

黄牛毛色位点表型遗传分化的研究*

耿社民¹ 常 洪¹ 秦国庆¹ 武 彬¹ 陈幼春²

(1 西北农业大学动物科学系, 陕西杨陵 712100) (2 中国农业科学院畜牧研究所, 北京 100094)

摘 要 应用扩展的 Nei·M 公式对陕西境内 4 个黄牛群体毛色位点的表型遗传分化进行了研究。结果表明, 各总群平均表型异质度与其选种水平密切相关, 各总群的表型遗传分化程度与各畜群规模及分布范围有关, 各总群遗传变异来源在系统内和系统间存在明显差异, 部分表型遗传分化程度较高的指标可作为未来品系育种的研究对象。

关键词 黄牛, 总群体, 毛色, 表型遗传分化

中图分类号 S823.812

黄牛毛色的遗传同其他孟德尔性状一样, 都具有多态现象。利用多态现象研究群体的遗传变异已成为目前群体遗传学研究中的一个重要分支。然而如毛色这一类性状, 由于其显性纯合子与杂合子在表型上不便区分, 所以既有的研究结果均以其表型频率给予标志, 是否可将 Nei 的基因分化系数^[1]、Lewontin 的 Shannon 信息测值^[2]及 Wright 的固定指数^[3]扩展于群体表型遗传变异来源的分析上, 迄今尚未见有任何报道。本文拟就利用上述方法扩展于陕西境内 4 个黄牛群体的毛色遗传变异中, 为此领域的深入研究起抛砖引玉的作用, 同时亦为陕西黄牛群体遗传资源的保存及其品系育种提供必要的理论参数。

1 材料方法

1.1 资料来源

陕西 4 个黄牛群体(北部黄牛、秦川牛、西镇牛及平利牛)8 个毛色位点(B, D, S, In, Ps, Br, W 及 Bs)的表型分布频率取自文献[4]。所有频率估计值有相应的可靠水准保证。

1.2 资料的统计处理

1.2.1 表型同质度与异质度

① 设特定毛色位点 K 上某种表型频率为 P , 则该位点的表型同质度 $(j_K) = \sum_{i=1}^{n_K} P_i^2$, 异质度 $(h_K) = 1 - j_K$ 。

② 平均表型同质度(J)与异质度(H)

$$J = \frac{1}{r} \sum_{K=1}^r j_K \quad H = 1 - J$$

式中, r ——位点数。

③ 系统内平均表型同质度(J_s)与异质度(H_s)

$$J_s = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^S J_i \quad H_s = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^S H_i$$

式中, S ——系统数。

收稿日期: 1996-01-16

* 国家“七五”攻关课题和高等学校博士点基金资助项目。

④ 总群表型同质度(J_T)与异质度(H_T)

$$J_T = \sum_{i=1}^{nr} P_i^2 \quad H_T = 1 - J_T = 1 - \sum_{i=1}^{nr} P_i^2$$

⑤ 系统间平均表型异质度(D_u)

$$D_u = H_T - H_s$$

1.2.2 总群体表型分化系数(P_u)

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

1.2.3 Shannon 信息测度^[2]① 各位点的信息测度($\bar{h}_k$)

$$\bar{h}_k = - \sum_{i=1}^{nK} P_i \log_2 P_i$$

② 位点平均信息测度($\bar{H}$)

$$\bar{H} = \frac{1}{r} \sum_{k=1}^r \bar{h}_k$$

③ 系统内平均信息测度(H_s)

$$H_s = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^S H_i$$

④ 总群平均信息测度(H_T)

$$H_T = \sum_{i=1}^{nr} P_i \log_2 P_i$$

式中, P_i ——第 i 个表型频率的算术平均数。

⑤ 系统间信息量比(R)

$$R = (1 - H_s) / H_T \times 100\%$$

1.2.4 表型固定指数(F_{Si})

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

式中, σ^2 ——某一表型频率在系统间的方差。

2 结果与分析

2.1 毛色遗传变异分析

陕西境内 4 个黄牛群体 8 个毛色位点的表型同质度与异质度的计算结果(表 1)表明:(1)不同的毛色位点在同一系统或同一毛色位点在不同的系统中具有遗传变异的差异性。如陕西北部黄牛群体:系统 1 的 In 位点与 W 位点的表型异质度差异达 4 倍以上;又如秦川牛群体中 In 位点表型异质度在系统 1 与系统 2 之间相差 7 倍以上。这种现象与选择作用大小有关。(2)不同种群总体平均表型异质度(H_T)的差异非常明显,按大小排序是:平利牛>西镇牛>陕西北部黄牛>秦川牛。这说明前两个群体毛色的匀整度比后两者差,亦说明前两个群体毛色选择水平较低。

表1 毛色位点表型同质度与异质度的分布

群体	系统	h_K								H	J	H_s	D_n	J_T	H_T	$\frac{P_n}{(100\%)}$
		B	D	S	In	Ps	W	Br	Bs							
北部黄牛	1	0	0.290	0.144	0.468	0.265	0.111	0.339	0	0.202	0.798					
	2	0	0.441	0.033	0.033	0.366	0.328	0.452	0	0.207	0.793	0.192	0.012	0.796	0.204	5.740
	3	0	0.248	0.174	0	0.425	0.032	0.467	0	0.138	0.862					
秦川牛	1	0	0.167	0	0.203	0.147	0.428	0	0	0.118	0.882					
	2	0	0.129	0	0.029	0.129	0.129	0.007	0	0.053	0.947	0.097	0.009	0.894	0.106	8.826
	3	0	0.118	0.026	0.182	0.178	0.471	0.049	0	0.121	0.879					
西镇牛	1	0	0.492	0	0.047	0.500	0.360	0.399	0.334	0.266	0.734	0.286	0.009	0.705	0.295	3.090
	2	0.109	0.470	0	0.029	0.497	0.495	0.476	0.371	0.306	0.694					
	3	0.255	0.489	0	0.120	0.473	0.500	0.418	0.282	0.318	0.682					
平利牛	2	0.240	0.500	0	0	0.445	0.494	0.375	0.197	0.281	0.719	0.288	0.015	0.698	0.302	4.700
	3	0.219	0.495	0.049	0.095	0.180	0.455	0.399	0.219	0.264	0.736					

2.2 总群遗传变异来源剖析

总群遗传变异来源可用表型分化系数(P_n)及 Shannon 信息测值来剖析。表1可见,计算的总群表型分化系数,在总群体的遗传变异中,秦川牛的 8.286%、陕西北部黄牛的 5.74%、平利牛的 4.7%及西镇牛的 3.09%是由系统间的遗传差异所造成,而总群遗传变异的 91%~97%是各总群系统内的遗传多态现象。造成系统间的差异主要与各总群规模及分布范围有关,而各总群系统内的差异主要是各总群固有的遗传结构的差异。同时由表2可见,利用 Shannon 信息测度从熵的角度计算信息量在各总群系统内与系统间的分布结果表明,不同位点的 h_K 值及不同系统的 H 值都存在一定的差异;总群体的 H_T 值在不同总群亦有较大差异,如秦川牛的 H_T 仅为 0.271,而平利牛的则为 0.657,两者相差 1 倍以上;计算的 R 值为秦川牛>陕西北部黄牛>平利牛>西镇牛。其数值虽与 P_n 有差异,但并不影响其分析结果。

表2 毛色位点的 Shannon 信息测值

群体	系统	h_K								H	H_s	H_T	$R(\%)$
		B	D	S	In	Ps	W	Br	Bs				
北部黄牛	1	0	0.167	0.395	0.953	0.627	0.323	0.753	0	0.465			
	2	0	0.913	0.124	0.124	0.797	0.736	0.930	0	0.453	0.432	0.458	5.68
	3	0	0.597	0.456	0	0.889	0.118	0.951	0	0.376			
秦川牛	1	0	0.443	0	0.515	0.402	0.893	0	0	0.282			
	2	0	0.362	0	0.295	0.362	0.362	0.170	0	0.194	0.252	0.271	6.87
	3	0	0.339	0.100	0.472	0.339	0.958	0.038	0	0.281			
西镇牛	1	0	0.988	0	0.163	1.000	0.787	0.849	0.745	0.567	0.605	0.627	3.50
	2	0.319	0.956	0	0.109	0.996	0.992	0.965	0.805	0.643			
	3	0.607	0.997	0	0.343	0.960	1.000	0.879	0.658	0.681			
平利牛	2	0.580	0.913	0	0	0.918	0.990	0.810	0.503	0.589	0.622	0.657	3.70
	3	0.776	0.993	0.169	0.286	0.469	0.934	0.849	0.544	0.628			

2.3 单一表型在各总群的分化程度剖析

应用表型固定指数可描述单一表型在各总群系统间的分化程度。计算结果(表3)表明,陕西北部黄牛的 D, In, Br 及 W 位点;秦川牛的 W;西镇牛的 B, D, W 及 Br 位点;平利

牛的 Ps 位点在系统间分化程度均较大,如果在一个总群内实施系统育种时,限定表型分化程度为 0.05 以上。上述这些指标可作为各总群在毛色上的重点研究对象。

表 3 毛色位点各表型的固定指数(F_{st})

位点	基因型	陕西北部黄牛	秦川牛	西镇牛	平利牛	位点	基因型	陕西北部黄牛	秦川牛	西镇牛	平利牛
B	B-	0	0	0.060	0.001	Ps	Ps-	0.031	0.001	0.002	0.115
	bb	0	0	0.060	0.001		psps	0.031	0.001	0.002	0.115
D	D-	0.395	0.003	0.071	0.003	W	W-	0.118	0.141	0.102	0.021
	dd	0.395	0.003	0.071	0.003		ww	0.118	0.141	0.102	0.021
S	S-	0.029	0.013	0	0.025	Br	Br-	0.243	0.001	0.226	0.003
	ss	0.029	0.013	0	0.025		brbr	0.243	0.001	0.226	0.003
In	In-	0.392	0.014	0.002	0.031	Bs	Bs-	0	0	0.003	0.008
	inin	0.392	0.014	0.002	0.031		bsbs	0	0	0.003	0.008

3 讨 论

3.1 群体遗传变异研究方法的评价

目前用于度量群体质量性状遗传变异的方法主要有多态位点比例^[5]、等位基因有效数^[6]、平均杂合度^[1]及平均标准杂合度^[7],前两者通常受测定位点数目、抽样规模及分布等因素的影响,故应用性能较差。平均标准杂合度虽克服了等位基因数差异对位点间杂合度的影响,但亦存在着估值偏大和最大标准杂合度达到 1 的问题,显然统计学性能较差。平均杂合度仍是目前度量群体遗传变异的最适方法,它适用于随机交配群体,而且也是非随机交配群体内遗传变异的理想测度^[1]。本文据此将 Nei(1973)定义的平均杂合度扩展为度量黄牛毛色遗传变异的表型同质度与异质度,取得了与畜牧学成果相一致的结论。

3.2 亚群间遗传变异度量方法的评价

Nei 指出,总群体的遗传变异可分为两部分,即亚群内部的遗传多态现象与亚群间的遗传差异^[1]。迄今用于度量亚群间遗传变异的尺度指标有:基因分化系数^[1]、Shannon 信息测度^[2]及固定指数^[3]。前两者可用于衡量亚群间在多个位点上的遗传分化程度,而后者则能更有效地描述单个位点在亚群间的遗传分化速度,但对于在表型上难于区分显性纯合子与杂合子的某些孟德尔性状,应用上述方法显然不妥。本文据此将上述方法分别定义为表型分化系数及表型固定指数,对于 Shnnon 信息测值不需重新定义,加之本文所用的资料皆由相应的可靠水准来保证,所以所有估计值在一定程度上是可信的。

3.3 选择与群体异质度的关系

黄牛的毛色遗传具有明显的多样性,长期以来是人们进行选种的依据之一^[8]。陕西境内 4 个黄牛群体毛色的异质性显然与选择水平的高低有关。单就这一特征而言,选择水平较高的秦川牛和陕西北部黄牛其毛色平均表型异质度远远低于选择水平相对较低的西镇牛与平利牛。这与选择可以增加群体有利基因纯合机会的理论是吻合的,但也不排除不同区域人们对毛色的嗜好性及固有生态环境的影响。

3.4 畜群规模与表型遗传分化的关系

一般而言,畜群规模愈大,分布范围愈广,群体的表型分化就愈大。对于易受选择作用

而发生变化的毛色位点而言,这一现状就更加明显。如陕西境内牛群规模较大的秦川牛和陕西北部黄牛,其表型分化系数远远大于西镇牛与平利牛两个规模较小的群体。这说明畜群规模及分布范围与表型分化系数之间存在正比关系,同样亦说明在同一群体不同系统内存在有选择强度上的差异。

4 结 论

- 1) 平均表型异质度是目前度量群体表型遗传变异的最适指标,适合于任何群体。
- 2) 表型分化系数、Shannon 信息测度及表型固定指数均可剖析表型在亚群间的分化程度。
- 3) 选择水平与群体表型异质度之间呈明显的反变关系。
- 4) 畜群规模及分布范围与表型分化程度呈正比关系。

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 Lewontin R C. The apportionment of human diversity. *EVOL Biol.* 1972(6):381~398
- 3 Wright J. The genetical structure of population. *Ann Eugenies*, 1951(15):323~354
- 4 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
- 5 Harris H. Polymorphism and protein evolution; the neutral mutation-random drift hypothesis. *J Med Genett*, 1971(8):444~452
- 6 Kimura M, Crow J. Diffusion models in population genetics. *J Appl Probab*, 1964(1):177~232
- 7 Zeven A V. A lodscore analysis on the assignment of the halothane linkage group by means of the G. blood System in Pig. *Ann Genet*, 1989(20):18~19
- 8 耿社民,常洪. 中国黄牛毛色的演变及其遗传. *黄牛杂志*, 1995(1):10~15, (2):11~16

Phenotypic Genetic Differentiation of Coat Color Locus in Yellow Cattle

Geng Shemin¹ Chang Hong¹ Qin Guoqing¹ Wu Bin¹ Chen Youchun²

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

(2 Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, 100094)

Abstract The study on phenotypic genetic differentiation of coat color locus in 4 yellow cattle populations of Shaanxi was carried out with the extension of Nei. M. formula. The result indicated that the average phenotypic heterogeneity degree of every general population is closely related to its selection level; and the phenotypic genetic differentiation degree of every general population to its population scale and distribution-scope; the origins of every general population genetic variation has a distinct difference both within the system and between systems; some items with higher level of phenotypic genetic differentiation can be used as the subject for the further study in strain breeding.

Key words yellow cattle, general population, coat color, phenotypic genetic differentiation