

MSTN 基因内含子 2 多态性与山羊体重性状相关研究

刘铮铸¹, 李祥龙^{2,1*}, 巩元芳¹, 靳晓敏¹, 冯敏山¹

(1. 河北科技师范学院动物科学系, 昌黎 066600; 2. 河北农业大学动物科技学院, 保定 071001)

摘要: 以波尔山羊以及波尔山羊与唐山奶山羊的杂交后代共计 102 只山羊为材料, 根据山羊 MSTN 基因序列 (GenBank 登录号: DQ167575) 设计一对引物, 用 PCR-RFLP 法进行多态性分析。对该片段测序发现共有 2 处突变。对突变位点产生的不同基因型与体重进行分析表明: AA 型个体的断乳重显著高于 BB 型和 AB 型 ($P < 0.05$)。CC 型个体的初生重显著高于 CD 型 ($P < 0.05$)。由此初步推断 MSTN 基因可能是影响山羊体重性状的主基因或与主基因相连锁, 可以用该位点对山羊体重性状进行标记辅助选择。

关键词: 山羊; MSTN; 遗传多态性; RFLP; 体重

中图分类号: S826.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2006)08-0745-07

Relationship between Polymorphism of Goat MSTN Gene Intron 2 and Body Weight

LIU Zheng-zhu¹, LI Xiang-long^{2,1*}, GONG Yuan-fang¹, JIN Xiao-min¹, FENG Min-shan¹

(1. Department of Animal Science, Hebei Normal University of Science & Technology, Changli 066600, China; 2. College of Animal Science and Technology, Hebei Agricultural University, Baoding 071001, China)

Abstract: One pair of primer for goat MSTN gene intron 2 was designed according to goat MSTN gene sequence (Accession No. DQ167575) and PCR-RFLP was carried out in a total number of 102 individuals including Boer goat and its backcrossed offspring to Tangshan dairy goat. The result of sequencing showed that there were two substitution mutations in the fragments. Statistical analysis indicated that AA genotype had significant higher weaning weight than BB and AB genotype ($P < 0.05$). CC genotype had significant higher birth weight than CD genotype ($P < 0.05$). It could be inferred that the MSTN gene maybe a major gene or linked to the major gene affecting the body weight. The polymorphic site could be used to marker assisted selection program for body weight.

Key words: goat; MSTN; genetic polymorphism; RFLP; body weight

肌肉抑制素基因 (myostatin, MSTN) 又称生长分化因子-8 (growth differentiation factor-8, GDF-8), 属于转化生长因子- β (transforming growth factor beta, TGF- β) 超家族成员, McPherron 等于 1997

年采用简并技术首先从小鼠骨骼肌中分离鉴定的, 该基因功能丧失后的小鼠比正常小鼠重 2~3 倍, 并能正常生殖, 其它组织器官无异常, 这表明 GDF-8 是骨骼肌发育的一种负调控因子^[1,2]。该结果一经

收稿日期: 2006-03-13

基金项目: 河北省自然科学基金 (C2005000241); 河北省教育厅 (B2004513) 资助

作者简介: 刘铮铸 (1968-), 男, 内蒙包头人, 副教授, 博士生, 主要从事分子遗传学研究; Tel: 0335-2039135; E-mail: liuzhengzhu@163.com

* 通讯作者: 李祥龙, 男, 教授, 博士, 主要从事动物分子育种方面研究。Tel: 0312-7526233; E-mail: Lixianglongcn@yahoo.com

发表,立刻引起了广大研究者的高度重视,对该基因的研究也迅速地开展起来。目前国内外众多学者对猪、牛 *MSTN* 基因做了大量的研究^[3~15],发现其多态性与生长发育有关,而对羊 *MSTN* 基因的研究相对较为薄弱。本研究采用 PCR-RFLP 方法分析了山羊 *MSTN* 基因内含子 2 (676 bp) 的遗传变异,通过寻找与生产性能相关的多态性位点,以便进行标记辅助选择,为研究山羊的肉用性能提供分子遗传学资料。

1 材料和方法

1.1 材料

波尔山羊 22 只,其杂交后代 82 只,共计 102 只,所用样品为山羊的肾脏和血液。

1.2 基因组 DNA 的提取

基因组 DNA 的提取见参考文献^[17],TE 溶解,−20 °C 冻存。

1.3 引物设计和 PCR 扩增

根据 GenBank 数据库中登录的山羊 *MSTN* 基因序列(序列号为: DQ167575),设计扩增产物为 676bp 的一对引物,上游为: 5'-CCCAGC-TATTTTCTGAACTGTC-3',下游为: 5'-CCTC-CTGCACCAATCTTTTC-3',该引物委托上海生工生物工程技术有限公司合成。

PCR 扩增反应体积为 50 μL ,其中 2.5 mmol/L dNTPs 4 μL ,10 \times Buffer (含 Mg^{2+}) 5 μL ,浓度为 10 mmol/L 的上游引物和下游引物各 5 μL ,*Taq* DNA 聚合酶(5U/ μL) 1 μL ,DNA 模板 5 μL (75 ng/ μL),加灭菌双蒸水至 50 μL 。

PCR 反应条件为:94 °C 预变性 4 min;94 °C 变性 30 s,58 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 1 min,30 个循环;72 °C 延伸 7 min。

1.4 PCR 产物回收、测序

对于效果良好且足量的扩增产物(浓度约达 100 ng)回收纯化后由上海生工生物技术服务有限公司进行测序。

1.5 酶切反应体系、条件及检测

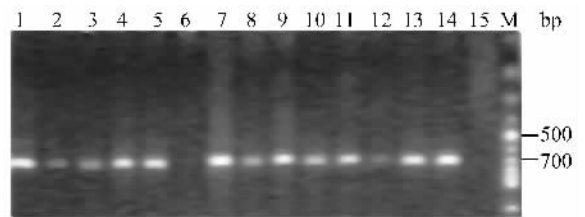
由该片段的测序结果可知,限制性内切酶 *Cac8I* 和 *EcoRV* 具有该突变序列的识别位点,然后分别取 PCR 产物 10 μL ,10 \times NEB Buffer 缓冲液 2

μL ,*Cac8I*(5 000 U/mL)或 *EcoRV*(5 000 U/mL) 0.2 μL ,灭菌双蒸水 7.8 μL ,37 °C 对 PCR 扩增产物进行酶切。酶切产物用 3% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测。

2 结果与分析

2.1 PCR 扩增

对受试山羊品种的 *MSTN* 基因内含子 2 (676 bp) 的目标片段经 PCR 扩增,得到一条 676 bp 的特异性条带(见图 1)。



M, 100bp DNA ladder; 1~15, PCR product

图 1 山羊 *MSTN* 基因内含子 2(676bp) 电泳

Fig. 1 Electropherogram of intron 2 (676bp) of goat *MSTN* gene

2.2 PCR 产物的测序与 PCR-RFLP 酶切结果

由测序结果(图 2)可知,部分个体在第 3 726 碱基处发生了 C→A,在第 3783 碱基处发生了 T→C 的突变,均为颠换,导致产生一个 *Cac8I* 的酶切位点 GCN↓NGC 和一个 *EcoRV* 的酶切位点 GAT↓ATC,因此,采用限制性内切酶 *Cac8I* 和 *EcoRV* 分别对受试山羊 *MSTN* 基因内含子 2 (3 455 ~ 4 131 bp) 的 PCR 扩增产物进行消化,结果 *Cac8I* 酶切出现了 3 种基因型,分别命名为:AA(277,399 bp)、AB(676,277,399 bp)、BB(676 bp),由 A、B 两个共显性基因控制;*EcoRV* 酶切出现了 2 种基因型,分别命名为:CC(277,399 bp)、CD(676,277,399 bp),由 C、D 两个共显性基因控制。酶切结果见图 3、图 4。

2.3 不同基因型与生产性能的关系

分别将 *Cac8I* 和 *EcoRV* 酶切的不同基因型与体重(初生重、断奶重)性状进行分析。结果表明,AA 型个体的断奶重显著高于 AB 型和 BB 型个体 ($P < 0.05$),而 CC 型个体的初生重显著高于 CD 型个体 ($P < 0.05$)。分析结果见表 1 和表 2。

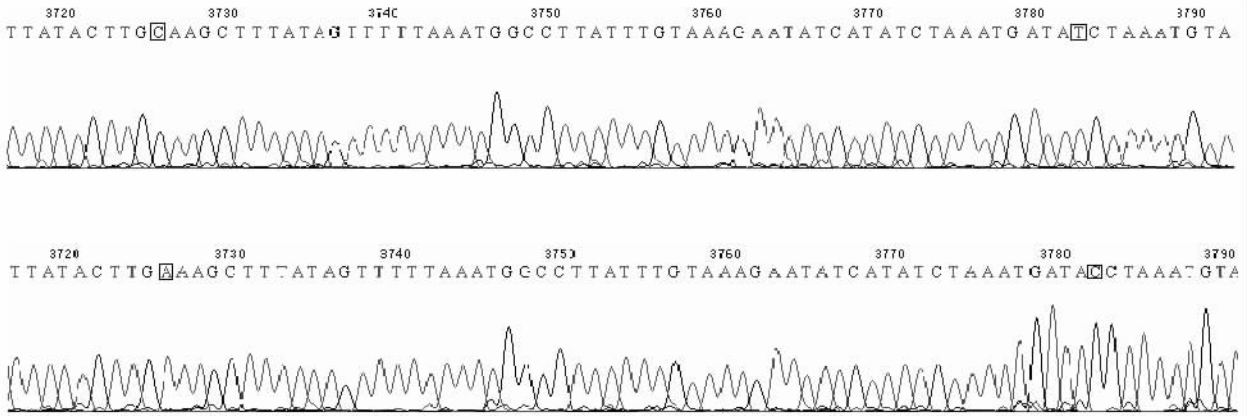
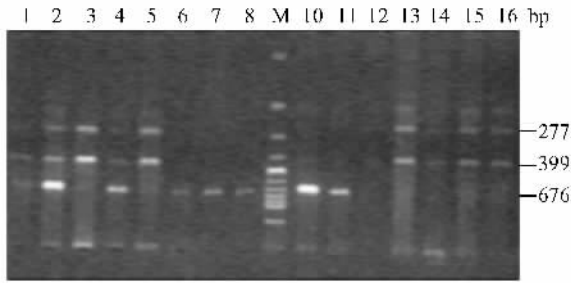
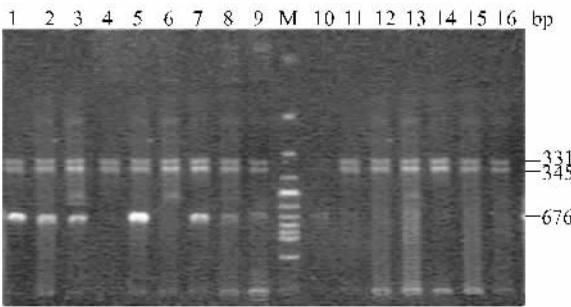


图 2 山羊 *MSTN* 基因 *Cac8I* 酶切结果基因型序列分析
 Fig. 2 Sequence analysis of *MSTN* digested with *Cac8I* in goat



M. 100 bp DNA ladder; 1~5. AB; 6~8, 10, 11. AA; 12~16. BB

图 3 山羊 *MSTN* 基因 *Cac8I* 酶切
 Fig. 3 Band pattern of *MSTN* digested with *Cac8I* in goat



M. 100bp DNA ladder; 1~3, 5, 7~10. CD; 4, 6, 11~16. CC

图 4 山羊 *MSTN* 基因 *EcoRV* 酶切
 Fig. 4 Band pattern of *MSTN* digested with *EcoRV* in goat

表 1 *Cac8I* 酶切位点不同基因型对体重性状的影响

Cac8I site		kg	
基因型	个体数	初生重	断乳重
Genotype	Number	Birth weight	Weaning weight
AA	31	3.90±0.82 ^a	22.11±4.43 ^a
AB	60	3.67±0.69 ^a	17.93±3.55 ^b
BB	11	4.06±0.62 ^a	18.92±4.95 ^b

肩注字母相同者差异不显著 ($P > 0.05$), 字母不同者表示差异显著 ($P < 0.05$), 下表同

The same superscripts means not significant difference ($P > 0.05$), different superscripts means significant difference ($P < 0.05$). The follow is same

表 2 *EcoRV* 酶切位点不同基因型对体重性状的影响

EcoRV site		kg	
基因型	个体数	初生重	断乳重
Genotype	Number	Birth weight	Weaning weight
CC	94	3.85±0.69 ^a	18.61±4.02 ^a
CD	8	2.93±0.88 ^b	19.34±6.74 ^a

列的变异, 其中 6 个可导致“双肌”^[7,19]。近几年引进的“双肌臀”瘦肉型猪的后躯也十分发达, 表现出类似肉牛的双肌现象。对猪 *MSTN* 基因的多态性研究其范围几乎覆盖了所有的编码区 (96.54%) 和 971bp 的非编码区。结果在 5' 调控区和内含子 1 分别检测到 T→A 的颠换和 G→A 的转换, 在不同品种中基因频率不同; 在编码区发现了一个 C→T 的沉默突变, 并没有导致氨基酸的变化^[13~15], 而 A→G 虽是沉默突变但它与猪的背膘厚呈显著相关^[16]。在羊的研究中, Marcq 等^[20] 分析了比利时 Texel 双

3 讨论

MSTN 与动物骨骼肌总量的调节有关, 其功能的缺失会造成骨骼肌的异常肥大^[18]。在肉牛中, *MSTN* 的 3 个外显子上已发现 9 个影响氨基酸序

肌绵羊的可能遗传机制,与普通绵羊(Romanov)相比,双肌绵羊的 *MSTN* 基因的编码区虽然没有碱基的差异,但采用该基因侧翼序列的微卫星标记进行连锁分析表明,在绵羊染色体 2 q 远端区存在一个对肌肉发育产生效应的 QTL,该基因座可能就是 *MSTN* 基因,由此可以推断,影响该基因表达的区域很可能在 C 端或 N 端的非翻译区域或内含子部分。

本研究发现山羊 *MSTN* 基因内含子 2(676 bp)存在多态性,绝大部分受试山羊基因型以 AA 型、AB 型和 CC 型居多,而 BB 型和 CD 型的分布很低,这表明在所研究群体中 B 和 D 等位基因为非优势基因,提示 AB 型、BB 型和 CD 型可能是由基因突变产生的。

将不同基因型与生产性能进行分析。结果发现,AA 型个体的断奶重显著高于 AB 型和 BB 型个体($P < 0.05$),而 CC 型个体的初生重显著高于 CD 型个体($P < 0.05$)。这提示该多态性片段可能与控制山羊体重性状的主基因或 QTL 相连锁,推测可以用于对山羊的肉用性能进行标记辅助选择。

参考文献:

- [1] McPherron A C, Lawler A M, Lee S J. Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF-beta superfamily member[J]. *Nature*, 1997, 387(6 628): 83~90.
- [2] Lin J, Arnold H B, Della-Fera M A, *et al.* Myostatin knockout in mice increases myogenesis and decreases adipogenesis [J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 2002, 291(3): 701~706.
- [3] McPherron A C, Lee S J. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1997, 94(23): 12 457~12 461.
- [4] Grobet L, Martin L J, Poncelet D, *et al.* A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscling phenotype in cattle[J]. *Nat Genet*, 1997, 17(1): 71~74.
- [5] Kambadur R, Sharma M, Smith T P, *et al.* Mutations in myostatin (GDF8) in double-muscling Belgian Blue and Piedmontese cattle[J]. *Genome Res*, 1997, 7(9): 910~916.
- [6] Grobet L, Poncelet D, Royo L J, *et al.* Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle[J]. *Mamm Genome*, 1998, 9(3): 210~213.
- [7] Karim L, Coppieters W, Grobet L, *et al.* Convenient genotyping of six myostatin mutations causing double-muscling in cattle using a multiplex oligonucleotide ligation assay[J]. *Animal Genetics*, 2000, 31(6): 396~399.
- [8] Marchitelli C, Savarese M C, Crisa A, *et al.* Double muscling in Marchigiana beef breed is caused by a stop codon in the third exon of myostatin gene[J]. *Mamm Genome*, 2003, 14(6): 392~395.
- [9] Dunner S, Miranda M E, Amigues Y, *et al.* Haplotype diversity of the myostatin gene among beef cattle breeds[J]. *Genet Sel Evol*, 2003, 35(1): 103~118.
- [10] Smith J A, Lewis A M, Wiener P, *et al.* Genetic variation in the bovine myostatin gene in UK beef cattle: allele frequencies and haplotype analysis in the South Devon[J]. *Animal Genetic*, 2000, 31(5): 306~309.
- [11] Klauzinska M, Siadkowska E, Grochowska R, *et al.* Polymorphism of molecular-genetic systems in the Polish red cattle[J]. *Tsitol Genet*, 2001, 35(1): 58~60.
- [12] Oblap R V, Zvezhkhovski L, Ivanchenko E V, *et al.* Comparative analysis of the genetic structure of Red Polish cattle in Poland and the Ukraine[J]. *Tsitol Genet*, 2002, 36(2): 35~43.
- [13] Stratil A, Kopecny M. Genomic organization, sequence and polymorphism of the porcine myostatin (GDF-8; *MSTN*) gene[J]. *Animal Genetics*, 1999, 30(6): 468~470.
- [14] 姜运良, 李 宁, 杜立新, 等. 猪肌肉生长抑制素基因 5' 调控区 T→A 突变与生长性状的关系分析[J]. *遗传学报*, 2002, 29(5): 413~416.
- [15] 姜运良, 李 宁, 吴常信, 等. 不同品种猪肌肉生长抑制素基因单核苷酸多态性分析[J]. *遗传学报*, 2001, 28(9): 840~845.
- [16] 李绍华, 熊远著, 郑 嵘, 等. 猪 *MSTN* 基因多态性及其 SNPs 的研究[J]. *遗传学报*, 2002, 29(4): 326~331.
- [17] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. *Molecular Cloning* (Second edition)[M]. New York, Cold Spring Harbor Laboratory press, 1989.
- [18] Lee S J, McPherron A C. Myostatin and the control of skeletal muscle mass[J]. *Curr Opin Genet Dev*, 1999, 9(5): 604~607.
- [19] Miranda M E, Amigues Y, Boscher M Y, *et al.* Simultaneous genotyping to detect myostatin gene polymorphism in beef cattle breeds[J]. *J Anim Breed Genet*, 2002, 119(6): 361~366.
- [20] Marcq F, Elsen J-M, El barkouki S, *et al.* Investigating the role of myostatin in the determinism of double muscling characterizing Belgian Texel sheep[J]. *Animal Genetics*, 1998, 29(suppl. 1): 52~53.

鹅胴体和羽绒性状的因子分析及遗传评估 ——基于因子分析的鹅生产性能评估(Ⅱ)

陈宏权^{1,2}, 于建兴², 邱华玲², 施启顺¹, 柳小春¹

(1. 湖南农业大学动物科技学院, 长沙 410128; 2. 安徽农业大学动物科技学院, 合肥 230036)

摘要: 采用平均类间连锁法依据 12 个鹅胴体和羽绒性状的公共因子对 123 个观测个体进行聚类分组和遗传评估。结果表明, 当观测个体被分成 6 组(G1、G2、G3、G4、G5、G6 组)时, 组间的因子得分具有显著差异; 各组产肉力、产毛力和净膛率得分以 G1 和 G2 组较高, 这些个体的产肉和产毛性能优越, 同时具有低脂、肉系水性好、羽绒疏水性强等特点; 而脂肪酸品质、产脂力、腿肉率、肌肉水损失、消化力、心功能、绒品质和绒亲水性 8 个因子得分均以 G5 和 G6 组为优, 这些个体的脂肪酸品质、羽绒品质以及心胃的辅助性能优越, 同时具有腿部肌肉发达, 易肥胖, 肌肉系水性差等特性。G3 和 G4 则介于两者之间, 但其羽型的得分较高。

关键词: 鹅; 遗传评估; 聚类分析; 因子分析

中图分类号: S835.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2006)08-0749-07

Factor Analysis on Carcass and Feather-down Traits in Goose and Its Genetic Estimation

——Genetic Estimation on Productivity Based on Factor Analysis in Goose(Ⅱ)

CHEN Hong-quan^{1,2}, YU Jian-xing², QIU Hua-ling², SHI Qi-shun¹, LIU Xiao-chun¹

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China; 2. College of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China)

Abstract: 123 geese were clustered using between-groups linkage based on 12 common factors of 40 goose carcass and feather-down traits and divided into 6 groups. By analysing difference among groups, productivity of Wanxi White goose × Sichuan White goose were estimated. The results showed that the difference among groups was significant while all geese were divided into 6 groups. The factor scorings of meat power, feather-down power, and eviscerated percentage were higher in group 1 and group 2, which indicated that geese in group 1 and group 2 had a superiority in meat- and feather-yield capability, and had lower fat, better meat hold-water capability, and lower down hydrophilicity. The factor scorings of fatty acid quality, fat power, leg muscle percentage, meat water loss, digestion, heart function, down quality, and down hydrophilicity were higher in group 5 and group 6, which indicated that geese in group 5 and group 6 had a preponderance in goose meat and down quality, and had leg muscle upgrowth, fatness, and lower hold-water capability. Group 3 and group 4 had higher factor scoring in freather-type, and other factor scorings were middlebrow.

Key words: goose; genetic estimation; cluster analysis; factor analysis

对畜禽生产性能进行评估是提高畜禽利用效率和畜牧生产水平的主要环节,近年来在牛和猪等方面得到了推广和应用。生产性能评估的方法很多^[1],就所依据的性状多少而言,多性状评估则是对生产性能实施总体评价的有效方法和重要途径,但评估模型构建和性状参数获取的难度较大,影响了性能评估的实施和应用。如何利用大量的性能指标(性状)实施畜禽生产性能的遗传评估一直成为动物遗传育种工作中的难题。聚类分析(cluster analysis)是研究如何将一组样本(或对象、指标)分成类内相近、类间有别的若干类群的一种多元统计分析方法。近年来,聚类分析在遗传多样性研究^[2~4]、种质资源分类^[5~8]、性状分类^[9~12]、引种^[13]和动物育种方案制定^[14~16]等方面以其经济、有效、简便、易行等优点受到人们的重视。本文在因子分析的基础上^[17],将聚类分析应用到鹅生产性能的评估,为畜禽性能的遗传评估提供一条新途径。

1 材料与方法

1.1 公共因子

分析用的性状涉及到 123 只鹅胴体重性状 11 个,胴体比值性状 11 个,羽绒性状 7 个,肉质性状 11 个;通过因子分析从 40 个性状中提取 12 个公共因子,它们分别是:产肉力、净膛率、腿肉率、脂肪酸品质、产脂力、肌肉水损失、产毛力、绒品质、绒亲水性、羽型、心功能和消化力,12 个因子共解释了原 40 个性状的 82.24% 的信息。12 个因子的得分将成为个体生产性能评估的依据。

1.2 性能评估方法

对每个个体进行种质得分评估,得分按照公共因子得分模型系数对每个个体进行公共因子得分估计^[17]。

每一个个体的表型性状均是由一个特定的遗传背景所支持,相似的遗传背景必然形成相似的性状表现。设两个个体之间的相似程度用两个个体之间的遗传距离来表示,则鹅个体之间种质特性的差异可以用遗传距离来加以说明,当遗传距离达到一定水准时,种质特性之间的差异将会达到显著的水平。因此,利用聚类分析对个体实施分组,检验组间差异便可达到评估目的,距离系数可以成为个体之间的种质差异系数,显然系数越大种质特性的差异也就越大。

聚类分析采用平均类间连锁法(Between-groups linkage),个体间的距离计算公式用欧氏距离平方(Squared Euclidean Distance)。将分类结果中的类别作为个体相似性分组的组别,组内的个体之间具有遗传相似性。

第 i 个个体与第 j 个个体之间的欧式距离:

$$d_{ij} = \sqrt{\sum_k (x_{ik} - x_{jk})^2},$$

这里考虑 k 个公共因子。类 G_i 与 G_j 合成新类 G_r ,则新类 G_r 与其它各类 G_s 的类间距离有:

$$D_{rs}^2 = \frac{n_i}{n_r} D_{is}^2 + \frac{n_j}{n_r} D_{js}^2$$

其中 n 表示类中的个体数。

建立最小二乘分析模型: $y_{ij} = \mu + g_i + e_{ij}$,

其中: y_{ij} 是个体因子得分, g_i 是个体所在的组效应, μ 群体均数, e_{ij} 误差。组间差异显著性比较采用 Duncan 法。

1.3 分析软件

分析用的软件是: SAS (r) Proprietary Software Version 9.00 (TS M0 DBCS3051) Copyright (c) 2002 by SAS Institute Inc., Cary, NC, USA。聚类分析采用 SAS 的 Cluster 过程,最小二乘分析采用 GLM 过程。

组的划分依据 SAS 聚类分析中的 CCC 值(聚类判别数据的立方, cubic clustering criterion)和 SPRSQ(半偏 R^2)来判定的, CCC 值和 R^2 越大,所对应分组的数目越合理、正确, SPRSQ 越小,表明每次组合并对信息的损失程度就越小。

2 结果与分析

2.1 种质得分

计算个体 12 个公共因子的平均得分和标准误如表 1 所示。产肉力、净膛率、产毛力和羽型因子为正得分,表明个体的 4 个因子得分越高经济用途就越大。在其它 8 个得分为负的因子中,脂肪酸品质、绒品质、腿肉率、心功能和消化力 5 个因子的得分越大(绝对值越小),则表明肌肉中不饱和和脂肪酸含量高、腿肉发达、绒朵大疏水性强、心脏和腺胃的辅助能力好,而产脂力、肌肉水损失和绒亲水性 3 个公共因子的得分越大,则表明腹脂沉积能力强、肌肉保持水分的能力差、绒的亲水性能好。

表 1 得分均数和标准误

Table 1 Mean and standard error of standardized scoring of communality factors

因子 Factors	产肉力 Meat power	脂肪酸品质 Fatty acid quality	产毛力 Feather-down power	净膛率 Eviscerated percentage	绒品质 Down quality	产脂力 Fat power
平均数 Mean	1 178.350 5	-242.545 0	214.505 9	204.164 1	-82.535 2	-70.185 9
标准误 SE	18.187 5	3.720 9	3.605 2	2.619 3	1.038 8	1.662 4
因子 Factors	腿肉率 Leg muscle percentage	消化力 Digestion	肌肉水损失 Meat water loss	心功能 Heart function	羽型 Feather-type	绒亲水性 Down hydrophilicity
平均数 Mean	-646.976 1	-253.948 2	-378.272 6	-506.338 2	37.362 5	-369.121 1
标准误 SE	9.971 2	3.856 2	6.241 3	7.772 7	0.517 7	5.496 8

2.2 个体的遗传分组

将个体按其考察的 12 个公共因子的相似程度进行分类,聚类情况见图 2。每一类成为一组,CCC 值变化和分组数目之间的关系如图 1。可见,分组数目在 6 和 8 时,CCC 值较大,SPRSQ(半偏 R^2) 的值最小,表明分组的数目较为合理,分组对信息的损失程度较小。分组数目为 3 时,虽然 CCC 值较大,但由此造成的信息损失也较大。当分为 6 组时,组内个体间的最大距离为 2.66,而分为 8 组时组内个体间的最大距离为 2.51。考虑到 CCC 值和 SPRSQ 的变化,分 8 组时有一个组仅有一个个体,所以本文分析将所有个体分为 6 组。

2.3 性能评估

不同组别公共因子得分的最小二乘均数比较结

果如表 2 所示。每一个公共因子得分在不同组别之间均存在极显著的差异($P < 0.01$),表明组间的种质差异明显。

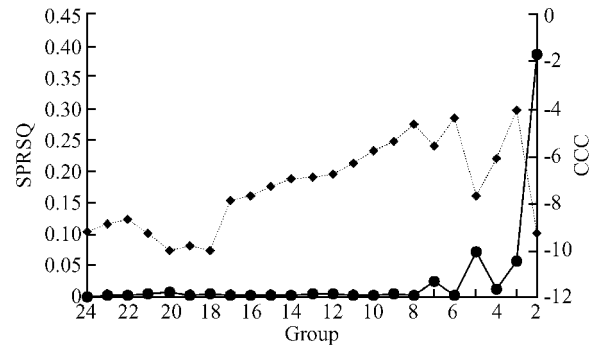


图 1 不同分组数目时的 CCC 值

Fig. 1 Cubic clustering criterion values for 2 to 24 groups

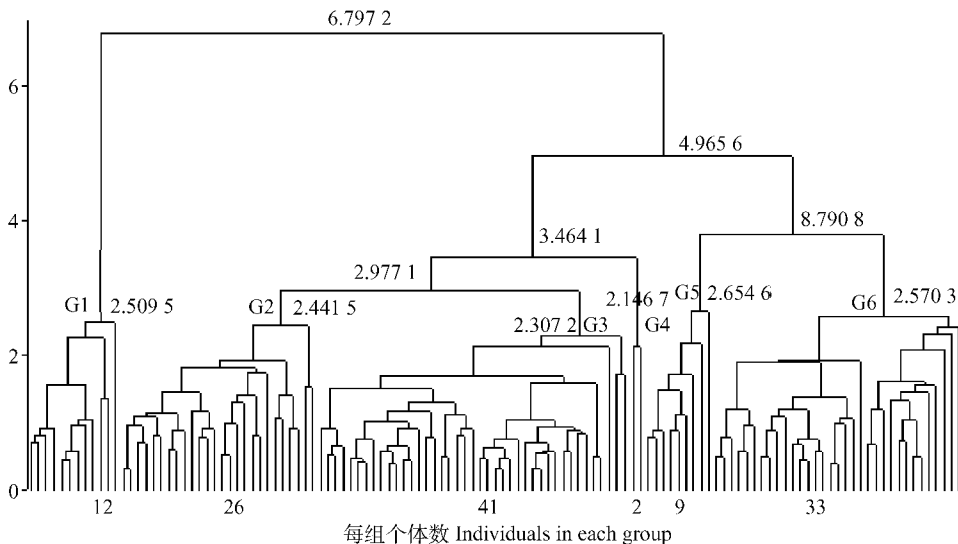


图 2 个体之间平均类间连锁法聚类(图中 G1 到 G6 表示分成的 6 个组,数据表示距离系数)

Fig. 2 Cluster using between-groups linkage(G1 to G6 stand for 6 groups, and figure is distance coefficient)