

共显性分子标记与显性基因数量性状

李学斌, 余小领

(河南职业技术学院 动物科学系, 河南 新乡 453003)

摘要: 对以正交表形式表现的共显性动物分子标记资料根据显性基因控制的数量性状遗传模型配合了动物分子标记回归方程。结果表明, 在一定的条件下, 对以正交表形式表现的显性基因共显性分子标记资料配合的分子标记回归方程, 可以对显性基因的相对作用加以估计, 并可作为育种的依据。运用此方法亦可以实现从基因到性状的翻译。

关键词: 分子标记; 标记辅助选择; 数量性状; 回归方程

中图分类号: S188 文献标识码: A 文章编号: 1000- 7091(2003) 02- 0009- 05

Codominant Molecular Markers and Dominant Gene Quantitative Traits

LI Xue bin, YU Xiao ling

(1. Animal Science Department, Henan Vocational-technical Teachers College, Xinxiang 453003, China)

Abstract: The gene's effect controlling quantitative traits is greatly noticed by genetic academics for a long time, especially at the time when Human Genome Project is to be finished. And thus, how to translate DNA segments to trait is one of important items. In this article, a general analysis model using molecular marker material is established for discussing the gene's relative effect and the translating from dominant gene's DNA segments to quantitative trait. The result shows: by this way, the dominant gene's effect can be estimated by the coefficient of molecular marker regression equations fitting the orthogonal layout codominant molecular marker materials under some hypothetical conditions, and thus, a method and theory basis for translating gene code DNA segments to quantitative trait is presented, and a new method of animal molecular marker assistant selection is supplied in the same time.

Key words: Molecular marker; MAS; Quantitative trait; Regression equation

控制数量性状的基因作用历来受到遗传学界的高度重视, 关于控制数量性状的显性基因的遗传规律已有探讨^[1, 2], 然而, 如何运用这些规律, 标记辅助选择(MAS)便是一个有效的方法^[3], 可是, 传统的MAS往往要借助于动物数量性状的主基因QTL定位, 这就使得标记辅助选择MAS耗资大, 时间长, 对动物数量性状的主基因QTL定位具有较强的依赖性。笔者对共显性分子标记(如SSCPs)标记的显性性状加以探讨, 以期对上述问题的解决提供一个有效的方法。

1 基本模型

1.1 显性基因控制的数量性状遗传模型^[1, 2]

1.1.1 等作用显性基因控制的数量性状遗传模型

假设某性状由n个座位上的完全显性基因所控制, 等位基因的作用分别为A和a单位, 则, 其个体的表型值 P_{GC} 为:

$$P_{GC} = 2na + 2(A - a)I_{GC}$$

其中, I_{GC} 为杂合基因对数与显性纯合基因对数之和。

收稿日期: 2002- 07- 17

作者简介: 李学斌(1969-), 男, 河南伊川人, 讲师, 硕士, 主要从事动物遗传育种科学研究工作, 余小领同志为食品科学系。

1.1.2 主要显性基因控制的数量性状遗传模型

假设某性状由 n 对主基因和 m 对一般或修饰显性基因座位所控制,前者等位基因作用分别为 A 和 a 单位,后者等位基因作用分别为 B 和 b 单位,则,个体的表型值 P_{MC+GC} 为:

$$P_{MC+GC} = 2[na + (A - a)I_{MC}] + 2[mb + (B - b)I_{GC}]$$

其中, I_{MC} 为主基因座位杂合基因对数与显性纯合基因对数之和;

I_{GC} 为一般或修饰基因座位杂合基因对数与显性纯合基因对数之和。

1.1.3 一般显性基因控制的数量性状遗传模型

假设显性性状由 n 个座位上的完全显性基因所控制,等位基因的作用分别为 $A_1, a_1; A_2, a_2; \dots; A_n, a_n$ 。则个体的表型值 P_{DA} 与表型值序号 I_1, I_2, \dots, I_n (其中 $I \in [0, 2]$) 的关系为:

$$P_{DA} = 2a_1 + 2I_1(A_1 - a_1) + 2a_2 + 2I_2(A_2 - a_2) + \dots + 2a_n + 2I_n(A_n - a_n)$$

其中 $I \in [0, 1]$, 当 $I = 0$ 时基因型表现为隐性纯合, $I = 1$ 时基因型表现为杂合或显性纯合。

1.2 显性分子标记回归模型^[4, 5]

1.2.1 等作用显性基因控制的数量性状分子标记回归模型 假设某性状由 n 个座位上的显性基因所控制,等位基因的作用分别为 A 和 a 单位,且 AA, Aa 与 aa 为共显性分子标记 M_{DCi} (其中 $i \in [1, n]$) 所标记,若将 M_{DCi} 的表现状态作为变量并仍用 M_{DCi} 表示,则,个体的表型值 P_{DC} 可用多元二次回归模型表示为:

$$P_{DC} = K_{DC0} + K_{DC1}M_{DC1} + K_{DC2}M_{DC2} + \dots + K_{DCi}M_{DCi} + \dots + K_{DCn}M_{DCn} + K_{DC1'}M_{DC1}^2 + K_{DC2'}M_{DC2}^2 + \dots + K_{DCi'}M_{DCi}^2 + \dots + K_{DCn'}M_{DCn}^2 + \varepsilon$$

其中 K_{DC0} 为标记常量, K_{DCi} 为 M_{DCi} 标记系数, ε 为随机误差。

1.2.2 主要显性基因控制的数量性状分子标记回归模型 假设某性状由 n 对主基因和 m 对一般或修饰显性基因座位所控制,前者等位基因作用分别为 A 和 a 单位,后者等位基因作用分别为 B 和 b 单位,且 AA, Aa 与 aa 为共显性分子标记 M_{MCi} (其中 $i \in [1, n]$) 所标记,且 BB 与 Bb 为显性分子标记 M_{GCj} (其中 $j \in [1, m]$) 所标记,若将 M_{MCi}, M_{GCj} 的表现状态作为变量并仍用 M_{MCi}, M_{GCj} 表示,则,个体的表型值 P_{MC+GC} 可用多元回归模型表示为:

$$P_{MC+GC} = K_{MC0} + K_{MC1}M_{MC1} + K_{MC2}M_{MC2} + \dots + K_{MCi}M_{MCi} + \dots + K_{MCn}M_{MCn} + K_{GC1}M_{GC1} + K_{GC2}M_{GC2}$$

$$+ \dots + K_{GCj}M_{GCj} + \dots + K_{GCm}M_{GCm} + K_{MC1'}M_{MC1}^2 + K_{MC2'}M_{MC2}^2 + \dots + K_{MCi'}M_{MCi}^2 + \dots + K_{MCn'}M_{MCn}^2 + K_{GC1'}M_{GC1}^2 + K_{GC2'}M_{GC2}^2 + \dots + K_{GCj'}M_{GCj}^2 + \dots + K_{GCm'}M_{GCm}^2 + \varepsilon$$

其中 K_{MC0} 为标记常量, K_{MCi} 为 M_{MCi} 标记系数, K_{GC} 为 M_{GCj} 标记系数, ε 为随机误差。

1.2.3 一般显性基因控制的数量性状分子标记回归模型 假设某性状由 n 个座位上的显性基因所控制,等位基因的作用分别为 $A_1, a_1; A_2, a_2; \dots; A_n, a_n$ 。且 AA, Aa 与 aa 为共显性分子标记 M_{DCi} (其中 $i \in [1, n]$) 所标记,若将 M_{DCi} 的表现状态作为变量并仍用 M_{DCi} 表示,则,个体的表型值 P_{DC} 可用回归方程表示为:

$$P_{DC} = K_{DC0} + K_{DC1}M_{DC1} + K_{DC2}M_{DC2} + \dots + K_{DCi}M_{DCi} + \dots + K_{DCn}M_{DCn} + K_{DC1'}M_{DC1}^2 + K_{DC2'}M_{DC2}^2 + \dots + K_{DCi'}M_{DCi}^2 + \dots + K_{DCn'}M_{DCn}^2 + \varepsilon$$

其中 K_{DC0} 为标记常量, K_{DCi} 为 M_{DCi} 标记系数, ε 为随机误差。

2 研究方法

2.1 数据资料的来源

设 M 与显性基因 A (或 B 等) 完全连锁或是显性基因 A (或 B 等) 的一部分, m 与隐性基因 a (或 b 等) 完全连锁或是 a (或 b 等) 基因的一部分,则,共显性分子标记或基因 DNA 片段在电泳时表现为三种状态: 隐性纯合 (mm)、杂合 (Mm) 及显性纯合 (MM), 笔者将 mm 数量化为 0, Mm 数量化为 1, MM 数量化为 2^[3, 5]。若将标记看作因素,出现状态看作水平,则最具代表性的组合为正交表中的水平组合,另考虑到标记数的多少,笔者将采用 $L_{27}(3^{13})$ 正交表^[6]中的水平数为例作为某群体进化过程中某阶段标记通过电泳的表现形式,个体数量性状表型值资料将根据 1.1 的遗传模型进行计算。

2.2 数据处理方法

将 $L_{27}(3^{13})$ 正交表中标记的水平组合资料根据 1.2 中的回归模型,考虑不同的情况运用最小二乘原理配合分子标记回归方程,并将结果的可靠性和准确性运用统计学原理加以筛选与评定。

3 结果

3.1 等作用显性基因控制的数量性状结果分析

利用 $L_{27}(3^{13})$ 正交表中的某些列作为分子标记

系统的组合。令 A 与 a 分别取不同的值, $A_1, A_2, \dots, A_i, \dots, A_n$ 基因作用相等, $a_1, a_2, \dots, a_i, \dots, a_n$ 基因作用相等。根据研究方法中的规定, 从而得到不同的基因标记系统, 这类基因标记系统笔者称为基因标记系统 I。若将分子标记的表现状态作为变量

并用 M_{GCI} 表示, 根据 1. 1. 1 等作用基因控制的数量性状遗传模型计算对应的数量性状表型值。然后, 对所得资料进行回归曲线的配合, 则得分子标记回归方程结果见表 1。

表 1 基因标记系统 I 与分子标记回归方程

性状名称	基因作用	分子标记回归方程		
		利用正交表 $L_{27}(3^{13})$ 中所有列	利用正交表 $L_{27}(3^{13})$ 中 4 列	利用正交表 $L_{27}(3^{13})$ 中 8 列
$P_{GC}(1, 0)$	$A = 1, a = 0$	$P_{GC} = 0 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 0 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 0 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(2, 0)$	$A = 2, a = 0$	$P_{GC} = 0 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 0 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 0 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(3, 0)$	$A = 3, a = 0$	$P_{GC} = 0 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 0 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 0 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(2, 1)$	$A = 2, a = 1$	$P_{GC} = 26 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(3, 1)$	$A = 3, a = 1$	$P_{GC} = 26 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(4, 1)$	$A = 4, a = 1$	$P_{GC} = 26 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(3, 2)$	$A = 3, a = 2$	$P_{GC} = 26 \times 2 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 \times 2 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 \times 2 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(4, 2)$	$A = 4, a = 2$	$P_{GC} = 26 \times 2 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 \times 2 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 \times 2 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(5, 2)$	$A = 5, a = 2$	$P_{GC} = 26 \times 2 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 \times 2 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 \times 2 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(4, 3)$	$A = 4, a = 3$	$P_{GC} = 26 \times 3 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 \times 3 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 \times 3 + 3 \sum M_{GCI} - \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(5, 3)$	$A = 5, a = 3$	$P_{GC} = 26 \times 3 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 \times 3 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 \times 3 + 6 \sum M_{GCI} - 2 \sum M_{GCI}^2$
$P_{GC}(6, 3)$	$A = 6, a = 3$	$P_{GC} = 26 \times 3 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8 \times 3 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16 \times 3 + 9 \sum M_{GCI} - 3 \sum M_{GCI}^2$
.....
$P_{GC}(A, a)$	A, a	$P_{GC} = 26a + 3(A - a) \sum M_{GCI} - (A - a) \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 8a + 3(A - a) \sum M_{GCI} - (A - a) \sum M_{GCI}^2$	$P_{GC} = 16a + 3(A - a) \sum M_{GCI} - (A - a) \sum M_{GCI}^2$

从表 1 可以看出: 对于 n 个等作用显性基因控制的数量性状 $P_{GC} = 2na + 3(A - a) \sum M_{GCI} - (A - a) \sum M_{GCI}^2$ 。通过更多的计算机模拟也证实了这一点。

本结果表明, 对于多座位等作用显性基因控制的数量性状, 不管有多少基因标记, 若不出正交表的列数, 运用上述分子回归模型, 其基因的相对作用便可被估计出来, 非标记片断也可被判定。

3. 2 主要显性基因控制的数量性状结果分析

利用 $L_{27}(3^{13})$ 正交表中的某些列作为分子标记

系统的组合。令主基因 A 与 a 分别取较大的不同的值, $A_1 \sim A_n$ 基因作用相等, $a_1 \sim a_n$ 基因作用相等; 一般或修饰显性基因 B 与 b 分别取较小的不同的值, $B_1 \sim B_n$ 基因作用相等, $b_1 \sim b_n$ 基因作用相等。根据研究方法中的规定, 从而得到不同的基因标记系统, 这类基因标记系统笔者称为基因标记系统 II。若将分子标记的表现状态作为变量并用 M_{MCi} 及 M_{GCj} 表示, 根据 1. 1. 2 主基因控制的数量性状遗传模型计算对应的数量性状表型值。然后, 对所得资料配合回归方程, 结果见表 2。

表 2 基因标记系统 II 与分子标记回归方程

性状代号	基因作用	分子标记回归方程
P_{MC1}	$M_1 \sim M_4, A = 20, a = 10$ $M_5 \sim M_8, A = 5, a = 2$ $M_9 \sim M_{13}$, 不标记性状	$P_{MC1} = 96 + 30 \sum_{i=1}^4 M_{MCi} + 9 \sum_{j=5}^8 M_{GCj} - 10 \sum_{i=1}^4 M_{MCi}^2 - 3 \sum_{j=5}^8 M_{GCj}^2$
P_{MC2}	$M_1 \sim M_4, A = 20, a = 10$ $M_5 \sim M_8$, 不标记性状 $M_9 \sim M_{13}, A = 1, a = 0$	$P_{MC2} = 80 + 30 \sum_{i=1}^4 M_{MCi} + 3 \sum_{j=9}^{13} M_{GCj} - 10 \sum_{i=1}^4 M_{MCi}^2 - \sum_{j=9}^{13} M_{GCj}^2$
P_{MC3}	$M_1 \sim M_4, A = 20, a = 10$ $M_5 \sim M_8, A = 5, a = 2$ $M_9 \sim M_{13}, A = 1, a = 0$	$P_{MC3} = 96 + 30 \sum_{i=1}^4 M_{MCi} + 9 \sum_{j=5}^8 M_{GCj} + 3 \sum_{j=9}^{13} M_{GCj} - 10 \sum_{i=1}^4 M_{MCi}^2 - 3 \sum_{j=5}^8 M_{GCj}^2 - \sum_{j=9}^{13} M_{GCj}^2$

注: 表中“i”或“j”为标记号, 亦即表 $L_{27}(3^{13})$ 中的列号

同样, 运用更多的模拟表明: 主基因、一般基因与修饰基因间的分子标记回归方程具有简单的相加

的关系,且具以下等式关系:

$$P_{MC+GC} = 2(n_{MC} \sum a_{MCi} + n_{GC} \sum a_{GCj}) + 3 \sum (A_{MCi} - a_{MCi}) M_{MCi} + 3 \sum (A_{GCj} - a_{GCj}) M_{GCj} - \sum (A_{MCi} - a_{MCi})^2 M_{MCi} - \sum (A_{GCj} - a_{GCj})^2 M_{GCj}^2$$

其中 P_{MC+GC} 为主显性基因控制的性状表型值, n_{MC} 为主显性基因座位数, n_{GC} 为一般或修饰显性基因座位数, A_{MCi} , a_{MCi} 为主显性等位基因作用, A_{GCj} , a_{GCj} 为一般或修饰显性等位基因作用。

从上述结果可以看出, 不管运用正交表中的哪几列作为主基因标记资料, 哪几列作为一般基因标记资料, 哪几列作为修饰基因标记资料, 甚至有的是非标记片段, 只要在正交表中将之作为自变量, 运用文中所述分子标记回归模型, 其主基因、一般基因与

修饰基因的相对作用便可被估计出来, 非标记片段也可被判定。

3.3 一般显性基因控制的数量性状结果分析

利用 $L_{27}(3^3)$ 正交表中的列作为分子标记系统的组合。令 A 与 a 分别取不同的值, $A_1, A_2, \dots, A_i, \dots, A_n$ 基因作用相等或不等, $a_1, a_2, \dots, a_i, \dots, a_n$ 基因作用亦相等或不等。根据研究方法中的规定, 从而得到不同的基因标记系统, 这类基因标记系统本文称为基因标记系统 III。若将分子标记的表现状态作为变量并用 M_{DCi} 表示, 根据 1.1.3 一般显性基因控制的数量性状遗传模型计算对应的数量性状表型值。然后, 对所得资料进行回归方程的配合, 则得分子标记回归方程结果见表 3。

表 3 基因标记系统 III 与分子标记回归方程

性状代号	基因作用	分子标记回归方程
P_{DC1}	令 $A_1 \sim A_{13}$ 分别等于 11~23; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 0	$P_{DC} = 0 + 3 \times 11M_{DC1} + 3 \times 12M_{DC2} + \dots 3A_iM_{DCi} + \dots 3 \times 23M_{P13} - 11M_{DC1}^2 - 12M_{DC2}^2 - \dots A_iM_{DCi}^2 - \dots 23M_{P13}^2$
P_{DC2}	令 $A_1 \sim A_{13}$ 分别等于 21~33; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 0	$P_{DC} = 0 + 3 \times 21M_{DC1} + 3 \times 22M_{DC2} + \dots 3A_iM_{DCi} + \dots 3 \times 33M_{P13} - 21M_{DC1}^2 - 22M_{DC2}^2 - \dots A_iM_{DCi}^2 - \dots 33M_{P13}^2$
P_{DC3}	令 $A_1 \sim A_{13}$ 分别等于 31~43; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 0	$P_{DC} = 0 + 3 \times 31M_{DC1} + 3 \times 32M_{DC2} + \dots 3A_iM_{DCi} + \dots 3 \times 43M_{P13} - 31M_{DC1}^2 - 32M_{DC2}^2 - \dots A_iM_{DCi}^2 - \dots 43M_{P13}^2$
P_{DC4}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 11~23; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 2	$P_{DC} = 2 \times 2 \times 13 + 3 \times 9M_{DC1} + 3 \times 10M_{DC2} + \dots 3(A_i - 2)M_{DCi} + \dots 3 \times 21M_{P13} - 9M_{DC1}^2 - 10M_{DC2}^2 - \dots (A_i - 2)M_{DCi}^2 - \dots 21M_{P13}^2$
P_{DC5}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 21~33; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 2	$P_{DC} = 2 \times 2 \times 13 + 3 \times 19M_{DC1} + 3 \times 20M_{DC2} + \dots 3(A_i - 2)M_{DCi} + \dots 3 \times 31M_{P13} - 19M_{DC1}^2 - 20M_{DC2}^2 - \dots (A_i - 2)M_{DCi}^2 - \dots 31M_{P13}^2$
P_{DC6}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 31~43; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 2	$P_{DC} = 2 \times 2 \times 13 + 3 \times 29M_{DC1} + 3 \times 30M_{DC2} + \dots 3(A_i - 2)M_{DCi} + \dots 3 \times 41M_{P13} - 29M_{DC1}^2 - 30M_{DC2}^2 - \dots (A_i - 2)M_{DCi}^2 - \dots 41M_{P13}^2$
P_{DC7}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 11~23; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 5	$P_{DC} = 2 \times 5 \times 13 + 3 \times 6M_{DC1} + 3 \times 7M_{DC2} + \dots 3(A_i - 5)M_{DCi} + \dots 3 \times 18M_{DC13} - 6M_{DC1}^2 - 7M_{DC2}^2 - \dots (A_i - 5)M_{DCi}^2 - \dots 3 \times 18M_{DC13}^2$
P_{DC8}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 21~33; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 5	$P_{DC} = 2 \times 5 \times 13 + 2 \times 16M_{DC1} + 2 \times 17M_{DC2} + \dots 3(A_i - 5)M_{DCi} + \dots 3 \times 28M_{DC13} - 16M_{DC1}^2 - 17M_{DC2}^2 - \dots (A_i - 5)M_{DCi}^2 - \dots 28M_{DC13}^2$
P_{DC9}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 31~43; $a_1 \sim a_{13}$ 等于 5	$P_{DC} = 2 \times 5 \times 13 + 3 \times 26M_{DC1} + 3 \times 27M_{DC2} + \dots 3(A_i - 5)M_{DCi} + \dots 3 \times 38M_{DC13} - 26M_{DC1}^2 - 27M_{DC2}^2 - \dots (A_i - 5)M_{DCi}^2 - \dots 38M_{DC13}^2$
P_{DC10}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 11~23; $a_1 \sim a_{31}$ 分别等于 1~13	$P_{DC} = 2 \times (1 + 2 + \dots + 13) + 3 \times 10M_{DC1} + 3 \times 10M_{DC2} + \dots 3 \times 10M_{DCi} + \dots 3 \times 10M_{DC13} - 10M_{DC1}^2 - 10M_{DC2}^2 - \dots 10M_{DCi}^2 - \dots 3 \times 10M_{DC13}^2$
P_{DC11}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 21~33; $a_1 \sim a_{31}$ 分别等于 11~23	$P_{DC} = 2 \times (11 + 12 + \dots + 23) + 3 \times 10M_{DC1} + 3 \times 10M_{DC2} + \dots 3 \times 10M_{DCi} + \dots 3 \times 10M_{DC13} - 10M_{DC1}^2 - 10M_{DC2}^2 - \dots 10M_{DCi}^2 - \dots 3 \times 10M_{DC13}^2$
P_{DC12}	令 $A_1 \sim A_{31}$ 分别等于 31~43; $a_1 \sim a_{31}$ 分别等于 31~43	$P_{DC} = 2 \times (21 + 22 + \dots + 33) + 3 \times 10M_{DC1} + 3 \times 10M_{DC2} + \dots 3 \times 10M_{DCi} + \dots 3 \times 10M_{DC13} - 10M_{DC1}^2 - 10M_{DC2}^2 - \dots 10M_{DCi}^2 - \dots 3 \times 10M_{DC13}^2$

同样, 运用更多的模拟表明:

$$P_{DC} = 2(a_1 + a_2 + \dots + a_{13}) + 3(A_1 - a_1)M_{DC1} + 3(A_2 - a_2)M_{DC2} + \dots 3(A_i - a_i)M_{DCi} + \dots + 3(A_{13} - a_{13})M_{DC13} - (A_1 - a_1)M_{DC1}^2 - (A_2 - a_2)M_{DC2}^2 - \dots - (A_i - a_i)M_{DCi}^2 - \dots - (A_{13} - a_{13})M_{DC13}^2$$

从上述结果可以看出, 不管标记的基因作用如何, 运用正交表中的资料作为自变量, 根据数量性状的表型值, 只要基因座位分子标记数少于正交表中的列数, 那么, 这些基因座位作用的相对值便可以运用动物分子标记回归模型被估计出来。

总之,通过上述研究可以得出如下结论:运用动物分子标记回归模型,通过对控制数量性状的显性基因的分子标记电泳图谱的数据处理及筛选,控制数量性状的显性基因相对作用值便可被很好的估计出来。如果分子标记即是基因密码 DNA 序列的一部分,如运用基因的单链构型多态性标记 SSCP_s,那么,基因密码便与数量性状联系起来,从而,有可能为从基因密码到性状的翻译提供一种方法。从另一方面考虑,这亦为 MAS 的动物遗传育种工作提供了一种新方法。

4 讨论

姜志华等对完全显性基因控制的性状经长期选择后的遗传规律进行了研究,并对不同情况下的完全显性基因性状在选择情况下的可选择反应进行了讨论,结果认为,基因作用差对动物的选择反应有重要影响,然而如何利用这些规律就需要对基因的作用差加以了解^[1]。为此作者曾将显性分子标记资料与显性性状联系起来,并令显性分子标记(如 RAPD)标记显性基因,以多因素二水平的正交表显性分子标记资料配合了多元一次回归方程,结果发现,这个多元一次回归方程的系数就是基因作用差的 2 倍。然而,若显性标记标记的是隐性基因,此方法则很不适合;对于控制数量性状的加性基因作用的估计,在不同基因作用的情况下,作者亦曾对以多因素三水平正交表形式表现的共显性分子标记(如 SSCP_s)资料运用多元一次回归方程进行过讨论,结果认为,加性等位基因的作用差等于其对应标记变量的系数。然而,若以多元一次回归方程系数作为显性等位基因的基因作用差,与理论基因作用差相比,则相差甚远。因而,用多元一次回归方程来估计基因的作用或进行动物的选种育种必定会产生失误。从研究结果可以看出,对于控制数量性状的显性基因作用的估计,运用以多因素三水平的正交表形式表现的共显性分子标记资料来进行多元二次回归曲线的配合,效果相当理想,它可以用来估计基因的作用差。某标记的一次变量系数即是其所标记的基因作用差的 3 倍,而二次变量系数则正好是所标记的基因座位作用差的相反数。因此,对于显性性状,若要用共显性分子标记资料来进行多元回归方程的配合,则必需用二次型,此时所估计的基因作用差才符合实际。这样,对于显性性状,只要具有足够

的符合正交表的共显性分子标记资料,我们便可根据其所配合的分子标记回归方程进行标记辅助选择 MAS 育种,预知育种的进度及测知其他遗传参数如法氏遗传力、实现遗传力等。另一方面,如果一次变量系数与二次变量系数的相反数不成 3 倍的关系,则说明控制数量性状的基因类型与笔者所述情况不符,或者是有非显性基因存在、或者是不同基因间存在着一定的互作、或者是控制数量性状的基因标记不完全,需进一步尝试用其他的分子标记回归方程进行研究。

5 结论

运用显性基因的共显性分子标记资料配合多元二次回归方程可以对动物的显性等位基因作用差加以准确的估计。以此方法可以实现从基因片段到性状的翻译。所配合的回归方程可以作为标记辅助选择育种的依据。

如果有足够的共显性分子标记资料,且这些作为估计显性基因作用差的共显性分子标记资料符合多因素三水平的正交表,那么,根据此共显性分子标记资料所估计的基因作用差是可靠的。

运用显性基因作用差计算出的个体数量性状值若在统计意义上与实际表型值不符,或符合条件的分子标记资料配合的回归方程一次变量系数与二次变量系数的相反数不成 3 倍的关系,则说明控制数量性状的基因类型有非显性基因或有基因互作或基因标记不完全。

参考文献:

- [1] 姜志华. 长期选择与群体某些参数的变化规律[M]. 南京: 江苏科学技术出版社, 1989. 41- 65.
- [2] 李学斌, 王莹, 苏胜强, 等. 控制数量性状的基因对数及作用的估计[J]. 河南职技师院学报, 1999, 27(1): 11- 15.
- [3] 徐云碧, 朱立煌. 分子数量遗传学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1994. 35- 54, 190- 211.
- [4] 宋素芳. 生物统计学[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 1999. 161- 170.
- [5] 袁志发, 孟德顺. 多元统计分析[M]. 杨凌: 天则出版社, 1991. 285- 327.
- [6] 丁秀华. 正交法和三次设计的应用[M]. 香港: 香港亚洲出版社, 1993. 279.