

# 八眉猪蛋白质多态位点上的遗传分化\*

吴彦虎\*\* 路兴中

(西北农业大学动物科学系, 陕西杨陵·712100)

**摘要** 以血清蛋白质和酶多态位点作为遗传标记,通过检测八眉猪四大产区六个亚群的遗传组成,对八眉猪群体内的遗传变异进行了分析和探讨。结果表明,八眉猪亚群间在个别位点上有较大分化,主要是 Po 和 Hp 位点;八眉猪亚群间遗传变异占其总群体的4.15%,八眉猪群体内的遗传变异占我国部分地方猪种(或群体)总和的10.84%;亚群间的亲缘关系以 L 和 Ch 亚群最近,与 HD 亚群最远,亚群间的分化具有一定的层次,即主要是中心产区与一般产区的分化。

**关键词** 八眉猪,亚群,血清蛋白质,多态位点,遗传变异

**中图分类号** S828.2,S813.1

八眉猪是西北地区一个古老的地方品种。因历史悠久和广阔的分布区自然生态条件和社会经济条件的复杂性,形成了一定的地方类群特色。通过对八眉猪类群间遗传关系及其差异的研究,对合理利用和保存这一优良品种资源将有积极的指导作用。本研究以八眉猪的血清蛋白质和酶多态位点作为遗传标记,检测群体的遗传组成,分析和揭示亚群间的分化程度、亲缘关系以及遗传变异的分布。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本来源及群体遗传组成的检测

样本来源于陕、甘、宁、青四省(区)六个八眉猪亚群体(见表1)。于1990年4~7月以随机整群抽样法采取血样,并制取血清备测。

表1 样本说明

| 地方类群(或亚群) | 曾用名   | 文中代码 | 样本数量 | 采样地点  |
|-----------|-------|------|------|-------|
| 长武亚群      | 泾川猪   | Ch   | 34   | 陕西长武县 |
| 灵台亚群      | 泾川猪   | L    | 20   | 甘肃灵台县 |
| 定边亚群      |       | D    | 56   | 陕西定边县 |
| 互助亚群      | 互助猪   | H    | 60   | 青海互助县 |
| 湟中亚群      | 大耳朵黑猪 | HD   | 50   | 青海湟中县 |
| 固原亚群      | 固原猪   | G    | 60   | 宁夏固原县 |

采用垂直平板式聚丙烯酰胺浓度梯度凝胶电泳法<sup>[1,2]</sup>,测定后白蛋白(Po)型和运铁蛋白(Tf)型;用水平板式淀粉凝胶电泳法<sup>[3,4]</sup>,测定血浆铜蓝蛋白(Cp)型、血液结合素(Hp)型、淀粉酶 I(Aml)型和淀粉酶 I(Am2)型;采用直接计数法估计基因频率。

收稿日期:1993-05-06.

\* 高等学校博士点基金资助项目; \*\* 现在宁夏回族自治区畜牧站(银川·750004)工作。

## 1.2 资料的统计处理

1.2.1 基因杂合度及其抽样误差 在等位基因频率为  $P_i$  的  $K$  基因位点上,其杂合度  $h_k = 1 - \sum p_i$ ,且  $r$  个位点的平均杂合度的无偏估计值为

$$H = \frac{1}{r} \sum_{k=1}^r h_k \pm \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^r (h_k - H)^2}{r(r-1)}}$$

此外,位点标准杂合度  $h_{sk}$  和平均标准杂合度  $H_s$  为:  $h_{sk} = h_k / h_{\max k}$ ,  $H_s = \sum h_{sk} / r$ .

1.2.2 基因分化系数 ( $G_{st}$ )  $G_{st}$  是衡量群体间在多个位点上遗传分化的指标。

$$G_{st} = 1 - H_s / H_T$$

式中  $H_s$  为亚群内平均基因多样性,等于各亚群平均杂合度的均值;  $H_T$  为总群体的平均杂合度。

1.2.3 Shannon 信息测度 ( $H$ )  $H$  是衡量亚群间遗传分化水平的测度。

$$H = - \sum P_i \log_e p_i$$

1.2.4 固定指数 ( $F_{st}$ ) 用于衡量单个位点上亚群间的分化程度。

$$F_{st} = \sigma^2 / \bar{P}(1 - \bar{P})$$

式中  $\bar{P}$  为某个基因频率的均值;  $\sigma^2$  为该基因频率在亚群间的方差。

1.2.5 群体间的遗传距离 按 Nei 的方法<sup>[5]</sup> 计算群体间的标准遗传距离及其抽样方差。

## 2 结果

### 2.1 群体的遗传组成

八眉猪各亚群六个位点的基因频率列表2。从基因频率的整体分布看,各亚群显示了基本一致的特点,即  $Po^B$ ,  $Tf^B$  和  $Am1^B$  和  $Am2^B$  的频率高于其等位基因。就单一位点而言,

表2 八眉猪各亚群血清蛋白位点的基因频率

| 位点  | 等位基因             | G      | D      | H      | HD     | L      | Ch     |
|-----|------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| Po  | Po <sup>A</sup>  | 0.1751 | 0.3889 | 0.4245 | 0.1250 | 0.4063 | 0.4108 |
|     | Po <sup>B</sup>  | 0.8249 | 0.6111 | 0.5755 | 0.8750 | 0.5937 | 0.5892 |
| Tf  | Tf <sup>A</sup>  | 0.4080 | 0.2666 | 0.3963 | 0.2040 | 0.1875 | 0.3800 |
|     | Tf <sup>B</sup>  | 0.5333 | 0.6334 | 0.4622 | 0.6939 | 0.5938 | 0.4800 |
|     | Tf <sup>C</sup>  | 0.0583 | 0.1000 | 0.1415 | 0.1021 | 0.2187 | 0.1400 |
| Cp  | Cp <sup>A</sup>  | 0.4665 | 0.5544 | 0.4537 | 0.4362 | 0.6111 | 0.5972 |
|     | Cp <sup>B</sup>  | 0.5535 | 0.4456 | 0.5463 | 0.5638 | 0.3889 | 0.4028 |
| Hp  | Hp <sup>1</sup>  | 0.2417 | 0.3478 | 0.2963 | 0.1735 | 0.3055 | 0.2322 |
|     | Hp <sup>2</sup>  | 0.4583 | 0.3370 | 0.2130 | 0.1735 | 0.3889 | 0.4107 |
|     | Hp <sup>3</sup>  | 0.3000 | 0.3152 | 0.4907 | 0.6530 | 0.3054 | 0.3571 |
| Am1 | Am1 <sup>A</sup> | 0.4048 | 0.2391 | 0.5278 | 0.4079 | 0.3636 | 0.3438 |
|     | Am1 <sup>B</sup> | 0.4881 | 0.6305 | 0.4167 | 0.4606 | 0.4546 | 0.5312 |
|     | Am1 <sup>C</sup> | 0.1071 | 0.1304 | 0.0555 | 0.1315 | 0.1818 | 0.1250 |
| Am2 | Am2 <sup>A</sup> | 0.4017 | 0.3537 | 0.5000 | 0.5652 | 0.3889 | 0.3704 |
|     | Am2 <sup>B</sup> | 0.5983 | 0.6463 | 0.5000 | 0.4348 | 0.6111 | 0.6296 |

各亚群不同。从亚群间基因频率的差异显著性检验表明,在  $Po$  位点上,  $H$ ,  $Ch$ ,  $L$  和  $D$  亚

群与G和HD亚群差异显著( $P < 0.05$ );在Tf位点上,G和H亚群的Tf<sup>A</sup>频率高于HD亚群( $P < 0.05$ ),HD亚群的Ff<sup>B</sup>频率高于H亚群( $P < 0.05$ ),L亚群的Tf<sup>C</sup>频率高于G亚群( $P < 0.05$ );Hp位点上的差异较大,D亚群的Hp<sup>1</sup>频率高于HD亚群( $P < 0.05$ ),G,D亚群的Hp<sup>2</sup>频率高于H和HD亚群( $P < 0.05 \sim 0.01$ ),HD亚群的Hp<sup>3</sup>频率高于L,D和G亚群( $P < 0.01$ ),H亚群的Hp<sup>3</sup>频率也明显高于G亚群( $P < 0.05$ ).还有,H亚群的Am<sup>1</sup>频率显著高于D亚群( $P < 0.05$ );Am<sup>2</sup>位点上HD亚群与D亚群明显不同( $P < 0.05$ ).在Cp位点上,群间没有显著差异。

## 2.2 亚群的遗传变异

各亚群的基因杂合度及标准杂合度见表3.从平均杂合度看,亚群间十分相似.位点 $h_k$ 的极差为0.2698,而 $H$ 值的极差仅为0.0834.同时,平均杂合度差异显著性检验表明,亚群间没有显著差异.而由平均标准杂合度看出,亚群间 $H_s$ 的极差为14.46%, $h_k$ 的极差高达53.96%.同时,也由 $h_k$ 清楚地说明这些差异的源由位点,即L,Ch,D和H亚群与G亚群的差异主要由Po位点形成,而与HD亚群差异的主要位点是Po和Hp位点,其次是Tf位点.因此,可以说明亚群间具有高度相近的关系,但在个别位点上有分化。

表3 多态位点的杂合度

| 位点             | 位点杂合度( $h_k$ ) |        |        |        |        |        |
|----------------|----------------|--------|--------|--------|--------|--------|
|                | G              | D      | H      | HD     | L      | Ch     |
| Po             | 0.2889         | 0.4753 | 0.4886 | 0.2188 | 0.4824 | 0.4840 |
| Tf             | 0.5454         | 0.5177 | 0.6093 | 0.4665 | 0.5644 | 0.6056 |
| Cp             | 0.4760         | 0.4941 | 0.4957 | 0.4918 | 0.4753 | 0.4811 |
| Hp             | 0.6415         | 0.6661 | 0.6260 | 0.5134 | 0.6622 | 0.6498 |
| Am1            | 0.5865         | 0.5283 | 0.5448 | 0.6042 | 0.6280 | 0.5841 |
| Am2            | 0.4807         | 0.4572 | 0.5000 | 0.4914 | 0.4753 | 0.4664 |
| 平均位点杂合度( $H$ ) |                |        |        |        |        |        |
| $H$            | 0.5032         | 0.5231 | 0.5441 | 0.4644 | 0.5478 | 0.5452 |
| ±              | 0.0500         | 0.0305 | 0.0249 | 0.0528 | 0.0339 | 0.0317 |

## 2.3 遗传变异的分布

总群的遗传变异可划分为亚群内基因多样度和亚群间基因多样度.利用基因分化系数( $G_{st}$ )计算结果表明,八眉猪在六个位点上的亚群内平均基因多样度为0.52131,亚群间的平均基因多样度为0.02254,且总群体的基因多样度为0.54385.由此得出 $G_{st} = 0.0415$ ,这意味着从现有6个位点上所估计的亚群间遗传差异只占总群体的4.15%,而95.85%的差异则由亚群内部的遗传多态现象所引起.利用Shannon信息测度(表4)的分析表明,亚群间信息量比是 $(1 - 1.1583/1.2038) \times 100\% = 3.78\%$ ,这说明亚群间的遗传变异占总群体遗传量的3.78%,这与 $G_{st}$ 的估值十分一致。

表4 Shannon信息测度

| 项目       | Po      | Tf      | Cp      | Hp      | Am1     | Am2     | 位点均值    |
|----------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| 亚群平均     | 0.85196 | 1.32266 | 0.98364 | 1.46791 | 1.35516 | 0.96867 | 1.15833 |
| 八眉猪总群体   | 0.90630 | 1.36550 | 0.99886 | 1.56445 | 1.40181 | 0.98580 | 1.20378 |
| 中国部分地方猪种 | 0.99999 | 1.29358 | 1.25204 |         |         |         | 1.18187 |

还利用  $G_m$  和 Shannon 信息测度对八眉猪亚群内遗传变异与我国其他11个地方猪种(或群体)<sup>[2]</sup>的遗传变异进行了比较。为保证结果可比,仅利用相同的位点资料(即仅 Po, Tf 和 Cp 位点)。结果表明,八眉猪亚群内和我国部分地方猪种(包括八眉猪)的基因多样性分别为0.4779和0.5360,Shannon 信息测度值分别为 1.0528和1.1819,且  $G_m$  为0.1084。八眉猪群体内的信息量占我国部分地方猪群体信息量的比是  $(1-1.0528/1.1819) \times 100\% = 10.92\%$ 。两者结果十分一致,说明了八眉猪群体内的遗传变异占我国部分地方猪群体总遗传变异的10.9%左右。

### 2.4 多态位点的遗传分化

由表5可见,亚群间分化程度最高的是 Hp 位点的 Hp<sup>3</sup> 因子,依次是 Po 系统、Hp<sup>2</sup> 和 Tf<sup>A</sup> 因子。其他基因的  $F_m$  值不算太高,且以 Am1<sup>C</sup> 和 Hp<sup>1</sup> 的  $F_m$  值最低。就系统而言, Hp 和 Po 系统的分化程度最高,其次是 Tf 位点。因此,研究八眉猪亚群分化问题时,现有六个位点中, Po 和 Hp, Tf 位点是一个很好的标记。

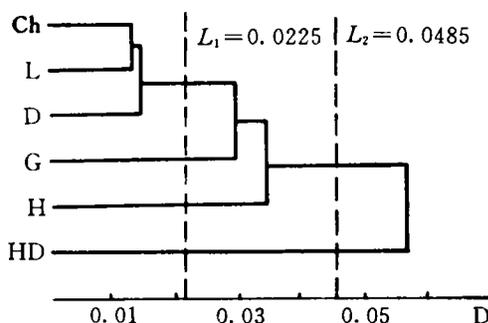
表5 多态位点的分化程度

| 位点  | 等位基因 | $P$    | $\sigma^2$ | $F_m$   |
|-----|------|--------|------------|---------|
| Tf  | A    | 0.3071 | 0.01002    | 0.04709 |
|     | B    | 0.5661 | 0.00818    | 0.03330 |
|     | C    | 0.1268 | 0.00297    | 0.02683 |
| Cp  | A    | 0.5165 | 0.00644    | 0.02579 |
|     | B    | 0.4835 | 0.00644    | 0.02579 |
| Po  | A    | 0.3218 | 0.01807    | 0.08280 |
|     | B    | 0.6782 | 0.01807    | 0.08280 |
| Hp  | 1    | 0.2662 | 0.00389    | 0.01991 |
|     | 2    | 0.3303 | 0.01294    | 0.05850 |
|     | 3    | 0.4035 | 0.02003    | 0.08322 |
| Am1 | A    | 0.3812 | 0.00893    | 0.03786 |
|     | B    | 0.4970 | 0.00573    | 0.02292 |
|     | C    | 0.1218 | 0.00168    | 0.01571 |
| Am2 | A    | 0.4300 | 0.00701    | 0.02860 |
|     | B    | 0.5700 | 0.00701    | 0.02860 |

### 2.5 亚群间的遗传相似性分析

亚群间的标准遗传距离表明, Ch 和 L 亚群的遗传相似性最大,其次是 D 亚群与 Ch 亚群相近,而 L 和 Ch 亚群与 HD 亚群的遗传距离最大。

从遗传距离的聚类结果(附图)可以看出,亚群间的结合在横轴上的分布是不均匀的,结合水平有两次较大的上升。很明显,亚群间的结合被这种不均匀性分成不同的等级。利用聚类结合线法<sup>[6]</sup>可以看出,在第一级



附图 遗传距离聚类图

中,八眉猪分成四个类群,即 Ch, L 和 D 亚群为一类, G, H 和 HD 亚群各为一类;在第二级中, HD 亚群为一类,其他亚群同为一类。此外,从遗传距离及其聚类结果看出, HD 亚群

即使与 H 亚群的 D 值最小,也出现了较大的遗传分化。

### 3 讨 论

八眉猪曾因异地而有不同名称(见表1)<sup>[7]</sup>。本研究结果表明,八眉猪亚群间总的遗传差异不显著,亚群间的分化只有八眉猪与我国部分地方猪种(或类群)分化的 $4.15\%/10.84=38.28\%$ 。因此,八眉猪同种异名的统一是十分合理的。但八眉猪亚群间仍有一定的显著差异,且分化不是平均来自每个位点,而是源自个别位点的较大分化,其主要是 Po 和 Hp 位点,其次是 Tf 位点。至于形成个别位点较大分化的遗传动力学原因,尚待进一步研究。

本研究所表明的八眉猪各亚群的遗传关系,与八眉猪的形成历史等是相符的:(1)考查西北农牧史可以说明<sup>[9]</sup>,陕北养猪史是以陕西西部和甘肃东部为中心逐渐向外扩展的;(2)本研究对八眉猪各亚群分布区十二个自然生态因子进行了聚类分析(略),其依次聚类的顺序是:互助—湟中、长武—灵台、灵台—定边、定边—固原、固原—互助,与遗传距离聚类结果基本一致;(3)从亚群交流看,以 L 和 Ch 亚群最为广泛,历史文献中多有西猪东卖之记载;从民间调查可知,D 亚群与 L 和 Ch 亚群也有直接的交流关系。另一方面,由遗传距离聚类所表明的亚群间分化的层次关系与各亚群形成的层次关系是相一致的,遗传距离聚类的第一级分离即反映了八眉猪中心产区(包括次中心产区)与一般产区的分类关系。至于第二级分离中,HD 亚群自成体系,目前还缺乏全面的资料以对其确定。一方面,从形成史上<sup>[10]</sup>,HD 亚群源于 H 亚群,表型特征和分布区自然生态因子也十分相近;另一方面,HD 亚群在于八眉猪分布区西缘,已毗连藏猪分布区。因此,目前难以确定 HD 亚群纯系 H 亚群的子群,而在世代演进中有使群体变异的遗传动力学原因,还是一种与藏猪以一定程度交流而形成的独特类型,这还有待考证。

### 参 考 文 献

- 1 Juneja R K, Gahne B. Simultaneous phenotyping of pig plasma  $\alpha$ -protease inhibitors (PI1, Po1A, Po1B, PI2) and for the other proteins (Po2, Tf, Cp, Hpx) by a simple method of 2D horizontal electrophoresis. *Anim genet*, 1987, 18:197~211
- 2 邹峰,陈世苓,黄路生.家畜血型及其应用.济南:山东科学技术出版社,1990. 81~108,221~222
- 3 吴译夫.猪血清蛋白质多态型的电泳测定法.上海畜牧兽医通讯,1988(1):8~9
- 4 Junkev V A, Nikenehik L I. Serum amylase 2 polymorphism in pigs. *Anim blood grps biohem genet*, 1977, 8:247~250
- 5 Nei M, Roychoudhury A K. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 1974, 76:379~390
- 6 陈守良,徐克学,盛国英.中国散生竹类的数量分布和确定分类等级的探讨.植物分类学报,1983,21(2):113~118
- 7 张仲葛,李炳坦,陈效华等.中国猪品种志.上海:上海科学技术出版社,1986. 29~33
- 8 张波.西北农牧史.西安:陕西科学技术出版社,1989
- 9 宋英,刘福修,傅焕文等.互助猪调查报告.宁夏牧业通讯,1986(1):96~108

## The Genetic Differentiation in Serum Polymorphic Protein Loci Among Bamei Pig

Wu Yanhu Lu Xingzhong

(Department of Animal Science, Northwestern Agricultural University, Yangling, Shaanxi, 712100)

**Abstract** The genetic differentiation was examined and analysed of 6 sub-populations from four areas of Bamei pig distribution through monitoring the genetic structure with serum polymorphic loci as genetic markers. The result showed that there was a significant differentiation in certain locus among the sub-populations, mainly appearing in Po and Hp loci. The genetic variation among the sub-populations accounted for 4.15% of the total genetic variation of Bamei, and the genetic variation within Bamei was 10.84% of the total genetic variation of some Chinese native pig breeds. The results also indicated that the genetic relationship between L and Ch sub-population was the closest, and Hd sub-population was situated at a long distance from the other, and the differentiation between the central and the ordinary area of the breed distribution could account for the demarcation of local type population.

**Key words** Bamei pig, sub-population, serum protein, polymorphic loci, genetic differentiation

·学术动态·

### 我校四项成果获陕西省农业技术推广奖

在首届陕西省农村科技进步会上,我校四项成果获陕西省农业技术推广奖。扈文杰教授主持的“兽药新制剂解氟灵注射液的研制与推广”获二等奖;尉庆丰教授主持的“应用暗沟排水技术改良陕南冬水田的试验与推广”、晁无疾副教授主持的“葡萄优质高产栽培技术研究推广”、毕研光副教授主持的“关中东部新灌区粮食增产技术及东雷灌区农业技术开发”均获三等奖。我校乾县农业技术承包集团技术牵头人韩思明副教授、丹凤县承包技术集团朱玉权高级农艺师分获陕西省1989~1993年农业科技承包先进个人一、二等奖。

(李斌成)