

聚类分析在金针菇杂交育种中的应用

胡国元

(湖北民族学院应用微生物研究所 恩施 445000)

朱兰宝 周玉麟

(华中农业大学应用真菌研究所 武汉 430070)

摘要 对 12 个金针菇菌株两种生化标记(酯酶和可溶性蛋白)进行了筛选研究。采用多元统计方法,进行聚类分析。结果表明,供试菌株可分为四个类群。按照亲本的遗传相似系数,对各杂交组合的杂种优势进行了检测,实际结果表明,不同杂交组合的产量与预测结果基本一致。群内组合为低产组合,群间组合杂种优势较强。

关键词 金针菇,生化标记,聚类分析,杂交育种

分类号 Q933

亲本选择是杂交育种工作的关键。由于无法进行种质资源分类,阻碍了对菌株间和菌株内遗传变异的利用^[1]。Royse 等研究指出:生化基因位点的变化可作种质资源分类的显性标记,进行基因型分类^[1]。异型酶的资料可用于食用菌亲缘关系分析及食用菌育种策略的制定^[2]。遗传相关性最小的菌株间杂交则可丰富遗传多样性^[1]。

本研究对金针菇(*Flammulina velutipes*) 12 个菌株的不同生长发育期(菌丝体液培 10d, 15d, 20d)酯酶同工酶和可溶性蛋白进行标记区带的筛选。采用多元统计的方法,分析菌株遗传差异,以期探讨早期进行种质资源分类的有

效方法,从而指导杂交育种的选择,并对杂种优势进行早期预测。

1 材料与方法

1.1 菌株

12 个供试菌株均由华中农业大学应用真菌研究所提供。它们最初来源于三明真菌研究所(8 号)、湖南平江县(13 号)、北京农业大学(24 号)和华中农业大学(9、10、11、12、27、063、103、049、013 号)。

农业部八五重点资助课题

1997-03-03 收稿

1.2 样品制备参见文献 [3].

1.3 同工酶电泳参见文献 [3, 4].

1.4 电泳区带命名参见文献 [3].

1.5 数据处理分析

在垂直板状聚丙烯酰胺凝胶电泳表型中出现的标记区带,按出现记为“1”,没有出现记为“0”进行统计。

菌株间相似系数(S_c)按 Nei 等^[5]的公式进行计算,其公式为:

$$S_c = \frac{2M_{xy}}{M_x + M_y + 2M_{xy}}$$

式中 M_x 表示 x 菌株所独有的区带数; M_y 表示 y 菌株所独有的区带数; M_{xy} 表示 x 、 y 菌株共有的区带数。

菌株间亲缘关系的树状图谱采用系统聚类法中的类平均法生成^[6]。

2 结果与分析

12 个供试菌株中检出 25 条标记区带(见表 1、表 2)按上述方法统计并计算菌株间相似系数。

利用供试菌株两两间的相似系数,采用类

表1 金针菇菌丝体不同生长期酯酶同工酶标记区带

菌株号	酯酶标记区带及其编号											
	90	100	110	120	150	160	180	190	210	230	280	290
8	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
013	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
27	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1
10	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1
063	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1
11	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1
9	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1
049	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
13	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1
103	1	1	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1
12	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
24	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1

表2 金针菇菌丝体不同生长期可溶性蛋白标记区带

菌株号	可溶性蛋白标记区带及其编号												
	30	100	130	150	170	180	200	210	220	240	250	260	270
8	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0
013	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
27	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
10	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0
063	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	0
11	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
9	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0
049	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0
13	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
103	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0
12	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0
24	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1

平均法进行聚类分析,其结果如图 1。

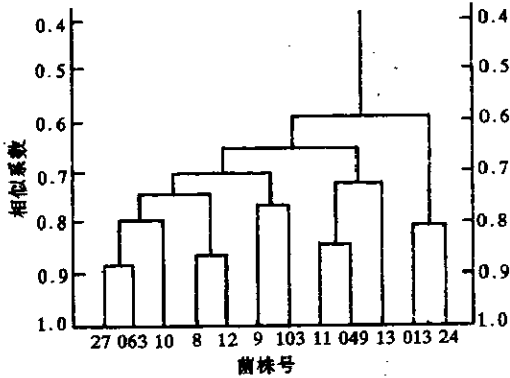


图1 供试12个金针菇菌株相似系数聚类图

由图 1 可看出,供试金针菇菌株以相似系数为 0.71 作划分标准,被分成 4 大类,第 1 类包括 8、10、12、27、063 号菌株,第 2 类包括 9、103 号菌株,第 3 类包括 11、13、049 号菌株,第 4 类包括 013、24 号菌株。

供试菌株中 013、063、049、103 号分别为 4 个杂交组合(即 8 号 × 27 号,10 号 × 11 号,9 号 × 13 号,12 号 × 11 号)杂交后代中的一个。本研究进行的金针菇杂交为种内杂交。据 May 和 Royse 的观点^[2],杂交亲本的相似系数至少不得超过 0.70。除 8 号 × 27 号这一杂交组合外,其余三个杂交组合相似系数均在 0.70 以下。

根据遗传差异较大的亲本间杂交后代杂种优势强的原理。杂交组合 8 号 × 27 号为群内组合,10 号 × 11 号,9 号 × 13 号,12 号 × 13 号均为群间组合。一般来说,群内杂交组合杂种优势较弱,群间的杂种优势较强。由此预测:063、103、049 号具较强杂种优势,而 013 杂种优势较弱。

栽培验证结果见表 3。

表 3 中结果与前面预测结果基本相符。

表3 四个杂交菌株的产量杂种优势

菌株号	每瓶鲜重	亲本组合	优势率 ¹⁾ (%)	位次
063	120.22	10号×11号	61.67	1
103	98.61	12号×13号	24.50	2
049	78.33	9号×13号	1.54	3
013	67.35	8号×27号	-8.67	4

1) 优势率以 $\frac{(F_1 - \text{高值亲本})}{\text{高值亲本}} \times 100\%$ 表示

3 讨论

相似系数计算结果表明各供试菌株虽各有一定差异,但各菌株间相似程度较高。由此表明,供试菌株遗传变异并不丰富,这与 Royse 和 May 研究双孢蘑菇的结论相一致^[7]。

聚类分析结果与栽培品比实验基本相符。因而聚类分析可作为评估种质资源的有效手段,且可指导杂交亲本选择,选择遗传相关性小的菌株进行杂交,实行定向目标育种。应用聚类分析可进行早期预测杂种优势,从而增加育种的主动性和有效性,也可节省人力物力。

参 考 文 献

- [1] Royse D J, May B. Mycologia, 1982,74(4):569~575.
- [2] May B, Royse D J. 国外食用菌,1992,1:39~44.
- [3] 胡国元,朱兰宝,周玉麟. 华中农业大学学报,1997,16(1):56~60.
- [4] 胡能书,万贤国编. 同工酶技术及其应用. 长沙:湖南科学技术出版社,1985,30~47,85.
- [5] Nei M, Li W H. Proc Natt Acad Sci USA, 1979, 5269~5273.
- [6] 余家林编著. 北京:北京农业出版社,1993. 141~159.
- [7] Royse D J, May B. Agric Bioc Chem, 1989, 53(1): 2861~2866.

APPLICATION OF CLUSTER ANALYSIS IN CROSSBREEDING IN *FLAMMULINA VELUTIPES*

Hu Guoyuan

(institute of applied microbiology Hubei institute for nationalities, Enshi 445000)

Zhu Lanbao Zhou Yulin

(institute of applied mycology Huazhong agricultural university, Wuhan 430070)

Abstract Two biochemical markers (esterase, soluble protein) were screened in 12 strains of *Flammulina velutipes*. Cluster analysis based on coefficient of genetics similarity among the strains of *Flammulina velutipes* was carried out by UPGMA. Classification of the 12 tested strains were subdivided into four groups. The results based on the coefficient of genetics similarity to select parents for hybridization and predict their heterosis of the tested hybrid strains were coincided with their actual yields. Heterosis of hybrid combinations among groups were found higher than within groups.

Key words *Flammulina velutipes*, Biochemical markers, Cluster analysis, Crossbreeding