

大瓶螺分子群体遗传结构和杂种优势预测^①

毛盛贤

(首都师范大学生物系, 北京 100037)

向 华

(中国医学科学院基础医学研究所, 北京 100005)

摘要 用垂直板聚丙烯酰胺凝胶电泳, 对大瓶螺 7 个近交系的苹果酸脱氢酶、酯酶和 α 淀粉酶的酶谱进行观测, 以估算群体固定指数和任两近交系间的遗传分化指数; 用这 7 个近交系作半双列杂交, 以估算杂种一代一些重要经济性状的优势率。结果表明, 杂种一代某些性状的优势率与其双亲间的遗传分化指数存在极显著的直线回归关系。因此, 杂种一代优势率的大小一般可用其双亲间的遗传分化指数的大小加以预测。最后讨论了这种预测的理论依据和影响预测的因素。

关键词 固定指数, 群体遗传结构, 杂种优势, 同工酶

Molecular Genetic Structure of Population and Heterosis Prediction of *Ampullaria gigas*

Mao Shengxian

(Department of Biology, Capital Normal University, Beijing 100037)

Xiang Hua

(Institute of Basic Medical Science, Chinese Academy of Medical Science, Beijing 100005)

Abstract Isozyme electrophoregrams of MDH, EST and α -AMY were investigated with 7 inbred lines of *Ampullaria gigas*. The fixation indices of the population and genetic differential indices between the lines were estimated at molecular level. A half diallel hybridization was made with the line in order to estimate F_1 heterosis for some important economic traits. The results showed that there was a linear regression between F_1 heterosis and the genetic differential index of its parents. Therefore, F_1 heterosis of a cross combination could be predicted by the index of its parents. Finally, the theoretical basis and influential factors the prediction were discussed.

Key words Fixation indices, Genetic structure of population, Heterosis, Isozyme

群体遗传结构分析是研究生物进化的重要基础。Wright 的 3 个固定指数 F_{IS} 、 F_{IT} 和 F_{ST} 是揭示群体遗传结构的重要参数; 前二者分别表征亚群体和全群偏离随机交配的程度, 后者表征亚群间遗传分化的程度^[8, 12, 18, 19]。毛盛贤等^[1]证明, 由近交系构成的育种群体相当于由亚群构成的自然群体, 研究自然群体的固定指数理论可用于育种群体, 为杂交育种有效地选配亲本提供了理论依据。本文旨在对大瓶螺 (*Ampullaria gigas*) 育种群体不同近交系的同工酶进行遗传结构分析, 以在分子水平上探讨两近交系间的遗传分化指数与其杂种一代经济性状间的关系, 为杂交育种有效地选配亲本提供试验依据。

^①国家自然科学基金资助项目。

1 材 料 和 方 法

1.1 育种群体

由大瓶螺 7 个近交系组成, 其中 A_4 、 A_5 、 A_7 和 A_8 为全同胞二代, B_6 、 B_{11} 和 B_{12} 为全同胞三代。各近交系均分成两份: 雌雄混养, 作同工酶分析 (约 50 个); 雌雄分养, 作杂交 (约 20 个)。

1.2 同工酶试验

1.2.1 制备样品 每近交系各取 3 月龄大瓶螺 32 个, 以个体为单位取肝脏约 0.2g 和吸 1ml 缓冲液置玻璃匀浆器内, 在冰浴上研成匀浆, 经 10 000r/min 冷冻离心 10 分钟, 上清液即为同工酶提取液。

1.2.2 电泳 用不连续垂直板聚丙烯酰胺凝胶电泳。分离胶浓度 7.5%, pH8.9; 浓缩胶 3.0%, pH6.8; 电极缓冲液为 Tris 甘氨酸液, pH8.3—8.5。加样 15 μ l。4 $^{\circ}$ C 下稳压 120V, 电泳 90 分钟。

1.2.3 染色 依 Pasteur 等^[14] 和胡能书等^[5] 的方法对苹果酶脱氢酶 (MDH)、酯酶 (EST) 和 α -淀粉酶 (α -AMY) 电泳图谱进行染色。

1.3 酶谱分析

依 Utter^[16] 和熊全沫^[7] 的方法鉴定每个体上述同工酶的基因型, 进而估算各近交系基因型频率和等位基因频率^[2]。

1.4 固定指数分析

根据等位基因频率对 3 个固定指数的估算、校正和 F_{ST} 的显著性检验分别采用 Nei 氏杂合度分析法^[13]、Jackknife 法^[17] 和 G 检验法^[9]。

两特定近交系 i 和 j 间的遗传分化指数 $F_{ST}(i, j)$ 按 Ehiobu 等^[10] 和毛盛贤等^[1] 方法进行估算。

1.5 杂种优势率估算

用上述 7 个近交系作半双列杂交^[3], 28 个组合按随机区组排列, 2 次重复, 依组合测定产卵期 (T)、产卵始期螺重 (W_1) 和产卵末期螺重 (W_2)。求这 3 个性状对中亲值的杂种优势率^[2,3]。

1.6 经济性状与 $F_{ST}(i, j)$ 间的关系

把任意两近交系 i 和 j 间的遗传分化指数 $F_{ST}(i, j)$ 分别对相应的杂种一代上述 3 性状的优势率作回归、相关分析和显著性检验。

2 结 果

2.1 同工酶电泳模式和遗传控制

上述 3 种酶 MDH、EST 和 α -AMY 电泳模式和相应基因型如图 1。MDH 为二聚体, 由 3 个基因座 A 、 B 和 C 编码, 其中 C 为多态基因座 (等位基因有 C_1 和 C_2), 其余为单态基因座。EST 也是二聚体, 由 5 个基因座编码, 其中有多态 B (B_1 和 B_2) 和 E (E_1 、 E_2 和 E_3), 另 3 个 A 、 C 、 D 为单态。 α -AMY 为单聚体, 为多态 (A_1 和 A_2)。

这 3 种酶的 9 个标记基因座中, 由于 5 个已被固定, 对群体遗传变异无影响, 所以只对 4 个多态基因座作下面的分析。

2.2 群体生化遗传结构

根据 7 个近交系的 4 个多态基因座的等位基因频率, 估得各基因座的固定指数 F_{IS} 、 F_{IT} 和 F_{ST} 以及用 Jackknife 法估得的固定指数均值和标准误如表 1。经 G 检验, 所有固定指数都达到显著或极显著水平。由表 1, 育种群体 $F_{IS}=0.1225$, 比其平均近交系数 $0.304[(0.25 \times 4 + 0.375 \times 3) / 7]$ 要小, 说明在近交系培育中可能存在对杂合体有利的选择; $F_{IT}=0.1667$, 仍然偏小, 说明育种群体中纯合体固定程度不高, 因而期望近交系间杂种一代的

整齐度不会高; $F_{ST}=0.0541$, 与零差异已达极显著水平, 说明近交系间遗传分化程度极为明显。因此, 可进而求出任意两近交系 i 和 j 间的遗传分化指数 $F_{ST}(i,j)$, 以用作预测其杂种一代优势。

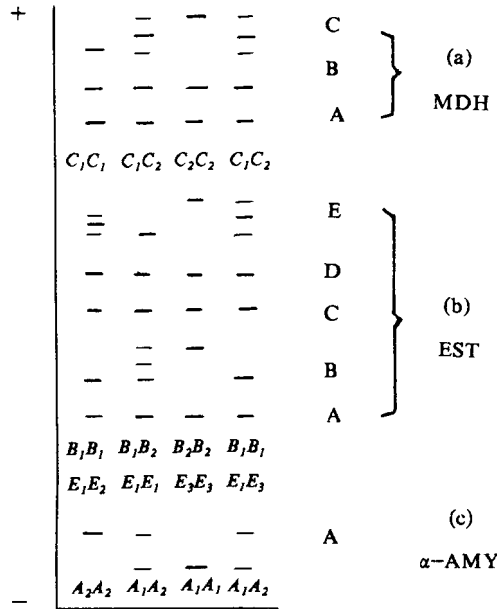


图 1 同工酶 MDH, EST 和 α -AMY 电泳模式及其基因型

表 1 育种群体固定指数

基因座	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	Jackknife 校正
MDH-C	-0.0453	0.0328	0.0747	$F_{IS}=0.1125 \pm 0.016$
EST-B	-0.0583	-0.0101	0.0455	$F_{IT}=0.1667 \pm 0.014$
EST-E	0.4866	0.5109	0.0475	$F_{ST}=0.0541 \pm 0.001$
α -AMY	0.0907	0.1142	0.0258	

2.3 杂种优势预测的相关回归分析

亲本 i 和 j 间遗传分化指数 $F_{ST}(i,j)$ 对其杂种一代产卵期 (T)、产卵始期螺重 (W_1) 和产卵末期螺重 (W_2) 的杂种优势率 (H) 的回归方程和相关系数分别为:

$$H_T = -8.27 + 82.37F_{ST} \quad r_T = 0.14;$$

$$H_1 = -14.81 + 333.96F_{ST} \quad r_1 = 0.78;$$

$$H_2 = -8.77 + 263.90F_{ST} \quad r_2 = 0.79.$$

经检验, 除产卵期外, 另两性状的杂种优势率 (H_1 和 H_2) 对其亲本间的遗传分化指数都呈极显著的回归和相关关系。因此, 根据亲本间的 $F_{ST}(i,j)$ 的大小预测其杂种一代优势的大小, 一般是可行的。

3 讨 论

3.1 群体生化遗传结构在杂种优势预测中的作用

目前, 以数量性状遗传距离测量亲本间遗传差异并用来预测杂种一代优势的研究较多, 但这种距离受环境影响较大, 还不能有效地指导育种实践^(4,6)。同工酶性状则不同, 可从分子水平鉴别许多在形态水平不能鉴别的遗传差异; 控制同工酶的基因一般呈等显性, 由表现型可直接推知基因型, 受环境影响小; $F_{ST}(i,j)$ 直接反映

了亲本间的等位基因频率差异, 遗传意义明确。因此, 在同工酶分子水平上探讨亲本间遗传差异并用来预测其杂种一代优势是一有益探讨。

根据数量遗传理论, 无上位时, 杂种一代优势率由其杂合度增加率 F' 决定⁽¹⁰⁾, 我们已证明⁽¹⁾, $F' = F_{ST}(i,j) / [1 - F_{ST}(i,j)]$ 。因此, 若两特定亲本 i 和 j 间的遗传分化指数 $F_{ST}(i, j)$ 大, 则可预测其杂种一代的杂合度增加率 F' 也大, 进而可预测其杂种一代的优势率也大。这是我们利用 $F_{ST}(i, j)$ 预测杂种一代优势的理論依据, 也是该研究中产卵始期和末期螺重 (W_1 和 W_2) 杂种优势率 (H_1 和 H_2) 与 F_{ST} 呈极显著回归和相关关系的原因。

3.2 影响 $F_{ST}(i, j)$ 预测杂种一代优势的因素

用 $F_{ST}(i, j)$ 预测杂种一代优势的有效性依赖两个因素。一是目标性状杂种优势产生的原因: 由显性效应引起时, $F_{ST}(i, j)$ 与杂种优势率呈直线回归关系, 预测效果好; 由上位效应引起时, 二者不存在直线回归关系, 不能用前者预测后者⁽¹⁾。二是标记基因座对产生杂种优势基因的代表程度: 若标记基因本身控制杂种优势的产生 (一因多效), 或标记基因座与产生杂种优势基因紧密连锁, 或它们间存在互作效应, 则这些标记基因可预测杂种优势; 反之亦然。本研究的 3 个性状, 依遗传模型检验⁽¹¹⁾, 都符合加性-显性效应模型。所以, 从这 3 个性状杂种优势产生的原因看, 都可用 $F_{ST}(i, j)$ 的大小预测杂种优势率的大小。但在该试验, $F_{ST}(i, j)$ 未能预测产卵期的杂种优势率, 很可能是标记基因座对产生该性状杂种优势的基因座没有什么代表性。

参 考 文 献

- (1) 毛盛贤等, 1994. 首都师范大学学报 (校庆论文专集), 157—160.
- (2) 毛盛贤等, 1991. 群体遗传及其程序设计, 北京: 北京师范大学出版社, 167—168.
- (3) 刘来福等, 1984. 作物数量遗传, 北京: 农业出版社, 211—243.
- (4) 赵成松等, 1992. 生物数学学报, 7 (2): 180—187.
- (5) 胡能书等, 1985. 同工酶技术及其应用, 长沙: 湖南科学技术出版社, 86—103.
- (6) 黄清阳等, 1991. 遗传学报, 18 (3): 271—276.
- (7) 熊全沫等, 1992. 遗传, 14 (2): 41—46; 18 (3): 47—48.
- (8) Borse P *et al*, 1991. Heredity, 66: 1—8.
- (9) Cook F *et al*, 1987. Avain Genetics, New York, Academic Press Inc., pp. 284—289.
- (10) Ehiobu N G *et al*, 1990. Theor. Appl. Genet., 80: 569—575.
- (11) Hayman B I, 1954. Genetics, 39: 789—809.
- (12) Long J C, 1986. Genetics, 112: 629—647.
- (13) Nei M, 1987. Molecular Evolutionary Genetics, New York, Columbia Univ. Press, pp. 159—166.
- (14) Pasteur N *et al*, 1988. Practial Isozyme Genetics, London. Ellis Horwood Limited, pp. 145—160.
- (15) Shan K L, 1990. Genome, 33: 1—8.
- (16) Utter F, 1988. In: Population Genetics and Fishery Management (Weir, B. S *et al*), Sinaur Association Inc., pp. 21—25.
- (17) Weir B S *et al*, 1984. Evolution, 38(6): 1358—1370.
- (18) Wright S, 1965. Evolution, 19: 295—421.
- (19) Wright S, 1969. Evolution and Genetics of Population, University of Chicago Press, Vol. 2, pp. 182—192.

本文于 1995 年 7 月 31 日收到, 1995 年 9 月 28 日修回。