

亚洲部分家牛群体血红蛋白位点的遗传分化

耿社民 常 洪

(西北农业大学动物科学系, 陕西杨陵·712100)

摘 要 根据收集的亚洲 10 国 70 个家牛群体血红蛋白位点的基因频率, 剖析了各家牛总群体的遗传分化程度。结果表明: 总群平均基因多样性、基因分化系数、Shannon 信息测值及固定指数, 都反映出孟加拉国和印度尼西亚两国牛总群体的遗传分化程度较大, 印度牛总群体的遗传分化程度较低。各总群的遗传变异来源在亚群内与亚群间分布不同, 各总群的等位基因纯合度与其平均有效等位基因数呈明显的反变关系。

关键词 家牛, 血红蛋白, 遗传分化, 亚群

中图分类号 S823.812

国内外关于牛血红蛋白 β -链多态性的研究已积累了丰富的资料, 为研究家牛的起源进化、分类及遗传资源检测提供了新的理论依据^[1~3]。但系统分析不同国家家牛总群体亚群间血红蛋白位点的遗传变异性, 迄今未见报道。本文以现代分子群体遗传学的理论就亚洲 10 国 70 个家牛品种(或地域群)血红蛋白位点的基因分化程度进行了探讨, 旨在提示亚洲 10 国各家牛总群体内在该位点上基因的变异性, 为未来深入研究奠定基础。

1 材料与方 法

1.1 资料收集

作者由国内外 13 篇文献^[3~15]中收集了亚洲 10 个国家(即南朝鲜、日本、菲律宾、泰国、马来西亚、印度、斯里兰卡、印度尼西亚、孟加拉国及中国)70 个家牛品种(或地域群)血红蛋白位点各等位基因的频率, 以每一品种或地域群作为一个亚群, 以每一个国家的家牛品种或地域群作为其国家牛总群体。

1.2 资料的统计处理

1.2.1 基因的一致度与多样性^[16,17]

(1) 亚群内平均基因一致度(J_s)与多样性(H_s)

$$J_s = \frac{1}{K} \sum_{i=1}^K J_i \quad H_s = 1 - J_s$$

式中 K ——亚群数;

J_i ——第 i 个亚群的基因一致; 亦即 $J_i = \sum_{i=1}^n P_i^2$;

P_i ——第 i 个等位基因的频率。

(2) 亚群间平均基因多样性(D_n)

$$D_n = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^r D_{ij} = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^r (J_i + J_j) / 2 - J_{ij}$$

收稿日期: 1993-03-09.

式中 r ——亚群间组合数;

D_{ij} ——第 i 个亚群与第 j 个亚群间的基因多样性;

J_i, J_j ——第 i 或 j 亚群的基因一致度;

J_{ij} ——第 i 与 j 亚群基因频率的乘积和, 即 $J_{ij} = \sum_{i=1}^r P_i \cdot P_j$.

(3) 总群体的基因一致度(J_T)与多样性(H_T)

$$J_T = J_s - D_s \quad H_T = H_s + D_s = 1 - J_T$$

1.2.2 总群体的基因分化系数(G_s) 用于衡量总群体在 n 个等位基因上的遗传分化程度^[18,19]。

$$G_s = D_s/H_T = 1 - H_s/H_T$$

1.2.3 Shannon 信息测值(\bar{H}) 用于分析亚群间信息量占总群体信息量的比率^[20]。

$$\bar{H} = - \sum_{i=1}^k P_i \log_2 p_i$$

(1) 亚群内平均 Shannon 信息测值(H_s)

$$H_s = - \sum_{i=1}^k H_i/K$$

式中 H_i ——第 i 个亚群的 H 值; K ——亚群数。

(2) 总群平均 Shannon 信息测值(H_T)

$$\bar{H}_T = - \sum_{i=1}^{nk} \bar{P}_i \log_2 \bar{P}_i$$

式中 \bar{P}_i ——第 i 个等位基因的算术平均数。

(3) 亚群间信息量比值(R)

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

1.2.4 平均有效等位基因数(\bar{E})^[22]

$$\bar{E} = - \frac{1}{K} \sum_{i=1}^k E_i \quad E = 1/\sum_{i=1}^k P_i^2$$

1.2.5 固定指数(F_s) 用于衡量单个基因在亚群间的分化程度^[21]。

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

式中 σ^2 ——某一基因频率在亚群间的方差。

2 结果与讨论

2.1 亚群内基因的一致度与多样性

由亚洲 10 个国家 70 个家牛群体血红蛋白位点各等位基因频率计算的各亚群基因多样性的分布(表 1)可以看出,在一个国家家牛群体内,就血红蛋白位点而言,群体内部存在有很大差异。如在中国家牛群体中,杂合度最小的是延边牛,最大的是大别山牛,两者极差为 50.3%;印度尼西亚家牛群体杂合度的极差为 42%,菲律宾为 22.1%,孟加拉国为 20%,马来西亚为 14.8%,南朝鲜为 24.6%,斯里兰卡为 12.5%,日本为 12.27%,泰国为 9.5%;印度为 1.6%。这些差异不仅直接从遗传组成上揭示了亚洲 10 个国家牛群体的遗传变异程度,而且也反映了亚洲各国家牛群体的基因多样性。值得关注的是:斯里兰卡

家牛群体中不存在 Hb^c 基因, 而 Hb^c 基因仅存在于中国家牛的两个亚群(西镇牛和鲁西牛)中。

表1 各亚群血红蛋白位点的基因多样性

多样性	群体名称 ¹⁾
0~0.1	日本褐牛 ¹ , 日本短角牛 ¹
0.11~0.2	高知褐牛 ¹ , 京畿道 ² , 全罗道 ² , 庆尚道 ² , 釜山 ² , 延边牛 ³ , 格拉蒂 ⁴
0.21~0.3	江原道 ² , Gayals ³ , 安西牛 ³
0.31~0.4	济洲岛 ¹ , Negros ⁴ , Mindanao ⁴ , 西部 ⁷ , 巴厘牛 ⁴ , Anuradhapura ⁸ , 蒙古牛 ³ , 鲁西牛 ³ , 平陆牛 ³ , 秦川牛 ³ , 无棣牛 ³
0.41~0.5	东北部 ⁹ , 南部 ⁹ , 马尔淮牛 ¹⁰ , 吉尔牛 ¹⁰ , 坎克列支 ¹⁰ , 拉赛牛 ¹⁰ , Minneiya ⁸ , Eminneiya ⁸ , Galle ⁴ , Ambalantota ⁸ , 西南部 ⁵ , 中部 ⁵ , Pooled ⁵ , 东部 ⁷ , 斑鬃牛 ⁴ , 亚齐牛 ⁴ , 昂果尔牛 ⁴ , 晋南牛 ³ , 郑县牛 ³ , 西镇牛 ³ , 南阳牛 ³ , 温岭牛 ³ , 峨边牛 ³ , 闽南牛 ³ , 徐闻牛 ³ , 隆林牛 ³ , 海南牛 ³ , 早胜牛 ³ , 蒙山牛 ³
0.51~0.6	北部 ⁹ , 克希拉里 ¹⁰ , 丹吉 ¹⁰ , 北吕宋岛 ⁶ , 南吕宋岛 ⁶ , Cebu. I ⁶ , 马都拉牛 ⁴ , 巴东牛 ⁴ , 爪哇岛牛 ⁴ , 复州牛 ³ , 宣汉牛 ³ , 文山牛 ³ , 平利牛 ³ , 台湾牛 ³
0.61~0.7	中吕宋岛 ⁶ , Palavan-mindoro ⁶ , 大别山牛 ³

注: 1) 1~10 分别代表日本、南朝鲜、中国、印度尼西亚、孟加拉国、菲律宾、斯里兰卡、马来西亚、泰国及印度。

2.2 各国家牛总群体遗传变异来源的分布

Nei 指出, 总群的遗传变异可分为两部分, 一部分由亚群内的遗传多态现象造成, 另一部分由亚群间遗传差异造成^[16]。由亚洲 10 国各家牛总群体血红蛋白位点的遗传变异来源分布。(表 2) 可见: ① 各国家牛总群体亚群内平均基因多样性 (H_s) 以菲律宾家牛群体最大, 日本家牛群体内部差异最小, 两者极差为 0.437; ② 亚群间平均基因多样性 (D_{st}) 以孟加拉国家牛群体最大 (0.234), 印度家牛群体间差异最小 (0.003), 两者极差为 0.231; ③ 总群平均基因多样性 (H_T) 依次是: 孟加拉国 > 印度尼西亚 > 菲律宾 > 印度 > 斯里兰卡 > 泰国 > 中国 > 马来西亚 > 南朝鲜 > 日本; ④ 遗传变异来源的差异在 10 国家牛群体中极为明显。如孟加拉国家牛总群体血红蛋白位点的遗传变异中 64% 来自于亚群内部的遗传多态现象, 而 36% 则来自亚群间的差异。又如印度家牛总群体, 99.5% 的遗传变异来自亚群内部, 而亚群间差异只有 0.5%。

表2 血红蛋白位点遗传变异来源的分布

国家	亚群数	J_s	H_s	D_{st}	J_T	H_T
南朝鲜	6	0.782	0.218	0.009	0.773	0.227
日本	3	0.922	0.078	0.004	0.918	0.082
菲律宾	7	0.485	0.515	0.027	0.458	0.542
泰国	3	0.561	0.439	0.023	0.538	0.462
马来西亚	2	0.604	0.396	0.008	0.596	0.404
印度	6	0.503	0.497	0.003	0.500	0.500
斯里兰卡	5	0.544	0.456	0.016	0.528	0.472
孟加拉国	5	0.585	0.415	0.234	0.251	0.749
印度尼西亚	8	0.555	0.445	0.161	0.394	0.606
中国	25	0.576	0.424	0.039	0.537	0.463

2.3 各总群体血红蛋白位点的遗传分化

从表 3 可以看到:①血红蛋白位点的基因分化程度:以孟加拉国和印度尼西亚两国家牛群体最大,印度家牛群体最小,这与已知的家牛起源的多元性有关。前两个国家家牛群体中不仅存在有普通牛和瘤牛的血统群,而且还包含另一家牛的远缘种爪哇牛血统之后裔群。而印度的家牛均属瘤牛种之后裔群。这一结果同时亦说明前两个国家家牛群体亚群间差异较大,而后者亚群间差异较小。②亚群间的信息量比:10 国家牛总群体的 R 值依次是:孟加拉国>印度尼西亚>中国>日本>菲律宾>南朝鲜>泰国>斯里兰卡>马来西亚>印度。这是种从信息工程角度分析亚群间遗传差异的方法,它的估值与基因分化系数估值结果略有差异,其原因尚需进一步探讨。③各总群平均有效等位基因数(\bar{E}):以菲律宾、印度两国家牛总群体最大,日本、南朝鲜两国较小。这说明前两个国家家牛总群体血红蛋白位点的基因在发生选择、突变或随机漂变时,群体保持其等位基因能力较强,而后两个群体相对较差。这种方法虽然也可用来度量总群体的遗传变异,但它的统计学性能不如平均基因多样性^[16]。

表 3 血红蛋白位点的 G_{st} , H_s , H_T , R 及 \bar{E}

国 家	G_{st}	H_s	H_T	$R \times 100(\%)$	\bar{E}
南 朝 鲜	0.040	0.583	0.608	0.041	1.300
日 本	0.050	0.235	0.257	0.086	1.054
菲 律 宾	0.051	1.263	1.320	0.043	2.160
泰 国	0.053	1.115	1.142	0.024	1.793
马 来 西 亚	0.020	1.017	1.036	0.018	1.660
印 度	0.005	1.017	1.021	0.004	1.990
斯 里 兰 卡	0.033	0.935	0.954	0.020	1.850
孟 加 拉 国	0.312	0.876	1.440	0.392	1.733
印 度 尼 西 亚	0.265	1.108	1.413	0.216	1.880
中 国	0.084	1.041	1.178	0.110	1.800

2.4 血红蛋白位点各等位基因的分化程度

亚洲 10 国家家牛总群体血红蛋白位点的基因频率平均值及固定指数的计算结果见表 4。

表 4 血红蛋白位点的 \bar{P} 及 F_{st}

国家	\bar{P}				F_{st}			
	Hb ^A	Hb ^B	Hb ^C	Hb ^r	Hb ^A	Hb ^B	Hb ^C	Hb ^r
南 朝 鲜	0.872	0.114	0.012	0	0.041	0.043	0.004	0
日 本	0.958	0.041	0.001	0	0.045	0.043	0.003	0
菲 律 宾	0.622	0.234	0.145	0	0.067	0.032	0.046	0
泰 国	0.699	0.216	0.086	0	0.020	0.054	0.012	0
马 来 西 亚	0.753	0.164	0.084	0	0.007	0.040	0.019	0
印 度	0.542	0.455	0.003	0	0.007	0.005	0.002	0
斯 里 兰 卡	0.625	0.375	0	0	0.833	0.033	0	0
孟 加 拉 国	0.524	0.308	0.168	0	0.348	0.037	0.987	0
印 度 尼 西 亚	0.558	0.167	0.275	0	0.277	0.045	0.428	0
中 国	0.703	0.122	0.173	0.001	0.098	0.106	0.076	0.079

Nei 指出, G_{st} 可以看作是 F_{st} 的一个扩展式^[16]。前者是衡量该位点总的基因分化程度,

而后者则能更好地说明单个基因在亚群间的分化情况。本文计算结果表明, Hb^A 基因除孟加拉国、印度尼西亚、中国及菲律宾 4 个国家牛总群体的分化程度在 0.06 以上外, 其余都在 0.05 以下。这说明前 4 个国家家牛总群体中 Hb^A 基因的固定程度较低, 而在其他国家固定程度较高。 Hb^B 基因除在中国家牛总群中固定程度为 90% 以下外, 其余都在 95% 以上。 Hb^C 基因除孟加拉国、印度尼西亚和中国 3 个国家牛总群体外, 其余各国家牛总群体的分化程度都在 5% 以下。值得注意的是, Hb^C 基因在孟加拉国家牛群体中的 F_{st} 则高达 0.987。 Hb^D 基因在中国家牛群体中的 F_{st} 仅为 0.079。可见其分化程度极低, 因而在中国家牛群体的西镇牛和鲁西牛两个亚群中, 必须妥善保存这一基因资源, 避免其流失。总之, 4 个等位基因的分化程度在孟加拉国、印度尼西亚及中国 3 个国家牛总群体中较大, 在印度家牛群体中较小, 与估测的 G_{st} 及 Shannon 信息测度结果相一致。

3 结 论

1) 血红蛋白位点各等位基因的频率在不同国家的家牛总群体中, 具有明显的种群特异性。其多样性以孟加拉国和印度尼西亚两个家牛总群较大, 以日本和南朝鲜两个家牛总群较小。

2) 各国家牛总群体遗传变异的来源有明显差异。印度家牛总群体亚群内差异占总差异的 99.5%, 而孟加拉国家牛总群体以亚群间差异占的比率最大(69%)。

3) 无论是整个位点, 还是单个基因, 两者的分化程度, 都以孟加拉国和印度尼西亚 2 个国家牛总群体最大, 印度家牛总群体最小。

参 考 文 献

- 1 並河廣夫. Domestication の生态学と遺伝学. 京大畜产类研究所, 1982. 98~108
- 2 並河廣夫. 家牛地域集団間における遺伝的分化, 京大畜产类研究所, 1984. 1~11
- 3 陈幼春主编. 中国黄牛生态种特征及其利用方向. 北京: 农业出版社, 1990. 24~41, 94~101
- 4 鈴木正三, 林田重幸, 保田干男等. 韩国在来牛における毛色変異と血液型および血液蛋白の多型現象. 在来家畜研究会報告, 1970(4): 69~81
- 5 Takao Namikawa, Widji Widodo. Electrophoretic variations of hemoglobin and serum albumin in Indonesian Cattle including Bali Cattle (*Bos banteng*). *Jap J Zootch Sci*, 1978, 49(11): 817~827
- 6 並河廣夫, 天野卓. 台湾における在来牛の血液型および蛋白の多型について, 在来家畜研究会報告, 1974(4): 71~83
- 7 並河廣夫, 天野卓, Joseph S 等. 菲律宾在来牛の毛色、血液型、血液蛋白、酵素の変異. 在来家畜研究会報告, 1978(8): 33~39
- 8 並河廣夫, 天野卓, タイ国在来牛の遺伝子構成と東アジア家畜牛における遺伝的类縁関係. 在来家畜研究会報告, 1974(6): 60~78
- 9 並河廣夫, 坪田裕司, 天野卓, スリン力産在来牛の血液蛋白多型. 在来家畜研究会報告, 1986(11): 95~107
- 10 並河廣夫, 天野卓, 岡田育穂等. バングラデシュ産在来牛およびヤールの血液型と血液蛋白、酵素の遺伝変異. 在来家畜研究会報告, 1988(12): 77~88
- 11 天野卓, 並河廣夫. 西マレーシア家畜牛における毛色変異と遺伝子構成について. 在来家畜研究会報告, 1976(7): 84~93
- 12 Sany. Kee Han, Shozo Suzuki. Studies on hemoglobin variants in korean cattle. *Anim Blood Grps Biochem Genet*, 1976(7): 21~25

- 13 Tsuneeo Abe. Studies on the native farm animals in Asia. *J Jap Zootch Sci*, 1968,39(12):523~555
- 14 邱 怀,刘收选. 中国部分黄牛血液蛋白多态性与遗传关系的研究. *黄牛杂志*,1990(4),9~13
- 15 武 彬,常 洪,耿社民. 平利牛品种资源遗传检测的研究. *西北农业大学学报*,1990,18(3),9~12
- 16 根井正利著;王家玉译. 分子群体遗传学. 北京:农业出版社,1983
- 17 Nei M. Genetic distance between populations. *Amer Nat*, 1972(106),283~292
- 18 Nei M. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 1974(76),362~372
- 19 翁自力,袁义达,杜若甫. 中国 14 个民族红细胞血型座位的遗传分化. *遗传学报*,1990(4),260~268
- 20 Lewontin R C. The apportionment of human diversity. *Evol Boil*, 1972(6),381~398
- 21 Wright S. The genetical structure of population. *Ann Eugenics*,1951(15),323~354
- 22 Kimura M. Diffusion models in population genetics. *J Appl Probab*, 1964(1),177~232

Genetic Differentiation of Hemoglobin Locus of Domestic Cattle Population in the Part of Asia

Geng Shemin Chang Hong

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

Abstract The gene frequencies of hemoglobin (Hb) locus of 70 domestic cattle populations in the 10 nations of Asia were collected to analyse their genetic differentiation degree. The result showed that average gene heterogeneity per total population, coefficient of gene differentiation, Shannon information determination and fixation index all reflected the higher differentiation degree of Bangladash demestic cattle total population and Indonesian domestic cattle total population than that of other nations, and the significant difference of source of genetic variation per total population within the subpopulations and between the subpopulations. There is an opposite relationship between alleles genes homogeneity and average effective numbers.

Key words domestic cattle, Hemoglobinlocus, genetic differentiation, subpopulation

• 学术动态 •

“优质同羊肉生产配套技术推广”项目通过省级鉴定

由我校同羊研究课题组承担的“优质同羊肉生产配套技术推广”项目通过省级鉴定。专家认为这一研究项目从实际出发,育肥方式正确,饲养和疫病防治科学,突出了羊肉初加工技术及肉羊异地肥育、快速催肥、发情控制等技术组合,使生产和推广更具操作性,使同羊获得了前所未有的发展速度,获得了显著的经济效益、社会效益和生产效益。经过认真讨论,认为该项目总体水平处国内领先。

(李斌成)