

二花脸猪高繁殖力主效基因检测的研究

储明星¹, 吴常信², 张建生³, 顾建平³, 孙士铨³

(1. 中国农业科学院畜牧研究所, 北京 100094; 2. 中国农业大学 动物科技学院, 北京 100094;

3. 国营常熟畜禽良种场, 江苏 常熟 215500)

摘要: 利用二花脸猪、大白猪、杂交一代和回交一代 4 个群体共 2 010 窝产仔数的资料, 采用家系内方差异质性和主效基因指数方法检测是否存在影响二花脸猪高繁殖力的主效基因。检测结果表明二花脸猪高繁殖力存在主效基因。

关键词: 二花脸猪; 高繁殖力; 主效基因检测

中图分类号: S828.2 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2001)04-0027-05

20 世纪 90 年代以来, 在家畜、家禽中已经鉴别出对商业性状具有巨大效应的一些主效基因(主效基因更准确的表达应为具有巨大效应的单个基因或位点): 家禽中的矮小基因和裸颈基因; 猪的氟烷敏感基因和 RN 基因; 绵羊的 Booroola 基因; 罗姆尼绵羊的 FecX¹ 基因; 绵羊毛被光泽基因; 绵羊的 callipyge 产肉基因; 山羊的乳流速度基因; 牛的双肌基因以及抗牛蜱主效基因。

Falconer D S 等^[1]指出单个基因识别的作用为能够提高选择性育种, 特别是具有低遗传力或仅能在一个性别中度量的性状的功效; 转基因技术可以应用于数量性状; 在医学上, 对引起多因子疾病(心脏病或糖尿病)倾向的等位基因的识别可以导致预防方法的改进; 当基因的数目和特性已知时, 数量遗传学理论将发展得更切合实际, 进而将提高我们对进化的理解。

目前, 我国太湖猪的高繁殖力特性已引起国际动物遗传育种界的普遍重视, 美、英、法、日等国都在对太湖猪高繁殖力的遗传基础进行研究。西方专家认为太湖猪高繁殖力的遗传基础很可能是主效基因的作用。苏格兰爱丁堡英国国家畜遗传研究所曾对中国梅山猪高产仔基因的研究进行了精心设计。

二花脸猪是太湖猪的一个类群, 是目前世界上繁殖力最高的猪种, 是我国独特的珍贵遗传资源, 它的育种中心和分布区域主要在我国江苏省。我们以二花脸猪为研究对象, 并与大白猪进行比较, 采用统计学方法检测是否存在影响二花脸猪高产仔数的主效基因, 以便加快动物育种的步伐。

1 材料和方法

1.1 材料

1987~1992 年从江苏省国营常熟畜禽良种场收集了下列资料:

收稿日期: 2000-06-10

基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目(G2000016104); 国家自然科学基金重点项目(39230300)

作者简介: 储明星(1968-), 男, 副研究员, 农学博士, 主要从事动物分子数量遗传学研究工作。

二花脸猪 (♂) × 二花脸猪 (♀) 617 窝, 记为 P₁
大白猪 (♂) × 大白猪 (♀) 596 窝, 记为 P₂
大白猪 (♂) × 二花脸猪 (♀) 446 窝, 记为 F₁
大白猪 (♂) × 大白猪 (♀) 351 窝, 记为 B₂

记录的项目有: 母本 (猪号、品种、胎次)、父本 (猪号、品种)、分娩日期、总产仔数、活产仔数。

Bartlett 检验所用的基本数据见表 1。主效基因指数检验所用的基本数据见表 2。

表 1 Bartlett 检验

群体	窝数	自由度	方 差	
			总产仔数	活产仔数
P ₁	617	616	11. 91	9. 91
P ₂	596	595	7. 45	6. 70
F ₁	446	445	11. 47	10. 43
B ₂	351	350	9. 12	8. 05

表 2 主效基因指数法检验

群体	代码	窝数	平均值	
			总产仔数	活产仔数
P ₁	Y	617	15. 78	14. 91
P ₂	X	596	9. 82	9. 49
F ₁	Z	446	15. 10	14. 38

1.2 家系内方差异质性

家系内方差异质性的基本原理是当主效基因分离时, 性状的家系内分布依赖于亲本的基因型, 由此导致这些分布的异质性。大多数研究者建议采用 Bartlett 检验^[2], 它是组内同质性方差的 χ^2 检验。用 s_i^2 表示具有 f_i 自由度的第 i 个 ($i = 1, 2, \dots, a$) 方差 σ_i^2 的估计值。Bartlett 检验统计量是比率 M/C , 其中:

$$M = (\sum_i f_i) \log(s^2) - \sum_i f_i \log(s_i^2)$$

$$s^2 = \sum_i f_i s_i^2 / \sum_i f_i$$

以及

$$C = 1 + \frac{1}{3(a-1)} (\sum_i \frac{1}{f_i} - \frac{1}{\sum_i f_i})$$

在 H_0 (对所有的 $i, \sigma_i^2 = \sigma^2$, 即没有主效基因) 下分布为 χ^2_{a-1} 。

在 H_1 (“混合遗传”, 即微效多基因 + 主效基因) 下, 家系内方差 σ_i^2 可以取 3 个值 (半同胞家系) 或 4 个值 (全同胞家系), 这依赖于亲本基因型。在这种情形下, 检验统计量 M/C 分布为 χ^2_{a-1} , 其中非中心参数依赖于 σ_i^2 的真值。

1.3 主效基因指数

主效基因指数 (major gene index; MGI) 潜在的思想是当主效基因分离时, 与亲本的平均值相比, 后代似乎更相似于其亲本之一, 这种情形经常发生。因此, 相应的方法包括两 (或三) 个世代的性能和系谱结构。

主效基因指数是 Camelli D 等^[3]、Karlin S 等^[4]以及 Karlin S 等^[5,6]提出的主效基因检测的 3 个标准之一。该指数基于下列假设: 在多基因遗传下, 后代与中亲平均的离差小于其与任一亲本的离差。然而, 对主效基因的孟德尔分离, 将预期出现相反的情形。其定义为:

$$MGI(k) = \frac{E(|Z - (X + Y)/2|^k)}{E(|Z - X|^{k/2} |Z - Y|^{k/2})}$$

其中 Z 是后代的性能, X 是其父亲的性能, Y 是母亲的性能, k 是要检验的参数。

包括参数 k 是为了对潜在的主效基因遗传进行更准确的检验。一般而言, $k > 1$ 将强调后代与亲本之间大离差的检测, 而 $k < 1$ 将强调较小的离差。Karlin S 等^[4]推荐在 k 的 3 个水平上进行指数的评估($k = 0.5, 1, 2$)。虽然 $k = 0.5, 1$ 或 2 的选择在某种程度上是任意的, 并且部分是以计算方便为基础的, 但以高于和低于 1 的 k 值计算指数可以改进遗传模式的检测。

Karlin S 等^[5,6]提出了 MGI 数值解释的规则。低于 1 的 MGI 应当表示多基因传递(poly-genic transmission), 接近 1 表示散发性状态(sporadic situation), 超过 1 表示单基因遗传(mono-genic inheritance)。

在多基因遗传下, $MGI(k)$ 对 k 是递减函数: 对亲代和后裔群体在多元正态分布的多基因模型下, $k = 0.5, 1, 2$ 时指数的期望值分别为 $0.89, 0.84$ 和 0.79 。可是, 对分离主效基因的情形, $MGI(k)$ 对 k 是递增函数。对于不同 k 的指数的行为也是遗传模式的一个标志。因此, 指数可在 3 个方面表明主效基因遗传^[7]: ① $MGI(k)$ 的巨大数值, ② 对不同 k 值, $MGI(k)$ 之间存在巨大差异, ③ $MGI(k)$ 对 k 是递增函数。所有这三点如果存在都表明一个分离的主效基因, 但没有一个标准可被用来排除其他的。进一步, Famula T R^[7] 采用模拟的小群体, 发现超过 1.0 的指数值是主效基因遗传的标志。

2 结果与分析

2.1 Bartlett 检验

Bartlett 检验结果见表 3。由表 3 可见, 对总产仔数和活产仔数, 我们有理由拒绝 H_0 , 从而接受 H_1 , 即群体中存在主效基因分离。

表 3 Bartlett 检验的结果

性 状	M	C	$\frac{M}{C}$	$\chi^2_{0.005(3)}$	显著性检验
总产仔数	16.80	1.00	16.80	12.84	$P < 0.005$
活产仔数	14.28	1.00	14.28	12.84	$P < 0.005$

2.2 MGI 检测

MGI 检测的结果见表 4。由表 4 可见, 对总产仔数和活产仔数, 其 $MGI(k)$ 值符合 Famula T R^[7] 提出的 3 个标准, 表明群体中存在主效基因遗传。

表 4 窝产仔数的 3 个 k 值的主效基因指数值

性 状	窝数	k 值		
		0.5	1.0	2.0
总产仔数	1 659	1.10	1.21	1.47
活产仔数	1 659	1.16	1.35	1.83

综上所述, Bartlett 检验和主效基因指数的检测结果都表明二花脸猪高繁殖力存在主效基因。Rothschild M F 等^[8,9]通过候选基因法, 利用包括中国梅山猪(也是太湖猪的一个类群)在内的两个极端品种杂交, 发现 1 号染色体上雌激素受体(estrogen receptor, ESR)位点的一个基因与高产仔数主效基因连锁。他们通过雌激素受体基因位点的 RFLPs 分析, 认为具有 3.7 kb 条带的纯合型母猪(BB 型)比具有 4.3 kb 条带的纯合型母猪(AA 型)初产时要多 2.3 头仔猪($P < 0.01$), 各胎平均多产 1.5 头($P < 0.01$)。Li N 等^[10]和赵要风等^[11]在二花脸猪、大白猪、长白猪群体内对产仔数进行基因效应分析时, 在国际上首次证明 2 号染色体上 FSH β 亚基基因位点在二花脸猪、大白猪、长白猪等商业猪种中与控制猪产仔数的主效基因紧密连锁。对第 1 胎, 有利基因的纯合子母猪比不利基因的纯合子母猪每窝平均要多产

2.53 头仔猪和 2.12 头活仔猪; 对以后胎次, 虽然有利等位基因的效应在下降, 但仍然是显著的($P < 0.01$), 每窝能多产 1.5 头仔猪。

3 讨论与结论

鉴于主效基因对动物育种和分子生物学广泛应用具有巨大的潜在价值, 人们已经提出大量的统计方法来检测影响数量性状的主效基因: ①多峰分布, ②具有选择的回交, ③非正态分布, ④方差的异质性, ⑤后裔——亲本的相似性, ⑥复杂分离分析。

本文采用家系内方差异质性(Bartlett 检验)和主效基因指数来检测二花脸猪高繁殖力的主效基因。Bartlett 检验和 MGI 检验可以检测出主效基因分离, 但不给出其效应(基因型之间平均差异)和其频率的任何信息, 而这些信息正是有效利用主效基因所必需的。分离分析是检测主效基因的强有力方法。当这类基因分离时, 分离分析给出群体参数的良好估计; 但从计算的观点来看, 分离分析应用于家畜数据是昂贵的。因此, 如何对分离分析方法进行简化和改进, 使其适合于家畜数据以及筛选出更理想的主效基因检测方法, 是一个亟待解决的问题。

综上所述, Bartlett 检验和主效基因指数的检测结果都表明二花脸猪高繁殖力存在主效基因。

参考文献:

- [1] Falconer D S, Mackay T F C. Introduction to Quantitative Genetics (Fourth edition)[M]. Harlow: Longman Group Limited, 1996. 356—359.
- [2] Le Roy P, Elsen J M. Simple test statistics for major gene detection; a numerical comparison[J]. Theor Appl Genet, 1992, 83: 635—644.
- [3] Carmelli D, Karlin S, Williams R. A class of indices to assess major gene versus polygenic inheritance in distributed variables[A]. In: Sing C F, Skolnick M. The Genetic Analysis of Common Diseases: Applications to Predictive Factors in Coronary Heart Disease[C]. Alan R. Liss, New York, 1979. 259—270.
- [4] Karlin S, Carmelli D, Williams R. Index measures for assessing the model of inheritance of continuously distributed traits; I. Theory and justifications[J]. Theor Popul Biol, 1979, 16: 81—106.
- [5] Karlin S, Williams P T, Carmelli D. Structured Exploratory Data Analysis(SEDA) for determining mode of inheritance of quantitative traits. I. Simulation studies on the effect of background distributions[J]. Amer J Hum Genet, 1981a, 33: 262—281.
- [6] Karlin S, Williams P T. Structured Exploratory Data Analysis (SEDA) for determining mode of inheritance of quantitative traits. II. Simulation studies on the effect of ascertaining families through high-valued probands [J]. Amer J Hum Genet, 1981b, 33: 282—292.
- [7] Famula T R. Identifying single genes of large effect in quantitative traits using best linear unbiased prediction [J]. J Anim Sci, 1986, 63: 68—76.
- [8] Rothschild M F, Jacobson C, Vaske D A, *et al.* A major gene for litter size in pig[A]. In: Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production[C]. Guelph, Canada, 1994, 21: 225—228.
- [9] Rothschild M F, Jacobson C, Vaske D A, *et al.* The estrogen receptor locus is associated with a major gene in-

- fluencing litter size in pigs[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1996, 93: 201—205.
- [10] Li N, Zhao Y F, Xiao L, *et al*. Candidate gene approach for identification of genetic loci controlling litter size in swine[A]. In: *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production* [C]. Armidale, Australia, 1998, 26: 183—186.
- [11] 赵要风, 李 宁, 肖 璐, 等. 猪 FSH β 亚基因结构区逆转座子插入突变及其与猪产仔数关系的研究 [J]. *中国科学(C 辑)*, 1999, 29(1): 81—86.

A Study on Major Gene Detection of Prolificacy in Erhualian Pigs

CHU Ming-xing¹, WU Chang-xin²,

ZHANG Jian-sheng³, GU Jian-ping³, SUN Shi-quan³

(1. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China;

2. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100094, China;

3. Changshu Livestock and Poultry Breeding Experimental Farm, Changshu Jiangsu 215500, China)

Abstract: The data of 4 populations with 2010 litters including Erhualian pigs, Large White, and their F₁ and BC, were used to detect if the prolificacy of Erhualian pig was influenced by major genes through within-family variance heterogeneity and major gene index. The detection results indicated that the prolificacy of Erhualian pig was influenced by major genes.

Key words: Erhualian pigs; Prolificacy; Major gene detection