

马 猛,王克华,曲 亮,等. 40 周龄母鸡体尺性状的主基因+多基因混合遗传分析[J]. 江苏农业学报,2015,31(5):1091-1098.
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2015.05.023

40 周龄母鸡体尺性状的主基因+多基因混合遗传分析

马 猛^{1,2}, 王克华¹, 曲 亮^{1,2}, 窦套存^{1,2}, 沈曼曼¹

(1. 江苏省家禽科学研究所,江苏 扬州 225003; 2. 扬州翔龙禽业发展有限公司,江苏 扬州 225200)

摘要: 为研究 40 周龄母鸡体尺性状的内在遗传机理,以绿壳蛋鸡黑羽纯系和白来航鸡为对象构建分离群体,测定亲本(P_1 、 P_2)、 F_1 代和 F_2 代母鸡 40 周龄的体尺,运用主基因+多基因混合遗传分析软件 SEA-G4F2 对分离群体 40 周龄体尺性状进行遗传分析。结果表明:母鸡 40 周龄的胫围、胫长、胸角和胸宽的最适模型均为 E-1,即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型,其对应的主基因的遗传率分别为 60.89%、61.24%、55.62% 和 59.43%;龙骨长和体斜长的最适模型均为 E 模型,即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型,主基因遗传率为 16.52% 和 30.76%,龙骨长对应的多基因的遗传率为 7.2%。6 个体尺性状中除了龙骨长检测出多基因外,其他性状均未检测到多基因,各个性状的主基因的遗传效应均大于多基因的遗传效应。

关键词: 体尺; 主基因; 多基因; 混合遗传

中图分类号: S831.2

文献标识码: A

文章编号: 1000-4440(2015)05-1091-08

Inheritance of 40-week-old hens body size traits using major gene and polygene mixed model

MA Meng^{1,2}, WANG Ke-hua¹, QU Liang^{1,2}, DOU Tao-cun^{1,2}, SHEN Man-man¹

(1. Institute of Poultry Science of Jiangsu Province, Yangzhou 225003, China; 2. Yangzhou Xianglong Poultry Co., Ltd., Yangzhou 225200, China)

Abstract: Black-feathered line of green-shelled laying hens (P_1), while leghorn chickens (P_2), and the 40-week-old hens of the segregating populations (F_1 , F_2) were measured for the body sizes traits to study the inheritance of body size using major gene plus polygene mixed model. Model E-1, a two-pair additive-dominance-epistatic major gene plus additive-dominance polygene mixed genetic model fitted the best for shank girth, shank length, chest angle and chest width of hens at 40-week-old, with the heritabilities of major gene being 60.89%, 61.24%, 55.62% and 59.43%, respectively. The best model for keel length and body slanting length was model E, a two-pair additive-dominance-epistatic major gene plus additive-dominance-epistatic polygene mixed genetic model, with the heritabilities of major gene being 16.52% and 30.76%, and the heritability of polygene for keel length being 7.2%. The poly-

gene heritability in six body size traits was not detected except for keel length, and the genetic efficiency of major genes is greater than polygenes.

Key words: body size; major gene; polygene; mixed inheritance

收稿日期:2015-03-06

基金项目:国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-41-k02);江苏省三项工程项目[SXGC(2014)290];国家“十二五”科技支撑项目(2011BAD28B03);江苏省扬州市重大科技成果转化项目(YZ2012009)

作者简介:马 猛(1988-),男,河南南阳人,硕士研究生,从事动物遗传育种研究。(Tel) 18796626219; (E-mail) 779701121@qq.com

通讯作者:王克华(1962-), (Tel) 13805276606; (E-mail) sqbreeding@126.com

鸡的体尺性状与众多重要的经济性状关系密切。目前,对鸡体尺的研究多集中在其与屠宰性能、生长发育规律的关系上^[1-3]。与其他数量性状一样,

影响鸡体尺性状的因素较多,其中遗传因素和环境是主要影响因素。对鸡体尺性状的非遗传因素影响已有较多报道^[4-6]。但是,目前关于体尺性状的分子遗传机理研究较少。以往多采用传统的方法进行体尺性状的分子遗传研究,然而传统的方法有一定的局限性,不能解析单个基因座位的遗传效应^[7]。盖钧铭等^[8]、Zhang 等^[9]、Wang 等^[10]提出的主基因+多基因混合遗传分析方法不仅能够鉴别主基因,而且对多基因也可以进行检测,并估计出相应的遗传参数。本研究以绿壳蛋鸡黑羽纯系和白来航鸡资源群体为材料,应用主基因+多基因混合遗传模型分析软件对 40 周龄母鸡的体尺性状进行研究,探讨鸡 40 周龄体尺性状的遗传规律,确定最适模型。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验以黑羽绿壳蛋鸡纯系为亲本 P_1 ,以白来航鸡为亲本 P_2 ,其中 P_1 共 109 只, P_2 共 78 只, $F_1(P_1 \delta \times P_2 \text{♀})$ 、 $P_2 \delta \times P_1 \text{♀}$ 代 564 只, $F_2[(P_1 \delta \times P_2 \text{♀}) \delta \times (P_1 \delta \times P_2 \text{♀}) \text{♀}]$ 、 $(P_2 \delta \times P_1 \text{♀}) \delta \times (P_2 \delta \times P_1 \text{♀}) \text{♀}$ 代 1 915 只。试验动物均饲养于扬州翔龙禽业发展有限公司,饲养管理条件一致,试验过程中每只鸡均单笼饲养。

1.2 测定内容与方法

测定每个世代所有母鸡在 40 周龄时的体尺性

状,包括胫围、胫长、龙骨长、体斜长、胸角和胸宽 6 项指标。其中胫长、龙骨长、体斜长、胸角和胸宽的测定均按照《家禽生产性能名词术语和度量统计方法》^[11]进行测定,胫围的测定方法为用细线绕鸡左胫中间部位 3 圈,然后用直尺量取 3 圈的总周长,除以 3 即为每只鸡的胫围。

1.3 数据的处理

试验所有数据均采用 Excel 2003 进行统计,用 SPSS17.0 进行正反交群体间的 t 检验,用南京农业大学研发的 SEA-G4F2 软件包进行主基因+多基因混合遗传模型分析。

数据进行分析前对 F_1 代和 F_2 代的数据进行正反交之间的比较,如果正反交之间的差异显著,则需要消除正反交效应。

正交效应 = 正交群体平均值 - 群体平均值

反交效应 = 反交群体平均值 - 群体平均值

用于分离分析的数据 = 原数据 - 正反交效应

1.4 遗传模型简介

利用 P_1 、 P_2 、 F_1 和 F_2 3 个世代进行分离分析的遗传模型共有 5 大类 24 个遗传模型,其具体对应的解释见表 1。

表 1 各个遗传模型对应的解释

Table 1 Explain ation for of each genetic model

模型	解释	模型	解释	模型	解释
A-1	加性-显性	B-5	完全显性	D-4	1 对负向完全显性主基因+加性-显性
A-2	加性	B-6	等显性	E	2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性
A-3	完全显性	C	加性-显性-上位性	E-1	2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性
A-4	负向完全显性	C-1	加性-显性	E-2	2 对加性-显性主基因+加性-显性
B-1	加性-显性-上位性	D	1 对加性-显性主基因+加性-显性-上位性	E-3	2 对加性主基因+加性-显性
B-2	加性-显性	D-1	1 对加性-显性主基因+加性-显性	E-4	2 对等加性主基因+加性-显性
B-3	加性	D-2	1 对加性主基因+加性-显性	E-5	2 对完全显性主基因+加性-显性
B-4	等加性	D-3	1 对完全显性主基因+加性-显性	E-6	2 对等显性主基因+加性-显性

模型 A-1 到 A-4 表示只有 1 对主基因;模型 B-1 到 B-6 表示只有 2 对主基因;模型 C 和 C-1 表示只有多基因;模型 D 到 D-4 表示 1 对主基因+多基因;模型 E 到 E-6 表示 2 对主基因+多基因。

1.5 统计与分析

应用盖钧铭等^[8]提出的主基因+多基因混合遗传模型来进行分离分析,通过极大似然法和 IECM 算法对混合分布中的有关成分分布参数做出估计,

然后对 24 个模型中 AIC (Akaike's information criterion) 值进行比较,选择其中 AIC 值较小的相对应的模型进行适合性检验,然后确定出最适模型,根据最适模型的分析结果,估计其相应的一阶遗传参数和二

阶遗传参数。具体的最适模型的选择和遗传参数估计参照文献[8]。适合性检验共有 5 个统计量,即均匀性检验 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 , Smirnov 检验 nW^2 和 Kolmogorov 检验 D_n 。

$$h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$$

$$h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$$

其中 h_{mg}^2 为主基因遗传率, h_{pg}^2 为多基因遗传率。

2 结果与分析

2.1 40 周龄母鸡体尺性状的表型特征值及 F_2 代的次数分布

6 个体尺性状的表型特征值见表 2, 由表 2 可知, 每个性状的 F_2 代的极差均大于 P_1 、 P_2 和 F_1 代, 说明每个性状在 F_2 代都有较好的分离。6 个体尺性状中除

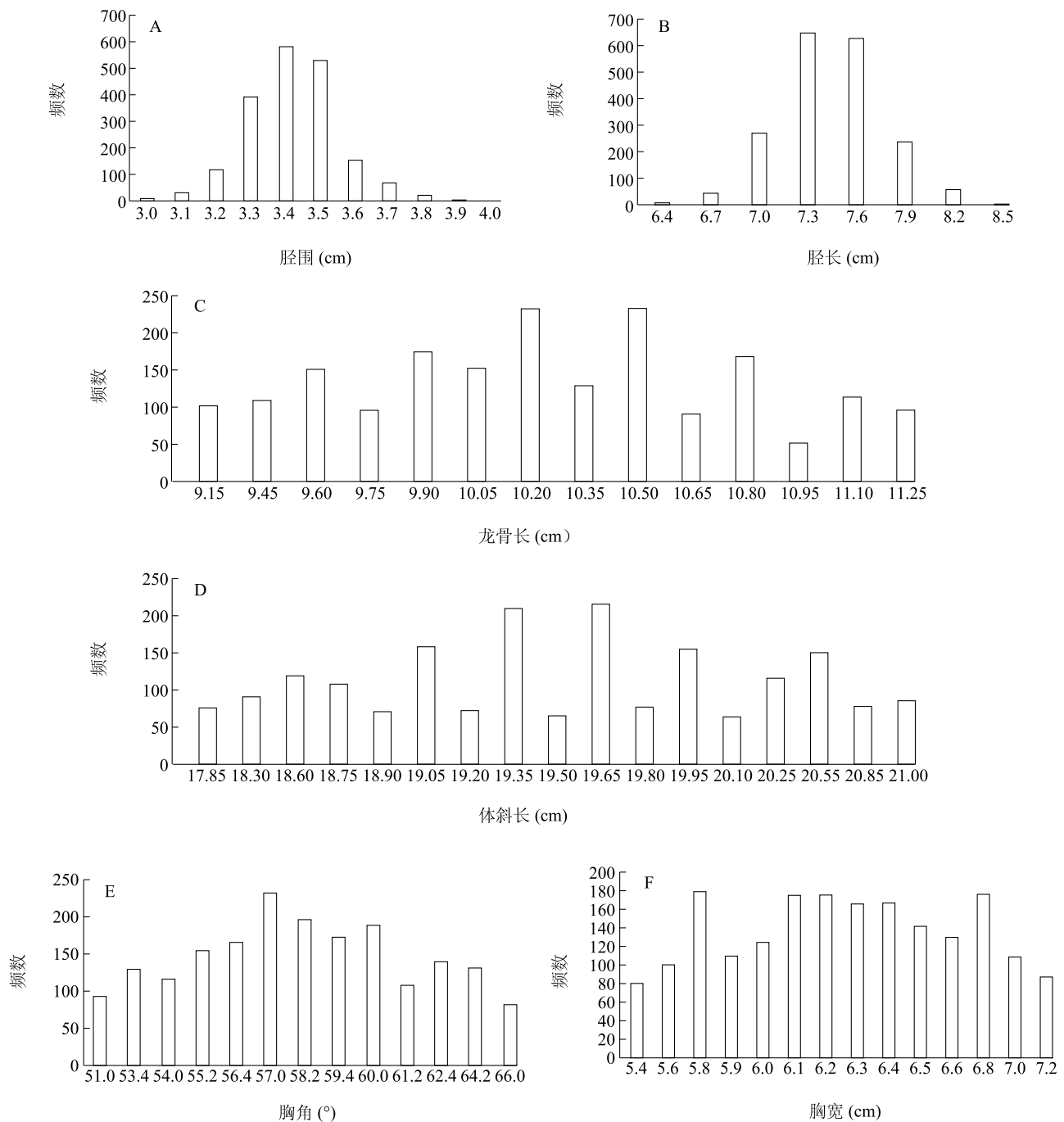
胫长 F_1 代的均值介于两个亲本之间外, 其他 5 个性状的 F_1 均值均高于或低于亲本, 说明这些性状均发生了超亲遗传的现象。6 个性状 F_2 代的峰度均大于 0, 说明各个性状的 F_2 代分布均比正态分布要陡峭, 而 6 个性状中除了胫围 F_2 代的偏度大于 0 外, 其他 5 个性状的偏度均小于 0, 说明胫围 F_2 代的分布右边较为分散, 其他性状的 F_2 代分布则左边比较分散, 且龙骨长 F_2 代的分散程度更高。

图 1 为 40 周龄母鸡 6 个体尺性状 F_2 代的次数分布, 由图 1 可知, 胫围 F_2 代的分布呈现单峰的偏态分布, 胫长 F_2 代的次数分布呈现单峰分布, 其他性状 F_2 代的次数分布则呈现出多峰分布, 这也说明每个性状在 F_2 代都出现了较好的分离, 且每个性状均属于主基因控制的性状。

表 2 40 周龄母鸡 6 个体尺性状每个世代对应的表型特征值

Table 2 Phenotypic value of six body size traits in each generation

性状	世代	样本量	最大值	最小值	极差	平均值	标准差	峰度	偏度
胫围 (cm)	P_1	109	3.60	3.10	0.50	3.29	0.14	-0.88	0.12
	P_2	78	3.60	2.90	0.70	3.15	0.13	0.52	0.62
	F_1	564	3.60	3.10	0.50	3.35	0.13	-0.72	0.01
	F_2	1915	4.00	3.00	1.00	3.40	0.14	0.95	0.21
胫长 (cm)	P_1	109	7.45	6.21	1.24	6.83	0.25	-0.54	0.25
	P_2	78	8.80	7.31	1.49	7.75	0.27	2.25	1.00
	F_1	564	7.98	6.40	1.58	7.26	0.32	-0.37	-0.06
	F_2	1 915	8.64	5.84	2.80	7.29	0.32	0.49	-0.01
龙骨长 (cm)	P_1	109	11.30	8.30	3.00	9.64	0.50	0.38	0.44
	P_2	78	11.00	8.50	2.50	10.08	0.42	1.98	-0.96
	F_1	564	12.50	9.20	3.30	10.76	0.63	-0.11	0.01
	F_2	1 915	12.70	6.30	6.40	10.20	0.64	1.56	-0.36
体斜长 (cm)	P_1	109	20.20	17.20	3.00	18.58	0.70	-0.75	0.20
	P_2	78	20.40	17.20	3.20	18.70	0.61	-0.12	0.24
	F_1	564	21.40	17.00	4.40	19.21	0.84	-0.19	0.09
	F_2	1 915	22.30	16.50	5.80	19.40	0.85	0.15	-0.08
胸角 (°)	P_1	109	73.00	53.00	20.00	64.52	3.78	0.02	-0.08
	P_2	78	71.00	54.00	17.00	62.81	3.43	-0.25	0.11
	F_1	564	68.00	46.00	22.00	55.80	3.85	-0.19	-0.02
	F_2	1 915	71.00	45.00	26.00	58.00	3.88	0.17	-0.02
胸宽 (cm)	P_1	109	6.73	4.71	2.02	5.65	0.35	0.24	0.08
	P_2	78	7.00	5.38	1.62	6.34	0.33	0.40	-0.63
	F_1	564	6.50	4.13	2.37	5.48	0.39	-0.08	-0.08
	F_2	1 915	7.67	4.47	3.20	6.21	0.46	0.05	-0.05



A: 胫围; B: 胫长; C: 龙骨长; D: 体斜长; E: 胸角; F: 胸宽。

图 1 40 周龄母鸡体尺性状 F_2 代的次数分布Fig. 1 Frequency distribution of body size traits in F_2 at 40-week old

2.2 40 周龄母鸡 6 个体尺性状的最适模型的确定及适合性检验

40 周龄母鸡 6 个体尺性状各个模型所对应的 AIC 值见表 3, 根据候选模型的选择标准, 在 24 个模型中选取 AIC 值较小的模型作为候选模型进行

适合性检验。由表 3 可知, 胫围、胫长、胸角和胸宽的 24 个模型中 E 和 E-1 的 AIC 值较小, 因此选模型 E 和 E-1 作为这 4 个性状的候选模型, 龙骨长和体斜长的 24 个模型中模型 E 的 AIC 值均要远远小于其他模型, 因此模型 E 作为龙骨长和体斜长的候选

模型。最适模型的确定是根据适合性检验的统计量显著的个数进行,选择达到显著性的统计量个数最少的模型作为最适模型,若候选模型的显著统计量个数相同,则选取 AIC 值较小的作为最适模型。6 个性状的候选模型的适合性检验统计量达到显著性的个数见表 4。由表 4 可知,胫围、胫长、胸角和胸宽的候选模型 E 和 E-1 的检验统计量达到显著的个

数均相等,因此选择 AIC 值较小的 E-1 作为 4 个性状的最适模型,即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型。龙骨长和体斜长的候选模型检验统计量显著个数分别为 1 和 6,最适模型均为 E 模型,即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型。最适模型的适合性检验见表 5。

表 3 40 周龄母鸡 6 个体尺性状各个模型所对应的 AIC 值

Table 3 AIC values of six body size traits of 40-year-old hens by each-model

模型	胫围	胫长	龙骨长	体斜长	胸角	胸宽
A-1	3 756.97	7 938.28	5 549.59	7 367.83	19 944.68	7 473.68
A-2	3 755.16	7 941.20	5 862.66	7 376.46	20 028.37	7 597.76
A-3	3 756.36	7 949.48	5 817.98	7 386.62	20 022.49	7 537.19
A-4	3 754.97	7 945.78	5 659.47	7 365.85	19 985.87	7 598.82
B-1	3 331.13	7 935.55	5 462.59	7 260.09	19 988.71	7 261.17
B-2	3 750.66	7 922.62	5 477.22	7 368.92	19 911.12	7 426.06
B-3	3 755.05	7 933.62	5 856.41	7 375.68	20 025.59	7 594.86
B-4	3 753.05	7 931.62	5 854.41	7 373.38	20 023.59	7 592.86
B-5	3 734.73	7 984.65	6 919.18	7 645.45	20 762.78	7 435.54
B-6	3 754.36	7 940.09	5 797.01	7 384.62	20 012.34	7 487.24
C	3 730.09	7 924.68	5 405.84	7 218.97	19 852.71	7 256.49
C-1	3 754.34	7 922.98	5 428.89	7 352.39	19 879.85	7 367.77
D	3 720.40	7 912.42	5 409.16	7 222.59	19 837.74	7 240.25
D-1	3 739.37	7 964.31	5 453.35	7 326.79	19 866.86	7 351.90
D-2	3 756.35	7 924.99	5 430.88	7 354.36	19 881.85	7 369.74
D-3	3 737.65	7 909.41	5 430.11	7 353.40	19 868.85	7 320.92
D-4	3 756.35	7 909.41	5 430.11	7 353.40	19 881.85	7 320.92
E	1 393.71	5 591.36	5 365.79	6 784.01	17 944.54	5 294.17
E-1	1 392.54	5 585.36	5 414.31	7 217.21	17 938.54	5 288.17
E-2	2 544.23	7 081.22	5 427.33	7 350.41	19 856.68	5 959.82
E-3	3 750.35	7 918.99	5 424.87	7 348.12	19 875.86	7 363.72
E-4	3 748.35	7 916.99	5 422.87	7 346.35	19 873.86	7 361.72
E-5	3 731.43	7 918.66	5 426.73	7 398.52	19 786.82	7 284.86
E-6	3 715.34	7 916.98	5 422.89	7 346.37	19 850.68	7 361.77

表 4 候选模型所对应的适合性检验的统计量的显著个数

Table 4 Significant numbers of statistics in adaption test for candidate models

性状	候选模型	统计量显著个数	性状	候选模型	统计量显著个数
胫围	E	10	胸角	E	11
	E-1	10		E-1	11
胫长	E	12	胸宽	E	11
	E-1	12		E-1	11
体斜长	E	1	龙骨长	E	6

表 5 最适模型的适合性检验

Table 5 Test of adaption for the best model

性状	模型	世代	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
胫围	E-1	P ₁	0.022 0(0.881)	2.617(0.106)	34.723(0)	1.097(0.002)	0.038 0(0.992)
		P ₂	0.008 0(0.927)	3.039(0.081)	43.801(0)	1.481(0.0002)	0.060 0(0.930)
		F ₁	51.509 0(0)	16.591(0)	132.331(0)	11.775(0.027)	0.003 0(1.000)
		F ₂	0.020 0(0.888)	63.293(0)	978.211(0)	35.890(0.130)	0.000 3(1.000)
胫长	E-1	P ₁	0.001 0(0.971)	5.128(0.024)	79.520(0)	2.362(0)	0.162 0(0.003)
		P ₂	0.013 0(0.911)	3.574(0.059)	50.808(0)	1.674(0.0001)	0.045 0(0.996)
		F ₁	51.021 0(0)	17.255(0)	122.074(0)	10.499(0.021)	0.004 0(1.000)
		F ₂	0.000 2(0.989)	49.390(0)	787.127(0)	22.827(0.079)	0.015 0(0.803)
龙骨长	E	P ₁	0.102 0(0.750)	0.767(0.381)	5.151(0.232)	0.208(0.255)	0.006 0(1.000)
		P ₂	0.103 0(0.748)	0.468(0.494)	15.833(0.001)	0.583(0.025)	0.061 0(0.921)
		F ₁	0.006 0(0.936)	0.260(0.610)	2.997(0.083)	0.589(0.024)	0.002 0(1.000)
		F ₂	0.000 4(0.985)	1.029(0.311)	17.073(0)	0.776(0.008)	0.000 5(1.000)
体斜长	E	P ₁	0.038 0(0.845)	0.164(0.686)	0.747(0.388)	0.083(0.688)	0.021 0(1.000)
		P ₂	0.017 0(0.895)	0.561(0.454)	6.178(0.013)	0.179(0.314)	0.017 0(1.000)
		F ₁	0.090 0(0.765)	0.019(0.892)	2.899(0.089)	0.362(0.096)	0.003 0(1.000)
		F ₂	0.003 0(0.953)	0.089(0.765)	0.936(0.333)	0.350(0.103)	0.000 3(1.000)
胸角	E-1	P ₁	0.009 0(0.923)	1.492(0.222)	20.364(0)	0.563(0.028)	0.023 0(1.000)
		P ₂	0.002 0(0.966)	1.424(0.233)	21.230(0)	0.569(0.027)	0.074 0(0.759)
		F ₁	34.141 0(0)	14.955(0.001)	51.281(0)	5.747(0.004)	0.008 0(1.000)
		F ₂	0.000 5(0.982)	20.514(0)	331.355(0)	9.292(0.016)	0.010 0(0.984)
胸宽	E-1	P ₁	0.000 1(0.992)	2.346(0.126)	37.079(0)	0.942(0.003)	0.033 0(0.999)
		P ₂	0.023 0(0.879)	1.439(0.230)	29.047(0)	0.835(0.006)	0.131 0(0.130)
		F ₁	27.185 0(0)	8.713(0.003)	70.331(0)	5.155(0.002)	0.025 0(0.814)
		F ₂	0.007 0(0.934)	8.969(0.003)	151.275(0)	3.675(0.001)	0.006 0(1.000)

括号中数值为检验统计的 P 值。

2.3 最适模型的遗传参数估计

40 周龄母鸡 6 个性状的最适模型的遗传参数估计见表 6。由表 6 可知,在一阶遗传参数的估计中,胫围、胫长、胸角和胸宽的 2 对主基因的加性效应均为正向效应,龙骨长和体斜长的 2 对主基因的加性效应为负向效应,6 个性状中除了胸角的 2 对主基因的显性效应为负向效应外,其他性状的主基因的显性效应均为正向效应。6 个性状中除了体斜长外,其他 5 个性状的主基因的加性效应和显性效应基本可以与加加效应、显显效应和加显效应、显加效应相互抵消,体

斜长的 $|da| > |db|$, $ha > hb$, 说明第 1 对主基因的加性效应和显性效应均大于第 2 对主基因。在二阶遗传参数的估计中,胫围、胫长、胸角和胸宽的群体方差分别为 0.216、0.988、72.356 和 0.849,主基因所对应的方差分别为 0.131、0.605、40.245 和 0.504,主基因的遗传率分别为 60.89%、61.24%、55.62% 和 59.43%,龙骨长和体斜长的群体方差为 0.461 和 0.919,主基因的方差为 0.076 和 0.283,主基因遗传率分别为 16.52% 和 30.76%,龙骨长对应的多基因的方差为 0.033,多基因遗传率为 7.20%。

表 6 40 周龄母鸡 6 个性状最适模型的遗传参数估计

Table 6 Estimations of genetic parameters of best model for each trait

遗传参数		胫围	胫长	龙骨长	体斜长	胸角	胸宽
一阶遗传参数	m	3.386	7.390	10.603	19.171	62.595	6.532
	da	1.525	3.549	-0.321	-4.927	30.120	2.569
	db	1.525	3.549	-0.320	-4.900	30.119	2.569
	ha	0.177	0.098	0.319	4.842	-1.160	0.536
	hb	0.177	0.098	0.319	4.442	-1.160	0.536
	i	-0.177	-0.098	-0.319	-4.840	1.160	-0.536
	jab	-1.525	-3.549	0.319	4.480	-30.119	-2.569
	jba	-1.525	-3.549	0.319	4.890	-30.119	-2.569
	l	-0.174	-0.098	-0.319	-4.441	1.160	-0.536
	$[d]$	-2.980	-7.554			-59.303	-5.480
	$[h]$	-0.283	-0.391			-7.030	-1.717
二阶遗传参数	σ_p^2	0.216	0.988	0.461	0.919	72.356	0.849
	σ_{mg}^2	0.131	0.605	0.076	0.283	40.245	0.504
	σ_{pg}^2			0.033			
	$h_{mg}^2(\%)$	60.89	61.24	16.52	30.76	55.62	59.43
	$h_{pg}^2(\%)$			7.2			

3 讨论

王春娥等^[12]的研究结果表明,运用主基因+多基因混合遗传分析软件检测到的主基因的对数与用 QTL 定位检测出来的主基因对数是一致的。盖均镒等^[13]认为用单个世代分析效果没有多世代分析效果好,原因是加性遗传参数体现在两个纯合的亲本均值差异上,而显性遗传参数在亲本与 F_1 代的均值差异中就可以体现出来。目前,对主基因+多基因混合遗传分析软件的应用大多集中在植物数量性状的研究上^[14-17],动物数量性状上的研究则有王克华^[18]、曲亮^[19-20]等应用主基因+多基因混合遗传模型对鸡 12 周龄体质量、鸡 40 周龄蛋质量、冠长、冠高和冠厚的研究,确定鸡 12 周龄体质量的最适模型为 E-6 模型,鸡 40 周龄蛋质量、冠长、冠高和冠厚的最适模型均为 E 模型。

本研究结果表明,40 周龄母鸡体尺性状中的胫围、胫长、胸角和胸宽的最适模型均为 E-1 模型,即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型,龙骨长和体斜长的最适模型均为 E 模型,即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上

位性多基因混合遗传模型,胫围、胫长和胸宽的 2 对主基因的加性效应值和显性效应值均为正值,龙骨长和体斜长的 2 对主基因的加性效应值为负值,显性效应值为正值,说明胫围、胫长、胸角和胸宽越大,而龙骨长和体斜长越小的个体对后代的影响越大。本研究结果显示 40 周龄母鸡的胫围、胫长、胸角和胸宽的主基因遗传率均高于 50%,每个性状的主基因效应均远远大于多基因的遗传效应,因此,在对 40 周龄母鸡的胫围、胫长、胸角和胸宽等性状进行遗传改良的过程中要注重对主基因的选择,40 周龄母鸡的龙骨长和体斜长的主基因与多基因的遗传率之和均小于 50%,这说明非遗传因素对这 2 个性状的影响较大,在后期的选育过程中,要注重改善环境条件,降低非遗传因素对龙骨长和体斜长的影响。

虽然主基因+多基因混合遗传模型的应用比较广泛,但是其本身还存在一定的局限性,只能将主基因的对数为 1~3 的检测出来。在动物数量性状上开展主基因+多基因的应用,不仅可以丰富动物数量性状的研究方法,而且可以较好地了解性状本身的内在遗传规律,能与主基因紧密连锁的分子标记的发掘和分子标记辅助选择奠定一定的理论基

础。

参考文献:

- [1] 李俊营,陈丽园,詹凯,等. 黄山黑鸡体尺、屠宰性能和肉品质测定及相关分析[J]. 中国家禽,2014,36(14):52-54.
- [2] 祝碧琴,曾涛,李进军,等. 白耳黄鸡体尺及屠宰性能的相关性分析[J]. 浙江农业科学,2012(3):403-404.
- [3] 李乃宾,杨芬霞,杜炳旺,等. 珍禽贵妃鸡体尺性状与屠宰性能的相关分析[J]. 南方农业学报,2014,45(7):1281-1285.
- [4] 童海兵,王克华,陆俊贤,等. 鸡种、日粮能量和日粮蛋白质对体尺性状的影响[J]. 中国家禽,2004,8(1):96-99.
- [5] 孙桂荣,康相涛,李国喜,等. 不同饲养方式对卢氏鸡体尺和屠体性状的影响[J]. 饲料广角,2008(16):40-42.
- [6] 潘文,杜炳旺,王润莲,等. 饲粮钙水平对贵妃鸡生长性能、体尺性状及趾骨特性的影响[J]. 动物营养学报,2014,24(6):1660-1667.
- [7] 陈学军,方荣,周坤华,等. 辣椒果实性状主基因+多基因遗传分析[J]. 西北植物学报,2012,32(2):246-251.
- [8] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科学出版社,2003.
- [9] ZHANG Y M, GAI J Y. The EIM algorithm in the joint segregation analysis of quantitative traits[J]. Genetical Research,2003,81(2):157-163.
- [10] WANG J, FODLIED D W, COOPER M, et al. Power of the joint segregation analysis method for testing mixed major-gene and poly-gene inheritance models of quantitative traits[J]. Theoretical and Applied Genetics,2001,103(5):804-816.
- [11] NY/T823-2004 家禽生产性能名词术语和度量统计方法[S].
- [12] 王春娥,盖钧镒,傅三雄,等. 大豆豆腐和豆乳得率的遗传分析与 QTL 定位[J]. 中国农业科学,2008,41(5):1274-1282.
- [13] 盖钧镒,王建康. 利用回交或 $F_{2,3}$ 家系世代鉴定数量性状主基因-多基因混合遗传模型[J]. 作物学报,1998,24(4):402-409.
- [14] 周清元,崔翠,阴涛,等. 甘蓝型油菜角果长度的主基因+多基因混合遗传模型[J]. 作物学报,2014,40(8):1493-1500.
- [15] 李洪戈,余坤江,郭婷婷,等. 甘蓝型油菜无花瓣性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 江苏农业学报,2014,30(2):253-258.
- [16] 李兰周,刘凤珍,万勇善,等. 花生荚果和籽仁相关性状的主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 华北农学报,2013,28(5):116-123.
- [17] 马娟. 玉米主要株型性状的主基因+多基因遗传模型分析[D]. 新乡:河南科技学院,2012.
- [18] 王克华,章元明,曲亮,等. 鸡 12 周龄体重的主基因+多基因混合遗传分析[J]. 江西农业大学学报,2011,33(1):123-127.
- [19] 曲亮,马猛,王克华,等. 鸡 40 周龄蛋重主基因-多基因混合遗传模型分析[J]. 中国家禽,2014,36(7):10-16.
- [20] 曲亮,王克华,窦套存,等. 鸡第二性征的主基因+多基因混合遗传分析[C]//中国畜牧兽医学会,第十六次全国动物遗传育种学术讨论会论文集. 扬州:中国畜牧兽医学会,2011:508.

(责任编辑:陈海霞)