

单元内混合家系相关法估算遗传力及遗传相关的探讨¹⁾

陈斌 施启顺 柳小春

(湖南农学院畜牧水产系,长沙,410128)

本文取单元内同胞相关法和混合家系亲缘相关法估算畜禽遗传参数之长,推导出单元内混合家系相关法。用这种方法估算遗传参数,既能消除环境单元间的差异,又能充分利用全同胞和半同胞资料,具有扩大信息来源,提高估算准确性和计算方便的优点。

关键词: 单元内混合家系相关法,单元内同胞相关法,混合家系亲缘相关法,遗传力,遗传相关

近年来,数量遗传学的理论发展很快,尤其在畜禽遗传参数的估算上,提出了不少新方法。单元内同胞相关法(盛志廉,1981。动物数量遗传通讯,2: 18—29。)估算遗传力和遗传相关时,由于能消除环境单元效应,将不同环境单元资料合并使用,扩大了信息来源,因而估算结果比未消除环境效应的同胞相关法准确,但对于家系内既有全同胞又有半同胞的资料(如多胎动物),则未能充分利用其中的全同胞信息。混合家系亲缘相关法^[1-3]估算遗传参数时,既考虑了全同胞,又考虑了半同胞,在全同胞和半同胞亲缘系数之间取一合理加权值,估算效果较好,但对于不同环境单元的资料,因未消除环境差异,也会造成一定误差。为了在估算畜禽遗传参数时既能利用单元内同胞相关法消除环境差异,又能在全同胞和半同胞资料同时存在时取一合理加权值,本文试图取单元内同胞相关法和混合家系亲缘相关法之长,弥补各自之短,推导出单元内混合家系相关法。

一、单元内混合家系相关法遗传力的估算

遗传力估算的公式是:

$$h^2 = \frac{r}{r_A} \quad (1)$$

式中, r_A 是亲缘相关,是全群(包括所有单元)平均的亲缘相关,计算公式如下:

$$r_A = \frac{\sum_i \sum_j n_{ij} + \sum_i n_i^2 - 2N}{4 \left(\sum_i n_i^2 - N \right)} = \frac{N_i + N_j}{4N_j} \quad (2)$$

其中,

$$N_i = \sum_i \sum_j n_{ij} - N,$$

$$N_j = \sum_i n_i^2 - N,$$

n_{ij} ——第 i 头公畜与配的第 j 头母畜的后代数, n_i ——第 i 头公畜的后代数, N ——总的后代数。

r 是表型相关,计算公式如下:

Chen Bin et al.: A Study of the Method of Mixed Families with in Units to Estimate Heritability and Genetic Correlation

1) 本文承盛志廉教授、彭中镇教授审阅和提出宝贵意见,特此致谢。

本文于1989年9月14日收到。

$$r = \frac{\sigma_{s(u)}^2 + \frac{N_I}{N_J} \sigma_{d(u)}^2}{\sigma_{s(u)}^2 + \sigma_{d(u)}^2 + \sigma_{w(u)}^2} \quad (3)$$

$\sigma_{s(u)}^2$ 、 $\sigma_{d(u)}^2$ 和 $\sigma_{w(u)}^2$ 分别是单元内公畜间、单元内母畜间和单元内误差方差组分，它们可以通过下式估算：

$$\begin{cases} MS_{s(u)} = \sigma_{w(u)}^2 + K_2 \sigma_{d(u)}^2 + K_3 \sigma_{s(u)}^2 \\ MS_{d(u)} = \sigma_{w(u)}^2 + K_1 \sigma_{d(u)}^2 \\ MS_{w(u)} = \sigma_{w(u)}^2 \end{cases} \quad (4)$$

式中， $MS_{s(u)}$ 、 $MS_{d(u)}$ 和 $MS_{w(u)}$ 分别是单元内公畜间、单元内公畜内母畜间和单元内母畜内子女间均方，可由式(5)计算：

$$\begin{cases} MS_{s(u)} = \frac{SS_{s(u)}}{df_{s(u)}} = \frac{SS_{s(u)}}{S-u} \\ MS_{d(u)} = \frac{SS_{d(u)}}{df_{d(u)}} = \frac{SS_{d(u)}}{D-S} \\ MS_{w(u)} = \frac{SS_{w(u)}}{df_{w(u)}} = \frac{SS_{w(u)}}{N-D} \end{cases} \quad (5)$$

df 表示自由度， SS 表示平方和， S 为全群总的公畜数， D 为全群总的母畜数， u 为单元数。 $SS_{s(u)}$ 、 $SS_{d(u)}$ 和 $SS_{w(u)}$ 分别是单元内公畜间、单元内公畜内母畜间和单元内母畜内子女间平方和，计算过程是：各单元分别计算出公畜间平方和 SS_s ，公畜内母畜间平方和 SS_d 和母畜内子女间平方和 SS_w ，再将所有单元内的 SS_s 、 SS_d 和 SS_w 分别累加，得到 $SS_{s(u)}$ 、 $SS_{d(u)}$ 和 $SS_{w(u)}$ 。

(4) 式中的 K_1 、 K_2 都表示单元内每头母畜的加权平均后代数，只是加权方法不同； K_3 表示单元内每头公畜的加权平均后代数。

设有 u 个单元，其中每个单元均能计算出 K_{1i} 、 K_{2i} 和 K_{3i} ($i = 1, 2, \dots, u$)。 K_{1i} 表示第 i 单元的 K_1 ， K_{2i} 表示第 i 单元的 K_2 ， K_{3i} 表示第 i 单元的 K_3 ，因此，总的 K_1 、 K_2 和 K_3 的计算公式如下(推导过程略)：

$$K_1 = \frac{\sum_{i=1}^u [(D_i - S_i)K_{1i}]}{D - S}$$

$$\begin{cases} K_2 = \frac{\sum_{i=1}^u [(S_i - 1)K_{2i}]}{S - u} \\ K_3 = \frac{\sum_{i=1}^u [(S_i - 1)K_{3i}]}{S - u} \end{cases} \quad (6)$$

式中， D_i 和 S_i 分别表示第 i 单元的母畜数和公畜数。

因此，遗传力估算公式如下：

$$h^2 = \frac{\sigma_{s(u)}^2 + \frac{N_I}{N_J} \sigma_{d(u)}^2}{\sigma_{s(u)}^2 + \sigma_{d(u)}^2 + \sigma_{w(u)}^2} \cdot \frac{4N_J}{N_I + N_J} \quad (7)$$

二、单元内混合家系相关法遗传相关的估算

设有两个性状 i 和 j 。单元内混合家系相关法估算遗传相关的公式如下：

$$r_{A(ii)} = (N_J COV^{s_{ij(u)}} + N_I COV^{d_{ij(u)}}) / (\sqrt{[N_J \sigma_{s_{ij(u)}}^2 + N_I \sigma_{d_{ij(u)}}^2][N_J \sigma_{s_{ij(u)}}^2 + N_I \sigma_{d_{ij(u)}}^2]}) \quad (8)$$

式中， $\sigma_{s_{ij(u)}}^2$ 和 $\sigma_{d_{ij(u)}}^2$ 分别为性状 i 的单元内公畜间、单元内母畜间方差组分； $\sigma_{s_{ij(u)}}^2$ 和 $\sigma_{d_{ij(u)}}^2$ 分别为性状 j 的单元内公畜间、单元内母畜间方差组分； $COV^{s_{ij(u)}}$ 和 $COV^{d_{ij(u)}}$ 分别是性状 i 、 j 的单元内公畜间、单元内母畜间协方差组分，它们可分别根据以下各式求得：

$$\begin{cases} MS_{s_{ij(u)}} = \sigma_{w_{ij(u)}}^2 + K_2 \sigma_{d_{ij(u)}}^2 + K_3 \sigma_{s_{ij(u)}}^2 \\ MS_{d_{ij(u)}} = \sigma_{w_{ij(u)}}^2 + R_1 \sigma_{d_{ij(u)}}^2 \\ MS_{w_{ij(u)}} = \sigma_{w_{ij(u)}}^2 \end{cases} \quad (9)$$

$$\begin{cases} MP^{s_{ij(u)}} = COV^{w_{ij(u)}} + K_2 COV^{d_{ij(u)}} + K_3 COV^{s_{ij(u)}} \\ MP^{d_{ij(u)}} = COV^{w_{ij(u)}} + K_1 COV^{d_{ij(u)}} \\ MP^{w_{ij(u)}} = COV^{w_{ij(u)}} \end{cases} \quad (10)$$

j 性状的方差组分的估计方法同(9)式。

(9)式是单元内混合家系的均方组成，(10)式是单元内混合家系的均积组成，它们的计算方法是：各单元分别计算平方和及乘积和，分别进行累加，然后，除以各自的总自由度即得。

(9)和(10)式中的 K_1 、 K_2 和 K_3 按式(6)计

表 1 四种方法估算的大约克夏猪肢蹄性状遗传力结果

| 肢蹄性状 | | 估算方法 | | | |
|------|------|----------|---------|------------|---------|
| | | 单元内同胞相关法 | 混合家系相关法 | 单元内混合家系相关法 | 最小二乘分析法 |
| 前肢 | 关节 | 0.3433 | 0.3718 | 0.3415 | 0.3664 |
| | 蹄裂 | 0.0609 | 0.1714 | 0.0502 | 0.0099 |
| | 蹄枕 | 0.0987 | 0.1863 | 0.1503 | 0.2612 |
| | 偏蹄 | 0.1898 | 0.2472 | 0.3455 | 0.2329 |
| | X肢势 | 0.2876 | 0.1757 | 0.2913 | 0.2589 |
| | O肢势 | 0.1376 | 0.1453 | 0.1592 | 0.1683 |
| | 蹄壳质地 | 0.1830 | 0.2970 | 0.2253 | 0.2360 |
| | 总评分 | 0.0940 | 0.3728 | 0.1525 | 0.2737 |
| 后肢 | 关节 | 0.1889 | 0.1386 | 0.1972 | 0.1332 |
| | 蹄裂 | 0.0288 | 0.1238 | 0.0195 | 0.0913 |
| | 蹄枕 | 0.3311 | 0.4765 | 0.3122 | 0.2020 |
| | 偏蹄 | 0.3295 | 0.2855 | 0.3204 | 0.4405 |
| | X肢势 | 0.2615 | 0.2444 | 0.2326 | 0.2534 |
| | O肢势 | 0.1871 | 0.3145 | 0.1731 | 0.2254 |
| | 蹄壳质地 | 0.2140 | 0.3396 | 0.1941 | 0.2916 |
| | 总评分 | 0.0990 | 0.3506 | 0.1901 | 0.2573 |

算。

三、几种方法估算遗传力的比较

单元内混合家系相关法与单元内同胞相关法(盛志廉,1981。动物数量遗传通讯,2:18—29。)、混合家系相关法^[4]、最小二乘分析法^[6]估算遗传力的比较

以我们调查测定所得 230 头大约克夏猪的肢蹄性状评分资料,用四种方法分别编制 BASIC 程序在微机上运算,得到结果见表 1。

由表 1 可见,四种方法估算的遗传力有一定的差异,而且某些性状差异相当悬殊。产生这一现象的原因,我们认为这是由于不同方法本身存在的弊端所致。

混合家系相关法由于没有消除场、年龄的差异,从而使多数估值偏高。最小二乘分析法由于考虑的是两因素,只消除了年龄的差异,没有消除场间差异,也产生较大的偏差,并且花费的计算机时是其它三种方法的 30 倍(统计估算本资料时,最小二乘分析法需 90 分钟,其它三

种方法只需 3 分钟),计算过程复杂,不便于应用。单元内同胞相关法消除了场、年龄之间的差异,但它只考虑单向分组。而单元内混合家系相关法既能消除场、年龄的差异,又能考虑双向分组,估算的结果更为精确。

因此,我们认为,单元内混合家系相关法适用于既有全同胞,又有半同胞的系统分组资料,在多胎动物(尤其猪)中应用比较合适。该方法简便,便于掌握和应用,它所耗费的计算机时少。它的局限性在于:只适合公畜与环境单元之间没有交叉情况下的资料。

参 考 文 献

- [1] 吴常信: 1981。北京农业大学学报,7(2): 71—76。
- [2] 吴常信: 1985。北京农业大学学报,11(3): 345—351。
- [3] 张文灿: 1983。畜牧兽医学报,(1): 25—33。
- [4] 庞筑: 1983。湖南农学院学报,(2): 107—117。
- [5] 刘明孚: 1987。遗传,9(3): 14—18。
- [6] Harvey, W. R. 著(郭卓元等译): 1984。应用于畜牧试验的最小二乘分析法,畜牧与兽医(增刊),第 19—22页。