

BERKELEY  
LIBRARY  
UNIVERSITY OF  
CALIFORNIA

Bioscience & Natural  
Resources Library

UNIVERSITY OF CALIFORNIA  
LIBRARY

1993

ISSN 1009-9841

# 大豆科学

SOYBEAN SCIENCE

第 12 卷

第 1 期

Vol. 12

No. 1

SB

205

S7

T3

V12

B105

1993

## 参 考 文 献

- [1] Ausubel, F. M., et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York, 1987
- [2] Day, A. David., et al., Carbon Metabolism and Compartmentation in Nitrogen-fixing Legume Nodules, Plant Physiol. Biochem., 1991, 29(2): 185~201
- [3] James K. Waters; Isolation of the Gene For Malate Dehydrogenase from *Bradyrhizobium japonicum*, PhD Thesis, University of Missouri, Columbia, MO, 1991
- [4] Oka, A., et al., Nucleotide Sequence of the Kanamycin Resistance Transposon Tn 903, J. Mol. Biol., 1981, 147: 217~226

INSERTIONAL INACTIVATION OF THE MALATE DEHYDROGENASE  
GENE FROM BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM

Wang Qingyin Huang Yongfen

(Department of Biology, Harbin Normal University, Harbin, 150080)

David W. Emerich

(Department of Biochemistry, University of Missouri, Columbia, MO 65211, USA)

## Abstract

The objective was to insert a kanamycin resistance gene into the gene for malate dehydrogenase (mdh) from *Bradyrhizobium japonicum*. First, a kanamycin resistance gene (Pharmacia) sold as a EcoR I fragment of DNA was ligated into EcoR I restriction site of a cloning vector called pTZ18U. The pTZ18U vector itself has a gene for resistance to ampicillin. The pTZ18U-Kan' plasmid was transformed into E. Coli and Amp', Kan' colonies were selected. The pTZ18U-Kan' plasmid DNA was isolated by the boiling mini-prep method and then cut with the restriction enzyme EcoR I to verify the procedure. Next, the malate dehydrogenase gene was cut with the restriction enzyme Sal I and the pTZ18U-Kan' vector was also cut with Sal I. The kanamycin resistance gene was ligated into the middle of the gene for malate dehydrogenase. The insertion of the kanamycin cassette inactivates malate dehydrogenase gene. This plasmid was transferred into *Bradyrhizobium japonicum* by electroporation to test the effect of an inactive malate dehydrogenase gene on nitrogen fixation by soybean.

**Key words** *Bradyrhizobium japonicum*; Malate dehydrogenase gene; Insertional inactivation; Electroporation

# 豆田龟纹瓢虫空间分布型 及其应用的初步研究\*

张晓波 王晓丽 朱 瑜 李廷绪 张柏香

(吉林省吉林市农业科学研究所)

## 提 要

聚集度指标测定、Iwao's  $M^*$ 、 $\bar{X}$ 线性回归和 Taylor's 幂的法则分析结果表明:豆田龟纹瓢虫的空间分布型为聚集型,其基本成分是个体群,且聚集度随种群密度增加而升高。聚集的原因是由环境条件引起的。由于属聚集分布,用 Iwao's 资料代换法求取每块田龟纹瓢虫的相应  $y$  值。根据 Iwao's 抽样公式和序贯抽样公式的计算结果,为大豆蚜虫的防治提供理论依据。

**关键词** 龟纹瓢虫;空间分布型;抽样

龟纹瓢虫 (*Propylaea japonica Thunberg*) 是吉林地区田豆大豆蚜虫的优势天敌种群,为了明确豆田龟纹瓢虫的发生量及其分布,更好地发挥以瓢治蚜的作用及指导采用化学防治,我们在调查大豆蚜虫的同时,对龟纹瓢虫的空间分布型及其应用进行了初步研究。

## 材 料 与 方 法

(一) 1988~1990年在豆田龟纹瓢虫盛发期,选择不同类型(品种、瓢虫发生量)的豆田9块,采用平行两行连续取样法,每块田调查200m<sup>2</sup>,以1m<sup>2</sup>为1样方,分别记载每样方瓢虫数。以每块田为一组,列成次数分布表,统计出平均虫口密度( $\bar{X}$ )及变异量( $S^2$ ),并用测定空间分布型聚集度指标法测得的结果一并列入表1。

(二) 在测定聚集度指标的基础上,计算出理论抽样数。

(三) 在确定龟纹瓢虫空间分布型及聚集原因的基础上,继续作序贯抽样的分析。

## 结 果 与 分 析

(一) 龟纹瓢虫在豆田的空间分布型

\* 本文于1991年7月15日收到。 This paper was received on July 15, 1991.

1. 聚集度指标测定 当  $K > 0, C_A > 0, M^* / \bar{X} > 1, L / (1 + \bar{X}) > 1, I_0 > 1$  时, 种群属聚集分布。测定结果表明: 豆田内龟纹瓢虫在不同密度下均为聚集分布(表 1)。

表 1 豆田龟纹瓢虫聚集度指标测定

Table 1 Measurement of the indices of aggregation intensity on *Propylaea Japonica* Thunberg in soybean fields

项 目 田 号 Field number	样方数 Samples number (N)	平均密度 Average density ( $\bar{X}$ )	方差 Square error ( $S^2$ )	Lloyd's		Waters $K = \bar{X} / (S^2 / \bar{X} - 1)$	Kuno $C_A = 1 / K$	丁氏扩散型指标		Blackith's ( $\lambda$ ) = $\frac{\bar{X}}{2K}$
				$M^* = \bar{X} + (S^2 / \bar{X} - 1)$	$M^* / \bar{X}$			D. Prolif eration index $\frac{L}{1 + \bar{X}} = \frac{1 + \bar{X} + \bar{X} / K}{1 + \bar{X}}$	Morisita $I_0$	
1	200	0.345	0.5460	0.9276	2.6287	0.5922	1.6886	1.4332	2.7280	0.1311
2	200	0.370	0.5731	0.9189	2.4836	0.6741	1.4835	1.4007	2.5176	0.1235
3	200	0.290	0.4359	0.7931	2.7343	0.5764	1.7349	1.3900	2.7828	0.1132
4	200	0.360	0.5390	0.9128	2.5350	0.6513	1.5354	1.4064	2.6559	0.1244
5	200	0.350	0.5475	0.9143	2.6123	0.6203	1.6121	1.4179	2.6501	0.1270
6	200	0.820	0.7681	0.8587	1.3845	2.6004	0.3846	1.1472	1.3857	0.5187
7	200	0.850	4.5700	5.2266	6.1480	0.1940	5.1546	3.3683	6.1600	0.9858
8	200	1.360	7.3030	3.5690	2.6240	0.3112	3.2090	2.8518	4.2048	0.9833
9	200	1.780	6.9116	4.1573	2.3356	0.7487	1.3356	1.8552	2.3621	0.5349

注:  $K < 0, C_A < 0, M^* / \bar{X} < 1, L / (1 + \bar{X}) < 1, I_0 < 1$  为均匀分布 Uniform distribution  
 Note  $K \rightarrow \infty, C_A = 0, M^* / \bar{X} = 1, L / (1 + \bar{X}) = 1, I_0 = 1$  为随机分布 Random distribution  
 $K > 0, C_A > 0, M^* / \bar{X} > 1, L / (1 + \bar{X}) > 1, I_0 > 1$  为聚集分布 Aggregation distribution

2.  $M^*, \bar{X}$  线性回归法测定 以 Iwao (1971, 1972) 的平均拥挤度 ( $M^*$ ) 与平均数 ( $\bar{X}$ ) 的回归关系检验:  $M^* = \alpha + \beta \bar{X}$ 。当  $\alpha = 0$ , 分布的基本成分是个体;  $\alpha > 0$ , 则分布的基本成分是个体群。而  $\beta = 1$ , 基本成分的空间分布为随机型;  $\beta > 1$ , 为聚集型。检验结果:  $M^* = 0.1990 + 2.6065 \bar{X}$  ( $r = 0.7865^{**}, P < 0.05$ ), 说明豆田内龟纹瓢虫分布的基本成分是个体群, 而个体群的分布为聚集分布。

3. Taylor 幂法则测定 Taylor's 法则:  $S^2 = a \bar{X}^b$ 。式中  $b$  是一个聚集特征的指数,  $b = 1$  时, 为随机分布;  $b > 1$  时, 为聚集分布。

计算 9 组材料得:  $S^2 = 3.4100 \bar{X}^{1.6939}$  ( $r = 0.9542^{**}, P < 0.01$ ),  $b = 1.6939 > 1$ , 亦说明豆田内龟纹瓢虫的分布为聚集分布。Taylor 认为,  $a > 1, b > 1$  时, 种群在一切密度下都一致呈聚集分布, 且聚集度随平均密度的升高而增加。测定表明, 豆田内龟纹瓢虫符合这一结果。

(二) 影响龟纹瓢虫聚集的原因分析

应用 Blackith (1961) 的种群聚集均数 ( $\lambda$ ) ( $\lambda = \frac{\bar{X}}{2K} \cdot r$ ) 检验龟纹瓢虫在豆田的聚集原因。其原理是当  $\lambda < 2$  时, 聚集是由某些环境因子引起的;  $\lambda \geq 2$  时, 聚集原因可能是由种群本身聚集特性与环境的异质性两因素共同作用引起的。

对 9 块田资料测定结果: 龟纹瓢虫在豆田形成的聚集团其聚集均数 ( $\lambda$ ) 均小于 2, 说明其聚集分布可能是由某些环境条件所引起的。我们在观察和记载中, 发现大豆蚜虫在豆田呈聚集分布, 和刘章富 (1986) 测定大豆蚜虫的空间分布为聚集型相一致。大豆蚜虫聚集的地方, 龟纹瓢虫也多, 这说明了其食料大豆蚜虫是影响龟纹瓢虫在豆田呈聚集分布的一个客观环境条件。

(三) 龟纹瓢虫的资料代换

上述测定表明, 豆田内龟纹瓢虫种群属聚集分布, 而生物统计方法, 仅适用于正态分布的资料, 即认为均数 ( $\bar{X}$ ) 与方差 ( $S^2$ ) 是独立的, 因而必须进行资料代换, 以转换成一个新的稳定的方差范畴。徐汝梅 (1980) 对温室白粉虱成虫的空间分布资料, 采用 Iwao 法代换, 效果最佳。因此, 我们也用该法代换, 其模式为:

$$y = f(x) = C \int \frac{1}{\sqrt{(\alpha+1)x + (\beta-1)x^2}} dx$$

以  $x$  代表原始资料值, 以  $y$  表示代换后的值,  $c$  为任意常数。将  $\alpha = 0.1990, \beta = 2.6065$  代入得:

$$y = \frac{1}{\sqrt{1.6065}} \ln(3.213x + 1.1990 + 62.5350 \sqrt{1.1990x + 1.6065x^2})$$

用此式可求每块田龟纹瓢虫的相应  $y$  值。

(四) 龟纹瓢虫理论抽样数的确定

根据 Iwao 抽样公式:

$$n = \frac{i}{D} (\frac{\alpha+1}{\bar{X}} + \beta - 1)$$

式中  $n$  为所需抽样的理论数量,  $\bar{X}$  为预备调查时每样方 ( $1m^2$ ) 的虫口数,  $\alpha, \beta$  为平均拥挤度指标,  $D$  为允许误差值。现从生产实际出发, 取  $D = 0.2$ , 将前述  $\alpha, \beta$  代入公式得:

$$n = \frac{30.0}{X} + 40.2 \text{ (单位 } m^2 \text{)}$$

现将龟纹瓢虫不同密度 ( $\bar{X}$ ) 和允许误差 ( $D$ ) 下理论抽样数列表计算成表 2。

表 2 龟纹瓢虫理论抽样数表

Table 2 Theoretical sampling number of *Propylaea Japonica* Thunberg

$\bar{X} \backslash D$ $n$	$D$			$\bar{X} \backslash D$ $n$	$D$		
	0.1	0.2	0.3		0.1	0.2	0.3
0.25	640.3	160.2	71.1	3.0	200.7	50.2	22.3
0.3	560.4	140.2	62.2	3.5	195.0	48.8	21.7
0.5	400.5	100.2	44.5	4.0	190.7	47.7	21.2
1.0	280.6	70.2	31.2	4.5	187.3	46.9	20.9
1.5	240.6	60.2	26.8	5.0	184.7	46.2	20.6
2.0	220.7	55.2	24.6	5.5	182.5	45.7	20.3
2.5	208.7	52.2	23.2	6.0	180.7	45.2	20.1

由表 2 可知, 随着平均虫口密度的增加, 理论抽样数不断下降, 且当每  $m^2$  虫口密度在 1.5 头以下, 随着密度的降低, 理论抽样数呈直线剧增型; 而每  $m^2$  虫口密度在 1.5 头以

上,随着密度的增加,理论抽样数呈缓慢下降型。根据调查,我们认为,豆田内龟纹瓢虫普查,一般轻发生田( $\bar{x} < 1.0$ 头),查70~160m<sup>2</sup>;中、重发生田查45~70m<sup>2</sup>,即可刻划出被调查田的发生情况。

#### (五)空间分布型在序贯抽样中的应用

根据大豆蚜虫防治指标及天敌单位和蚜虫之比,百株蚜量达1500头时,龟纹瓢虫每m<sup>2</sup>低于5头时,就需要进行药剂防治大豆蚜虫。为了确切地落实防治地块,我们在调查大豆蚜虫的同时,调查了龟纹瓢虫的数量,田间采用平行线取样法,容易增加样点与瓢虫相遇的机会,可通过序贯抽样方法调查龟纹瓢虫的发生量,以确定是否开展化学防治。

Iwao提出的昆虫种群聚集分布的新序贯抽样公式为:

$$T_0' = Nm_0 + t \sqrt{N[(\alpha+1)m_0 + (\beta-1)m_0^2]} \dots\dots A$$

$$T_0'' = Nm_0 - t \sqrt{N[(\alpha+1)m_0 + (\beta-1)m_0^2]} \dots\dots B$$

式中: $T_0'$ 、 $T_0''$ 为接收或拒绝的计算数据标准, $N$ 为抽样数, $t$ 为95%的置信度, $m_0$ 为临界值。将 $m_0=5$ , $t=1.96$ , $\alpha=0.1990$ , $\beta=2.605$ 代入A、B式中,求得序贯抽样数如表3。

表3 龟纹瓢虫的序贯分析表

Table 3 Order analysis of *Propylaea Japonica Thunberg*

N	$T_0''$	$T_0'$	N	$T_0''$	$T_0'$
10	7.9	92.1	60	196.9	403.1
20	40.4	159.6	70	238.6	461.4
30	77.1	222.9	80	280.9	519.1
40	115.8	284.2	90	323.7	576.3
50	155.8	344.2	100	366.8	633.2

由表3可知,当实际调查一定抽样数量N的累计瓢虫数(dm):即 $T_0'' < dm < T_0'$ ,应继续抽样调查;当 $dm \leq T_0''$ ,表示田间龟纹瓢虫口密度不能控制大豆蚜虫的为害,应立即开展化学防治;当 $dm \geq T_0'$ 时,田间大豆蚜虫口密度被龟纹瓢虫所控制,不需要进行化学防治。例如调查30m<sup>2</sup>,累计龟纹瓢虫数少于77.1头则田间龟纹瓢虫口密度不能控制大豆蚜虫的为害,应需对大豆蚜虫进行化学防治;超过222.9头则田间大豆蚜虫口密度被龟纹瓢虫所控制,不需防治大豆蚜虫;如在两者之间,继续往下抽样。

#### 参 考 文 献

- [1] 丁岩钦,1980.《昆虫种群生态学原理与应用》,北京,科学出版社,113~124
- [2] 郭祥光,1985.《昆虫生态学的常用数学分析方法》(修订本),北京,农业出版社,503~517
- [3] 陈其翔等,1988.《蚜虫及其防治》,上海,上海科学技术出版社,123~125
- [4] 刘章富,1986.大豆蚜虫空间分布型及序贯抽样技术,植物保护,12(4):16~18
- [5] 徐汝梅等,1980.温室白粉虱成虫空间分布型的研究,昆虫学报,23(3):265~275
- [6] Iwao, S., 1971. An approach to the analysis of aggregation pattern in biological populations. Statistical Ecology, 461~514

## A PRELIMINARY STUDY ON DISTRIBUTION PATTERN OF *PROPYLAEA JAPONICA THUNBERG* IN SOYBEAN FIELDS

Zhang Xiaobo Wang Xiaoli Zhu Yu Li Tingxu Zhang Baixiang

(Jilin City Institute of Agricultural Sciences)

### Abstract

The results obtained by measurement of the indices of aggregation intensity, analysis of Iwao's  $M' \bar{X}$  regression and of Taylor's spower rules indicated that the spatial distribution pattern of *Propylaea japonica Thunberg* in soybean fields showed aggregation distribution and individual group. And its aggregation degree increased with increase of population density. Aggregation was caused by environmental conditions. Because the distribution showed aggregation performance, the corresponding Y value of *Propylaea Japonica Thunberg* in every fields was calculated by Iwao's data replacement method. The calculated results by Iwao's sampling formula and order sampling formula could be used as theoretical basis for prevention and control of soybean aphids.

**Key words** *Propylaea japonica Thunberg*; Spatial distribution pattern; Sampling

### 马铃薯拌种剂

马铃薯拌种剂是黑龙江省农科院土肥所90年代最新研究成果。根据马铃薯的生理特性和营养特点,调整了稀土元素的成分,并添加了必要的微量元素和生理活性物质研制成功的。该产品在中等地力条件下增产10~12%,淀粉绝对含量增加1.2%,每亩多收马铃薯190公斤,多出淀粉25公斤,产投比30:1。每袋120克,拌两亩地种薯。

崔文霞

(“大豆科学”编辑部)