

# 牧草育种译文集

(附全国牧草育种委员会筹备组有关文件)

吉林省农业科学院畜牧所

## 前 言

我国种草事业的发展已把牧草育种的研究和工作，摆上了重要日程。目前牧草育种工作只在有限的少数农业科学研究单位和院校进行，多在起步阶段，和先进国家相比，约相差半个世纪。为了推动牧草育种事业的顺利开展，我们搜集了豆科和禾本科牧草育种的译作各一篇，前者是1985年加拿大牧草育种专家B. R. 克里斯蒂博士在我国豆科牧草育种培训班的讲义，后者是五十年代中期美国农业部两位专家集本世纪初以来美国禾本科牧草育种实践和理论而编著的一册《技术公报》。后者虽在三十年前出版，但至今仍不失其具有权威性的价值，特别对我国现阶段牧草育种科研和教学工作，有着广泛借鉴的实际指导意义。考虑到版权关系等原因，不便公开出版，为此内部发行供科研、教学和生产单位的有关专业同志和领导参考，请慎重引用。

为了加强我国牧草育种的组织、协作并开始建立正规的牧草品种登记注册工作，在农牧渔业部畜牧局的领导和支持下，成立了牧草育种委员会筹备组。经过筹备组成员的共同努力，在参照过去已有资料的基础上，草拟了若干文件，经征求有关领导和专家的意见，一并在此刊出，以便试行。

由于编者和译者水平所限，错误在所难免，敬希广大读者指正。

吉林省农科院畜牧所

一九八六年十月

# 总 目 录

- 一、豆科牧草遗传育种讲议 ..... ( 1—50 )
- 二、多年生禾本科牧草育种 ..... ( 51—116 )
- 三、全国牧草育种委员会筹备组有关文件 ..... ( 117—130 )

# 豆科牧草遗传育种讲议

B.R. 克里斯蒂

于康富 白永和 译

洪绂曾 校

吉林省农业科学院畜牧所

# 目 录

## 第一部分 数量遗传

- 第一讲, 数量遗传 ..... ( 3 )
- 第二讲, 随机交配群体的方差 ..... ( 7 )
- 第三讲, 亲缘相关 ..... (10)
- 第四讲, 方差成分的估算 ..... (15)
- 第五讲, 选择效应 ..... (21)
- 第六讲, 基因型与环境互作 ..... (24)
- 第七讲, 同源四倍体 ..... (27)
- 第八讲, 同源四倍体的遗传变异 ..... (31)

## 第二部分 苜蓿育种

- 第一讲, 前言 ..... (34)
- 第二讲, 种质资源 ..... (34)
- 第三讲 集团选择..... (37)
- 第四讲, 后代测验 ..... (39)
- 第五讲, 综合品种 ..... (41)
- 第六讲, 杂交种 ..... (42)
- 第七讲, 抗性育种试验技术 ..... (43)
- 第八讲, 牧草的品质选育 ..... (45)
- 第九讲, 育种方案的示例 ..... (46)
- 第十讲, 北美饲草作物育种简介 ..... (48)
- 第十一讲, 安大略饲草作物委员会 ..... (50)

# 豆科牧草遗传育种讲议

B.R. 克里斯蒂

**编者按：**本文为加拿大圭尔夫大学作物系教授克里斯蒂博士于1985年11~12月在吉林农业科学院举办的全国豆科牧草育种讲习班上的讲稿。圭尔夫大学余增权先生担任口译，内蒙农牧学院云锦凤老师也承担部份口译任务。现将讲稿全文整理翻译如下，供各地农业院校和科研单位有关教学、科技工作者参考。由于水平所限，错误在所难免，敬希读者批评指正。

## 第一部分 数量遗传

### 第一讲 数量遗传简介

当我们研究植物的某些特性时，例如产量、株高、N的含量，要精确地测出真正的数值是很困难的。例如，一个苜蓿的品种，应有一定的理论上的含氮量，为了测定那个理论值，必须测定该品种成千上万个植株。这样做是不可能的。我们可以通过下列步骤来估测：①从该品种取出一些样本植株；②测定这些样本株的含N量；③假定样本值就是理论值。

在数量遗传学中，要把（1）群体；（2）群体的样本这两个概念区分开。

群体：

群体是由某一集团所有的个体组成。它可能指一个品种所有可能的植株或者象全中国所有的人口。例如，如果我们能测量每一个中国人的体重，便能计算出一个平均体重。如果用 $X_1, X_2, X_3, \dots, X_i$ 代表每一个个体的重量， $u$ 代表群体平均数， $n$ 代表中国人口的数量。这样我们可以计算出平均数和方差 $\sigma^2$

$$U = \frac{\sum_i X_i}{n} \quad \sigma^2 = \frac{\sum_i (X_i - U)^2}{n}$$

标准差 $\sigma$ ，可以用于估测群体观测值对平均数的分布。在 $u - \sigma$ 和 $u + \sigma$ 之间含有全部个体体重数值的68%。在 $u - 2\sigma \sim u + 2\sigma$ 的范围内则含有全部个体体重数值的95%。大多数生物学的资料都是“常态分布”，中国人的体重予期也是遵循这一分布。因为他们是以常态分布的特点为基础，因此我们可以得出上述的结论。

离均差 $U - X_1, U - X_2, \dots, U - X_i$ 也呈常态分布，一些值是正的，一些是负的，而平均值 $U = 0$ 。我们也可以计算出这些值的方差，这样一个群体可以用 $N(0, \sigma^2)$ 表示。

样本：

要测定群体每一个个体是很困难的，而且几乎是不可能的，这时我们就要抽取样本。

如果是随机取样，则样本的平均数是群体平均数的估计值，即： $\bar{X} = \frac{\sum_i X_i}{n} = \hat{U}$   $\bar{X}$ 就是

总体平均数 $U$ 的估计值，有时也写成 $\hat{U}$ 。同样地，样本的方差 $S^2$ 可以估计群体的方差

$$S^2 = \frac{\sum (X_i - \bar{X})^2}{n-1} = \hat{\sigma}^2$$

注意：当计算 $S^2$ 时，除数是 $n-1$ ，比个体数少1。当计算 $\sigma^2$ 时，除数是 $n$ ，是个体的数量。

$\bar{X}$ 和 $S^2$ 是群体 $U$ 和 $\sigma^2$ 的估计值。对于任何一个特定的样本，其 $\bar{X}$ 和 $S^2$ 可以比 $U$ 和 $\sigma^2$ 稍大也可能较小，但是我们期望它们相同。因此，我们说 $\bar{X}$ 的期望值即样本平均值就是 $U$ 群体的平均值。 $E(\bar{X}) = U$ ， $E(S^2) = \sigma^2$

在数量遗传学中，我们必然总是确信所估测的群体数值。为了做到这点，我们用下列法则来测定期望值。

1,  $E(\bar{X}) = EX = U$

2,  $E(S^2) = \sigma^2 = E\left\{\frac{\sum(X_i - \bar{X})^2}{n-1}\right\}$

3, 如果 $K$ 是一个常数

(a)  $E(KX) = KE(X)$

(b)  $E(K+X) = K+E(X)$

(c)  $E\left(\frac{1}{K}X\right) = \frac{1}{K}E(X)$

4 如果 $X$ 和 $Y$ 是两个独立变数则：

(a)  $E(X+Y) = E(X) + E(Y)$

(b)  $E(XY) = E(X) \cdot E(Y)$

线性模型：

$X_i$  是一个群体中任何一个个体，可以用下列线性模型表示即： $X_i = U + e_i$

$U$  是群体的平均数，

$e_i$  是 $X_i$  的离均差，这个偏差可能是由基因型、营养或者测验机误所引起的。它是一个无法说明的变数。有时称它为“随机偏差”，或“随机机误”，或“试验误差”，或“样本误差”。

由于这些误差是代表着群体平均数的偏差，因而，它们的代数和是“0”，因而，平均数也是“0”。作为一个群体，这些机误可以表示为 $N(0, \sigma^2)$

有时，我们按照一定的标准，如基因型或处理，抽取一些个体组成一个样本。例如，如果我们想测定几个不同品种的植株则线性模型就是 $X_{ij} = U + V_i + e_{ij}$

$X_{ij}$  是 $i$ 品种中抽取的 $j$ 个个体。

$U$  是群体平均数。

$e_{ij}$  是与 $X_{ij}$ 有关的随机偏差。

$V_i$  表示与 $U$ 的偏差。它来源于一个群体 $N(0, \sigma_v^2)$ ；而  $e_{ij}$  则为 $N(0, \sigma^2)$ 。

我们可以计算出与若干个 $V_i$  和  $e_{ij}$  有关的方差。线性模型是  $V(X_{ij}) = V(U) +$

$$V(V_i) + V(e_{ij})$$

$$\sigma^2 = 0 + \sigma_v^2 + \sigma_e^2$$

测定方差的规则:

(1) 如果  $X_i$  是从群体  $N(U, \sigma^2)$  中抽取的随机变量, 则  $V(X_i) = \sigma^2$

(2) 如果  $K$  是常数

$$(a) V(KX) = K^2 V(X) = K^2 \sigma^2$$

$$(b) V\left(\frac{1}{K}X\right) = \frac{1}{K^2} V(X) = \frac{1}{K^2} \sigma^2$$

(3) 如果  $X$  和  $Y$  是两个独立的变量则

$$(a) V(X+Y) = V(X) + V(Y)$$

$$(b) V(XY) = 0 \text{ 或者 } E(X-U_x)(Y-U_y) = 0$$

(4) 如果  $X$  和  $Y$  是两个互不独立的变量则

$$(a) V(X+Y) = V(X) + V(Y) + 2(\text{Cov}X, Y)$$

$$= \sigma_x^2 + \sigma_y^2 + 2\sigma_{xy}$$

$$(b) V(xy) = \text{Cov}(x, y) = \sigma^2_{xy} \text{ 或 } E(X-U_x)(Y-U_y) = \sigma^2_{xy}$$

这些规则只有当模型代表群体时才能适用, 能够帮助我们弄清我们所要估计的群体的统计数字。

例如: 假如我们要测定12个小麦品种的各20株株高, 则模型为  $X_{ij} = U + V_i + e_{ij}$

$$i = 1, 2, 3, \dots, 12$$

$$j = 1, 2, 3, 4, \dots, 20$$

$V_i$ 's 是  $N(0, \sigma_v^2)$ ,  $e_{ij}$  是  $N(0, \sigma_e^2)$

$$\text{并且 } V(X_{ij}) = \sigma_v^2 + \sigma_e^2$$

某一个  $i$  品种的平均数

$$\bar{V}_i = \frac{\sum_j X_{ij}}{20} = \frac{1}{20} \left[ \sum_j (U + V_i + e_{ij}) \right]$$

$$= \frac{1}{20} (20U + 20V_i + \sum_j e_{ij})$$

$$= U + V_i + \frac{1}{20} \sum_j X_{ij}$$

品种平均数之方差

$$V(\bar{V}_i) = V(U) + V(V_i) + V\left(\frac{1}{20} \sum_j X_{ij}\right)$$

$$= 0 + \sigma_v^2 + \frac{1}{400} V\left(\sum_j (X_{ij})\right)$$

$$= \sigma_v^2 + \frac{1}{20} \sigma_e^2$$



如果我们计算第6品种的平均数则

$$\bar{V}_6 = \frac{1}{20} \sum_j X_{6j} = U + V_6 + \frac{1}{20} \sum_j X_{6j}$$

$$V(\bar{V}_6) = \frac{1}{20} \sigma_e^2$$

在这个例子中，我们有12个品种的样本，每个品种各有20株。我们要估计

$\bar{V}_i$  (这里  $i = 1, 2, \dots, 12$ ) 和  $\sigma_v^2$  及  $\sigma_e^2$

我们怎样计算方差呢？

$$1) \text{总方差为 } \frac{\sum_{ij} (X_{ij} - \bar{X})^2}{(20)(12) - 1}$$

$$2) \text{品种平均方差 } \frac{\sum_i (X_i - \bar{X})^2}{(12) - 1}, \text{ 其 } X_i = \frac{\sum_j X_{ij}}{20}$$

$$3) \text{试验机误 } \frac{\sum_j [E_j (X_{ij} - \bar{X})^2]}{12[(20) - 1]}$$

这些可以用下列统计公式表示：

$$(1) E \left[ \frac{\sum_{ij} (X_{ij} - \bar{X})^2}{(20)(12) - 1} \right] = \sigma_v^2 + \sigma_e^2$$

$$(2) E \left[ \frac{\sum_i (X_i - \bar{X})^2}{(12) - 1} \right] = \sigma_v^2 + \frac{1}{20} \sigma_e^2$$

$$(3) E \left[ \frac{\sum_j [E_j (X_{ij} - \bar{X})^2]}{(12)(20) - 1} \right] = \sigma_e^2$$

我们把上面的三个式子叫“期望均方”。在方差分析中，我们一般用总数而不用平均数，因为在使用计算器时总数是比较方便的。

上述的例子我们可以列成下面的方差分析表

变异来源	自由度 df	平方和 (S.S)	方差 (M.S)	期望均方 (E.M.S)
品种	11	$\sum_i \frac{(\sum_j X_{ij})^2}{20} - \frac{(\sum_{ij} X_{ij})^2}{240}$	MS-V	$\sigma_e^2 + 20 \sigma_v^2$
机误	12(19)	-----	MS-E	$\sigma_e^2$
总和	239	$\sum_{ij} X_{ij}^2 - \frac{(\sum_{ij} X_{ij})^2}{240}$		

为测定  $\sigma_v^2$  是否大于零，我们用F—测验：

$$F = \frac{(MS-V)}{(MS-E)} = \frac{\hat{\sigma}_e^2 + 20\hat{\sigma}_v^2}{\hat{\sigma}_e^2}$$

如果这里的F值大于F测定表中的数值F，我们断定：(1)  $\hat{\sigma}_v^2 > 0$ ，(2) 品种间存在显著差异。

## 第二讲 随机交配群体的方差

### 随机交配群体的方差

在一个遗传平衡的随机交配的二倍体群体中，个体间变异可以通过计算方差 ( $S^2$ ) 来估测。在某些群体中，我们可以把方差进一步分成基因型方差 ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) 和环境方差 ( $\hat{\sigma}_e^2$ )。

有这样的一个群体，假定一个特定的位点上有一对等位基因A和A'，各自频率为p和q， $p+q=1$ 。在这个群体中有具下列频率的三种基因型

基因型	频率	基因型值
AA	$p^2$	a
AA'	$2pq$	d
A'A'	$q^2$	-a

我们假定a、d、-a为基因型值。如果在这个位点基因作用是累加的，那么杂合体AA'将是AA和A'A'的中值，并且d等于“0”；如果是显性基因作用，则AA'的基因型值将与AA相同，并且d等于a。

对这个群体

$$U = p^2(a) + 2pq(d) + q^2(-a)$$

$$= (p^2 - q^2)a + 2pqd$$

$$= (p - q)a + 2pqd$$

$$\sigma^2 = p^2(a-u)^2 + 2pq(d-u)^2 + 2q^2(-a-u)^2$$

我们希望能把a和d的效应区分开，测定在这个群体中哪些变异是a引起的，哪些是由d引起的。

A基因的平均效应，可以这样计算：

$$\frac{p^2(a-u) + pq(d-u)}{p^2 + pq} = \alpha_1$$

$$\text{或者 } \alpha_1 = p(a-u) + q(d-u)$$

$$= pa - pu + qd - qu$$

$$= pa + qd - u(p+q)$$

$$= q[a + d(q-p)]$$

同样，A<sub>2</sub>的平均效应：

$$\alpha_2 = -p [ a + d ( q - p ) ]$$

根据上述等位基因的平均效应，我们可以确定基因型值为：

基因型	平均效应值
$A_1 A_1$	$U + 2\alpha_1$
$A_1 A_2$	$U + \alpha_1 + \alpha_2$
$A_2 A_2$	$U + 2\alpha_2$

$A_1$  基因对该基因型的加性效应是

$$A_1 A_2 - A_2 A_2 = A_1 A_1 - A_1 A_2 = 1/2 ( A_1 A_1 - A_2 A_2 )$$

以此测定出这一位点的加性效应：

$$\begin{aligned} 1/2 ( A_1 A_1 - A_2 A_2 ) &= 1/2 [ ( u + 2\alpha_1 ) - ( u + 2\alpha_2 ) ] \\ &= \alpha_1 - \alpha_2 \\ &= a + d ( q - p ) \\ &= \alpha \end{aligned}$$

$\alpha$  用于测定一个随机交配群体中的基因加性效应。

注意：① 如果在这一位点无显性作用且  $d = 0$  并且  $\alpha = a$

② 如果  $p = q = 0.5$ ,  $\alpha = a$

$$\alpha = \alpha_1 - \alpha_2 = [ a + d ( q - p ) ]$$

$$\text{但 } \alpha_1 = q [ a + d ( q - p ) ] = q\alpha$$

$$\text{且 } \alpha_2 = -p\alpha$$

$$\text{③ } \therefore p\alpha_1 + q\alpha_2 = p ( q\alpha ) + q ( -p\alpha ) = 0$$

由累加性基因效应引起的方差叫加性方差。由于通过平均数  $u$  的离差来计算  $\alpha_1$  和  $\alpha_2$ ，我们可以直接估算出方差。

$$\begin{aligned} \therefore \sigma_A^2 &= p^2 ( 2\alpha_1 )^2 + 2pq ( \alpha_1 + \alpha_2 )^2 + q^2 ( 2\alpha_2 )^2 \\ &= 2p\alpha_1^2 + 2q\alpha_2^2 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{或者 } \sigma_A^2 &= 2p ( q\alpha )^2 + 2q ( -p\alpha )^2 \\ &= 2pqa^2 \end{aligned}$$

在这个群体中的总方差

$$\begin{aligned} \sigma^2 &= p^2 ( a - u )^2 + 2pq ( d - u )^2 + q^2 ( -a - u )^2 \\ &= \sigma_A^2 + \sigma_D^2 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{而 } \sigma_D^2 &= \sigma^2 - \sigma_A^2 \\ &= 4p^2q^2d^2 \end{aligned}$$

$$\text{则 } \sigma^2 = \sigma_g^2 = 2pqa^2 + 4p^2q^2d^2$$

注意：1) 如果  $d = 0$  则  $\alpha = a$ ,  $\sigma_g^2 = \sigma_A^2 = 2pqa^2$

2) 如果  $p = q = 0.5$ ,  $\alpha = a$

$$\sigma_g^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 = 2 p q a^2 + 4 p^2 q^2 d^2 = 1/2 \alpha^2 + 1/4 d^2$$

**一个位点，多对等位基因**

目前，我们已弄清 2 个等位基因的情况。现在假设有 S 个等位基因  $A_1, A_2, A_3, \dots, A_j$ ，各自频率为  $p_1, p_2, p_3, \dots, p_j$ ，

$$\text{基因型排列} = \sum_{i,j=1} P_i P_j A_i A_j = \sum_i P_i^2 A_i A_i + \sum_{i,j \neq 1} P_i P_j A_i A_j$$

对两对等位基因

$$\alpha_1 = p(a-u) + q(d-u)$$

设  $a-u = y_{ii}$ ,  $d-u = y_{ij}$  等

$$\therefore \alpha = P_i y_{ii} + P_j y_{ij}$$

$$\text{或者 } \alpha_m = P_m y_{mn} + P_n y_{nm}$$

对于多对等位基因

$$\begin{aligned} \alpha_m &= P_m y_{mn} + P_m y_{mm} + P_r y_{ms} + \dots \\ &= \sum_i P_i y_{mi} \end{aligned}$$

$$\text{注意: } p\alpha_1 + q\alpha_2 = 0, \therefore \sum_i p_i \alpha_i = 0$$

$$\text{并且 } \sigma_A^2 = 2 p \alpha_1^2 + 2 q \alpha_2^2$$

$\therefore$  对多基因:

$$\sigma_A^2 = 2 p_m \alpha_m^2 + 2 p_n \alpha_n^2 + 2 p_r \alpha_r^2 + \dots$$

$$\begin{aligned} \sigma_A^2 &= 2 \sum_i p_i \alpha_i^2 \\ &= 2 \sum_i P_i \left[ \sum_j P_j y_{ij} \right]^2 \end{aligned}$$

如果  $y_{ij}$  代表基因型  $A_i A_j$  与平均数的离差,

$$\text{则 } \sigma_g^2 = \sum_{ji} p_i p_j y_{ij}^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

$$\sigma_D^2 = \sum_{ij} p_i p_j y_{ij}^2 - 2 \sum_i p_i \alpha_i^2$$

$$= \sum_{ij} p_i p_j y_{ij}^2 - \sum_i p_i^2 \alpha_i^2 - \sum_j p_j \alpha_j^2$$

$$= \sum_{ij} p_i p_j \left[ y_{ij} - \alpha_i - \alpha_j \right]^2$$

注意: 任何基因型  $A_i A_j$ , 基因型值可以表示成  $y_{ij} = U + \alpha_i + \alpha_j + d_{ij}$

如果是从群体中随机选择的个体, 则  $\alpha_i$  和  $\alpha_j$  无相关,

$$\text{即 } \sum_{ji} p_i p_j \alpha_i \alpha_j = \left( \sum_i p_i \alpha_i \right) \left( \sum_j p_j \alpha_j \right) = 0$$

### 多个位点的描述

让我们设想一个随机交配的二倍体群体，有二个位点各自有多对等位基因：  
其基因型为：  $B_i B_j C_k C_l$

基因型值为：

$$y_{ijklm} = u + \alpha_i + \alpha_j + \alpha_k + \alpha_m + \alpha_i \alpha_j + \alpha_i \alpha_k + \alpha_i \alpha_m + \alpha_j \alpha_k + \alpha_j \alpha_m + \alpha_k \alpha_m + d_{km} + \alpha_i d_{i k_j} + \dots$$

则  $V(y_{ijklm}) =$

(1) 对位点B,  $\sigma_A^2(B) + \sigma_D^2(B)$

(2) 对位点C,  $\sigma_A^2(C) + \sigma_D^2(C)$

(3) 互作:  $\sigma_{AA}^2 + \sigma_{AD}^2 + \sigma_{DD}^2 + \dots$

## 第三讲 亲缘相关

在随机交配群体中，我们通常用个体间的相互关系估算方差。现在让我们看个体间一些相互关系。

有亲缘关系的两个个体，假如：(1) 它们有一个共同的祖先则(2) 来自该祖先的相同的基因有一个概率。在这种情形下，血统相同的等位基因有一个概率。

设想有一对等位基因  $A_i$  和  $A_j$ ，它们的血统相同，因此其概率可写成  $P(A_i \equiv A_j)$

设想有两个个体，x和y，各自基因型为  $A_i A_j$  和  $A_r A_s$ 。x和y的相关关系可以用它们携带血统相同的等位基因的概率表示出来。即  $r_{xy} = 1/4 [ P(A_i \equiv A_r) + P(A_i \equiv A_s) + P(A_j \equiv A_r) + P(A_j \equiv A_s) ]$

r通常称作“相关系数”或“亲缘系数”

一个个体是近亲交配的，如其双亲有亲缘关系，则在一个位点上，血统相同的等位基因有一个概率。对个体X来说，其近交系数为

$$F_x = P(A_i \equiv A_j)$$

举例：

(1) 假设x和y是全同胞。二个亲本是M和N且无相关。



假定  $A_i$  和  $A_r$  来自M,  $A_j$  和  $A_s$  来自N

$$P(A_i \equiv A_r) = 1/2 \quad P(A_j \equiv A_s) = 1/2$$

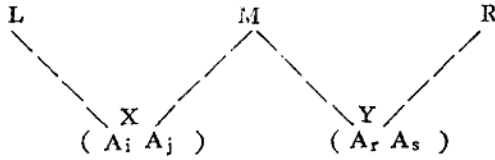
由于M和N无相关则

$$P(A_i \equiv A_j) = P(A_i \equiv A_s) = P(A_r \equiv A_s) = P(A_r \equiv A_s) = 0$$

$$\therefore r_{xy} = 1/4 [ (1/2) + 0 + 0 + (1/2) ] = 1/4$$

全同胞之间的相关系数  $r = 1/4$

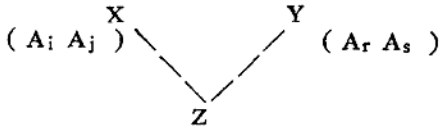
(2) 假设x和y是半同胞



如果  $\gamma_{lm} = \gamma_{mr} = 0$  并且  $A_i, A_r$  来自 M 则  
 $\gamma_{xy} = 1/4 [ (1/2) + 0 + 0 + 0 ] = \frac{1}{8}$

如果一个个体的亲本是相关的, 那么, 如前所述, 这个个体是近亲繁殖。

假设  $x$  和  $y$  是全同胞,  $z$  是后代



如  $\gamma_{XY} = \frac{1}{4}$ , 则来自 X 的一个基因与来自 Y 的一个基因完全相同的概率是  $\frac{1}{4}$ 。

$$\text{即 } F_Z = \frac{1}{4} = \gamma_{XY}.$$

注: 1) 某个体近交系数  $F$  与亲本的相关系数相同。

2)  $F = \frac{1}{4}$  或者 0.25 就表示这个近亲个体比群体中随机交配的个体多 25% 的同型合子。

### 自交

假设  $X$  是自花授粉产生后代  $Z$

$$X (A_i A_j) \longrightarrow Z (A_m A_n)$$

如果  $F_X = 0$ ,  $F_Z = \gamma_{XY}$

$$= \frac{1}{4} [ P(A_i \equiv A_i) + P(A_i \equiv A_j) + P(A_j \equiv A_i) + P(A_j \equiv A_j) ]$$

$$= \frac{1}{4} [ 1 + F_X + F_X + 1 ]$$

$$= \frac{1}{4} [ 2 + 2 F_X ] = \frac{1}{2} ( 1 + F_X )$$

如果  $F_X = G$  则  $F_Z = \frac{1}{2} \cdot$

### 亲本间的协方差

$$\text{Cov}(X, Y) = (X - U)(Y - U)$$

$$\text{相关系数 } \gamma = \frac{\text{Cov}(x, y)}{V(x) \cdot V(y)}$$

$$\text{假如 } X_{ij} = U + \alpha_i + \alpha_j + d_{ij}$$

$$\text{且 } Y_{km} = U + \alpha_k + \alpha_m + d_{km}$$

$$\text{则 } \text{Cov}(X_{ij}, Y_{km}) = (\alpha_i + \alpha_j + d_{ij})(\alpha_k + \alpha_m + d_{km})$$

$$= \alpha_i \alpha_k + \alpha_i \alpha_m + \alpha_j \alpha_k + \alpha_j \alpha_m + \alpha_i d_{km} + \alpha_j d_{km} + \dots + d_{ij} d_{km}$$

在随机交配群体中  $E(\alpha_i \alpha_k) = 0$ 。但是, 如果  $x$  和  $y$  是相关的则  $\gamma_{XY} \neq 0$  并且  $X$  和  $Y$  之间存在有相同基因的概率。

假如  $A_i$  和  $A_k$  是相同的, 则  $E(\alpha_i \alpha_k) = E(\alpha_i^2) = \frac{1}{2} \sigma_A^2$

我们虽然不能肯定  $A_i$  和  $A_k$  相同, 但是我们可以估算出概率。

$$\text{即 } E(\alpha_i \alpha_k) = \frac{1}{2} \sigma_A^2 P(A_i \equiv A_k)$$

$$E(\alpha_i \alpha_m) = \frac{1}{2} \sigma_A^2 P(A_i \equiv A_m) \text{ 等等}$$

$$E(\alpha_i d_{km}) = 0 = E(\alpha_j d_{km}) = \dots$$

$$E(d_{ij})^2 = \sigma_D^2 \quad \therefore E(d_{ij} d_{km}) = \sigma_D^2$$

假如:  $A_i \equiv A_k, A_j \equiv A_m$  或  $A_i \equiv A_m, A_j \equiv A_k$

$$= \sigma_D^2 [P(A_i \equiv A_k, A_j \equiv A_m) + P(A_i \equiv A_m, A_j \equiv A_k)]$$

$$\therefore \text{Cov}(x, y) = \frac{1}{2} \sigma_A^2 [P(A_i \equiv A_k) + P(A_i \equiv A_m) + P(A_j \equiv A_k)]$$

$$+ \sigma_D^2 [P(A_i \equiv A_k, A_i \equiv A_m) + P(A_j \equiv A_m, A_j \equiv A_k)]$$

$$= \frac{1}{2} \sigma_A^2 [4\gamma_{xy}] + \sigma_D^2 + \dots$$

$$= 2\gamma_{yx} \sigma_A^2 + \sigma_D^2 [P(A_i \equiv A_k, A_j \equiv A_m) + (A_i \equiv A_m, A_j \equiv A_k)]$$

假设  $X_s$  代表从父本得到的  $X$  和从母本得到的  $X_D$ 。同样  $Y$  也如此。

基因型:  $X_s X_D$  和  $Y_s Y_D$

$$\text{则 } \text{Cov}(x, y) = 2\gamma_{xy} \sigma_A^2 + \sigma_D^2 [P(X_s \equiv Y_s; X_D \equiv Y_D) + P(X_s \equiv Y_D, X_D \equiv Y_s)]$$

如果  $X$  的父本与  $y$  的母本无相关, 则

$$\text{Cov}(x, y) = 2\gamma_{xy} \sigma_A^2 + \sigma_D^2 [P(X_s \equiv Y_s, X_D \equiv Y_D)]$$

一些论文的作者令  $P(X_s \equiv Y_s) = \phi, P(X_D \equiv Y_D) = \phi_1$

$$\text{则 } \text{Cov}(x, y) = \frac{\phi + \phi_1}{2} \sigma_A^2 + \phi\phi_1 \sigma_D^2$$

如果两个位点是连锁的则

$$\text{Cov}(X, Y) = \frac{\phi + \phi_1}{2} \sigma_A^2 + \phi\phi_1 \sigma_D^2 + \frac{(\phi + \phi_1)^2}{2} \sigma_{AA}^2 + (\phi\phi_1)^2 \sigma_{DD}^2 + \frac{(\phi + \phi_1)^2}{2} \phi\phi_1 \sigma_{AD}^2$$

举例:

1) 亲本和后代间协方差

假如亲本P的基因型是 $A_i A_j$ , 后代O的基因型是 $A_k A_m$ ,

$$\phi = P(A_i \equiv A_k) + P(A_j \equiv A_m)$$

$$\phi' = P(A_i \equiv A_m) + P(A_j \equiv A_k)$$

假如 $A_k$ 来自P, 则 $\phi = 1 \phi_i = 0$

$$\therefore \text{Cov}(P, O) = \frac{1+0}{2} \sigma_A^2 + (1)(0) \sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$$

$$\text{或者 } \sigma_A^2 = 2 \text{Cov}(P, O)$$

$$b_{op} = \frac{\text{Cov}(P, O)}{V(P)} = \frac{\frac{1}{2} \sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

$2 b_{op} \times 100$ 就是加性效应引起的表型方差的百分率 =  $h^2$  即狭义遗传力。

2) 全同胞的协方差

假定  $F_R = F_S = 0, \gamma_{RS} = 0,$

$A_i, A_k$  来自R,  $A_j, A_m$  来自S

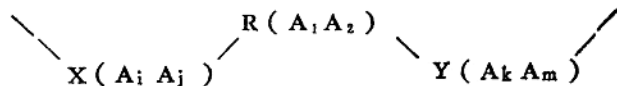
$$\phi = P(A_i \equiv A_1 \equiv A_k) + P(A_i \equiv A_2 \equiv A_m)$$

$$= \frac{1}{4} + \frac{1}{4} = \frac{1}{2}$$

$$\text{同样 } \phi' = \frac{1}{2}$$

$$\begin{aligned} \text{Cov}(X, Y) &= \text{Cov}(FS) = \frac{(\frac{1}{2} + \frac{1}{2})}{2} \sigma_A^2 + (\frac{1}{2})(\frac{1}{2}) \sigma_D^2 \\ &= \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 \end{aligned}$$

3) 半同胞的协方差



假设: 与全同胞相同

$$\phi = P(A_i \equiv A_1 \equiv A_k) + P(A_i \equiv A_2 \equiv A_m) = \frac{1}{2}$$

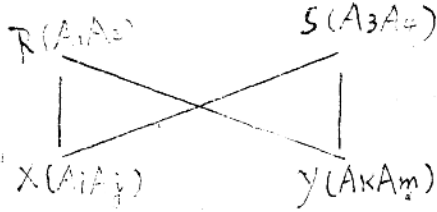
$$\phi' = 0$$



$$\therefore \text{Cov}(X, Y) = \text{Cov}(HS) = \frac{(1/2+0)}{2} \sigma_A^2 + \left(\frac{1}{2}\right)(0) \sigma_D^2 = \frac{1}{4} \sigma_A^2$$

#### 4) 亲本是近亲时的协方差

(a) 假设R和S是同一群体中选取的两个个体，但是是近亲繁殖的。



$$F_R F_S = P(A_1 \equiv A_2) = P(A_3 \equiv A_4)$$

$$\gamma_{RS} = 0$$

假设: R提供 $A_1$ 和 $A_k$ , S提供 $A_j$ 和

$A_m$

$\phi = P(A_i \equiv A_k)$ , 在我们前述的

例子中,

$$\phi = \frac{1}{2}, \text{ 但是 } P(A_1 \equiv A_2) = F_R$$

$$\therefore \phi = \frac{1}{2} + \frac{1}{2} (A_1 \equiv A_2) = \frac{1}{2} + \frac{1}{2} F_R = \frac{1 + F_R}{2}$$

$$\text{同样 } \phi' = \frac{1 + F_S}{2}$$

$$\begin{aligned} \text{Cov}(X, Y) &= \frac{1}{2} \left( \frac{1 + F_R}{2} + \frac{1 + F_S}{2} \right) \sigma_A^2 + \frac{(1 + F_R)(1 + F_S)}{2} \sigma_D^2 \\ &= \frac{(2 + F_R + F_S)}{4} \sigma_A^2 + \frac{(1 + F_R)(1 + F_S)}{4} \sigma_D^2 \end{aligned}$$

假如  $F_R = F_S = F$

$$\text{则 } \text{Cov}(X, Y) = \frac{(1 + F)}{2} \sigma_A^2 + \frac{(1 + F)^2}{2} \sigma_D^2$$

(b) 假设R和S分别代表两个品系而得 $F_R$ 和 $F_S$ 。从S系中选几株用R系中选择取得的花粉授粉。X和Y是这一杂交组合的后代, 则

$$\phi = P(A_i \equiv A_k) = F_R \text{ 同样 } \phi' = F_S$$

$$\text{Cov}(X, Y) = \frac{(F_R + F_S)}{2} \sigma_A^2 + (F_R)(F_S) \sigma_D^2$$

(D) 如果  $F_R = F_S = F$  则  $\text{Cov}(X, Y) = F \sigma_A^2 + F \sigma_D^2$

注意: 如果R和S是近亲繁殖几代直到 $F = 1$ , 则 $\phi = 1$ ,  $\phi' = 1$ , 不管是一株或几株植物。