

## 节节麦的酯酶同工酶分析

兰秀锦, 刘登才, 魏育明, 颜泽红, 郑有良

(四川农业大学小麦研究所, 四川都江堰 611830)

**摘要:** 对 30 份不同来源的节节麦进行 4 个时期的酯酶同工酶分析。结果表明: 不同来源节节麦的酯酶同工酶存在较大差异, 共分成 15 种基本类型。我国黄河流域的 10 份节节麦被划分为 2 个基本类型, 但二者关系极为相近; 新疆节节麦与之有一定差异, 但在相似系数  $\leq 0.820$  时可视为一类。所有材料在 4 个时期之间没有出现一个完全相同的酶带类型, 说明酯酶同工酶随发育时期而不断变化。

**关键词:** 节节麦; 酯酶; 同工酶; 聚类分析

**中图分类号:** Q945.6<sup>+</sup>5 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3142(2001)01-0077-04

## Diversity of esterase isozyme in *Aegilops tauschii* Cosson

LAN Xiu-jin, LIU Deng-cai, WEI Yu-ming,  
YAN Ze-hong, ZHENG You-liang

(Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, Sichuan Dujiangyan 611830, China)

**Abstract:** The esterase isozyme of 30 accessions of *Aegilops tauschii* were studied by means of polyarylamide gel electrophoresis. The results showed significant difference of esterase in all of the four stages i. e. seeding, Shooting, flag leaf and young ear, which patterns can be divided into 15 types. Ten accessions from middle reaches of the Yellow River belonged to two patterns with a similarity coefficient 0.984. Two accessions of Xinjiang belonged to one pattern and was different from that of middle reaches of Yellow River. No same esterase isozyme has been found in the four stages. It showed that esterase isozyme related to growing and development of plants.

**Key words:** *Aegilops tauschii* Cosson; esterase; isozyme; cluster analysis

节节麦 (*Aegilops tauschii* Cosson) 作为普通小麦 D 染色体组的供体种, 存在着较普通小麦 D 染色体组更大的遗传多样性, 利用这些野生资源所具有的丰富遗传变异进行优良基因的筛选, 并将其转移到栽培品种中是育种工作者共同的愿望。在利用这些野生资源的同时, 对其进行相关的基础研究十分必要。目前普遍认为中东地区是

小麦的起源中心, 那里天然地分布着大量的小麦野生类型, 如节节麦。此外, 节节麦在前苏联及中国等地也有分布。本文试图通过对不同来源节节麦的多个时期酯酶同工酶分析, 以期对这个种的酯酶同工酶特征有一个较全面的认识, 并对这个种的种内遗传多样性进行比较, 为传统分类提供补充依据。

收稿日期: 1999-09-09

作者简介: 兰秀锦 (1963-), 男, 副研究员, 小麦遗传育种专业。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (39870547)、省教委重点科研项目的部份内容。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

所有 30 份节节麦均由四川农业大学小麦研究所保存和提供。其中新疆、陕西和河南节节麦为该单位采集。而中国农科院、伊朗、以色列等节节麦为该所征集而来(表 1),表上“来源”一栏不能完全代表材料的原生长地。

表 1 节节麦的编号及来源  
Table 1 The numbers and sources of 30 accessions of *Aegilops tauschii*

编号 No.	来源 Sources	编号 No.	来源 Sources
60	美国 USA	77	河南 Henan
61	法国 France	78	河南 Henan
62	德国 Germany	79	河南 Henan
63	加拿大 Canada	80	河南 Henan
64	加拿大 Canada	81	河南 Henan
65	美国 USA	82	河南 Henan
66	美国 USA	86	中国农科院 CAAS
67	伊朗 Iran	2386	日本 Japan
68	美国 USA	2388	日本 Japan
69	中国农科院 CAAS	2393	以色列 Israel
71	新疆 Xinjiang	2399	以色列 Israel
72	新疆 Xinjiang	2405	以色列 Israel
74	陕西 Shaanxi	2407	以色列 Israel
75	陕西 Shaanxi	2410	河南 Henan
76	陕西 Shaanxi	2564	以色列 Israel

### 1.2 方法

所有材料于 1998 年 11 月播种于小麦所试验地,分别于分蘖期和拔节期各取幼嫩叶片,孕穗期取剑叶与幼穗若干,各样本洗净、晾干后各称取 500 mg,剪碎后加入蒸馏水 15 mL,研磨成匀浆,离心(4 000 rps/min)20 min,采用垂直平板聚丙烯酰胺凝胶电泳法<sup>[1]</sup>。每槽点样 50  $\mu$ L,样品上覆盖一层 40%的蔗糖溶液。分离胶浓度为 7.2%,浓缩胶浓度为 3.1%,用溴酚蓝作前沿指示剂。酯酶采用醋酸萘酯—坚牢蓝染色法,室温下染色。

$$Rf = \frac{\text{酶带迁移距离}}{\text{溴酚蓝迁移距离}}$$

### 1.3 数据处理

聚类分析按方开泰方法进行<sup>[2]</sup>

$$\text{酶谱相似系数} = \frac{\text{两个分类群中相同酶带数}}{\text{两个分类群中酶带总数}}$$

## 2 结果

### 2.1 酯酶同工酶与生长发育阶段的关系

从表 2 可以看到,所有节节麦在 4 个时期均表现出不同的带型,表明同一材料的酯酶同工酶随生长阶段不断变化。就被测材料而言,苗期共形成 9 条酶带,8 种类型;拔节期 14 条酶带,9 种类型;剑叶 8 条酶带,6 种类型;幼穗 14 条酶带,8 种类型。其中,拔节期各带型间无共同酶带;而苗期  $Rf=0.25, 0.28$ , 剑叶  $Rf=0.28$  和幼穗  $Rf=0.56, 0.59$  为所有居群的共有酶带。从活性较强的酶带分布来看,苗期的  $Rf=0.25$  和  $0.28$ , 拔节期的  $Rf=0.26, 0.31, 0.34$  和  $0.37$ , 剑叶  $Rf=0.24, 0.28, 0.32$  和  $0.35$  分布较为集中,即主要分布在  $Rf \leq 0.37$  的慢移动区域。而幼穗则分布较宽,  $Rf \geq 0.56$  区域明显多于各时期叶片。

### 2.2 节节麦的酯酶同工酶类型

将 4 个时期酯酶同工酶带型相同的节节麦居群归在一起,得到 15 个基本类型(表 3)。第 1 类有 6 份节节麦,第 2 类为 7 份,第 6 类为 3 份,第 8 和第 14 类为各 2 份,其余各类均只有 1 份。其中,中国黄河流域(河南、陕西)的 10 份节节麦全部集中于第 1、第 2 这 2 个基本类型中。2 份新疆节节麦为另一种类型(第 8 类)。说明中国节节麦的酯酶同工酶类型较少。而引进的节节麦由于份数所限,没有包含上述 15 种类型的全部(如第 8 类)。

### 2.3 节节麦酯酶同工酶聚类分析

聚类分析是用数学的方法将一批样品(变量),按照它们性质的亲疏程度进行分类的科学<sup>[2]</sup>。相似系数越接近于 1,则它们之间的关系越近,相似系数越接近于 0,则它们之间的差异越大。将每一基本类型 4 个时期的酯酶同工酶带型并列后进行聚类,结果见图 1。从图 1 可知,包含了我国黄河流域的第 1 和第 2 类之间,相似系数为 0.984,是最为接近的 2 个类型,说明二者之间酯酶同工酶差异极小,几乎可为一类。2 份新疆节节麦在相关系数  $> 0.820$  时,则它们与黄河流域的节节麦各为一类,在相关系数  $\leq 0.820$  时,则视为 1 个类型。所有节节麦在相关系数  $\leq 0.551$  时,

则视为 1 个类。总之,整个 15 个基本类型的相似程度在图 1 上一目了然。

### 3 讨 论

就被测材料而言,其酯酶同工酶可以划分为 15 个基本类型,我国黄河流域的节节麦属于 2 个基本类型,说明它们在酯酶同工酶方面存在一定

的遗传差异,但差异极小,其相似系数为 0.984;2 份新疆节节麦与前者差异较大,在相似系数  $\leq 0.820$  时可视为一类。由于试验材料数量所限,中东地区材料较少。从张学勇<sup>[4]</sup>对节节麦醇溶蛋白分析中已经表明,我国中原地区节节麦为一个类型,新疆为另一类,而中东地区具有更多的类型。

表 2 各时期酯酶同工酶类型  
Table 2 Esterase isozymc patterns in four stages

时期 Stages	类型 Patterns	酶带 Rf													
		0.25	0.28	0.42	0.48	0.51	0.58	0.64	0.68	0.73					
苗期 Seeding	1-1	++	++		-										
	1-2	++	++	-	-		+	+							
	1-3	++	++	-	-										
	1-4	-	-			+									
	1-5	+	+		-										
	1-6	++	++		+										
	1-7	++	++		-										
	1-8	++	++					-	-	+					
		Rf													
拔节 Shooting	2-1	+	++	+	++	-	-	-	+	+			+	-	
	2-2	+	++	+	++	-	-	-	+						
	2-3	+	++	+	++	-	-	-	+	-	-				
	2-4	-	-		-					+	++	+			
	2-5	-	-	-	+					+				+	-
	2-6	-	++	-							+	-	-		+
	2-7										-	-	++		
	2-8		++	+							-	-	-		-
	2-9	-	++	+	+									+	-
		Rf													
剑叶 Flag leaf	3-1	+	++	+	+	0.57	0.63	+	-						
	3-2	+	++	+	+										
	3-3	+	++			+	-								
	3-4	+	++	-	-	+	-								
	3-5		++	++	-	+	-								
	3-6		++	++	+			+	-						
		Rf													
幼穗 Young ear	4-1	0.20	++	+	0.33	0.37	0.40	-	-	+	0.63	0.66	+	+	0.85
	4-2		++	+				-	-	+					
	4-3		++	+				-	-	-			+	+	+
	4-4		++	+	+			-	-	+	+	+			+-
	4-5			+	+				+	+	+				+-
	4-6				+	++	++		-	+	+	+			++
	4-7			++	++				-	-	+			+	++
	4-8	+	++	+	-				-	-	+			+	+

注:++ 为强带;+ 为中带;- 为弱带。Note:++ Active;+ Medium;- Weak.

按照瓦维洛夫的作物起源中心学说的观点,在起源中心和次生起源中心,该作物拥有最为丰富的遗传变异类型<sup>[3]</sup>,从而进一步证明中东地区为小麦及山羊草的起源中心,因而节节麦的遗传变异非常丰富。而中国的节节麦可能是通过丝绸之路传入。由于节节麦主要分布于中东、前苏联及我

国,所以本研究中其它节节麦的“来源”并非代表其原产地。从酯酶同工酶分析看,我国中原地区节节麦仅存在微小差异,基本上可视为 1 种类型,新疆为另一类。这一结果与张学勇对节节麦醇溶蛋白的分析结论基本一致<sup>[4]</sup>。但由于不同地域生长的节节麦在长期的不同环境条件下演化,某些

表3 节节麦的酯酶同工酶带型分布

Table 3 The distributions of esterase isozyme patterns of 30 accessions of *Aegilops tauschii*

类型 Type of patterns	编号 No.	各期酶带类型 Type of patterns in the four stage			
		苗期 Seeding	拔节期 Shooting	剑叶 Flag leaf	幼穗 Young ear
		1	61 65 74 75 82 24 10	1-1	2-1
2	76 77 78 79 80 81 25 64	1-2	2-1	3-1	4-1
3	64	1-1	2-2	3-1	4-2
4	62	1-5	2-5	3-1	4-3
5	69	1-1	2-1	3-1	4-4
6	60 67 68	1-1	2-2	3-2	4-2
7	85	1-3	2-3	3-2	4-2
8	71 72	1-1	2-3	3-2	4-2
9	63	1-8	2-9	3-6	4-7
10	66	1-4	2-4	3-3	4-1
11	2393	1-7	2-8	3-4	4-8
12	2405	1-6	2-8	3-5	4-6
13	2407	1-6	2-6	3-4	4-4
14	2386 2399	1-6	2-7	3-4	4-4
15	2388	1-6	2-7	3-5	4-5

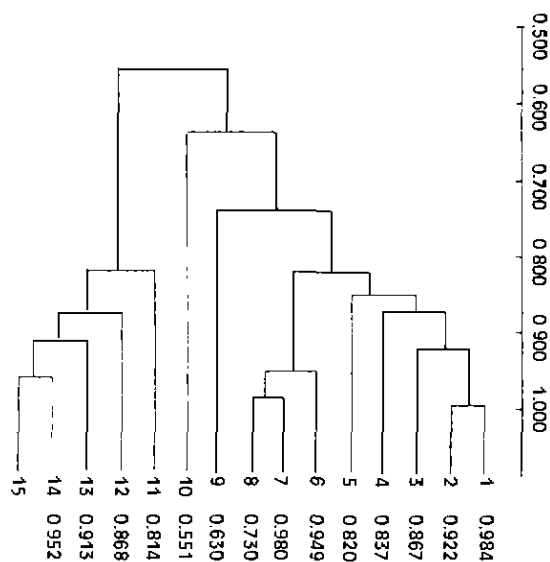


图1 节节麦的酯酶同工酶聚类分析

Fig. 1 Cluster analysis of esterase isozyme of 30 accessions of *Aegilops tauschii*

方面已经形成自己的遗传特异性,单从醇溶蛋白或同工酶带型的一致而将其视为所有遗传基因都相同的一个材料,笔者认为有欠妥当,这在我们对节节麦的休眠特性研究中已经证明<sup>[1]</sup>。

Yen chi<sup>[6]</sup>、余光泽<sup>[7]</sup>等曾进行过节节麦的酯酶同工酶分析,其目的是希望能为我国一些特有

的半野生小麦的起源提供一些信息。但他们的着重点均放在我国节节麦的个别材料上,或加上一些半野生小麦的比较,因而较难得出肯定的结果。笔者认为,如果将半野生小麦看作双二倍体,四倍体小麦和节节麦作为双亲,那么该双二倍体应该属于其双亲的互补型<sup>[8,9]</sup>,因而结合三者进行大量的同工酶测试,并作出相似性判断可能更为全面。

最后,本文关于节节麦的聚类分析是将4个时期并列进行。因为从测试结果得知,不同节节麦酯酶同工酶带型在一个时期相同,而在另一时期则可能不同,说明二者存在一定的遗传差异。这些节节麦是否具有不同的酶转化方式或转化速度有待进一步研究。

#### 参考文献:

- [1] 胡能书,万国贤. 同工酶技术及其应用[M]. 长沙:湖南科学技术出版社, 1985
- [2] 方开泰. 聚类分析[M]. 北京:地质出版社, 1981
- [3] 董玉琛. 作物品种资源[A]. 蔡旭主编. 植物遗传育种学[M]. 北京:科学出版社, 1985
- [4] 张学勇,杨欣明,董玉琛. 醇溶蛋白电泳在小麦种质遗传中的应用[J]. 中国农业科学, 1995, 28(4): 25~32
- [5] Liu D C, Lan X J, Wang Z R, et al. Evaluation of *Aegilops tauschii* Cosson for preharvest sprouting tolerance [J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1998, 45: 495~498
- [6] Yen C, Yang J L, Liu X D, Li L R. The distribution of *Aegilops tauschii* Cosson in China and wheat reference to the origin of the Chinese common wheat[A]. Proc. 6th. Int. wheat Genet. Symp. Kyoto, Japan, 1983: 55~58
- [7] 余光泽. 中国地方小麦品种及其近缘野生植物同工酶的分析[A]. 中国科学院遗传研究所. 研究工作年报[C]. 1981, 150~151
- [8] 兰秀锦,喻春莲,刘登才等. 矮兰麦和节节麦及其双二倍体的酯酶同工酶分析[J]. 西南农业学报, 1998, 11(2): 115~118
- [9] 滕晓月,石屹. 普通小麦、簇毛麦及其双二倍体的酯酶同工酶分析[J]. 作物学报, 1995, 21(3): 377~379