

76-79

2670(13)

广西植物 Guihaia 13(1): 76-79, Feb. 1993

中国几种特殊普通小麦酯酶同工酶研究

刘芳

(四川农业大学小麦研究所, 都江堰市 611830)

SS12.101

摘要 采用聚丙烯酰胺凝胶电泳法对中国几种特殊普通小麦的幼芽进行了酯酶同工酶分析。结果表明: 同种不同来源的麦酶谱差异不大, 较整齐一致, 只有个别材料有酶带的增减及活性强弱有别; 对于不同的物种云南铁壳麦与西藏半野生小麦的酶谱很相近似, 属同一类群, 新疆稻麦慢带较模糊, 少第3条酶带归属别一类群。

关键词 特有小麦; 酯酶; 同工酶

小麦; 同工酶;

同工酶是基因表达的直接产物, 能较直接地判断基因的存在状况及其表达规律^[3]。目前在遗传进化研究中已广为应用, 它为研究栽培植物不同种属间的亲缘关系、地理分布和起源提供了一条新途径^[2]。新疆稻麦, 西藏半野生小麦, 云南铁壳麦是我国特有的原始类型普通小麦, 其染色体数目均为 $2n=42$, 染色体组为A、B、D、性状表现与普通小麦有明显的差异, 多具有野生性^[5]。它们之间的亲缘关系不少研究者已作了研究。邵启全等(1980)^[1]根据穗部形态特征, 曾提出云南小麦与西藏半野生小麦同属一类群; 崔运兴等^[6]根据花药、未成熟种子及成熟干种子的酯酶同工酶酶谱特征, 也讨论了中国特有小麦间的亲缘关系。本试验对新疆稻麦、西藏半野生小麦、云南铁壳麦的幼芽进行了酯酶同工酶分析, 比较了这三个特有小麦间以及同一物种不同来源的麦的酶谱差异, 试图能为研究我国普通小麦的起源, 演化, 以及在杂交育种中的亲本选配提供一些依据。

材料和方 法

(一) **材料:** 新疆稻麦, 西藏半野生小麦, 云南铁壳麦(表1)。

(二) **方法:** 种子用温水(约35℃)浸泡一天后, 转入培养皿中置于组培室(22±1℃)恒温发芽, 3天后取幼芽(1—1.5cm)按样品: 蒸馏水=1:3比例加入蒸馏水于冰浴中研磨成匀浆, 再经3500 r.p.m离心15分钟, 上清液保存于冰箱中待用。

采用垂直平板聚丙烯酰胺凝胶电泳法, 电泳过程及工作液的配制参照胡能书^[4]等所介绍的方法, 分离胶浓度为7.2%, 浓缩胶浓度为3.1%, 凝胶厚度为1.5cm。点样时每槽60μl, 点样后上面覆盖一层40%蔗糖液。酯酶同工酶染色液配制如下: 50mg醋酸-1-萘酯, 50mg醋酸-β-萘酯和100mg坚牢蓝RR盐, 溶于5ml丙酮, 再加入100ml 0.2M pH6.4的磷酸缓冲液, 溶解后过滤, 胶板于37℃的染色液中显色10分钟, 再经7%的冰醋酸固定5分钟, 自来水冲洗几次, 照相, 制成干板永久保存。

结果与分析

一、同一物种不同来源的酶谱比较

选用7份新疆稻麦进行分析, 来源于5个地区(表1)。这些不同来源的新疆麦的酯酶

同工酶酶谱基本相同, 都具有第 1—12 条酶带(图 1), 这些酶带在迁移距离及染色深浅都较整齐一致, 唯有 6 号材料 Wushan rice wheat 的第 9 条酶带比其它材料的第 7 条酶带染色浅。1 号材料 A-Ke-Su rice wheat 除具有前 12 条酶带外, 在快带区的最前端还出现一条染色呈紫红色的极弱的带, 2 号材料同是 A-Ke-Su rice wheat 则不具有此带。

西藏半野生麦选用 3 份进行分析, 其来源详见表 1。结果表明这三份不同来源的西藏半野生小麦的酶谱完全相同, 无论是酶带数目染色深浅, 还是迁移距离都相同(图 1)。

选用 14 份云南铁壳麦进行分析, 材料均来源于中国农业科学院作物品种资源研究所, 结果表明: 酶谱基本相同, 只是个别材料有酶带的增加及活性强弱有别。如 3、4、6、7 号材料的第 2、3、4、5、6、7 条酶带不同于其它材料, 第 2、3、4、5 条酶带活性强于其它材料, 第 7 条酶带活性弱于其它材料。第 6 条酶带为 3、4、6、7 号材料新增加的酶带。11 号材料的第 12 条酶带活性也明显弱于其它材料。

二、不同种间的酶谱比较

图 1 可看出, 新疆稻麦、西藏半野生小麦、云南铁壳麦的酯酶同工酶酶谱均可划分为快带区(E_F)和慢带区(E_S)。在慢带区, 新疆稻麦具有 4 条酶带, 第 1、2 条酶带较强, 第 3、4 条酶带较弱, 模糊不清, 且带与带之间距离不明显; 西藏半野生小麦具有 5 条带, 第 1—4 条带较强, 第 5 条带较弱; 云南铁壳麦 14 份材料中有 4 份(3、4、6、7)具有 6 条带, 第 1—5 条带较强, 第 6 条带较弱, 其他 10 份材料只有 5 条带, 第 1—4 条带较强, 第 5 条带较弱, 西藏半野生小麦和云南铁壳麦比新疆稻麦多第 3 条酶带, 西藏半野生小麦和云南铁壳麦在酶带数及酶带活性均相似。在快带区, 云南铁壳麦, 西藏半野生小麦和新疆稻麦均具有 8 条带, 酶带宽度, 着色程度也相似。由此看出, 新疆稻麦, 西藏半野生小麦和云南铁壳麦这三个中国特有小麦的酶谱差异主要表现在慢带, 西藏半野生小麦和云南铁壳麦比新疆稻麦多第 3 条酶带, 而西藏半野生小麦和云南铁壳麦的酶谱很相似。

讨 论

新疆稻麦、西藏半野生小麦、云南铁壳麦是我国特有的原始类型普通小麦。从细胞学角度看, 染色体数目和组型都是相同的, 从分子水平一同工酶角度也表现出酶谱非常相似, 表

表 1 供试材料
Table 1 Experimental materials

材 料 Material	品种号 No.	来 源 Origin
新疆稻麦 Triticum	1	A-Ke-Su rice wheat
	2	A-Ke-Su rice wheat
petropavskiy	3	Yutia rice wheat
	4	Yutia rice wheat
	5	Luopu rice wheat
	6	Wushan rice wheat
	7	Moyu rice wheat
西藏半野生小麦 Triticum	1	Hull brittle rachis wheat (Tibet)
aestivum ssp.	2	Hull brittle rachis dinkelwheat (Tibet)
tibetanum	3	Hull brittle rachis dinkelwheat (Nanjing)
云南铁壳麦 Triticum	1	ICGR* -1
aestivum ssp.	2	ICGR-2
yunnanenses	3	ICGR-3
Keng	4	ICGR-4
	5	ICGR-5
	6	ICGR-6
	7	ICGR-7
	8	ICGR-8
	9	ICGR-9
	10	ICGR-10
	11	ICGR-11
	12	ICGR-12
	13	ICGR-13
	14	ICGR-14

*Institute of Crop Germplasm Resources

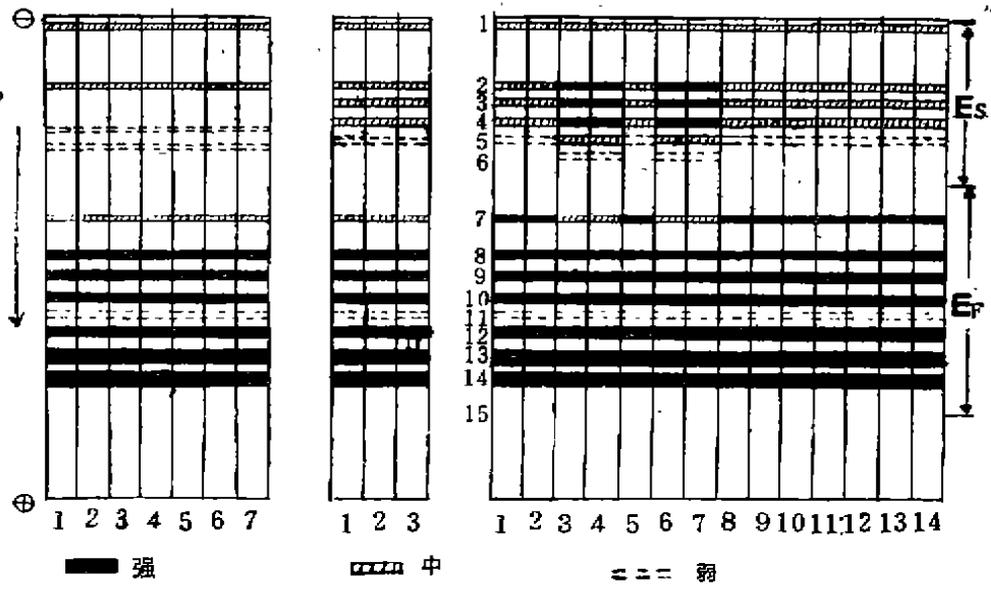


图1 中国几种特有小麦酯酶同工酶谱模式图(编号同表1)

左: 新疆稻麦 中: 西藏半野生小麦 右: 云南铁壳麦

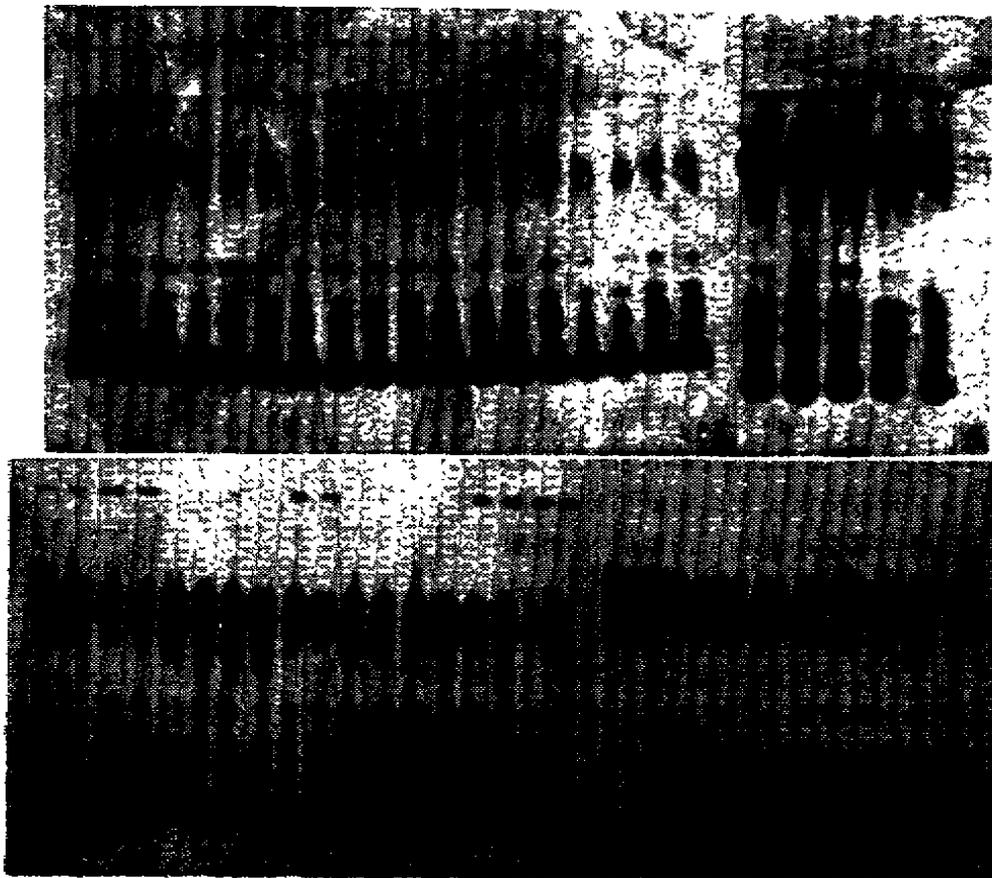


图2 中国几种特有小麦酯酶同工酶谱(材料顺序同图1, 每个材料点样两槽)

A: 新疆稻麦(5-8槽为吐鲁番稻麦, 本文未讨论); B: 西藏半野生小麦(9号材料点样一槽); C: 云南铁壳麦(1-9号材料); D: 云南产壳麦(9-14号材料)。

明它们的基因分子水平还有较大的分化和变异,享有共同的基因库。彼此之间亲缘关系较近。然而从酶谱差异性进一步探讨它们之间亲缘关系时,西藏半野生小麦和云南铁壳麦无论快带慢带都相似,亲缘关系更近,这与邵启全、崔运兴从穗部形状及遗传距离的远近把两者划归同一类群是相吻合的。新疆稻麦慢带模糊不清,而且少第3条,这可能是与进化水平有关。就同种不同来源而言,3份西藏半野生小麦酶谱完全相同,在杂交育种中进行亲本选配时可随机利用,而新疆稻麦和云南铁壳麦个别材料存在着酶带的增减以及活性强弱有别,导致这些因素的原因可能与各自来源环境条件有关,即在进化过程中受气温、湿度、光照等因素的影响使某些基因位点发生了细微变化。所以我们利用这些原始的野生资源时,特别是杂交育种中,进行亲本选配时一定要注意材料间的细微变化,将有利基因引用于生产。

参 考 文 献

- [1] 邵启全、李长森、巴桑次仁,1980: 遗传学报。(7): 148—156。
- [2] 余光泽,1981: 研究工作年报。中国科学院遗传研究所。
- [3] 周光宇,1983: 植物生理学通讯。(1): 1—4。
- [4] 胡能书、万贤国,同工酶技术及其应用。湖南出版社。
- [5] 崔运兴、马继生,1990: 植物学报。32(1): 39—44。

ESTERASE ISOZYME STUDY OF INDIGENOUS WHEAT TO CHINA

Liu Fang

(Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural
University, Dajiangyan 611830)

Abstract By means of polyacrylamide gel slab electrophoresis, the esterase isozyme of young buds from 24 accessions of indigenous wheat to China was analysed. The result showed that zymogram variation did not be found obviously among same species from different distribution districts, and zymogram variation could be found obviously among different species. *Triticum aestivum* ssp. *yunnanenses* Keng was genetically close related to Tibet semi-wild wheat. Both of them are in the same level of evolution and belong to one taxonomical group. Xinjiang rice wheat is a special group, having its own evolutionary process.

Key words Chinese unique wheat; Esterase; Isozyme