

利用图形分析鉴定数量性状遗传体系中的主基因

王建康

(河南省农业科学院实验中心, 郑州 450002)

盖钧镒

(南京农业大学大豆研究所, 南京 210095)

本文在定义主基因遗传率和多基因遗传率基础上, 建立了主基因-多基因性状在分离世代 F_2 、 B_1 、和 $F_2 \times 3$ 家系的表型分布密度函数, 分析了分布曲线的特征, 进而提出利用分离世代分布图形鉴别数量性状遗传体系中主基因的存在与否, 并对主基因和多基因遗传率作初步估计。

1 分离世代的表型分布

设有纯合亲本 P_1 和 P_2 杂交产生的杂种 F_1 代, F_1 自交产生 F_2 分离群体, F_1 个体与亲本 P_1 回交产生 B_1 分离群体, 与亲本 P_2 回交产生 B_2 分离群体。在主基因和多基因混合遗传模型下, 分离世代性状的表型值可以分解为:

$$p = m + g + c + e$$

其中, g 为主基因效应, c 为多基因效应, e 为环境效应, m 为群体平均数, 对不同的主基因基因型, g 是一固定值, c 和 e 均为随机变量, 本文假定它们都是正态随机变量, 并且假定主基因与多基因间不存在互作, 多基因服从加-显性模型。这样可以建立分离世代 F_2 、 B_1 、 B_2 和 $F_2 \times 3$ 家系在不同的主基因对数、主基因遗传率、多基因遗传率和不同的主基因显性度下表型分布的分布函数, 进而绘制了分布曲线, 称这些曲线为标准曲线, 并从中总结出表型分布的特征。

2 分离世代的表型分布特征

限于篇幅, 这里只给出一对主基因存在时表型分布的一些特征。

(1) 主基因存在的主要特征是分离世代出现多峰或偏态, 但是峰的个数或分布的偏度随主基因遗传率的减少而下降。例如在 F_2 群体中当主基因遗传率 h^2_{mg} 在 0.4 以下时, 表型分布已非常接近于单一正态分布, 此时已不可能通过确定峰的个数或偏度检验发现是否有主基因存在, 或者说由于多基因和环境变异的影响, 该基因已表现不出主基因的特征。

(2) 峰的个数与显性度 r 有关系。在 F_2 群体中, 当 $r=1.5$, 即主基因表现超显性时, 即使 h^2_{mg} 达 0.9, 表型分布也不会出现 3 个峰, 因此, 只利用 F_2 世代进行遗传分析时, 由于基因型 AA 和 Aa 的个体混合表现出近似的单一正态分布, 对 F_2 混合群体的分解很可能得出 F_2 世代是两个分布以 1:3 的比例混合的结论, 因此, 单一 F_2 世代混合群体的分析结果是不甚可靠的。

(3) 根据分离世代的构成, 可以作出它的理论分布曲线, 实际应用中, 只能根据分离世代的次数分布图判断分布特征, 不同样本含量和分组数都影响次数分布图的形状, 因此, 根据大样本数据和合理分组数的次数分布图所作的峰的个数的判断才较可靠。

(4) 对不同的遗传模式, 表型分布出现适当的成分分布需要不同的遗传率水平。例如, 在 F_2 群体中, 当主基因表现无显性 ($r=0$)、 h^2_{mg} 低于 0.7 时, 表型分布与单一正态分布已难以区分, 对于高于 0.7 的 h^2_{mg} 值, 分离世代将出现 3 个峰, 满足 1:2:1 的分离比; 当主基因表现出部分显性时 (如 $r=0.5$), h^2_{mg} 低于 0.6, 主基因难以鉴别, 高于 0.6 时, 可以鉴别出基因的存在, 但部分显性可能鉴别不出, 因为对表型分布的分离会得到两个分布、3:1 分离比的结论; 对于完全显性的情形, h^2_{mg} 高于 0.6 时, F_2 世代的表型分布有明显的两个峰, 当 h^2_{mg} 在 0.4~

0.6 之间, 表现为偏态分布, 这时多世代联合图形分析方法也可以检测到主基因的存在。

(5) 当主基因遗传率很高时, 利用 F_2 、回交和 $F_2 \times F_3$ 家系世代都可检测到主基因的存在, 当遗传率较低时, $F_2 \times F_3$ 家系世代检测主基因的效率最高, F_2 世代的效率最低。

当 $h_{mg}^2 > 0.9$ 时, 不论主基因表现为加性或显性, 3 个世代均可检测到, 但对于 $r = 0.5$ 的部分显性, F_2 世代分布表现出两个峰, 分离比为 3:1, 但从回交世代 B_1 和 B_2 中都可分离出两个分布, 分离比为 1:1。因此, 利用回交世代探测主基因的效率要高于 F_2 世代, 当 $h_{mg}^2 = 0.8$ 时, 回交世代也发现不了显性度为 0.5 的部分显性, 但 $F_2 \times F_3$ 家系平均数的分布表现出 3 个分布的混合, 分离比为 1:2:1, 因此, 利用 $F_2 \times F_3$ 家系世代检测主基因的效率是最高的。

当 $h_{mg}^2 = 0.7$ 时, 利用 F_2 世代几乎发现不出表现为无显性的主基因, 但回交世代和 $F_2 \times F_3$ 家系世代均能表现出主基因的特征, F_2 世代和回交世代检测不出表现为部分显性的主基因, 但 $F_2 \times F_3$ 家系世代可以检测到, 当 h_{mg}^2 小于 0.7 时, 从 F_2 世代的表型分布难以发现表现为加性或部分显性的主基因, 但完全显性主基因仍可看到, 回交世代可以鉴别出部分和完全显性主基因; 当 h_{mg}^2 低于 0.5 时, 利用 F_2 世代和回交世代都难以检测到主基因, 但 $F_2 \times F_3$ 家系一直可以检测到遗传率不低于 0.4 的主基因。

(6) 当多基因遗传率低于 0.2 时, 利用 $F_2 \times F_3$ 家系世代检测主基因的功效比利用 F_2 世代和回交世代都高。例如, 当多基因不存在时, 利用 $F_2 \times F_3$ 家系可检测到遗传率不低于 0.2 的主基因, 当多基因遗传率为 0.1 时, 可检测到遗传率不低于 0.4 的主基因, 当多基因遗传率为 0.2 时, 可检测到的遗传率不低于 0.5 的主基因。当多基因遗传大于 0.2 时, 利用 $F_2 \times F_3$ 家系检测主基因与利用 F_2 世代和回交世代的功效类似。由此可以推论: 如果 $F_2 \times F_3$ 家系的分组趋势明显于 F_2 世代的话, 多基因的遗传率一般不超过 0.2。

3 鉴别主基因-多基因混合遗传模型的图形分析

建立数量性状在分离世代中的次数分布图, 根据不同世代的次数分布特征并对照标准图, 寻找与标准图最相似的一行, 从而对性状的遗传作初步的判断。主基因的对数及显隐性由图例说明可以得到, 主基因和多基因在不同分离世代的遗传率由图中右上角的文字可以得到, 但这种推断是初步的和近似的, 对性状遗传规律的深入认识, 需要借助主基因和多基因混合遗传的统计分析方法。

4 讨 论

本文提出主基因遗传率和多基因遗传率两个概念, 从而把主基因-多基因混合遗传性状在分离世代中的遗传方差分解为主基因变异和多基因变异两部分, 建立了在一定遗传假定下分离群体的密度函数并绘制了函数曲线。模拟结果表明, 多基因加性效应与显性效应乘积和及多基因平均显性度的大小对分布曲线的形状影响不大。

图形分析是一种简单、直观和初步的分析方法, 可以只用单个世代的次数分布图, 也可利用多个世代的数据资料, 世代越多, 对性状遗传模式的推测将越可靠。另外, 利用图形分析, 由一个或几个世代, 不仅可以对这些世代的遗传参数作粗略的估计, 也可获得其它一些分离世代的信息。在上文的例子中, 利用 F_2 和 $F_2 \times F_3$ 家系世代, 不仅可以对这两个世代中主基因和多基因的遗传率作大致的判断, 而且也能对回交群体中一些遗传参数进行推测。图形分析的不足之处在于无法对遗传参数作精确的估计, 对所选择的遗传模型也无法进行统计检验。

1997 - 09 - 10 收稿, 1997 - 12 - 20 修回。