

陕西黄牛群体血液蛋白位点的遗传分化*

耿社民 常 洪 秦国庆 徐 刚

(西北农业大学动物科学系, 陕西杨陵 712100)

摘 要 应用系统随机整群抽样法, 对陕西 4 个黄牛群体 6 个血液蛋白位点估测的基因频率进行遗传变异分析。证实黄牛群体的遗传变异主要由系统内血液蛋白质的多态现象所造成, 系统间的遗传差异仅在 5.28% 以下。不同的群体遗传变异程度亦有差异, 基因分化程度与各总群育种水平呈明显的反变关系。同时研究表明, 系统随机整群抽样是进行黄牛群体遗传变异分析的最适抽样方法。

关键词 黄牛, 血液蛋白位点, 遗传变异, 基因分化, 系统随机整群抽样

中图分类号 S823.810.2

血型是家畜群体遗传差异的直接呈现。依据数量分类原理及分子遗传学理论, 分析同一品种(或群体)不同系统(或亚群)的血液蛋白多态性, 确定等位基因在不同系统中的遗传差异, 已成为划分总群遗传变异来源及系统间遗传分化的重要特征之一^[1]。就家牛集团而言, 由于抽样检测方法上的限制, 众多的研究成果都局限于群体遗传变异水平, 而对变异来源及亚群间遗传分化程度, 均未做剖析。已有的报道仅见于并河鹰夫^[2]和作者^[3]的文献。本研究采用系统随机整群抽样法, 就陕西境内 4 个黄牛群体及其系统间的遗传分化进行了探讨, 旨在为陕西黄牛的系群育种及其资源保存、利用和开发提供遗传学理论依据。

1 材料与方法

1.1 资料来源

除陕西北部黄牛群体 6 个血液蛋白位点的基因频率(见表 1)外, 还收集了秦川牛^[4]、平利牛^[5]及西镇牛^[6,7]的资料。

1.2 资料的统计处理

1.2.1 基因的纯合度与杂合度^[8]

(1) 位点纯合度(j_k)与杂合度(h_k)

$$j_k = \sum_{i=1}^{n_k} P_i^2 \quad h_k = 1 - j_k = 1 - \sum_{i=1}^{n_k} P_i^2$$

式中 P ——某基因位点 k 上某个基因的频率; n_k ——第 k 个位点上的等位基因数。

(2) 平均位点纯合度(J)与杂合度(H)

$$J = \frac{1}{r} \sum_{k=1}^r j_k \quad H = 1 - J = 1 - \frac{1}{r} \sum_{k=1}^r j_k$$

式中 r ——位点数。

收稿日期: 1994-04-16

* 国家“七五”攻关项目

(3)系统内平均基因纯合度(J_s)与杂合度(H_s)

$$J_s = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^s J_i \qquad H_s = 1 - J_s = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^s J_i = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^s H_i$$

式中 S ——系统数。

(4)总群平均基因纯合度(J_T)与杂合度(H_T)

$$J_T = \sum_{i=1}^{nrs} P_i^2 \qquad H_T = 1 - J_T = 1 - \sum_{i=1}^{nrs} P_i^2$$

(5)系统间平均基因杂合度(D_u)

$$D_u = H_T - H_s$$

1. 2. 2 总群体基因分化系数(G_u)^[8]

$$G_u = D_u/H_T = 1 - H_s/H_T$$

表 1 血液蛋白位点基因频率的估测结果*

群 体 系 统		Hb			Alb				P _a			T _I						P _{II-1}			AKP		抽 样 头 数
		A	B	C	A	B	C	D	A	B	C	A	B	D ₁	D ₂	E	F	A	B	C	F ⁺	F ⁰	
陕 西 北 部 黄 牛	1	0.873	0.069	0.059	0.725	0.275	0	0	0.470	0.431	0.098	0.255	0	0.275	0.098	0.373	0	0.402	0.549	0.049	0.686	0.314	51
	2	0.804	0.071	0.125	0.656	0.344	0	0	0.446	0.518	0.036	0.259	0	0.348	0.152	0.241	0	0.438	0.455	0.107	0.375	0.625	58
	3	0.686	0.127	0.186	0.686	0.314	0	0	0.602	0.398	0	0.195	0	0.280	0.271	0.254	0	0.551	0.449	0	0.576	0.424	59
	总的	0.734	0.107	0.159	0.682	0.318	0	0	0.548	0.434	0.018	0.218	0	0.298	0.224	0.26	0	0.508	0.458	0.034	0.529	0.471	168

* 秦川牛、西镇牛、平利牛的基因频率结果见文献[4~7]。

1. 2. 3 Shannon 信息测度^[9]

(1)各位点的 Shannon 信息测度($\bar{h}_k$) (2)位点平均 Shannon 信息测度($\bar{H}$)

$$\bar{h}_k = - \sum_{i=1}^{n_k} P_i \log_2 P_i \qquad \bar{H} = \frac{1}{r} \sum_{k=1}^r \bar{h}_k$$

(3)系统内平均 shannon 信息测度($\bar{H}_s$) (4)总群平均 Shannon 信息测度($\bar{H}_T$)

$$\bar{H}_s = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^s \bar{H}_i \qquad \bar{H}_T = - \sum_{i=1}^{nrs} \bar{P}_i \log_2 \bar{P}_i$$

式中 $\bar{P}$ ——第 i 个基因频率的算术平均数。

(5)系统间信息量比($R \times 100\%$)

$$R(\%) = (1 - \bar{H}_s)/\bar{H}_T \times 100\%$$

1. 2. 4 固定指数(F_u)^[10]

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

式中 σ^2 ——某基因频率在系统间的方差。

2 结果与分析

2.1 血液蛋白位点的遗传变异性分析

由陕西 4 个黄牛群体 6 个血液蛋白位点的杂合度与纯合度的分布及基因分化系数(表 2)可见:

2.1.1 平均位点杂合度(H) 在各总群内系统间非常近似, H 值的极差都在 0.05 之下,它们的极差依次是秦川牛(0.05)>平利牛(0.046)>陕西北部黄牛群体(0.033)>西镇牛(0.007)。这种差异可能与各总群的分布范围大小及群体系统间的基因迁移程度有

关。

表 2 各群体血液蛋白位点杂合度分布

品种或 群 体	系 统	h_k						H	J	H_s	D_{st}	J_T	H_T	G_{st} (%)
		Hb	ALb	Pa	Tf	$P_{(f-1)}$	Akp							
陕西北 部黄牛	1	0.230	0.389	0.584	0.746	0.535	0.431	0.487	0.513					
	2	0.333	0.451	0.331	0.731	0.590	0.467	0.517	0.483	0.508	0.016	0.476	0.524	3.07
	3	0.4787	0.431	0.479	0.746	0.495	0.489	0.520	0.480					
秦川牛	1	0.390	0.504	0.498	0.772	0.635	0.4900	0.548	0.452					
	2	0.167	0.498	0.473	0.771	0.612	0.469	0.498	0.502	0.524	0.008	0.468	0.532	1.48
	3	0.297	0.518	0.429	0.798	0.619	0.498	0.52650	0.4375					
西镇牛	1	0.309	0.500	0.517	0.747	0.644	0.334	0.509	0.491	0.506	0.005	0.490	0.510	0.90
	2	0.479	0.467	0.480	0.693	0.665	0.222	0.503	0.498					
	1	0.581	0.699	0.532	0.785	0.666	0.125	0.565	0.435					
平利牛	2	0.520	0.559	0.488	0.775	0.552	0.375	0.545	0.455	0.567	0.032	0.402	0.599	5.28
	3	0.465	0.641	0.534	0.750	0.655	0.500	0.591	0.409					

2.1.2 系统内平均基因杂合度(H_i)和总群平均基因杂合度(H_T) 陕西 4 个黄牛群体 6 个血液蛋白位点的杂合度都大于纯合度,以平利牛最大,其次是秦川牛和陕西北部黄牛群体,西镇牛最小。这说明各群体内血液蛋白位点上具有较大的遗传变异性,可为未来的黄牛育种提供依据。

2.1.3 系统间平均基因杂合度(D_{st}) 以大小排列的顺序是平利牛(0.032)>陕西北部黄牛群体(0.016)>秦川牛(0.008)>西镇牛(0.005)。这说明前两个群体系统间差异较大,后两者较小,其主要原因与各总群体育种水平有关。

2.1.4 遗传变异来源的分布 基因分化系数表明,4 个黄牛群体 6 个血液蛋白位点的基因分化系数依次是:平利牛(5.28%)>陕西北部黄牛群体(3.07%)>秦川牛(1.48%)>西镇牛(0.9%)。这意味着 6 个血液蛋白位点估计的系统间基因差异占各总群体的遗传差异比例较小,而 94.72%以上的差异是各总群系统内的遗传多态现象所引起。

2.2 遗传信息在系统内与系统间的差异

利用 Lewontin^[9]提出的 Shannon 信息测度估测陕西 4 个黄牛群体 6 个血液蛋白位点的 Shannon 信息测值结果(见表 3)表明:

表 3 血液蛋白位点的 Shannon 信息测值

品种或 群 体	系 统	$\bar{h}_k$						$\bar{H}$	$\bar{H}_s$	$\bar{H}_T$	$R(\%)$
		Hb	ALb	Pa	Tf	$P_{(f-1)}$	Akp				
陕西北 部黄牛	1	0.678	0.849	1.164	1.874	1.217	0.898	1.146			
	2	0.890	0.929	1.184	1.943	1.384	0.954	1.216	178	1.210	2.64
	3	1.202	0.898	0.978	1.987	0.992	0.983	1.172			
秦川牛	1	1.026	1.066	1.170	2.219	1.516	0.985	1.330			
	2	0.524	1.048	1.195	2.203	1.449	0.954	1.229	1.283	1.309	1.965
	3	0.822	1.116	1.102	2.245	1.468	0.993	1.291			
西镇牛	1	0.860	1.000	1.230	2.200	1.533	0.745	1.261	1.247	1.259	1.0
	2	1.176	0.951	1.100	2.030	1.582	0.549	1.232			
	1	1.411	1.851	1.228	2.318	1.583	0.355	1.458			
平利牛	2	1.358	1.330	0.982	2.232	1.268	0.811	1.330	1.408	1.510	6.67
	3	1.134	1.524	1.242	2.155	1.559	0.100	1.436			

(1)同一遗传位点在同一总群不同系统之间的信息量有很大差异。如 H_b 位点,陕西北部黄牛群体 $\bar{h}_b$ 值的极差为 0.524,秦川牛为 0.502;西镇牛为 0.316,平利牛为 0.277。其他位点亦相类似。

(2)系统内平均 Shannon 信息测值及总群平均 shannon 信息测值都是平利牛>秦川牛>西镇牛>陕西北部黄牛群体。进一步估测的系统间信息量比值则是平利牛(6.76%)>陕西北部黄牛群体(2.64%)>秦川牛(1.965%)>西镇牛(1.0%),这个估测值与 G_{st} 的估值相接近,最大极差为 1.48%,但从信息角度说明了系统间信息量的差异占总群遗传信息量的差异较小,而总群主要遗传变异的信息量则是由系统内遗传多态现象所造成的。

2.3 基因在系统间的分化程度

由表 4 可以看出,每一种基因在系统间的分化程度限定在 0.05 以下时,秦川牛群体中所有位点测到的基因都达到了 95%以上的固定。陕西北部黄牛群体有 6 个基因(F^A , F^O , P_{tit-1}^c , P_t^c , T_t^p , Hb^A),西镇牛有 2 个基因(Hb^c , Hb^A),平利牛有 3 个基因(ALb^A , ALb^p , T_t^E),它们的分化程度都在 0.05 以上。这些分化程度较大的基因将成为未来品系育种中的重点研究对象。

表 4 各群体血液蛋白位点基因的固定指数(F_{st})

品种或 群 体	Hb			ALb				Pa			Tf						P_{tit-1}			AkP	
	A	B	C	A	B	C	D	A	B	C	A	B	D ₁	D ₂	E	F	A	B	C	F ^A	F ^O
陕西北部 黄牛	0.054	0.013	0.037	0.006	0.006	0		0.007	0.016	0.058	0.007	0	0.008	0.055	0.026	0	0.024	0.013	0.058	0.100	0.100
秦川牛	0.040	0.038	0.011	0.003	0.005	0.002	0	0.011	0.041	0.019	0.044	0	0.010	0.072	0.004	0.002	0.013	0.001	0.010	0.026	0.026
西镇牛	0.057	0.001	0.071	0.035	0.035	0		0.001	0.031	0.020	0.005	0	0.016	0.005	0.013	0.023	0.001	0.015	0.002	0.026	0.026
平利牛	0.015	0.029	0.002	0.069	0.017	0.016	0.067	0.001	0.004	0.032	0.011	0.011	0.002	0.037	0.061	0.047	0.041	0.010	0.103	0.226	0.226

3 讨 论

3.1 抽样方法与群体遗传变异研究水平的关系

以血液蛋白多态性来研究群体的遗传变异程度,国内外众多的报道皆以平均杂合度^[8]来说明。至于群体遗传变异的来源,是属于抽样群体间的差异,还是由于本身群体内的遗传多态现象所造成,以及两者各自造成遗传变异的比列,则都未进一步探讨。虽然 Nei^[8]提出的基因分化系数、Lewontin^[9]提出的 Shannon 信息测度,Wright^[10]提出的固定指数,这些都可用于剖析群体遗传变异的来源,但还是应用极少。究其原因主要是抽样方法上限制了资料的完整性。本研究应用常洪等^[11]提出的系统随机整群抽样方法,克服了上述抽样方法上的缺陷,与纯随机抽样方法相比,在群体规模较大、分布范围较广的情况下,它不仅具有可靠性高、精确度高及误差小之优点^[5,6],而且也能清楚地剖析群体遗传变异在系统间和系统内的分布情况。这是目前进行的同类研究中其他任何一种抽样方法所无法比拟的。

3.2 基因分化程度与系统育种

应用基因分化系数可以清楚地阐述系统间(或亚群间)的遗传差异情况。基因分化系数愈大,系统间差异愈大,两者呈明显的正变关系。这也说明在系统间差异很小的群体中实施系统育种(或叫品系育种)是很难成功的,相反则容易成功。根井正利^[1]指出,要弄清

楚亚群间基因分化的一般过程,需要使用大量的多态位点和单态位点,使它们的基因组形成一个随机样本。这就是说用有限的位点得出的基因分化系数来进行系统育种是很难的,因而需要研究大量的遗传位点。除血液蛋白位点外,还应包含毛色位点、形态特征位点以及与经济利益有关的众多数量性状遗传位点。同样,基因分化程度在什么情况下方可使用系统育种的方法,这也是值得探讨的问题。总而言之,基因分化程度将为未来黄牛系统育种指明方向。

参 考 文 献

- 1 根井正利著;王家玉译. 分子群体遗传学. 北京:农业出版社,1983
- 2 并河鹰夫等,スリテソ力産在来牛の血液蛋白型、血液型および体尺測定,在来家畜研究会報告,1986(11),95~107
- 3 耿社民,常洪. 亚洲部分牛群体血红蛋白位点的遗传分化. 西北农业大学学报,1994,22(3),49~53
- 4 常洪,耿社民,武彬等. 秦川牛抽样遗传检测的报告. 西北农业大学学报,1990,18(4),57~62
- 5 武彬,常洪,耿社民等. 平利牛品种资源检测的研究. 西北农业大学学报,1991,19(1),21~26
- 6 耿社民,常洪,武彬等. 西镇牛遗传检测研究. 西北农业大学学报,1989,17(4),36~42
- 7 耿社民. 陕西黄牛群体的遗传多态性及其系统地位研究,[学位论文]. 陕西杨陵:西北农业大学动物科学系,1993
- 8 Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided population. *Proc Natl Acad Sci*, 1973(70),3321~3323
- 9 Lewontin R C. The apportionment of human diversity. *Evol Biol*, 1972(6),38~398
- 10 Wright J. The genetical structure of population. *Ann Eugenics*, 1951(15),323~354
- 11 常 洪,耿社民,武 彬. 中国黄牛品种遗传检测抽样方法的研究. 黄牛杂志,1989(3),1~6,1989(4),1~5.

Genetic Differentiation of Blood Protein Loci on the Yellow Cattle Population in Shaanxi

Geng Shemin Chang Hong Qin Guoqing Xu Gang

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

Abstract With the method of the Stratified Random Cluster Sampling, the genetic variation of the gene frequencies obtained from 6 blood protein loci on the 4 yellow cattle populations in Shaanxi was analysed. The results indicated that the genetic variation of the yellow cattle population is mainly caused by the polymorphism of the blood protein within the systems, with the only difference of less than 5.26% between the systems; the genetic variation degrees are different in different populations, and the contravariant relation obviously exists between the gene differentiation degree and the breeding level of each population. Also the results showed that the Stratified Random Cluster Sampling is an adequate sampling method for the genetic variation analysis of yellow cattle population.

Key words Yellow cattle, blood protein loci, genetic variation, gene differentiation, stratified random cluster sampling