遗失型或同父

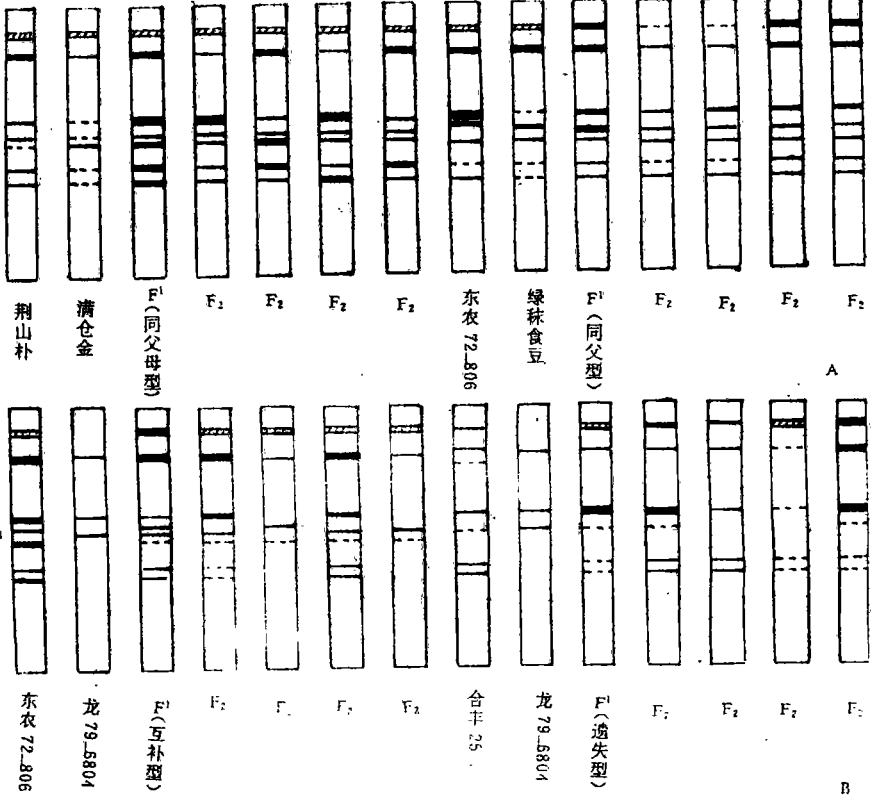


图 1 不同类型组合大豆杂交后代 IPO 分子的表达

Fig. 1 The Enpression of peroxidase Isozymes is following generations of different crosses

表 1 具有不同过氧化物酶谱型大豆的主要产量性状表现

Table 1 The performance of main yield characters for different type of peroxidase isoenzymes patten

产量性状 Yield character	同父或同母型 The type some with male or fernalr	同 父 母 型 The type same with two parents	互 补 型 The type with complementary band	遗 失 型 The type with derefict band
单 株 产 量 Yield per plant	24. 11	34. 97	43. 05	29. 05
单 株 荚 数 Pods per plant	70. 87	100. 27	129. 97	90. 48
单 株 粒 数 Seeds per plant	177. 96	253. 37	267. 70	177. 70

母型,没有出现互补型谱带.说明进化程度相近的大豆间杂交,后代很难出现互补型谱带.进化程度差异较大的亚有限类型大豆与秣食豆杂交,后代有 50%组合出现互补谱带,在所有供试组合中,出现互补型谱带机率最高。

具有不同类型酶谱的组合, F_1 代主要产量性状存在较大差异(表 1)。具有互补型酶谱的组合, F_1 代单株产量、单株荚数及单株粒数等主要产量性状显著地高于具其它类型酶谱的组合。具有同父或同母型酶谱的组合, F_1 代主要产量性状平均表现最低。具有同父母型酶谱的组合, F_1 代主要产量性状的表现介于互补型和同父或同母型酶谱之间。可见具有互补带的组合, F_1 代主要产量性状的杂种优势最强。以具有遗失型及同父或同母型酶谱的组合, 杂种优势最弱

(二) 不同类型组合大豆酯酶同工酶的比较及其与杂种优势的关系

不同类型组合大豆 F_1 代酯酶同工酶主要有三种类型。一种为同父母型(荆山朴×满仓金)、另一种为遗失型(龙 79—6804×绿株食豆、合丰 25×东农 77—806、东农 72—806

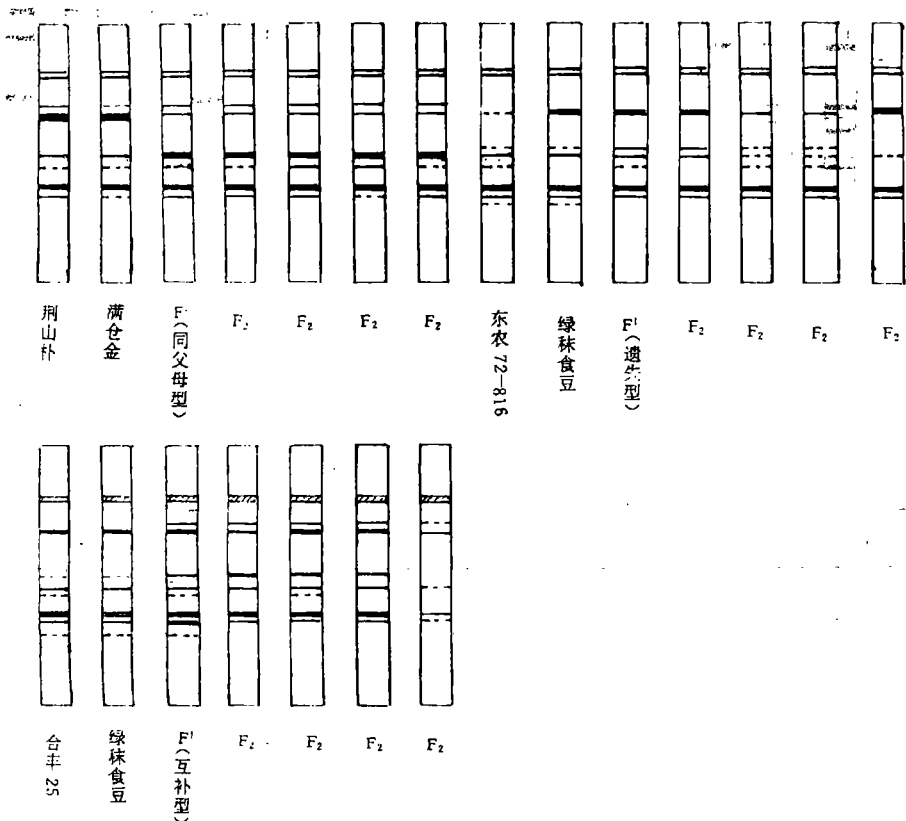


图 2 不同杂交组合亲本及后代酯酶同工酶酶谱的表达

Fig. 2 The expression of lipase isoenzymes pattern for different crossing parents and offsprings

×绿株食豆)、第三种为互补型(合丰 25×满仓金、合丰 25×绿株食豆)(图 2)。

类型内组合有 66.7% 为遗失型谱带, 33.3% 为同父母型谱带, 没有出现互补型谱带,

这一结果,与 IPO 酶谱的表达特性完全相同。亚有限×秣食豆及无限×秣食豆类型组合,各有 50%组合为遗失型或互补型。与 IPO 比较,酯酶(ES)同工酶同父本、同母或同父母本类型谱带减少,而具有遗失型谱带增加。二种酶共同的特点是:类型内杂交组合互补型酶谱为零。具有秣食豆种质的类型间组合与栽培大豆品种间杂交,后代出现互补型谱带比率高。

酯酶同工酶为互补型的组合,单株产量、单株荚数及单株粒数等主要产量性状显著地高于同父母类型及遗失类型组合(见表 2)。具有遗失类型酶谱的组合、单株产量、单株荚数及单株粒数等主要产量性状的均值最低。具有同父母类型酶谱的组合,主要产量性状表现介于遗失型与互补型酶谱组合之间。

表 2 酯酶同工酶不同表达类型大豆的主要产量性状表现

Table 2 The performance of main yield character for different type of lipase isoenzymes patten

产量性状 Yield character	同父母型 The type same with two parents	互补型 The type with comple mantary band	遗失型 The type with derict band
单株产量 Yield per plant	33. 95	42. 64	28. 46
单株荚数 Pods per plant	84. 20	125. 78	83. 41
单株粒数 Seeds per plant	208. 53	269. 40	188. 57

表 3 大豆 IPO、ES 不同表达类型组合后代的主要产量性状表现

Table 3 The performance of main yield characters for different type of peroxidase and lipase pattern

产量性状 Yield character	二种酶均为互补型 The type of comple mentary band for two type of isoenzymes	二种酶均为同父母型 The type of the same with parents for two type of isoenzymes	二种酶均为遗失型 The type of derelict band for two type of isoenzymes	一种酶为互补型另 一种酶为遗失型 One type of isoenz— ymes with complement —ary band the other with derelict band
单株产量 Yield per plant	44. 45	33. 95	26. 55	37. 07
单株荚数 Pods per plant	129. 02	84. 20	81. 92	116. 16
单株粒数 Seed per plant	277. 00	208. 53	172. 37	249. 78

IPO、ES 同工酶均为互补型谱带的杂交组合,主要产量性状显著地高于只具有一种酶为互补型的组合(表 3)。以两种酶均为遗失型谱带的组合,主要产量性状平均表现最低。

由此看出,杂种优势的产生与酶体系的组成和酶谱的表达变化关系十分密切。利用

IPO、ES同工酶预测杂种优势,对选择高优势组合可能是个有效手段。因而,可将 F_1 代IPO、ES同工酶谱,做为选择强优势组合的生化指标。

(三)不同类型组合 F_2 代同工酶谱的分离与主要产量性状变异的关系。

荆山朴和满仓金双亲IPO酶谱的谱带数目及迁移率完全相同,只是荆山朴第二条谱带的酶活性高于满仓金。 F_1 、 F_2 代酶谱谱型均与双亲相同,没有新类型谱带出现(图1),从而导致其 F_2 单株产量,单株荚数及单株粒数等主要产量性状的变幅和极差均较小。

东农72-806与龙79-6804双亲IPO酶谱差异较大。东农72-806为七条谱带,龙79-6804仅为三条。东农72-806×龙79-6804组合 F_1 代为互补型谱带, F_2 代单株酶谱类型丰富(图1)。此组合主要产量性状的变幅,在所有供试组合中最大。合丰25×龙79-6804双亲在谱带数量上差异较大,其 F_1 代为遗失型(图1)。 F_2 代参试样品中有50%与双亲谱型不同,表明此组合 F_2 代谱带类型丰富。其主要产量性状变幅低于东农72-806×龙79-6804组合,但显著地高于后代没有出现新类型谱带的荆山朴×满仓金。

综上所述, F_2 酶谱类型是否丰富,与主要产量性状的变异潜力存在相关联。无论 F_1 酶谱表达如何, F_2 代酶谱类型丰富的组合,其主要产量性状的变幅高于类型单一或新类型较少的组合。

IPO和ES同工酶具有相同趋势,即 F_2 代酶谱类型越丰富,其主要产量性状的变幅越大,反之亦然。因而,IPO及ES同工酶谱可做为组合后代产量性状变异潜力的生化指标。

讨 论

酶谱的表达类型与产量性状的表达有关,综括本实验的结果,作者认为:不同类型组合 F_1 代IPO和ES同工酶谱,与 F_1 代主要产量性状的表现有关。 F_1 代IPO、ES同工酶具有互补带谱型的组合,主要产量性状显著高于其它类型酶谱的组合。遗失型酶谱的组合, F_1 主要产量性状的均值最低。本试验发现,三个类型内杂交组合, F_1 代IPO和ES同工酶均没有出现互补型酶谱;而含有秣食豆种质的类型间组合, F_1 代具有互补带比率最高。这说明类型内组合 F_1 杂种优势较类型间组合小,含有秣食豆种质的类型间组合, F_1 代杂种优势较栽培大豆类型的品种间杂交大。本试验还观察到,不同类型组合 F_2 代单株IPO和ES同工酶谱类型丰富的组合,主要产量性状的变幅大,含有秣食豆种质的杂种后代、 F_2 代IPO和ES同工酶类型丰富,出现较多双亲不具备的谱型。这从酶学角度,明确了秣食豆种质向栽培大豆的渗进,可导入新的基因,创造新种质,丰富大豆基因库。作者建议,今后应注意开展同工酶技术在大豆育种中的应用研究,为实现常规育种向高级生理生化育种的转化奠定基础。

参 考 文 献

- [1] 易琼华,1984,《植物学报》26(5):506-512

- [2] 张维强, 1981, 《植物学报》23(6): 508—510
- [3] 黄永芬, 1983, 《园艺学报》10(4): 253—257
- [4] 虞京藏, 1983, 《大豆科学》2(2): 104—103
- [5] 刘丽君、杨琪等, 1988, 《中国油料》(3): 21—28
- [6] 朱英国, 1987, 《作物学报》13(2): 89—95
- [7] 张维民, 1988, 《中国油料》(4): 6—9
- [8] 赵丽哲等, 1989, 《华北农学报》4(2): 44—49

STUDY ON THE RELATIONSHIP BETWEEN ISOENZYMES AND YIELD HETEROSIS AND YIELD CHARACTEN VARIATIONS OF SOYBEANS

Yang Qi Wan Jinling Yang Qingkai

(The Northeast Agricultural College)

Lu Lijun

(Heilongjiang Academy of Agr. Sci.)

Abstract

15 crosses were made among and with in three obviously different types of soybean by diallel crosses. The relationship between soybean isoenzyme pattern and heterosis and genetic variations for the main yield characters were studied. The resultes related; that soybean isoenzyme patten of lipase and peroxdase of F_1 generation had some relationship with the yield heterosis. Crosses with complementary band had the highest heterosis. The isoenzyme pattern of lipase and paroida of F_1 generation had no any complementary band in the crosses between parents with the same growth type. Crosses including semicultivated soybeans as parents had highest ratio of complemetary band. Crosses with abundant tyres of the enzymatic band had higher yield variation potencial than that with less types of the enzymatic band. Interspecific crosses including semicultivated soybean as parent had more isoenzymes patten than intervaretl crosses. This suggested that the infusing of smicultivated germplasm to the cultivated soybean could enrich the soybean gene pool.

Key words Isoenzymes; Sem—cultivated; Soybean; Heterosis