

家蚕遗腹卵率的遗传参数分析

林健荣¹ 司马杨虎¹ 史奕山¹ 农朝志² 黄星光²

(1 华南农业大学蚕桑系, 广州, 510642; 2 广东省丝绸集团公司)

摘要 用 6 个原种按完全双列杂交法安排试验, 对组配的 36 个杂交组合的试验结果, 用数量遗传学及统计学的方法进行了分析。家蚕遗腹卵的发生, 在原种间、杂种间均有一定的差异性。以日系杂交原种有偏高的倾向。造卵数与遗腹卵率的相关分析表明, 蚕的遗腹卵率并不依造卵数的增多而增加。家蚕亲本的遗腹卵率多时, 其杂交后代的遗腹卵率也高, 遗腹卵的遗传表现为超显性, 显性效应大于加性效应, 亲本以显性基因频率大于隐性基因的频率, 推测其基因数目至少有 3 对。

关键词 家蚕; 遗腹卵; 遗传分析

中图分类号 S882.6

家蚕的产卵性状是由遗传基因所决定的, 但它易受养蚕环境条件、桑叶质量的影响, 徐卫华(1989)报道了产卵粒数的遗传规律的研究, 李瑞(1985)研究了催产素处理雌蛾对产卵的影响, 赵祖康(1988)报道了昆虫保幼激素合成类似物(BI)对产卵的影响。然而目前国内外对遗腹卵的遗传规律的研究尚未见有报道。为此, 本试验利用完全双列杂交的 Hayman 法分析了遗腹卵率的有关遗传参数, 并从育种学的角度去讨论其遗传效应。

1 材料和方法

1993 年 3 月饲养芙蓉、新九、华新、7532、湘晖、日桂 6 个原种, 按完全双列杂交法配制 36 个组合(包括自交和正反交), 并于同年 5 月饲养全部组合的蚕, 各组合 3 个重复, 每区 300 头蚕, 按完全随机区组设计的方法安排饲养。雌蛾产卵后各区抽取 80 个进行遗腹卵及产出卵数的调查。

遗传参数的估算; 以小区平均值为计算单位, 按 Hayman 法在本校农学系统统计室的计算机上完成。百分数经 $\arcsin\sqrt{x}$ 转换。

2 结果与分析

2.1 品种遗腹卵率的差异

对 6 个原种遗腹卵率的调查结果作方差分析比较, 结果遗腹卵率在原种间有显著的差异, 其遗腹卵率多少排列顺序为: 新九 > 7532 > 日桂 > 华新 > 芙蓉 > 湘晖。

对 12 个同系统内杂交组合品种的遗腹卵率的调查结果作方差分析表明: 日桂 × 7532 的遗腹卵率最高, 除华新 × 新九、7532 × 日桂以外, 与其他组合的差异均达显著水平。组合

1994-10-04 收稿

间的大小是日桂×7532> 华新×新九> 7532×日桂> 7532×湘晖> 芙蓉×华新> 湘晖×7532> 日桂×湘晖> 华新×芙蓉> 芙蓉×新九> 新九×华新> 新九×芙蓉> 湘晖×日桂。组合间的遗腹卵率亦达到显著水平的差异。

对 9 个中×日(正反交共 18 个)杂交组合品种遗腹卵率亦作方差分析,结果同样反映了组合间有极显著差异,进一步用 t 测验比较各组合遗腹卵率的差异,7532×新九的遗腹卵率最高,除与华新×湘晖组合外,与其他各组合的差异均达极显著水平。最低的是湘晖×芙蓉正反交组合。另外,遗腹卵率的发生在正反交之间也存在着一定的差异。

2.2 造卵数与遗腹卵率的相关性

分别对原种、同系统杂交原种以及中日杂交种,估算了它们的造卵数与遗腹卵率的相关系数,结果:原种是 -0.196 ,杂交原种是 -0.317 ,中日杂种是 -0.021 ,可见,3 个类型的造卵数与遗腹卵率的相关系数均呈负相关,相关关系虽然未达显著水平,但却反映出造卵数即使增多,遗腹卵率并不会增大,反而减少。即遗腹卵残留量并不会按正比比率随造卵量的增多而增大。经统计分析,母本的遗腹卵率与子代遗腹卵率呈 0.227 的正相关,表明亲本遗腹卵率的高低将影响到子代遗腹卵率的高低。

2.3 遗腹卵率遗传成分的分析

2.3.1 方差分析 对 6 个原种及其相互杂交组合的遗腹卵率的调查结果作方差分析,结果列于表 1。

表 1 家蚕遗腹卵率全互交方差分析

变异来源	$D.F$	$S.S$	MS	F	$F_{0.05}$	$F_{0.01}$
总 和	107	2 091.565 0				
组 合	35	1 854.513 0	52.980 7	15.740 1**	1.59	1.93
重 复	2	1.411 1	0.705 6	0.209 6		
反交效应	15	284.160 9	16.544 1	4.914 6**	1.81	2.32
误 差	70	235.641 6	3.366 3			

由表中数字可以看出,各遗传型(包括自交)间的差异达显著,重复间差异不显著($F=0.209\ 6$),表明试验数据可以作遗传成分分析。表中反交效应达显著水平,说明遗腹卵率这一性状存在着母体效应。

2.3.2 遗传效应及其参数的估算 按完全双列杂交的统计方法作进一步计算,得到协方差(W_r)对方差(V_r)的回归方程为: $W_r = -11.117\ 8 + 0.819\ 1V_r$ 。经 t 检验,回归系数 0.819 与 1 无显著差异,而与零达极显著差异,说明遗腹卵率的双列分析与 Hayman 的假设条件相符,控制遗腹卵率的基因是独立分布的,试验数据可用 Marther 的加性-显性模型来解析,见图 1。

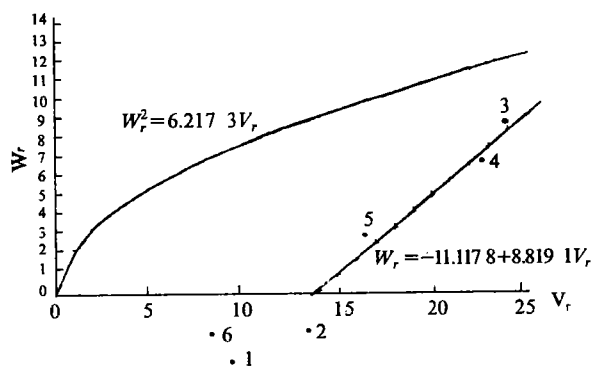


图 1 6 个亲本遗腹卵率的 V_r 、 W_r 图

从图 1 看, 回归截距为负值, 表明遗腹卵率有超负显性现象存在。从亲本来看, 各点均分布在抛物线下方, 品种湘晖(6)靠原点最近, 具有最多的显性基因; 品种华新(1)和芙蓉(2)次之; 新九(3)含有最多隐性基因, 品种 7532(4) 和日桂(5)两品种的显隐性基因频率亦不大相同。亲本所含显性基因数目由多到少排列顺序为: 6-1-2-5-4-3。

$(W_r + V_r)$ 和亲本值 Y_r 的相关系数呈显著正相关 ($r=0.914^{**}$), 说明显性方向是指向负效的, 即指向低遗腹卵率的。所以显性基因越多, 遗腹卵率越低。

据 Haymay 法估算得到的各种遗传成分及其比率列于表 2。

表 2 遗传成分及成分比率

符号	成分估值	成分比率	
		表 现	估 值
D	5.159 8	$(H_1/D)^{1/2}$	3.444 0
F	2.349 0	$H_2/4H_1$	0.244 0
H_1	61.216 7	h^2/H_2	3.323 6
H_2	59.723 8	$[(4DH_1)^{1/2} + F]/[(4DH_1)^{1/2} - F]$	1.141 5
h^2	198.569 5	$\frac{1}{4} D / (\frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} F + E)$	12.13%
$D - H_1$	56.057 0		

从表 2 可见, F 值为正数, 说明显性基因比隐性基因多; $(H_1/D)^{1/2}$ 的值是衡量全部基因位点的平均显性程度, 其估值为 3.444。大于 1, 表明遗腹卵率为超显性。

$H_2/4H_1 = UV$ 是估算正效等位基因 (U) 和负效等位基因 (V) 的频率分布, 如果基因频率分布对称, 则 UV 各为 0.5, 其积最大为 0.25。现 $H_2/4H_1$ 的值为 0.2440, 虽不等于 0.25, 但很接近, 说明显性位点上的基因分布接近对称, 即在所有的亲本中, 正和负的基因分布是大致相同的。

h^2/H_2 的比率是估测控制遗腹卵率性状并显示显性的基因对数 (或组数), 其估值为 3.323 6, 故认为至少有 3 对基因或基因组控制遗腹卵率。

$[(4DH_1)^{1/2} + F]/[(4DH_1)^{1/2} - F]$ 是估测亲本显性、隐性基因总数的比例, 其值等于 1, 表示控制亲本性状的显性基因和隐性基因频率相等; 小于 1, 则亲本的隐性基因频率高; 大于 1, 则亲本的显性基因频率高。本试验估值为 1.1415, 表明显性基因总数比隐性基因总数略多。 $\frac{1}{4} D / (\frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} F + E)$ 表示狭义遗传力, 本试验估值为 12.13%。

$D - H_1 = 56.057$, 这均显示出控制遗腹率卵性状的显性效应远大于加性效应。

3 分析讨论

家蚕的造卵量、不受精卵及遗腹卵等蚕卵性状, 在蚕种生产上是极为重要的经济指标, 为此, 不少蚕业科学工作者曾从养蚕条件、桑叶质量、产卵环境等方面对家蚕产卵的影响进行了研究, 然而, 从遗传学的角度去进行遗传规律的研究却不多。本试验通过各原种、杂交原种以及中日杂交种遗腹卵率的发生情况的分析, 再从数量遗传学的角度进行了遗传参数的估算, 结果表明: (1) 参试的 6 个原种遗腹卵率在品种间差异显著, 以新九的遗腹卵率最高, 湘晖最低; (2) 以 6 个原种组合的中 \times 中或日 \times 日共 12 个杂交原种, 组合间差异亦显著, 且有日系杂交原种的遗腹卵率高于中系杂交原种的倾向。(3) 中日异系统杂交组合间差异极显

著。由此表明,遗腹卵率在品种(或组合)间存在遗传本质的差异。

造卵数与遗腹卵率的相关性。经统计分析,为负相关,并以杂交原种的相关性较密切,从这种关系来看,在品种选育的过程中,有利于造卵数多、遗腹卵少的选择,即从理论上表明:要想同步提高造卵数和降低遗腹卵是有可能的。另外母本及两亲平均值的遗腹卵率与子代呈正相关。故在选配组合时应尽量选择遗腹卵率低的亲本,才有利于减少子代的遗腹卵,从而起到提高产出卵率的作用。

本试验用完全双列杂交法对遗腹卵率的遗传参数进行估算,结果认为:遗腹卵率表现超显性,显性效应远大于加性效应,因此,组配杂交原种或组合一代杂种,杂种亲本的选择就显得更为突出和重要。再从狭义遗传力仅为 12.13% 来考虑,它是属于难通过选拔方式来进行改良的性状。基因数目估算认为至少三对,这里所讲的有效基因数,并非意味着是微效多基因数,而是染色体交换的单位,可看作是与性状表现有关的基因所在的染色体数。

在本试验的亲本中,显隐性基因总数比例以显性基因频率大于隐性基因频率,正效基因和负效基因频率的分布是不相同的。从减少遗腹卵的角度来进行选择,选择显性基因多的品种作为杂交亲本,在其后代中选出遗腹卵率小的个体的机率就较大。

参 考 文 献

- 李 瑞,吉慧梅.1988.应用催产素处理家蚕成虫对产卵量和卵质影响.江苏蚕业,1:46~47
赵祖良,姚养安.1988.提高家蚕产卵量的试验.蚕业科学,11(3):174~175
徐卫华,张志方,吴玉澄,等.1989.家蚕产卵量遗传机理及其效应的解析.蚕业科学,12(1):37~40

ANALYSIS OF GENETIC PARAMETERS ON UNLAID EGG RATIO OF THE SILKWORM(*Bombyx mori*)

Lin Jianrong¹ Sima Yanghu¹ Shi Yishan¹ Nong Chaozhi² Huang Xing guang²

(1 Dept. of Sericulture, South China Agr. Univ., Guangzhou, 510642;

2 Guangdong Silk Corporation)

Abstract

Analysis with methods of quantitative genetics and statistics was done on the results of 36 hybrid combinations from 6 parental varieties in complete dialled crossing. There was variation in the occurrence of unlaid egg both among parents and F1. The number of the unlaid eggs depended on the genetic combination. The figure in Japanese hybrid tended to be higher. The analysis showed that there was no corelationship between fecundity and unlaid egg ratio. If the unlaid egg ratio was high in the parents, the same would happen in their off springs. The inheritance of the unlaid egg ratio is super-dominant, with dominant effect greater than additive effect. The frequency of dominant genes was higher than that of recessive genes in the parents. It is suggested that the number of genes is 3 pairs.

Key words silkworm (*Bombyx mori*): unlaid egg; genetic analysis