

利用回交世代鉴定数量性状主基因 - 多基因混合遗传模型

盖钧镒

(南京农业大学大豆研究所, 南京 210095)

王建康

(河南省农科院实验中心, 郑州 450002)

摘要 主-多基因性状在分离世代中表现出多峰或偏态现象, 具有混合分布的特征。本文利用混合分布理论提出从回交世代鉴定主基因的存在并估计其遗传效应的统计分析方法。利用所提出的方法可鉴别主基因的存在并估计其遗传效应和方差等遗传参数。

关键词 回交世代, 数量性状, 主基因-多基因, 混合遗传模型

中图分类号 Q37

Identificayion of the Major-minor Gene Mixture Model by Using Backcross Generations

GAI Junyi

(Soybean Reseach Institute, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095)

WANG Jiankang

(Laboratory Center, Henan Academy of Agricultural Science, Zhengzhou 450002)

1 主基因-多基因混合遗传模型

设来自杂种分离群体个体的表现型可分解为:

$$x = m + g + c + e$$

其中 m 为群体平均值, g 为主基因效应值, c 为多基因效应值, e 为环境效应值。此处假定主基因与多基因之间不存在互作, 基因型效应与环境效应是相互独立的。主基因效应 g 为固定值, 主基因方差用 σ_{mg}^2 表示; 多基因效应 $c \sim N(0, \sigma_{pg}^2)$ 是随机变量, σ_{pg}^2 为多基因效应值的方差; 环境效应 $e \sim N(0, \sigma_e^2)$ 是随机变量, σ_e^2 为环境方差 σ_p^2 表示总表型方差, 这样, 遗传率可分解为主基因遗传率 $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$ 及多基因遗传率 $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$ 。如果主基因有 k 个不同的基因型值, 那么分离群体表现为 k 个正态分布的混合, 通过对混合群体的分解可将主基因的效应分解出来, 混合分布中成分分布数由 AIC 信息准则确定。除主基因之外的变异是多基因变异和环境变异的混合, 在只有个别分离群体的情况下, 不能将二者分解开来, 记为 $\sigma_p^2 = \sigma_{pg}^2 + \sigma_e^2$ 。

2 利用回交群体鉴定主基因-多基因混合遗传模型

若回交世代均为单一分布, 则一般不存在主基因, 此处不再讨论。以下分析一个主基因位点 ($A-a$) 的情形。假定亲本基因型为 AA (P_1) 和 aa (P_2), $B_1 = F_1 \times P_1$, $B_2 = F_1 \times P_2$ 。

2.1 主基因表现为完全显性

如果通过对回交群体的分解发现回交群体 B_1 是单一正态分布, B_2 是两个正态分布的混合, 并且两个分布所占

比例符合 1:1 的分离比, 此时认为存在有一个主基因 (用 $A-a$ 表示) 位点, 并表现为完全显性, B_2 群体中两个成分分布的主基因基因型分别为 aa 和 Aa , 分布的均值用 μ_1 和 μ_2 表示, μ_1 和 μ_2 与主基因的加性效应 d (>0) 和群体平均数的关系为:

$$\mu_1 = m - d, \mu_2 = m + d, \mu_1 < \mu_2$$

根据极大似然估计的线性不变性, 便可获得 m 和 d 的极大似然估计:

$$\hat{m} = 0.5\mu_1 + 0.5\mu_2, \hat{d} = 0.5\mu_2 - 0.5\mu_1$$

2.2 主基因表现为负向完全显性

如果通过对回交群体的分解发现回交群体 B_2 是单一正态分布, B_1 是两个正态分布的混合, 并且两个分布所占比例符合 1:1 的分离比, 此时认为只存在有一个主基因 (用 $A-a$ 表示), 并表现为负向完全显性, B_1 群体中两个分布的主基因基因型分别为 Aa 和 AA , 分布的均值用 μ_1 和 μ_2 表示, μ_1 和 μ_2 与主基因的加性效应 d 和群体平均数的关系为:

$$\mu_1 = m - d, \mu_2 = m + d$$

根据极大似然估计的线性不变性, 便可获得 m 和 d 的极大似然估计:

$$\hat{m} = 0.5\mu_1 + 0.5\mu_2, \hat{d} = 0.5\mu_2 - 0.5\mu_1$$

2.3 主基因表现为部分显性或无显性

如果通过对回交群体的分解发现回交群体 B_1 和 B_2 均为两个正态分布的混合, 并且两个分布所占比例符合 1:1 的分离比, 此时认为只存在有一个主基因 (用 $A-a$ 表示) 位点, 并表现为部分显性或无显性, 分别用 μ_{11} 、 μ_{12} 、 μ_{21} 和 μ_{22} 表示两个回交世代中成分分布的均值。 B_1 群体中两个分布的主基因基因型分别为 Aa 和 AA , B_2 群体中两个分布的主基因基因型分别为 aa 和 Aa , 分布的均值与主基因的加性效应 d 、显性效应 h 、群体平均数 m_1 和 m_2 的关系为:

$$\mu_{11} = m_1 + h, \mu_{12} = m_1 + d$$

$$\mu_{21} = m_2 - d, \mu_{22} = m_2 + h$$

根据极大似然估计的线性不变性, 便可获得 m_1 、 m_2 、 d 和 h 的极大似然估计:

$$\hat{d} = 0.5(\mu_{12} + \mu_{22} - \mu_{11} - \mu_{21}), \hat{h} = 0.5(\mu_{11} + \mu_{22} - \mu_{12} - \mu_{21}),$$

$$\hat{m}_1 = 0.5(\mu_{11} + \mu_{12} + \mu_{21} - \mu_{22}), \hat{m}_2 = 0.5(\mu_{12} + \mu_{21} + \mu_{22} - \mu_{11})$$

3 讨论

主-多基因性状在分离世代中表现出多峰现象, 具有混合分布的特征, 因此, 可以利用混合分布理论鉴定主基因的存在并估计遗传效应。但是, 不同分离世代鉴定主基因的功效是不同的, F_2 世代的功效最低, 回交世代和 F_3 家系世代的功效较高; 只利用个别分离世代的信息只能对主基因是否存在进行鉴定, 多世代联合分析方法可同时对主基因和多基因的存在进行鉴定, 并且可以判断多基因是否满足加-显性模型, 并进一步估计多基因的遗传效应。

1997 - 09 - 10 收稿, 1997 - 12 - 30 修回。