

粤黄鸡分化品系血液蛋白质多态性 基因频率的变化*

张细权 吴显华 魏彩藩 李汉乔 丘 陵
(畜牧系)

摘要 本试验采用醋酸纤维薄膜电泳和聚丙烯酰胺凝胶电泳方法测定了粤黄鸡 4 个分化品系(群体)以及石岐杂鸡和杏花鸡的血液蛋白质多态性,观察了多态性血液蛋白质基因频率的变化,根据基因频率计算出 6 个群体相互之间的相似系数和标准遗传距离及各群的平均杂合度,分别以系统聚类分析和主分量分析方法对这种变化进行研究。结果表明,4 个粤黄鸡分化品系大多数多态性血液蛋白质基因频率相近,少数出现品系(群体)间差异,而相似系数和遗传距离说明品系(群体)间分化与选育目的相符;系统聚类分析显示 4 个粤黄鸡分化品系(群体)与石岐杂鸡间关系较为密切,与杏花鸡相对地较为疏远,主分量分析却清楚地表明了粤黄鸡从石岐杂鸡中的分化以及与杏花鸡的区别。这两种分析方法结果相互补充,而两者的不一致有待进一步研究。另外,平均杂合度似乎也表明了品系(群体)选育程度的差异。

关键词 粤黄鸡品系; 血液蛋白质多态性; 基因频率

分析血液蛋白质多态性与血型基因频率变化在探索现有畜禽品种起源、品种间相互关系、品种内遗传结构等方面已被证明是一种行之有效的方法。近年来,许多研究者在这方面作过研究。Okada 等^[6,8]通过分析血液蛋白质多态性和血型的基因频率先后研究了日本本地鸡的系统进化与斯里兰卡土鸡的遗传构成,从而从另一角度阐明了这两类鸡的起源和内部遗传结构状况;殷雅明等^[1]也应用血液蛋白质多态性基因位点基因频率的变化的遗传分析讨论了广东省 3 个著名地方鸡种的相互关系,为阐明它们的起源分化提供了遗传学依据。以上作者研究分析的种群都是经过一定的社会经济条件和自然环境条件作用形成的品种,它们具有以下共同的地方:受人工有意识选择的影响,相对来说较为轻缓,而主要地受地理隔离、随机漂变等的影响。受人工选择影响较为明显的是品种内正在选育的群体,但对这种群体血液蛋白质多态性基因位点和血型基因频率变化的研究报道相对较少。1977 年 Okada 等^[7]曾报道在选择马立克氏病抗性的鸡群中血型与血液蛋白质多态性基因频率的变化^[7],Oishi 等^[9]则报道了两个长白猪群中以日增重、背膘厚、眼肌面积和后腿比例为选择指标引起各世代基因频率的变化与两群体遗传距离的变化。探索这些变化是否遵循一定的规律性具有理论和实践意义。

近年来,我们开展了粤黄鸡的选育工作,并取得了成效,目前粤黄鸡已形成若干分化品系(群体)。为配合粤黄鸡品系选育工作的进一步开展,探索血液蛋白质多态性作遗传标

* 本文为国家自然科学基金资助课题的部分工作。

1990-08-28 收稿

记应用于快速建立高产品系的可行性,本试验对粤黄鸡 4 个分化品系(群体)的 90 d 龄后代仔鸡的血液蛋白质多态性基因频率的变化进行分析,并将它们与石岐杂鸡及杏花鸡作了对比。

1 材料与方法

血液样本收集与制备:1989 年春季抽取了 6 个家鸡群体共 1 077 只 90 d 龄仔鸡血液。采集样本均为翅下静脉抽血,抗凝后带回实验室分离出血浆,并制备溶血液、贮存于低温(-18°C)冰箱中备用。采集的 4 个粤黄鸡分化品系(群体)分别是矮脚系、小脚系、麻鸡群和 102 系,其中矮脚系体小矮脚,选择时亦以脚矮为主要指标,小脚系体小小脚,选择以脚小为方向,矮脚系和小脚系在体型上均与杏花鸡相仿,两者已进行了一个世代的选育;麻鸡群羽毛麻色,选择时主要考虑它与清远麻鸡的相似性,这是刚组群开始选育的群体;102 系体型较大,选择以生长速度、体大为主要指标,该品系已作了 3 个世代的选择。石岐杂鸡是粤黄鸡选育前的起源群,杏花鸡样本来自本校试验鸡场的随机交配保种群体。

血液蛋白质多态性测定与基因频率计算:除血红蛋白(Hb-1)遗传变异型采用醋酸纤维薄膜电泳法测定外,碱性磷酸酶(Akp-1 和 Akp-2)、淀粉酶(Amy-1 和 Amy-2)、酯酶(Es-1)和转铁蛋白(Tf)遗传变异型采用聚丙烯酰胺凝胶电泳法测定。根据电泳结果计算各位点基因频率。

遗传距离与系统聚类分析:根据各位点基因频率采用 Nei^[5]的公式计算各个种群的平均杂合度和彼此间的相似系数、标准遗传距离,根据标准遗传距离以类平均法对它们作系统聚类分析^[1]。

主分量分析(PCA)^[2]:从各位点基因频率出发对这 6 个群体彼此间关系作主分量分析,并以第 1、第 2 主分量绘出上述 6 个群体的二维空间分布图。

2 结果

2.1 血液蛋白质等位基因频率和群体平均杂合度 表 1 是电泳测定所得各多态性血液蛋白质位点的基因频率。由表 1 可知,4 个粤黄鸡品系(群体)中,Akp-2, Amy-1, Amy-2 和 Tf4 个位点的等位基因频率是十分相近甚至相一致的,Akp-1, Es-1 和 Hb-1 三个位点则有些差异,但不明显。与石岐杂鸡及杏花鸡相对比,除不存在杏花鸡中存在的 Amy-2¹以及石岐杂鸡和杏花鸡中均存在的 Tf⁴外,4 个粤黄鸡品系(群体)各位点的等位基因频率与石岐杂鸡及杏花鸡都较为相近。与石岐杂鸡基因频率相近正好与粤黄鸡 4 个品系(群体)选育程度不高、与石岐杂鸡仍相类似相符。

表 2 是各测定群体的平均杂合度。表 2 结果显示,平均杂合度以 102 系最高,麻鸡群和矮脚系的也较高,杏花鸡的则最低,小脚系和石岐杂鸡的亦相对较低,这与各群鸡的选育程度基本相符。似可说明平均杂合度能够反映种群的选育程度。

表 1 6 个家鸡群体血液蛋白质多态性基因频率

鸡 位 点 等 位 基 因 群	Akp-1		Akp-2		Amy-1		Amy-2	
	Akp-1	akp-1	Akp-2 ^a	Akp-2 ^b	Amy-1 ^a	Amy-1 ^b	Amy-1 ^c	Amy-2
矮脚系 (181)	0.287 0	0.713 0	0.925 8	0.074 2	0.483 4	0.516 6	0.000	1.000 0
小脚系 (181)	0.318 8	0.681 2	0.925 8	0.074 2	0.472 4	0.527 6	0.000	1.000 0
麻鸡群 (187)	0.267 0	0.733 0	0.873 9	0.126 1	0.484 0	0.516 0	0.000	1.000 0
102 系 (185)	0.326 1	0.673 9	0.872 7	0.127 3	0.470 3	0.529 7	0.000	1.000 0
石岐杂鸡 (158)	0.241 1	0.758 9	0.920 6	0.079 4	0.480 9	0.519 1	0.000	1.000 0
杏花鸡 (185)	0.168 2	0.831 8	0.989 1	0.010 9	0.497 3	0.502 7	0.005 4	0.994 6

鸡 位 点 等 位 基 因 群	Es-1		Hb-1		Ti	
	Es-1 ^a	Es-1 ^b	Hb-1 ^a	Hb-1 ^b	Ti ^a	Ti ^b
矮脚系 (181)	0.314 9	0.665 9	0.005 5	0.994 5	0.0000	0.991 7
小脚系 (181)	0.179 5	0.803 9	0.0000	1.0000	0.0000	0.983 4
麻鸡群 (187)	0.164 9	0.787 2	0.032 0	0.968 0	0.0000	0.986 7
102 系 (185)	0.254 1	0.716 2	0.043 3	0.956 7	0.0000	0.985 5
石岐杂鸡 (158)	0.196 3	0.784 7	0.031 7	0.968 3	0.0031	0.990 5
杏花鸡 (185)	0.229 8	0.748 7	0.008 1	0.991 9	0.0027	0.981 1

括号内为采集样本数。

表 2 6 个家鸡群体的平均杂合度 (H)

鸡群	矮脚系	小脚系	麻鸡群	102 系	石岐杂鸡	杏花鸡
H [*]	0.271 0	0.253 7	0.288 1	0.313 6	0.266 8	0.230 4

$$H = 2n / (2n - 1) \left(1 - \sum X_i^2 \right)$$

表 3 鸡群间相似系数与标准遗传距离

鸡群	矮脚系	小脚系	麻鸡群	102 系	石岐杂鸡	杏花鸡
矮脚系		0.003 6	0.004 1	0.001 6	0.003 3	0.004 2
小脚系	0.996 4		0.001 3	0.001 8	0.001 7	0.005 2
麻鸡群	0.995 9	0.998 7		0.001 9	0.000 9	0.004 5
102 系	0.998 4	0.998 2	0.998 1		0.002 7	0.006 7
石岐杂鸡	0.996 7	0.998 3	0.999 1	0.997 3		0.002 1
杏花鸡	0.995 8	0.994 8	0.995 5	0.993 3	0.997 9	

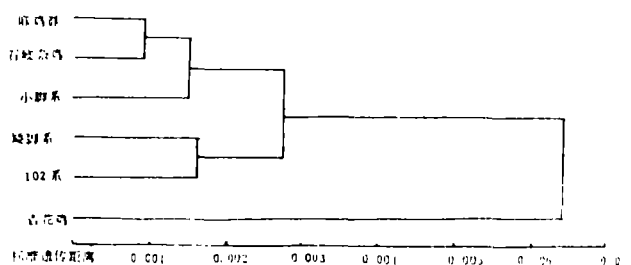


图 1 系统聚类 (类平均法) 图

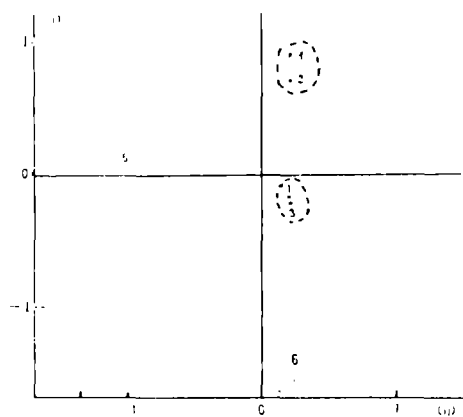


图 2 6 群鸡的直角坐标分布图

1. 矮脚系, 2. 小脚系, 3. 麻鸡群,
4. 102 系, 5. 石岐杂鸡, 6. 杏花鸡

2.2 群体间相似系数、标准遗传距离以及系统聚类分析结果 表 3 是各测定群体间的相似系数和标准遗传距离。由表 3 可见, 粤黄鸡 4 个品系 (群体) 间以及它们与石岐杂鸡和杏花鸡间相似系数很大, 距离很近, 说明粤黄鸡品系虽有分化, 但总的仍然较为相似。这点与其体型外貌、肉质和生长速度等仍相接近这一事实相符。就粤黄鸡各品系与杏花鸡之间关系而言, 以矮脚系与杏花鸡距离最近, 麻鸡群次之, 小脚系也较近, 102 系则较远, 这一结果正好对应了以下选育目标: 即选育矮脚系和小脚系模仿杏花鸡, 使其体型与肉质与杏花鸡相似, 但生长速度与死亡率等则较杏花鸡好; 而 102 系向快大、体型大方向选育。另一方面, 麻鸡群与石岐杂鸡距离最近, 这与麻鸡群刚组群、选育程度最低、与石岐杂鸡分化不明显相符。以上结果提示可借助血液蛋白质多态性基因频率变化并透过相似系数以及遗

传距离反映品种内品系的分化选育方向与选育程度。

图 1 是用类平均法对标准遗传距离 D 系统聚类的结果。这一结果表明, 尽管由于选育粤黄鸡内品系 (群体) 间已发生了分化, 与其起源鸡种石岐杂鸡也有不同, 但它们之间仍具有较密切的亲缘关系, 系统聚类中它们同为一类, 杏花鸡则为另一类。

2.3 主分量分析结果 主分量分析 (PCA) 作为一种简化数据结构的手段, 能使 N 个种群从原来的 P 维欧氏空间表示在较低维的空间上而又不影响准确性, 通常取前 2, 3 个主分量即能反映原来数据信息的 40%~90%, 因而能使 N 个种群很直观地表示在二维或三维坐标上, 了解它们之间的亲缘关系。本试验取前五个主分量 (表 4), 其中第一主分量占了全部信息量的 45.17%, 第二主分量占了全部信息量的 19.51%, 这两个主分量占了全部信息量的 64.68%, 而前五维主分量已占了全部信息量的 100%。图 2 是根据前二维主分量作出的二维直角坐标图。在二维直角坐标图中, 矮脚系和麻鸡群聚为一类, 小脚系和 102 系聚为一类, 而石岐杂鸡和杏花鸡都分别自成一类, 它们各自与前面两类保持一定的空间距离。上述结果反映了粤黄鸡 4 个品系 (群体) 既分化又存在相近之处的情况, 也反映了粤黄鸡与石岐杂鸡和杏花鸡相区别的情况。这些基本上与实际情况相符。但是, 这一主分量分析的结果显然与前面由类平均法所作系统聚类的结果不同。只有一点是相近的, 即两种方法都说明粤黄鸡与杏花鸡存在一定的距离。

表 4 样本主分量坐标

主 分 量	矮脚系	小脚系	麻鸡群	102 系	石岐杂鸡	杏花鸡
Y_1	-0.163	0.728	-0.212	0.898	0.039	-1.29
Y_2	0.213	0.213	0.213	0.213	-1.055	0.205
Y_3	-1.763	1.093	0.747	-0.722	0.695	-0.05
Y_4	-0.084	0.115	0.068	0.133	0.067	-0.069
Y_5	0.11	-0.784	1.436	0.138	-0.613	0.287

3 讨论

正在进行选择的育种群体基因频率的变化是众所周知的。但是, 在通常的选择中, 一般不会考虑畜禽本身的血型 and 血液蛋白质多态性。这种选择是否会引起血型和血液蛋白质多态性基因频率的变化以及如何变化值得注意和重视, 这对血型和血液蛋白质多态性应用于畜禽育种具有一定的意义。

尽管我们对具有多态性的血液蛋白质位点没有作直接的选择, 但一些经济性状的选择也可导致某些血液蛋白质位点等位基因频率的变化。Okada 等^[7]在选择马立克氏病抗性的 7 群鸡中, 发现其中有两群鸡的 Akp 等位基因频率随世代选择的进展显著增加, 血型位点中, A^6 和 B^6 等位基因频率也随世代级进而增加, B^{11} 等位基因则在大部分群体中缓慢降低。Oishi 等^[9]也发现在以日增重、背膘厚、眼肌面积和后腿比例为选择指标的两群选育长白猪中, 血型 A 和 F 系统 (在 Iwate 群体中) 和 L 及 Hp 系统 (在 Miyazaki 群体中) 的基因频率发生了显

著的变化。在本试验中,粤黄鸡是从石岐杂鸡中选育而成的,矮脚系、小脚系、麻鸡群和102系都是粤黄鸡的分化品系。在这些品系(群体)中,由于各自选择目标不同,因此与石岐杂鸡相比,它们的基因频率都有所变化,尤其是 Akp-2、Es-1 和 Hb-1 三个位点,Es-1 位点等位基因频率的变化则是较为明显的,表1结果显示矮脚系和102系与石岐杂鸡偏离较大,这可能是因为它们选育程度相对较高之故。然而,总的说来,4个分化品系各基因位点等位基因频率与石岐杂鸡差异并不大,说明它们虽有分化但还较接近,这可能跟它们选育程度不高有关。

基因频率的变化反映了群体间的遗传差异与分化,这种遗传差异可通过遗传距离反映出来,而聚类分析与主分量分析可以进一步表明各群体的分化程度以及彼此之间关系,同时,这种变化是否与选育相一致仍有待研究。Oishi 等^[9]的结果表明,在选择指标相同的情况下,处于不同气候环境的两群选育长白猪的遗传距离随世代增加而加大,说明所选择指标在引致遗传距离变化上作用不大,相反隔离引致的作用更大。我们的结果则表明各群体尤其是4个粤黄鸡品系(群体)的分化与选育方向相近,即选择对遗传距离产生影响。

值得注意的是,另一种基于基因频率变化的分析方法主分量分析结果清楚地指出了粤黄鸡从石岐杂鸡中的分化。显然,系统聚类分析和主分量分析都有其与实际情况相符合的地方,它们可以相互补充,但他们的结果不相一致。这与 Namikawa 等在分析亚洲牛种分化起源得出聚类分析与主分量分析结果一致的结果^[4]不同。这可能是因为本试验分析的群体(正在选育中)与 Namikawa 等分析群体(长期形成的品种)不同之故。

参 考 文 献

- 1 殷雅明,吴显华等.应用血液蛋白遗传标记研究广东鸡种类缘性.华南农业大学学报,1989,10(3):67~75
- 2 唐守正.多元统计分析方法.北京:中国林业出版社,1984,20~60
- 3 熊全沫.同工酶电泳数据的分析及其在种群遗传上的应用.遗传,1986,8(1):1~5
- 4 Namikawa T, Ito S, et al. Genetic relationships and phylogeny of East and Southeast Asian cattle: genetic distance and principal component analyses. Z Tierzüchtg Züchtgsbiol, 1984, 101, 17~32
- 5 Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 1978, 89, 583~590
- 6 Okada I, Maeda Y, et al. Gene constitution of indigenous chickens in Bangladesh. Jap Poult Sci, 1988, 25(1):15~25
- 7 Okada I, Yamada Y, et al. Changes in polymorphic gene frequencies in strains of chickens selected for resistance to Marek's disease. British Poult Sci, 1977, 18(3):237~246
- 8 Okada I, Yamamoto Y, et al. Phylogenetic studies on the Japanese native breeds of chickens. Jap Poult Sci, 1984, 21(6):318~328
- 9 Oishi T, Jinbu M, et al. Changes in polymorphic gene frequencies during the course of selection for meat production of Japanese Landrace pigs. Jap J Zootech Sci, 1983, 54(6):409~417

CHANGES IN GENE FREQUENCIES OF BLOOD PROTEIN POLYMORPHISMS IN YUEHUANG CHICKEN LINES

Zhang Xiquan Wu Xianhua Wei Caifan Li Hanqiao Qiu Ling

(Department of Animal Husbandry)

Abstract In this experiment the blood protein polymorphisms in four lines of Yuehuang chicken and Shiqiza and Xinghua chicken were determined with cellulose acetate membrane electrophoresis and polyacrylamide gel electrophoresis, and changes in polymorphic gene frequencies, on which the similarity coefficients and Nei's standard genetic distances among the above 6 populations and average heterozygosity per population were calculated, were studied. Systematic cluster analysis and principle component analysis were also carried out based on the gene frequencies of polymorphic loci respectively. The results showed that most of gene frequencies in the determined protein loci were nearly the same and some of them were different among the four Yuehuang lines, and that similarity coefficients and genetic distances between 6 populations suggested the differences among the Yuehuang lines were consistent with the target of breeding. Systematic cluster analysis indicated that the four Yuehuang lines had a close relationship with Shiqiza chicken and a relatively remote relationship with Xinghua chicken. In the other hand, principle component analysis showed that Yuehuang chicken had already differentiated from Shiqiza chicken and that there was difference between Yuehuang chicken and Xinghua chicken. The inconsistency of the two analysis methods needed to be studied further. In addition, the average heterozygosity per population probably showed the degree of selection that each line had been subjected to.

Key words Yuehuang chicken lines; Blood protein polymorphisms; Gene frequencies