

影响数量性状遗传参数估测的两个因素

潘 沈 元

(江苏省徐州师范学院生物系, 221009)

何 斯 美

(中国农业科学院蚕业研究所, 镇江, 212000)

以家蚕试验数据为例, 讨论了基因型与环境的互作效应以及小样本数据对数量性状遗传参数的影响。结果指出, 对于存在基因型与环境互作效应的性状, 应采用多环境的试验设计来估测遗传参数, 对于遗传力较低的性状, 应采用较大的样本来估测遗传参数, 这样才能得到准确的结论。

关键词: 数量性状, 遗传参数, 影响因素, 家蚕

近些年来, 数量遗传学方法已广泛应用于动植物育种工作中, 为育种工作提供了一系列遗传参数, 促进了新品种的育成。但根据各方面的研究报告来看, 遗传参数的估值随着采用的基因型不同, 采用的试验设计方法不同及环境条件不同而有所不同^[1,3]。除这些因素之外, 基因型与环境的互作效应, 小样本的抽样特性, 也是必须考虑的两个因素。本文以家蚕试验数据为例, 来说明这两个因素对遗传参数估值的影响。

材 料 和 方 法

选取中国农业科学院蚕业研究所夏秋蚕品种选育组的杂交固定材料和生产上推广过或正在推广的蚕品种共 52 个, 其中日系 23 个, 中系 29 个, 采用随机区组试验设计, 分别于 1983 年春、秋两季进行试验, 每一品种每一小区饲养 300 头, 重复 3 次。饲养调查均按常规方法进行。调查的性状有幼虫生命率, 全茧量, 茧层量, 茧层率, 茧丝长, 净度, 万头收茧量, 万头茧层量等。

遗传参数的估算分别采用同一环境不同基因型的方差分析法(见表 1)和不同环境不同基因型的方差分析法(见表 2)^[2]。由表 1 估算广义遗传力的公式为

$$h_B^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

表 1 一个环境 r 次重复试验的分析表

变异原因	自由度 df	均方 MS	期望均方 EMS
重复或区组	$r - 1$	—	—
基因型	$n - 1$	M_1	$\sigma_g^2 + r\sigma_e^2$
试验误差	$(r - 1)(n - 1)$	M_2	σ_e^2

表 2 k 个环境 r 次重复试验的分析表

变异原因	自由度 df	均方 MS	期望均方 EMS
环境	$k - 1$	—	—
重复/环境	$k(r - 1)$	—	—
基因型	$n - 1$	M_1	$\sigma_g^2 + r\sigma_{r1}^2 + rk\sigma_e^2$
基因型 × 环境	$(n - 1)(k - 1)$	M_2	$\sigma_g^2 + r\sigma_{g1}^2$
试验误差	$k(r - 1)(n - 1)$	M_3	σ_e^2

由表 2 估算广义遗传力的公式为

$$h_B^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{g1}^2 + \sigma_e^2}$$

遗传相关系数的估算与表 1 表 2 类似。

结 果 与 讨 论

(一) 基因型与环境互作效应对遗传参数估测的影响

为了说明这个问题, 我们分别以春、秋两个季节的试验数据, 按表 1 的模式估算了 6 个性

Pan Shenyuan et al.: Two Factors Influencing the Estimation of Genetic Parameters of Some Quantitative Traits

本文于 1990 年 5 月 28 日收到。

状的广义遗传力，然后再用两个季节的合并数据，按表 2 的模式，估算相应性状的广义遗传力，其结果列于表 3。

表 3 两种方法估测的遗传力比较

性状	广义遗传力 h^2		
	春季数据	秋季数据	春秋合并数据
幼虫率	81.33	83.99	48.63
全茧量	88.09	94.04	74.61
茧层量	90.67	95.47	87.10
茧层率	91.65	94.01	82.87
茧丝长	83.16	89.31	79.25
净度	67.46	59.89	43.71

从表 3 可以看到，分别以春秋两季的试验数据估算的遗传力基本一致，但明显高于春秋

合并数据估算的遗传力，其原因可以从下面的方差分析表(表 4)得到解释。

表 4 是根据 52 个基因型在二个季节，三次重复的试验中所得的数据计算的方差分析表。6 个性状的基因型方差均达到极显著水平，同样，基因型与环境的互作方差亦达到极显著水平，这说明不同基因型在不同环境下的表现是不一致的。采用表 2 的估算模式，可以在方差分析中将基因型与环境的互作方差分解出来，从而得到遗传方差和遗传力的准确估值，而按表 1 的模式估算的遗传方差包含了基因型与环境互作方差，因而使遗传方差和遗传力的估值偏高^[2]。

从近些年发表的有关家蚕遗传力估测的资

表 4 6 个性状的方差分析表

变异原因	自由度 df	均 方 MS					
		幼虫率	全茧量	茧层量	茧层率	茧丝长	净度
季节	1	7336	1.400	0.1603	32.92	64512	228.8
重复/季节	4	50.91	0.0031	0.0002	0.0859	3960	1.625
基因型	51	334.0**	0.1049**	0.0108**	5.716**	110880**	41.03**
基因型×季节	51	97.19**	0.0121**	0.00049**	0.3952**	7489.9**	11.29**
试验误差	204	13.94	0.0184	0.00014	0.0773	3021	3.924

注：**表示显著性检验达极显著。

料来看，一般都有偏高的趋势，如蒲生卓磨^[3]采用双列杂交的方法估算 5 龄蚕发育速度，健蛹率及茧丝性状的广义遗传力和狭义遗传力，其估值普遍偏高，广义遗传力有的竟达 96.8%，狭义遗传力有的达 92.8%，其最主要的原因可能是没有排除基因型与环境互作因素的干扰。因此，无论是采用方差分析的方法还是采用双列杂交的方法，若不存在基因型与环境互作，用一个环境下的试验数据估测遗传参数是可行的，如果存在互作效应，为得到准确的遗传参数估值，最好是采用多环境(不同地点或不同年份或不同季节)的试验数据进行分析。

(二) 小样本试验数据对遗传参数估值的影响

许多资料在估计遗传参数时，设计的群体较小，虽然试验数据在方差分析时达到显著，但得到的遗传参数并不准确，或几次试验的结果

并不一致。为分析小群体试验对遗传参数估值的影响，我们从 52 个基因型中随机选取 5 个小样本，每个小样本 12 个基因型，用各个样本的数据分别估算广义遗传力和遗传相关系数，其结果见表 5，表 6。

表 5 五个小样本遗传力估值的比较

性状	五个小样本的遗传力估值					平均值	极差
	1	2	3	4	5		
幼虫率	76.42	61.30	85.35	65.10	68.36	71.31	24.05
全茧量	91.30	93.58	88.34	81.36	85.26	87.97	12.22
茧层量	95.55	93.51	94.26	88.10	92.32	92.75	7.45
茧层率	94.33	91.15	92.79	91.00	93.43	92.54	3.33
茧丝长	91.44	65.31	87.63	63.47	84.70	78.52	27.97
净度	78.27	***	55.73	8.70	22.86	41.39	69.57

注：***为方差分析不显著。

从以上结果可知，小样本数据估计的遗传参数是不稳定的，不同样本之间的差别很大，净

表 6 小样本数据对遗传相关系数的影响

性状	相关系数	万头收茧量			万头茧层量		
		1	2	3	1	2	3
幼虫率		0.804	0.464	0.665	0.495	0.320	0.414
全茧量		0.476	0.782	0.780	0.770	0.706	0.728
茧层量		0.048	0.562	0.591	0.543	0.831	0.820
茧层率		-0.345	0.003	0.123	0.214	0.511	0.522
茧丝长		-0.078	0.626	0.589	0.357	0.773	0.756
净度		0.648	-1.984	0.176	0.378	-3.190	-0.078

度遗传力的极差竟达 69.57,遗传相关系数也是如此,这样估算的遗传参数显然不能达到我们的要求。从表 5、表 6 还可以看到如下倾向,即遗传力较高的性状,遗传参数估值在各小样本间的波动较小,反之,遗传力较低,受环境影响较大的性状,其遗传参数估值的波动较大。所以,对于遗传力较低的性状,在估测遗传参数时,就更应该增加样本容量,以保证结论的准确

性。

参 考 文 献

- [1] 杨明观: 1982. 蚕业科学, 8(4): 193—198.
- [2] 马育华: 1982. 植物育种的量遗传学基础, 江苏科学技术出版社, 242—440.
- [3] 蒲生卓磨·平林隆: 1983. 育种学杂志(日), 33(2): 178—190.

简 报

鸡血清中一个新的蛋白质多态位点的标识

马建岗 路兴中

(西北农业大学畜牧系, 陕西杨陵, 712100)

作者采用改进的 Gahne 氏聚丙烯酰胺凝胶浓度梯度电泳法对来航、罗斯、泰和、略阳、雪峰 5 个鸡种 385 只鸡的血清进行电泳分离时,发现在原点与运铁蛋白区带之间出现电泳迁移速度不同的条带。经查阅国内外大量文献及其电泳图谱,均未发现先前的研究者关于此区域存在多态性的报道,我们认为是一个尚未标识的蛋白质多态位点。因其位于运铁蛋白区带之后,参照牛的血清蛋白电泳图谱,遂将此位点定为后运铁蛋白位点 (Post-transferrin locus, Ptf), 其电泳位置及区带见图 1。

根据带型推测,该位点可能是由常染色体上等显性等位基因所支配。一条带者为纯合类型,两条带者为杂合类型。对其遗传方式、支配

的等位基因数目今后尚需进一步通过实验加以确定。

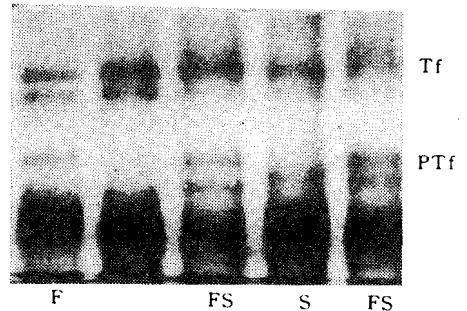


图 1 鸡血清 Ptf 位点带型电泳照片

Ma Jinagang et al.: A New Designated Protein Polymorphic Locus in the Serum of Chicken
 本文于 1990 年 7 月 26 日收到。