

科 研 论 文 汇 编

1984

(下)

北京农业大学畜牧学院

目 录

(二) 遗传育种

- 33. 家畜复合育种值的简化公式与理论公式符合程度的检验..... (1)
- 34. 数量性状隐性有利基因的选择——为提高我国畜、禽地方品种生产性能的一个模拟试验..... (6)
- 35. 计算“全同胞一半同胞”混合家系亲缘相关的近似公式..... (10)
- 36. 通径分析应用——预测肥羔胴体的最优回归方程..... (15)
- 37. 北京黑猪生长肥育猪的肥育力和胴体品质..... (21)
- 38. 北京市北郊农场畜牧试验站北京黑猪的系统选育..... (32)
- 39. 北京黑猪胴体瘦肉率(量)肥肉率回归方程的估测..... (42)
- 40. 寒羊产区发展48—50克肉毛兼用半细毛羊的研究——林肯公羊与细毛杂种母羊的杂交试验..... (51)
- 41. 良种细毛羊军垦A型品系的选育..... (59)

(三) 繁殖生理

- 42. 驴、马怀不同胎体对外周血清中孕马血清促性腺激素的生理活性..... (70)
- 43. 北京市山区黄牛同期发情处理后的发情表现及影响第一情期受胎率的若干因素观察..... (75)
- 44. 肉牛冷冻精液解冻后再保存的活率观察..... (80)
- 45. 利用RU—2267促使母猪同期发情..... (82)
- 46. 关于PMSG的活性单位折算及小白鼠品种、体重、日龄与效价关系的商榷..... (84)
- 47. 利用氯蔗酚控制母猪发情..... (87)

(四) 畜牧工程

- 48. 简易、节能开放型鸡舍环境工程设计的研究——兼论我国工厂化养鸡节能节资的可行性..... (94)
- 49. 简易、节能开放型鸡舍塑料编织布卷帘的安装技术..... (104)
- ✓ 50. 卵用种鸡小群笼养工艺与笼具的研制(初报)..... (114)
- 51. 简易、节能开放型鸡舍,具有较高的社会、经济效益..... (121)

(五) 草原与草地

- 52. 南山牧场牧草引种试验报告(1975—1979)..... (122)
- 53. 北方山地草原改良研究初报..... (135)

54. 遥感技术及其在草地资源调查中的应用.....	(140)
55. 应用陆地卫星影象进行草地类型调查方法的初步探讨.....	(147)
56. 五种野豌豆的饲用价值探讨(初报).....	(158)
57. 山野豌豆的生物学特性.....	(163)
58. 三种野豌豆的栽培驯化效果测定.....	(171)
59. 山野豌豆插条繁殖获得成功.....	(174)
60. 施肥对老芒麦种子生产影响的试验.....	(176)
61. 北方山区草则综合改良——牧草引种驯化试验初报.....	(179)
62. 北方山区草原综合改良试验简报.....	(190)

二、调查研究及评论

63. 计算机应用于畜牧科学技术.....	(194)
64. 中国草地区划的商讨.....	(197)
65. 中国草地类型分类的商讨.....	(211)
66. 我国农牧结合地带在国土治理中的战略地位及其治理方式的探讨.....	(225)
67. 提高国产羊毛产量和质量的途径.....	(235)
68. 中国的太湖猪.....	(240)
69. 推广畜牧科学技术发展大队肉牛生产的初步经验.....	(254)
70. 腐植酸类物质在畜牧业中的应用.....	(259)

家畜复合育种值的简化公式 与理论公式符合程度的检验*

北京农业大学 汪 强 吴常信

北京市奶牛研究所 张 斌 徐慧如

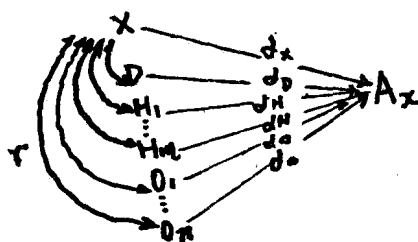
现代家畜育种学告诉我们，根据育种值选留种畜要比根据表型值留种有效。特别是把各种可能取得的亲属资料，例如亲代记录、同胞记录、后裔记录等与个体本身记录结合起来计算出一个复合育种值 (multiple breeding value)，选种的准确性就更高。

根据不同亲属资料计算复合育种值的理论公式已有报道 (young, s.s.y.1961; 吴仲贤, 1977)。为了在生产中应用的方便，计算复合育种值的简化公式也曾有介绍 (吴常信, 1977, 1979)，并为某些种畜场所采用 (北京市种公牛站, 1979; 辽宁省种公牛站, 1979)。但简化公式与理论公式的符合程度至今未有检验，其主要原因是推导同时具有本身、亲代、同胞和后裔四种记录资料的理论公式相当麻烦，目前能找到的只是复合了三种资料的理论公式，难以与复合了四种资料的简化公式的计算结果相比较。

应用电子计算机计算复合育种值中各项资料的偏回归系数十分简便，这对理论公式的推导和简化公式符合程度的检验都提供了有利条件。本文以奶牛育种中常见的四种资料：本身、母亲、半姐妹和女儿的产奶量和乳脂率记录为例，先推导出这四项资料的理论公式，并计算其复合育种值；再与简化公式的计算结合相比，求出两者的顺序相关 (秩相关, rank correlation) 检验其符合程度。

一、理论公式的推导

计算复合育种值的理论公式可由下面通径图得出正规方程，再由各亲属间的相关矩阵解出不同亲属资料在复合育种值中的偏回归系数。电算的框图在正文之后。



图中， X ， D ， $H_1 \dots H_m$ ， $O_1 \dots O_n$ 分别为个体、母亲、半姐妹、女儿的表型值， A_x 为个体 x 的复合育种值，单箭头线为通径，双箭头线为相关系数。为了图面清晰，仅画出了个体与亲属之间的通径关系。

由通径图我们可以得出以下正规方程组：

$$a_x + \gamma_{xD}a_D + m\gamma_{xH}d_H + n\gamma_{xO}a_O = \gamma_{xA}$$

$$\gamma_{xD}a_x + a_D + m\gamma_{DH}a_H + n\gamma_{DO}a_O = \gamma_{DA}$$

* 在收集资料中得到北京市北郊农场四队的支持，谨表谢意。

$$\gamma_{xH}\alpha_x + \gamma_{DH}\alpha_D + [1 + (m-1)\gamma_{HH}]\alpha_H + n\gamma_{HO}\alpha_O = \gamma_{HA}$$

$$\gamma_{xO}\alpha_x + \gamma_{DO}\alpha_D + m\gamma_{HO}\alpha_H + [1 + (n-1)\gamma_{OO}]\alpha_O = \gamma_{OA}$$

方程组中 m 为半姐妹数， n 为女儿数。各亲属间的相关系数由下面矩阵给出。

$$\begin{array}{c} A_x \\ X \\ D \\ H_i \\ O_i \end{array} \left(\begin{array}{ccccc} A_x & X & D & H_i & O_i \\ 1 & h_x & \frac{1}{2}h_D & \frac{1}{4}h_H & \frac{1}{2}h_O \\ h_x & 1 & \frac{1}{2}h_xh_D & \frac{1}{4}h_xh_H & \frac{1}{2}h_xh_O \\ \frac{1}{2}h_D & \frac{1}{2}h_xh_D & 1 & 0 & \frac{1}{4}h_Dh_O \\ \frac{1}{4}h_H & \frac{1}{4}h_xh_H & 0 & \frac{1}{4}h^2_H & \frac{1}{8}h_Hh_O \\ \frac{1}{2}h_O & \frac{1}{2}h_xh_O & \frac{1}{4}h_Dh_O & \frac{1}{8}h_Hh_O & \frac{1}{4}h^2_O \end{array} \right)$$

相关矩阵中的 h_x ， h_D ， h_H 和 h_O 由下式得来：

$$h_n = \left(\frac{nh^2}{1 + (n-1)t} \right)^{\frac{1}{2}}$$

式中 h^2 是性状的遗传力， t 为性状表型值之间的组内相关系数， n 是记录次数。

对正规方程组求解，我们就得出由个体、母亲、半姐妹和女儿表型值到复合育种值的通径系数 α_x ， α_D ， α_H 和 α_O 。而不同亲属记录在复合育种值中的偏回归系数是： $k_1 = \alpha_x h_x$ ， $k_2 = \alpha_D h_D$ ， $k_3 = \alpha_H h_H$ 和 $k_4 = \alpha_O h_O$ 。于是，回归方程也即复合育种值公式是：

$$\begin{aligned} \hat{A}_x &= K_1 (X - \bar{P}) + K_2 (D - \bar{P}) + K_3 (H_1 + \dots H_m - m\bar{P}) + K_4 (O_1 + \dots O_n - n\bar{P}) + \bar{P} \\ &= K_1 (X - \bar{P}) + K_2 (D - \bar{P}) + mK_3 (\bar{H} - \bar{P}) + nK_4 (\bar{O} - \bar{P}) + \bar{P} \end{aligned}$$

公式中 X ， D ， $\bar{H}$ ， $\bar{O}$ 和 $\bar{P}$ 分别为个体、母亲、半姐妹、女儿和畜群的平均表型值， m 和 n 分别为半姐妹和女儿头数。

二、简化公式及其根据

计算简化的复合育种值是在单项资料的育种值基础上进行的。从单项记录资料计算育种值的基本公式是：

$\hat{A}_x = b_{AP} (P - \bar{P}) + \bar{P}$ 上式中， $\hat{A}_x$ 是要计算的个体 x 的育种值； P 是性状的表型值，它可由四种记录中的任何一种统计得出， $\bar{P}$ 是畜群的平均表型值； b_{AP} 是育种值对表型值的回归系数。不同亲属资料的 b_{AP} 值可由表1中的加权公式算出。

在用上述公式算出本身、亲代、同胞、后裔四种资料的单项育种值后，最简单的方法是以这四个单项育种值的平均数作为复合育种值，也就是对四个单项育种值给以同等的加权。可是这四种资料在选种上的可靠程度是不同的，不能给以同等重视。一般来说，用亲代的表型资料估计育种值的可靠性较差；遗传力低的性状同胞选择比个体选择效果好，遗传力高的性状则情况相反；对于遗传力很高而本身又能直接度量的性状，后裔测验的作用不如个体成绩选择。因此，根据不同资料在不同情况下的选择重要性，我们可以大致定出它们的加权值。为了计算上的方便，对加权值只取一位小数，并使四项

表1 不同亲属资料的 b_{AP} 加权公式

资 料 种 类	b_{AP}	加 权 公 式
本身一次记录	h^2	h^2
本身 n 次记录	h^2_n	$\frac{nh^2}{1 + (n-1)t}$
父或母记录	h^2_s 或 S^2_D	$\frac{0.5nh^2}{1 + (n-1)t}$
全同胞记录	$h^2_{(FS)}$	$\frac{0.5nh^2}{1 + (n-1)0.5h^2}$
半同胞记录 子女记录:	$h^2_{(HS)}$	$\frac{0.25nh^2}{1 + (n-1)0.25h^2}$
(1) 子女为全同胞	$h^2_{(O1)}$	$\frac{0.5nh^2}{1 + (n-1)0.5h^2}$
(2) 子女为半同胞	$h^2_{(O2)}$	$\frac{0.5nh^2}{1 + (n-1)0.25h^2}$
(3) 子女为“全同胞、 半同胞混合家系	$h^2_{(O3)}$	$\frac{0.5nh^2}{1 + (n-1)\bar{r}h^2}$

h^2 : 遗传力 n : 记录次数或头数 r : 亲缘相关 t : 记录间组内相关 = rh^2

加权值之和为1。这时最理想的四个数值就是0.1, 0.2, 0.3和0.4。这样, 复合育种值的公式就是:

$\hat{A}_x = 0.1A_1 + 0.2A_2 + 0.3A_3 + 0.4A_4$ 上式中, 对于遗传力 $h^2 > 0.2$ 的性状, A_1 , A_2 , A_3 , 和 A_4 分别为亲代、本身、同胞和后裔资料估计的单项育种值; 对于遗传力 $0.2 \leq h^2 < 0.6$ 的性状, A_1 , A_2 , A_3 和 A_4 分别为亲代、同胞、本身和后裔资料估计的单项育种值; 对于遗传力 $h^2 \geq 0.6$ 的性状, A_1 , A_2 , A_3 和 A_4 分别为亲代、同胞、后裔和本身资料估计的育种值。

由于在计算四个单项育种值时都已经考虑到不同的记录次数以及子女和同胞的头数 (n), 因而在此基础上计算的复合育种值就不需要、也不应该再用不同的记录次数进行加权。

三、符合程度的检验

对24头同时具有本身、母亲、半姐妹、女儿四项产奶量和乳脂率记录的成年乳牛, 分别用理论公式和简化公式算出复合育种值; 再用顺序相关公式检验两者的符合程度。结果如表2所示。

表 2 简化公式与理论公式的符合程度比较

牛 号	理论公式	简化公式	相 差	
	计算的顺序	计算的顺序	d	d ²
1001	1	1	0	0
1002	2	2	0	0
1003	3	3	0	0
1004	4	9	- 5	25
1005	5	4	1	1
1006	6	5	1	1
1007	7	7	0	0
1008	8	10	- 2	4
1009	9	6	3	9
1010	10	8	2	4
1011	11	12	- 1	1
1012	12	11	1	1
1013	13	16	- 3	9
1014	14	14	0	0
1015	15	18	- 3	9
1016	16	13	3	9
1017	17	15	2	4
1018	18	19	- 1	1
1019	19	20	- 1	1
1020	20	17	3	9
1021	21	21	0	0
1022	22	22	0	0
1023	23	24	- 1	1
1024	24	23	1	1

$$\Sigma d^2 = 90$$

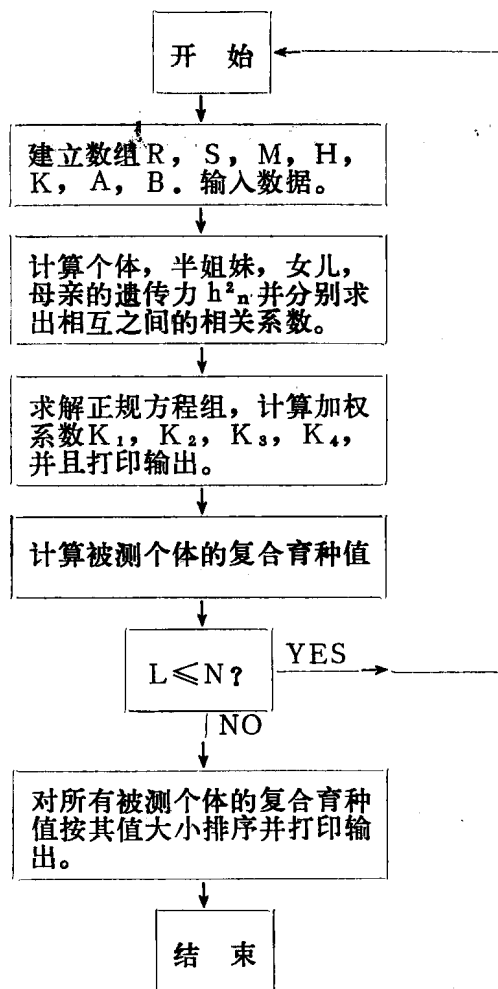
$$r = 1 - \frac{6 \Sigma d^2}{n(n^2 - 1)} = 1 - \frac{6 \times 90}{24(24^2 - 1)} = 0.961^{**}$$

**：P<0.01

同样方法算出乳脂率的复合育种值排队，它们的顺序相关为0.903**（P<0.01）。

因此，无论是产奶量或是乳脂率，简化公式与理论公式的计算结果都有高度显著的秩相关系数，说明两个复合育种值的排队有很大的一致性，即根据简化公式计算的结果选留种畜可达到和理论公式十分接近的准确程度。

计算框图:



参 考 文 献

1. 吴仲贤, 1977, 统计遗传学。
2. 吴常信, 1977, 奶牛技术资料 (九)。
3. 洪广田, 1979, 中国畜牧杂志第 4 期。
4. 吴企胜, 1979, 中国畜牧杂志第 4 期。
5. 中国科学院数学研究所主编 BASIC 语言常用算法程序汇编。
6. 清华大学计算中心译编, CROMEMCO 微型计算机软件资料汇编 (三)。
7. S.S.Y. Young, 1961, Heredity, 16: 19—102。

数量性状隐性有利基因的选择*

——为提高我国畜禽地方品种生产性能的一个模拟试验

吴 常 信

内探提要：如果决定数量性状的多基因中存在显隐性关系，而且是隐性基因造成增产效果，这时就会导致常规选择方法的失效。本文对这种隐性有利基因的存在作了假设，用果蝇试验进行验证，提出了对数量性状中隐性有利基因的选择方法。这一方法可用于提高我国畜、禽地方品种的生产性能，特别是对某些经过长期选择而无明显效果的性状，更可试用。

一、前 言

我国有许多家畜、家禽地方品种，它们在长期的自然选择和人工选择的作用下，已经具有一定的生产特点和相当水平的生产能力。但和一些高度育成的世界性的畜、禽品种如大白猪、黑白花牛、来航鸡、美利奴羊等相比较，在肉、奶、蛋、毛等生产性能方面都有进一步提高的必要。例如我国的许多肉用畜、禽品种，无论是猪、牛、羊、兔、鸡、鸭等都需要进一步提高生长速度和饲料利用效率。特别是猪，还需要提高瘦肉的比例。当然，选择一些好的杂交组合利用杂种优势是增加畜产品的一个有效途径，但杂交也需要有纯种。另外，从保存品种资源的角度来看，也需要作品种内的纯种繁殖。因此，如何在纯繁的条件下提高我国地方畜、禽品种的生产性能是育种工作的一个重要方面。

目前为提高纯种生产性能的选择方法主要是以公畜为单位的家系选择。特别是在人工授精技术广泛应用以来，一头公畜可以留下大量后代，更为这一选择方法的实施提供了有利的条件。畜、禽中常用的后裔测定和同胞测定等方法，也都是家系选择的一些变形。家系选择在大多数的情况下是行之有效的，如同在奶牛和蛋鸡的育种中那样。但是对某些性状，家系选择的效果并不理想。例如对猪产仔数的提高，在不少国家的多年选择中，进展都很缓慢。这些性状选择效果差的原因，一方面固然是由于遗传力低，受环境的影响大；另一方面也可能是决定这些性状的多基因中，存在着一些隐性有利基因，

* 果蝇试验部分承英国爱丁堡大学动物遗传所罗伯逊 (A. Robertson) 教授和希尔 (W. G. Hill) 博士的指导，谨表谢意。

即隐性造成高产、显性造成低产。这时常规的纯种选择方法如个体选择、家系选择等都会有某种程度的失效，有时甚至会发生选择错误的情况。

本文用果蝇作为材料，对需要提高的畜、禽性状进行模拟试验，验证了隐性有利基因的存在并提出了相应的选择方法。这一方法可用于提高我国畜、禽地方品种的生产性能，特别是对某些经过长期选择而无明显效果的性状，更可一试。

二、假设的提出

决定数量性状的多基因的作用，并不都象在“多基因假说”中提到的那样是一种无显性的相加作用。它们象其它基因一样，也可以有显性或上位的作用。在一个地方品种中，如果还没有经过高度的选育，群体中往往积累了较多的显性低产基因。这一点在自然选择作用较大的畜群中更是如此，因为高产对家畜本身不利，高产基因更多地是以隐性状态存在。

假定在一个以显性低产基因为主的地方品种中有这样两头家畜，它们在某些位点上具有隐性高产基因：

(甲) $AABbCcDd$

(乙) $aaBBCCDD$

我们用大写字母代表显性低产基因，并设它决定 0.5 个单位的产量；用小写字母代表隐性高产基因，并设它在纯合时决定 1.0 个单位的产量。这样，

甲的产量是 $0.5 + 0.5 + 0.5 + 0.5 = 2.0$ 单位

乙的产量是 $1.0 + 0.5 + 0.5 + 0.5 = 2.5$ 单位

可以看出，虽然甲有较多的隐性高产基因（3 个），但表现的产量较低；乙的隐性高产基因较少（2 个），所表现的产量反而较高。在个体选择时，甲被淘汰而乙被留下。即使是在家系选择的情况下，由于与其交配的个体在这些位点上大量的是显性低产基因，后代中隐性高产基因的作用仍被掩盖，因而用一般的后裔测定也不能正确的反映亲本的情况。这时，需要用一个经过高度选育的品种来做测验交配，因为高度选育的品种在这个性状上已经积累了大量的隐性高产基因，通过测交就能发现地方品种中隐性高产基因较多的个体。

设在一个高产品种中这些位点上的隐性基因已经纯合 ($aa\ bb\ cc\ dd$)，则它与甲和乙的测交后代的平均产量，可由下面统计得出。

1. 与甲测交

$AABbCcDd \times aabbccdd$

↓

后代基因型	产 量
$AaBbCcDd$	2.0
$AaBbCcdd$	2.5
$AaBbccDd$	2.5
$AaBbccdd$	3.0
$AabbCcDd$	2.5

AabbCcdd	3.0
AabbccDd	3.0
Aabbccdd	3.5
	平均2.75单位

2. 与乙测交

aaBBCCDD	×	aabbccdd
	↓	
后代基因型		产 量
aaBbCcDd		2.5单位

一个高度选育的品种不一定所有这些位点上的隐性有利基因都纯合，但只要在大多数的位点上已经纯合，如Aabbccdd或aaBbccdd也可用作测定的亲本。当然，纯合的位点越多，测定的效果越好。

三、假设的验证

根据上述假设，如果所选择的性状在较大程度上受隐性有利基因的影响，那么根据测交成绩的间接选择效果应当比本品种内的直接选择效果好。为了证明这一点，我们设计了下面的试验。

(一) 材料与方法

1. 试验材料：果蝇 (*Drosophila melanogaster*)

2. 观测性状：单眼间的刚毛 (Ocellar) 数目。

3. 变种 (系)：(1) 野生型。刚毛数在 6—9，模拟地方品种。(2) 少刚毛系。刚毛数在 0—2，是一个经过多代选择的近交系；模拟高度选育的品种。

4. 选择方向：向下选择。希望通过测交降低野生型的刚毛数；模拟降低猪的背膘厚度、提早蛋鸡的开产日龄、降低家畜的饲料消耗等性状。当然也可以作向上选择，例如提高瘦肉率、产仔数、产奶量、产蛋数等性状，这就要找一个这方面高产的品种作为标准系进行测交，其原理相同。

5. 方法：

(1) 试验组。根据野生型和少刚毛系测交的子代成绩对野生型作选择，每代从 10 个家系中选择刚毛数最少的 2 个家系作为繁殖下一代的亲本。

(2) 对照组。根据野生型纯繁的结果选择，每代从 10 个家系中选择刚毛数量最少的 2 个家系作为繁殖下一代的亲本。

以上家系都由 1 雄和 5 雌组成，每个家系的后代中记录 5 雄 5 雌的刚毛数。

(二) 试验结果

整个试验历经了 11 个世代。对记录资料计算平均数、方差、协方差、遗传力、遗传相关等统计量和参数。这里仅就与本文有关的刚毛平均数的选择进展 (表 1) 来验证隐性有利基因的存在。

从表 1 可以看出，测交选择 (试验组) 的效果，要比纯种家系选择 (对照组) 的效

表1

各世代的平均刚毛数

世 代	试 验 组 (x)	对 照 组 (y)	相 差 (x - y)
0	6.57	6.68	-0.11
1	6.78	6.83	-0.05
2	6.41	6.33	0.08
3	5.88	6.15	-0.27
4	5.43	5.84	-0.41*
5	5.51	5.89	-0.38*
6	5.37	5.70	-0.33
7	5.03	5.48	-0.45*
8	4.19	4.87	-0.68**
9	4.24	4.58	-0.34
10	3.67	4.60	-0.93**
11	3.12	3.87	-0.75**

* $P < 0.05$,** $P < 0.01$

果好。特别是随着世代的进展,这一效果的显著程度也随之提高,这可以由测交选择提高了群体中隐性有利基因的频率来解释。

四、讨 论

(一) 对于刚毛数的降低,纯种家系选择和测交选择都有明显的效果,第11世代的刚毛数与零世代相比,前者降低了42%,后者降低了53%。测交选择的效果优于纯种家系选择,说明确有一部分隐性有利基因存在,而纯种家系选择的效果则说明了加性基因和一部分显性有利基因的存在。

(二) 基因的加性、显性和上位效应的存在可以用一个“三向测交”(triple test cross)的方法来检验。本试验曾对刚毛数这一性状作三种基因效应的测定。用野生型分别与少刚毛系、多刚毛系(刚毛数在10~14)以及这两个系杂交的子一代作三向测交,对其结果进行方差分析。测得上位效应不显著,显性和加性效应高度显著。

(三) 在生产中用三向测交有实际困难。对某一性状是否受隐性有利基因的影响,可以简单的从两个品种杂交的子一代的产量作出大致判断。如子一代的产量低于亲本均值(即偏于低产亲本),就可以认为有一定程度的隐性有利基因的作用。如子一代的产量高于亲本均值(即偏于高产亲本),则表示有显性有利基因的作用。虽然这可能是由于杂种优势,但显性有利基因的存在也正是产生杂种优势的原因之一。如果子一代的产量很接近亲本均值,则可认为基本上是加性基因在起作用,当然也可能是显性有利和隐性有利的相互抵消。本试验的零世代野生型刚毛数平均为6.6,与少刚毛系中刚毛数为零

的个体杂交子一代的刚毛平均为4.7，超过双亲的平均数3.3。由于刚毛数多代表低产，所以存在隐性有利基因。这也是我们为什么不用多刚毛系作为测交亲本的原因，因为这时多刚毛代表高产，是显性有利而不是隐性有利，测交选择显不出它的优越性。

(四) 测交选择应用的条件。要使测交选择取得好的效果，需要满足下面三个条件：

1. 隐性有利基因的存在。这是前提，因为我们不可能得到根本不存在的東西。

2. 直接选择（纯繁）与间接选择（测交）之间的遗传相关高。即根据测交选出好的个体（或家系）用来纯繁时效果也好。本试验测得刚毛数的直接选择与间接选择的遗传相关为0.6。

3. 大的家系。家系越大选择越可靠，因为环境偏差在家系平均数中正负抵消，如果记录是从家系中抽样得来（如本试验在每个家系中记录5雄、5雌的刚毛数），那么样本数目越大数目越大选择越可靠。这是因为降低了平均数的抽样误差。

(五) 在生产实践中，有时找一个高产品种的大量母畜作为测交的亲本有一定困难。这时也可以用高产品种的公畜与本地品种的母畜杂交的子一代作为测交用的亲本母畜，因为子一代的基因型在大多数的位点上都是杂合的，例如 $AaBbCcDd$ 也能测出本地品种中隐性有利基因较多的个体，但家系要大。

(六) 为了进一步提高选择效果，还可以把测交选择和纯种家系选择结合起来，也就是同时根据两种选择的结果留种。这样既选择了隐性有利基因也选择了显性有利基因和加性基因。

(七) 这一测交选择的方法在家畜、家禽中应用时要注意近交程度。家系数太少或是选择强度过大，都会造成近交程度的迅速增加。特别是一些近交退化明显的性状，尤其要注意这一点。

计算“全同胞—半同胞”混合家系 亲缘相关的近似公式

吴 常 信

亲缘相关是亲属间在遗传上的相似程度。血统关系越近的亲属间的亲缘关系越高，例如亲子之间、全同胞之间的亲缘相关是 $1/2$ ，祖孙之间、半同胞之间的亲缘相关是 $1/4$ 。在动物育种中，亲缘相关是一项重要的参数，无论是在用同胞分析法估计性状的遗传力，还是用亲属资料估计个体的育种值时，都需要用到这一参数。

这里讨论的是一个“全同胞—半同胞”混合的家系，这种家系在猪、兔、禽、鱼、蚕等多仔动物的育种中经常会遇到。它由一个雄亲和数个雌亲相配所组成，同一雌亲内的后代是全同胞，不同雌亲间的后代是半同胞。这样一个家系的亲缘相关随着配种的雌亲数

和每个雌亲所生的后代数量的不同而变化。本文旨在提出计算这种混合家系亲缘相关的一个近似公式，并证明它即使是在对家系内的个体作随机抽样的情况下也能应用。

一、公式及其推导

计算“全同胞一半同胞”家系亲缘相关的近似公式是

$$r = \frac{d+1}{4d} \quad (1)$$

公式中

r : 亲缘相关

d : 雌亲数

推导过程:

假定一个雄亲与 d 个雌亲相配，每个雌亲都生有 n 个后代，那么总的后代数就是 dn 。如果从后代中随机抽出两个配对，根据组合公式就有

总对子数:

$$\binom{dn}{2} = \frac{dn(dn-1)}{2}$$

其中，全同胞对子数:

$$d \binom{n}{2} = \frac{dn(n-1)}{2}$$

半同胞对子数:

$$\binom{dn}{2} - d \binom{n}{2} = \frac{dn(dn-n)}{2}$$

已知全同胞之间的亲缘相关是 $1/2$ ，半同胞之间的亲缘相关是 $1/4$ 。所以混合家系的亲缘相关是

$$r = \frac{\frac{1}{2}[dn(n-1)] + \frac{1}{4}[dn(dn-n)]}{dn(dn-1)}$$

经整理后

$$r = \frac{0.5(n-1) + 0.25n(d-1)}{dn-1} \quad (2)$$

公式(2)就是在每个雌亲的后代数量相同的情况下计算亲缘相关的公式。可以看出，当 $d=1$ 时， $r=0.5$ ，即一个雌亲的后代都是全同胞；当 $n=1$ 时， $r=0.25$ ，即每个雌亲都只有一个后代时，家系中都是半同胞，如同在单胎动物中所组成的家系那样，当后代数 n 很大时， $n-1$ 接近 n ， $dn-1$ 接近 dn ，这时公式(2)就近似于

$$r \approx \frac{0.5n + 0.25n(d-1)}{dn} = \frac{0.5 + 0.25(d-1)}{d}$$

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

这就是我们所要推导的公式 (1)

事实上, 即使在 n 不很大时, 用公式 (1) 计算的结果就已经很接近公式 (2) 了。假如在 1 只公鸡与 10 只母鸡所组成的家系中 ($d = 10$) 每只母鸡 5 个后代 ($n = 5$), 用公式 (2) 计算的亲缘相关是

$$r = \frac{0.5(5 - 1) + 0.25(5)(10 - 1)}{(10)(5) - 1} = 0.27$$

而用近似公式计算的结果是

$$r = \frac{10 + 1}{4(10)} = 0.275$$

不难看出, 近似公式是公式 (2) 的上限。

二、雌亲后代数目不等

上述推导是假定每个雌亲的后代数目的情况, 而实际上雌亲的繁殖力是有差异的。这时近似公式是否还能应用?

现在来比较 A 和 B 两个家系:

家 系 A			家 系 B		
后代数			后代数		
	a_1	4		b_1	3
雌亲	a_2	4	雌亲	b_2	5
	a_3	4		b_3	4
12			12		

两个家系的雌亲数和后代的总数都相同, 但家系 B 比家系 A 有更高的亲缘相关, 这是因为增加了家系中全同胞的对子数。在家系 A 中, 全同胞的对子数是 $3 \left(\frac{4}{2} \right) = 18$; 在家系 B 中, 全同胞的对子数是 $\left(\frac{3}{2} \right) + \left(\frac{5}{2} \right) + \left(\frac{4}{2} \right) = 19$ 。

因此, 在雌亲间后代数目不等的情况下, 如果用各雌亲的平均后代数 ($\bar{n}$) 代入公式 (2), 所计算的亲缘相关就会偏低。公式 (1) 是公式 (2) 的上限, 可以在一定程度上弥补这一偏差。下列说明, 只要雌亲间后代数目相差不是很悬殊的话, 用公式 (1) 计算的结果仍不失为一个十分近似的估计。而这一例子本身也提供了即使是在后代数目相差悬殊时的计算方法。

例: 根据下列资料计算亲缘相关。

雌亲	a	b	c	d	e	总 数
后代数	10	20	13	18	15	76

总对子数:

$$\binom{76}{2} = \frac{(76)(75)}{2} = 2850$$

全同胞对数:

$$\binom{10}{2} + \binom{20}{2} + \binom{13}{2} + \binom{18}{2} + \binom{15}{2} = 45 + 190 + 78 + 153 + 105 = 571$$

半同胞对子数:

$$2850 - 571 = 2279$$

所以, 亲缘相关

$$r = \frac{0.5(571) + 0.25(2279)}{2850} = 0.3001$$

用近似公式计算时

$$r = \frac{d+1}{4d} = \frac{6}{20} = 0.3$$

结果十分接近。

三、对后代作随机抽样

在育种工作中, 有时不可能或不必要对全部后代进行观察, 而是用样本代表总体。这时近似公式是否也适用于样本?

在随机抽样时, 每个后代都有同样的机会进入样本。但在已确定的某个样本中, 有可能某些雌亲的后代多, 某些雌亲的后代少。例如在 5 个雌亲的后代群中, 随机抽取 5 个个体, 这时就会有 7 种不同的情况。(不考虑雌亲的序号) 而且每种情况的亲缘相关各不相同。(表 1)

表 1 5 个后代在样本中的分布及其亲缘相关

抽 样 情 况	雌 亲					全同胞对数	半同胞对数	亲缘相关
	a	b	c	d	e			
1	5	0	0	0	0	10	0	0.5
2	4	1	0	0	0	6	4	0.4
3	3	2	0	0	0	4	6	0.35
4	3	1	1	0	0	3	7	0.325
5	2	2	1	0	0	2	8	0.3
6	2	1	1	1	0	1	9	0.275
7	1	1	1	1	1	0	10	0.25

由于上述 7 种情况出现的概率不同，所以不能用一般的平均数来表示这一家系的亲缘相关，而是要对这 7 种情况作不同的加权。为了使问题简化，我们假定每个雌亲有 5 个后代，这样就成为一个从 25 个后代的群体中，一次抽取 5 个个体的组合问题了。在表 2 中列出了每种抽样情况可能出现的频率，这些频率就是不同情况的加权系数。

表2 不同抽样情况出现的频率

抽样情况	雌亲内频率	雌亲间频率	总 频 率
1	1	5	5
2	25	20	500
3	100	20	2000
4	250	30	7500
5	500	30	15000
6	1250	20	25000
7	3125	1	3125
总 计			53130

表 2 中的总计频率应当等于在 25 个后代中一次任取 5 个的组合数

$$\binom{25}{5} = \frac{25!}{5!(25-5)!} = 53130$$

雌亲内频率就是在每个雌亲的 5 个后代中可能组合的情况。以第 2 种抽样情况为例（见表 1），在雌亲 a 中抽得 4 个后代，在雌亲 b 中抽得 1 个后代，前者有 $\binom{5}{4} = 5$ 种抽法，后者有 $\binom{5}{1} = 5$ 种抽法。根据概率相乘定律，这种情况在雌亲 a 和 b 同时发生时就有 $5 \times 5 = 25$ 种抽法。雌亲间频率就是在考虑到雌亲的次序（或编号）时，各种情况的组合还会增加。仍以第二种抽样情况为例，“4”可能出现在 5 个雌亲中的任何一个，它的组合就是 $\binom{5}{1} = 5$ ；“1”虽然也可能出现在任一雌亲。但当 5 个雌亲中已经有一个出现了“4”的前提下，“1”就只能出现在其余 4 个雌亲中的一个了，它的组合就是 $\binom{4}{1} = 4$ ，所以可能的组合数就是 $5 \times 4 = 20$ 。每种抽样情况的总频率是雌亲内和雌亲间频率的乘积。

在作了上述分析后，根据表 1 和表 2 就可以计算样本的平均亲缘相关

$$r = \frac{0.5 \times 5 + 0.4 \times 500 + \dots + 0.25 \times 3125}{53130} = 0.29$$

如用近似公式计算

$$r = \frac{d+1}{4d} = \frac{6}{20} = 0.30$$