

# BLUP和PD法在小群混合世代种牛育种值测定的对比

陈幼春 庞之洪

(中国农业科学院畜牧研究所)

常宝山

(内蒙古嘎达苏种畜场)

## 摘要

本文用10头西门塔尔公牛168个女儿的材料对比同期同龄法和布拉普(BLUP)法来估测育种值。两种方法的结果基本一致。在小样本的情况下布拉普法可验证同期同龄法的可靠性。引入亲缘矩阵和世代矩阵在混合世代的情况下，不以年度的表型值的进展为转移，可以估测各代的各自遗传效应。BLUP法可对无后裔的公牛进行育种值的预报。

用最佳线性无偏估测(BLUP)法评定种公畜，在近几年内我国有不少介绍和应用[1—4]。目前有不少畜群是几个血缘组的几个世代的种公牛同时使用。如何在测定各种畜的育种值的同时，测定亲缘的相互影响和世代的遗传进展，具有实用价值。

## 材 料 和 方 法

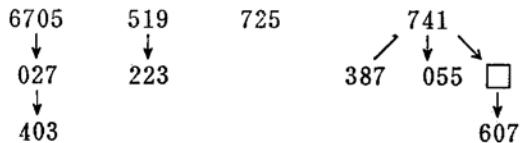
我们曾用 1980—1983 年内蒙古嘎达苏种畜场 10 头西门塔尔公牛共 168 个女儿泌乳期成年当量做产奶量的同龄对比 (MCC)，现用同一批材料进行 BLUP 法的遗传估测。并采用该材料估测的产奶量和体重的遗传力，其参数分别为： $h^2_m = 0.18$  和  $h^2_w = 0.50$ 。其计算的数学模型是：

式中  $h_i$ ,  $g_j$ ,  $S_k$ ,  $P_k$  和  $e_{ijkl}$  分别代表第  $i$  个年度、第  $j$  世代组、第  $k$  种公牛、各第  $k$  种公牛与其他公牛的亲缘关系和机误差项矩阵。 $Y_{ijkl}$  代表相应年度中有关种畜组的公牛女儿的记录。 $h$  和  $g$  为固定效应,  $S$  为随机效应。世代组按 Berger [4] 法吸收于公牛矩阵内。总线性模型同常用的一样 [5]:

$$\text{其矩阵式为: } \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \dots \quad (3)$$

$X'X$  为年度效应矩阵,  $Z'Z$  为种畜矩阵,  $X'Z$  为年度与种畜关系矩阵,  $X'y$  和  $Z'y$  分别为各年度和各种畜总记录矩阵。由(3)式求解各种畜无亲缘关系的解( $\hat{u}$ ), 得估测的传递能力(ETA)。

根据10头种公牛各自的亲缘关系如下图：



假设引入该场前的种畜为原祖，其后各代为一、二和三代，得世代组矩阵( $T$ )：

公牛号	6705	741	027	055	223	725	519	403	607	387		
T矩阵	{	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	}
	{	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	}
	{	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	}

由种畜矩阵吸收年度因素后，得：

$$Z' S Z = Z' Z - \left[ (Z' X (X' X)^{-1}) X' Z \right] \dots \dots \dots \quad (4)$$

然后按陈所述<sup>[4]</sup>, 将T引入 $Z' SZ$ 和 $Z' Sy$ 。得 $T' SZ = T(Z' SZ)$ ,  $T' ST = T(T' SZ)'$ 和 $T' Sy = T(Z' Sy)$ 。此时将上述公牛的亲缘关系列成亲缘矩阵(A):

公牛号	6705	741	027	055	223	725	519	403	607	387
6705	1	0	0.5	0	0	0	0	0.25	0	0
741	0	1	0	0.5	0	0	0	0	0.25	0.5
027	0.5	0	1	0	0	0	0	0.5	0	0
055	0	0.5	0	1	0	0	0	0	0.125	0.25
223	0	0	0	0	1	0	0.5	0	0	0
725	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
519	0	0	0	0	0.5	0	1	0	0	0
403	0.25	0	0.5	0	0	0	0	1	0	0
607	0	0.25	0.125	0	0	0	0	0	1	0.125
387	0	0.5	0	0.25	0	0	0	0	0.125	1

再求此A之逆，得  $A^{-1}$ ，使  $P = A^{-1}$ ；再由公式： $k = \delta_e^2 / \delta_s^2 = (4 - h^2) / h^2$ ，求得有关性状的环境方差与公牛方差的比值k后，本例将相应的  $h_m^2$  和  $h_w^2$  代入，得  $k_m = 21.22$  和  $k_w = 7$ 。再与P相乘得  $kP$ ，加入到(4)中使成  $Z'SZ + kP$ 。具世代组的求解要以拉格朗日乘子为条件，求逆阵，其模型为：

$$\begin{pmatrix} T'ST & T'SZ & 1 \\ Z'ST & Z'SZ + kP & 0 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{g} \\ \hat{u}_1 \\ I, M \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} T'Sy \\ Z'Sy \\ 0 \end{pmatrix} \dots \dots \dots \quad (5)$$

育种值为传递能力(ETA)的2倍。本文直接用ETA做比较。奶量和体重计量单位基本不标出。

根据本试验的材料，各有关矩阵的数据如下：(3)式中  $X'X$  可用各年度后裔数乘I矩阵来表示，产奶量和体重分别为： $m = (37 \ 49 \ 32 \ 50)I$ ,  $W = (12 \ 15 \ 8 \ 8)I$ ,  $Z'Z$  分别为：

$$m(18 \ 21 \ 18 \ 9 \ 18 \ 19 \ 17 \ 21 \ 19 \ 8)I,$$

$$w(0 \ 6 \ 3 \ 5 \ 9 \ 17 \ 0 \ 3 \ 0 \ 0)I。$$

两个性状的  $X'Z$  矩阵分别为:

$$m: \begin{pmatrix} 8 & 5 & 3 & 3 & 3 & 6 & 8 & 1 & 0 & 0 \\ 6 & 8 & 6 & 4 & 4 & 6 & 4 & 7 & 0 & 4 \\ 0 & 4 & 4 & 2 & 3 & 4 & 2 & 5 & 6 & 2 \\ 4 & 4 & 5 & 0 & 8 & 3 & 3 & 8 & 13 & 2 \end{pmatrix}, \quad W: \begin{pmatrix} 0 & 2 & 0 & 1 & 3 & 5 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 2 & 2 & 3 & 6 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 2 & 1 & 3 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 1 & 0 & 2 & 3 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}。$$

$X'y$  矩阵分别为:  $m: \begin{pmatrix} 89898 \\ 130363 \\ 108681 \\ 185469 \end{pmatrix}, \quad W: \begin{pmatrix} 6167 \\ 7123 \\ 3933 \\ 3743 \end{pmatrix}$

$S'y$  矩阵分别为:  $m: \begin{pmatrix} 47914 \\ 60584 \\ 54349 \\ 26807 \\ 56494 \\ 63394 \\ 48699 \\ 66730 \\ 66190 \\ 23250 \end{pmatrix}, \quad W: \begin{pmatrix} 0 \\ 3011 \\ 1328 \\ 2734 \\ 4042 \\ 8366 \\ 0 \\ 1485 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$

传递能力的可靠性  $r^2$ , 据 Wilmink [9]  $r^2 = 1 - C_{ii} \cdot k$ , 这里  $C_{ii} = [(Z'Z - Z'X(X'X)^{-1}X'Z) + kP]^{-1}$ , 即  $(Z'SZ + kP)^{-1}$  的主对角矩阵各值。k 的含义如前。MCC 和 BLUP 两法的种畜顺序用 Spearman 相关测定 [10],  $r_s = 1 - \frac{6\sum d^2}{n(n^2 - 1)}$ 。d 为两法同一种牛的好坏顺序之差, n 为对比的公牛数。本研究用 Basic 语言在 ABACUS ELEVEN 机终端运算。

## 结 果 和 讨 论

在产奶量上各对比公牛女儿平均 16.9 头, 在体重上只有 6 头公牛有女儿记录。将 BLUP 法与 MCC 对比。

### 一、各公牛产奶量育种值的 BLUP 估测和与 MCC 的估测对比

经上述运算所得的无亲缘无世代组 (BLUP 1), 有亲缘无世代组 (BLUP 2) 和有亲缘有世代组 (BLUP 3) 的结果和引证的 MCC 法结果列于表 1 (育种值都以 ETA 代替)。

(一) 各种公牛的估测传递能力 (ETA) 和好坏顺序。从表 1 可见用 BLUP 法的

表1 BLUP和MCC法产奶量ETA、顺序和重复力

公牛号	6705	741	027	055	223	725	519	403	607	387
女儿数	19	21	17	9	18	19	17	21	19	8
E T A 传递能力										
MCC	-26	-6	-9	110	-14	29	40	-10	-61	-73
BLUP 1	-66	-33	-32	92	-44	242	27	-32	-83	-71
BLUP 2	-70	-39	-55	40	-35	198	2	-44	-77	-63
BLUP 3	-61	-29	-65	29	-61	168	6	-9	-37	-74
R & r <sup>2</sup> 重复力或可靠性										
MCC (%)	36	41	39	26	37	29	36	39	32	24
BLUP (%)	51	61	58	42	52	44	51	54	43	41
RANK 好坏顺序										
MCC	8	4	5	1	7	8	2	6	9	10
BLUP 1	8	6	4	2	7	1	3	5	10	9
BLUP 2	9	5	7	2	4	1	3	6	10	8
BLUP 3	8	5	9	2	7	1	3	4	6	10

表2 各BLUP法与MCC法的r<sub>s</sub>、t、P测定

列数对比组	1	2	3	4	5	6
	B*1 : MCC	B*2 : MCC	B*3 : MCC	B*1 : B*2	B*2 : B*3	B*1 : B*3
r <sub>s</sub>	0.915	0.836	0.782	0.867	0.770	0.722
t	6.41	4.31	3.55	4.92	3.41	2.94
p	0.001	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02

B\*为BLUP之意

任何一种估测值都比MCC的要大，从好坏顺序来说，它与MCC的略有不同。Henderson等认为好坏顺序是头等重要的。我们用Spearman的顺序相关系数( $r_s$ )作评定，得出的各对数据间的 $r_s$ 值如表2。

在逐步加入亲缘和世代组关系后，各公牛间的顺序出现调正(表2的第4、5、6列)，虽然相互之间差异不显著，其中BLUP 1与2的 $P<0.01$ ，但顺序有调正，说明加入亲缘(BLUP 2)和世代组(BLUP 3)后，逐步加大了与MCC法顺序的距离，(见表2的第1至3列)，其P值越来越大。这说明：1.BLUP 2能进一步调正有亲缘关系的各种畜的ETA值，如519与223互为父子，其ETA值分别自27和-44，调正为2和-35，相互影响了对方的绝对值，使223号的顺序由第7上升到第4，而6705，027和403血缘组，因其在BLUP 1中都在均数以下，加入亲缘关系后各个体的ETA值统统下降。741组也不例外。有意思的725号，其ETA值也下降，原因尚不清。2.世代组的引入，求出三个世代的平均ETA值(以第一代为0)，第2和第3代分别为+46和-61千克。自1980—1983年四个年度的全群平均产奶量分别为2430，2660，3396和3709千克，有大幅度的提高；但所选的种畜在混合世代的情况下，第2代是遗传上提高46千克，而第3代下降61千克。可见这里是饲养管理的改善起了主要作用，而第三代种畜的选择并不成功。BLUP 3对有亲缘关系的(BLUP 2)ETA值的调正是世代组值高的各个体，即本例的第2代个体，其ETA值下降；而对ETA值低的则能提高。这表示，这个

个体如果不属于它所属的那个组的话,本来也可能不偏向于那个组的值。从实用的角度来看,属于哪个世代问题不如使用的年代重要,同一年代使用的种畜本身的好坏比世代的属性更重要。世代矩阵的应用在分析世代遗传进展上有实际意义。

(二)重复力或可靠性:重复力( $R$ )为美国同期同龄法的表示法。 $r^2$ 是BLUP的表示法,说明估测育种值的可靠性。从表1可见,各种畜两种方法表达的重复力值的大小并不相同,但趋向一致, $r^2$ 值大的种畜,其 $R$ 值也大。Henderson认为,加入亲缘矩阵可提高育种值估测的准确性,但这个准确性的表达方式 $r^2$ ,据Wilmin研究<sup>[9]</sup>,当有效女儿数在15以下,加亲缘关系时,会偏大31%,无亲缘关系也偏大13%。我们以MCC法的 $R$ 为标准10头种畜 $r^2$ 偏大46%,本文种畜后裔较少,证明了Wilmin的现象,可见要使估测的值可靠,一是每头种畜的后裔数要多,至少不能少于15头。二是采用亲缘关系矩阵。

## 二、亲缘矩阵对无后裔种畜的育种值的估测

表3 BLUP和MCC法体重ETA和重复力(可靠性)

公牛号	6705	741	027	055	223	725	519	403	607	387
女儿数	0	6	8	5	9	17	0	8	0	0
ETA										
MCC	0	26	14	52	-11	21	0	63	0	0
BLUP 1	0	5	-10	24	-22	2	0	1	0	0
BLUP 2	-4	13	-8	25	-21	3	-10	-2	3	7
BLUP 3	-4	13	-9	26	-21	4	-11	-4	8	6
$R$ & $r^2$										
MCC (%)	0	63	44	59	63	60	0	59	0	0
BLUP (%)	25	59	51	48	57	59	25	42	6	25

从表3可见,由于各公牛的后裔数大多少于15个,BLUP法和MCC法的ETA值是极不一致的。加入亲缘矩阵可使无后裔表型值的种畜获得传递能力值。父子之间恰好以 $1/2$ 的关系给无女儿表型值的亲缘赋值。旧的同龄法没有这个性能,而修正的同期同龄法(MCC)有此特性,只是它先得有本身的女儿在各群体内分布情况,算出各自的重复力后,才能估测育种值,而BLUP 2可以通过亲缘矩阵直接给无后裔表型值的亲属赋予育种值,又同时给予重复力,这对预报后裔的育种值有一定意义。引入世代组矩阵(BLUP 3)对已有亲缘矩阵(BLUP 2)的估测结果无甚改进。

另外,体重性状的遗传力较高,尽管本例中各种畜的后裔数比遗传力较低的产奶量性状估测时具有的后裔少,但所得的重复力较高。用BLUP法估测的重复力的高低较明显地反映后裔数的多少,似乎与遗传力关系不大。用MCC法却能较好地反映这样的规律,即与遗传力较低的性状相比,遗传力较高的性状在后裔数更少的情况下,能获得较高的重复力。

## 结 论

一、BLUP法与MCC法估测的育种值顺序基本一致。在小样本的情况下,如本文

各种畜后裔数在15—20之间，BLUP法的估测值可以加强MCC法的估测结论。

二、BLUP法引入亲缘矩阵，可以使传递能力的估测值剖析得更为精确，与改进的PD74的MCC法所采取的迭代计算相似，起到异曲同功的作用。

三、BLUP法可以在混合世代的情况下，不以各年度表型值的进展为转移，测出同时期同群体内不同世代的各自的遗传效应。

四、两种方法的重复力值的对比说明，MCC法在遗传力高的性状上获得的育种值的可靠性比遗传力低的性状的可靠性高。而BLUP法的可靠性值提高得不明显。

五、BLUP法可用于尚无后裔表型值的公畜，通过亲缘关系估测其育种值。

六、用BLUP法时采用什么参数估计方法的精确性，尚待进一步探讨。

### 参 考 文 献

- [1] 俞渭江、洪振中，1984，种公牛选择方法的研究——应用最优线性无偏估计乳用种公牛育种值的方法。
- [2] 陈健秋，1985，介绍BLUP及一种计算育种值的方法。中国畜牧杂志，2：20～23。
- [3] 周铁茅，1985，动物育种模型——BLUP法。四川农业大学。单行本，1～30。
- [4] 陈幼春，1985，布拉普法(BLUP)在种畜选择上的应用(上、中、下)。国外畜牧科技，2：13～19；  
3：10～13；4：14～18。
- [5] Henderson, C. R., 1972. Sire evaluation and genetic trends. Proceeding breeding and genetic symposium in honour of Dr. Tay L. Lush. 16.
- [6] Henderson, C. R., 1974. Use of all relatives in intraherd prediction of breeding values and producing abilities. J. Dairy Sci. 58 (12) : 1910-1916.
- [7] Henderson, C. R., 1975. Use of relationships among sires to increase accuracy of sire evaluation. J. Dairy Sci. 58 : 1751.
- [8] Kennedy, B. W. and Mexley, J. E., 1975. Comparison of genetic group and relationship methods for mixed model sire evaluation. J. Dairy Sci. 58 : 1507.
- [9] Wilmink, J. B. M. and Dommerholt J., 1985. Approximate reliability of BLUP in models with and without relationship. J. Dairy Sci. 68 : 946-952.
- [10] Steel, R. G. D. & Torrie, J. H., 1980. Principles and procedures of statistics. I. Edition. McGraw. Hill Book Com. 550.

### A COMPARISON ON ESTIMATION OF BREEDING VALUES BY BLUP AND PD PROCEDURES IN CASE OF MIXED GENERATIONS OF A SMALL SIMMENTAL HERD

Chen Youchun, Pang Zhihong

(Institute of Animal Science, CAAS)

Chang Baoshan

(Gadasu State Farm, Inner Mongolian Autonomous Region)

#### Abstract

BLUP procedures were applied as a way to evaluate ten Simmental sires with 168 daughters from the same sets of milk and body weight

records in 1980-1983, which were used to estimate the breeding values (BV) by PD ones and comparisons were made to rank the sires according BV between both procedures, while the involved BLUP ones were without and with relationship matrix, and with generation matrix in succeeding steps of algorithm. Including each of these matrices step by step caused the shift of estimated breeding values a little. The Spearman's  $r^2$ , which served as identity between ranks of sires' BVs in PD and BLUP procedures without relationship matrix, turned out to be 0.915 and with relationship and generation matrices, to be 0.836 and 0.782, respectively. The BLUP procedures could help the evaluating the accuracy of BVs by PD ones in case of small size of herd with reliabilities from 26 to 41%. In BLUP ones the reliabilities seemed to be correlated mainly with number of daughters, while that in PD ones not only with number of daughters, but with the heritabilities of the traits as well. The BLUP procedure could be used to evaluate the generation progress regardless of environmental influences.

### 第二十一届世界动物血液型和生化多态性会议

第二十一届世界动物血液型和生化多态性会议于1988年7月4—8日在意大利都灵市召开。大会由英国剑桥动物生理和遗传研究所、国际动物血液型研究协会主席Tucker教授主持。著名学者C.Stormont, J.Rendet, L.Andersson, L.Weitkamp, 等分别主持各分支学科讨论。意大利动物遗传考察所G.Sartore组织会务工作。会议出席人200余人，中国代表包括台湾在内共6名。以我国单位名义正式参加是第一次。Tucker教授说：“我们多年前就盼望中国能参加这样的会，今天终于出席了。”

会议上共提出论文149篇，专题报告14篇。我国代表提出6篇。报告的内容涉及四个方面：1.基因图谱和群体遗传，共32篇；2.疾病、基因和主要组织相容性复合体（MHC）；3.生化标记，共41篇；4.分子遗传，共38篇。并有版面展出。

在科学发展和生产要求而言，有五个方面值得今后重视：1.基因转移动物；2.基因图谱；3.疾病遗传；4.生化和分子多态性；5.肿瘤基因。这方面的主要报告有：基因转移动物在家畜改良上的应用；基因转移动物和牛奶成分的操纵；基因转移鼠在研究主要组织相容性复合体和免疫上的应用；牛基因图谱发展的策略；猪的氟烷基因研究进展；联系人类疾病的基因图谱的制作；人的组织相容性白细胞抗原（HLA）和物种进化；牛白血球病毒感染和疾病领域的遗传进展；主要组织相容性限度和东岸热病毒T细胞；等电聚焦及其他技术在生化多态性上的应用；哺乳动物血红蛋白的分子遗传；线粒体DNA在人类群体上作为遗传标记的研究，以及肿瘤遗传研究等。

中国农业科学院畜牧研究所 陈幼春 王毓英 曹红鹤