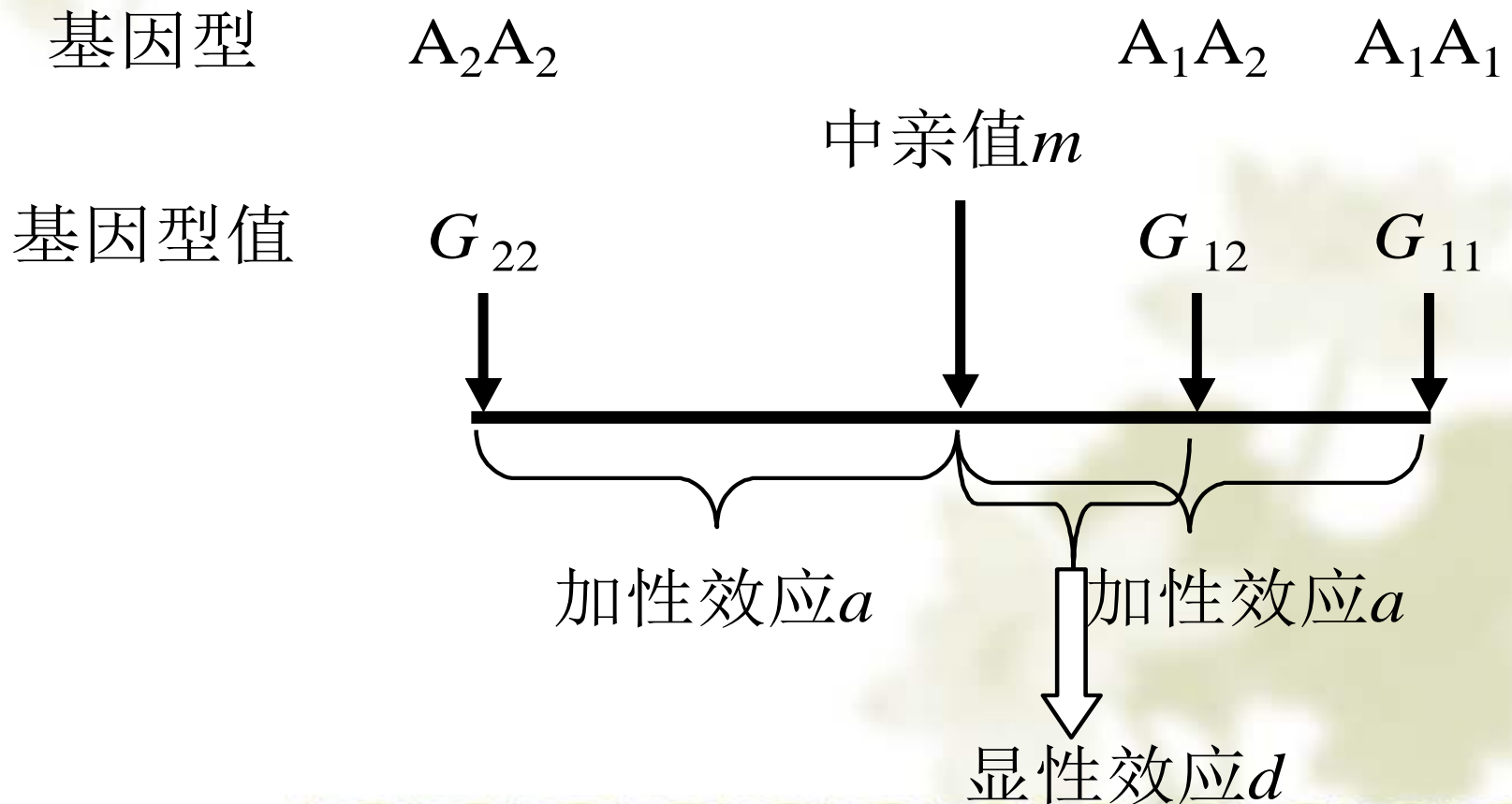


第四、五章要点回顾

加—显性模型

- ❖ 基因型A1A1, A1A2和A2A2的基因型值的分解



等位基因效应

- ❖ 等位基因A1的平均效应
- ❖ 等位基因A2的平均效应

等位基因效应的计算

| 等位基因 | 后代基因型和基因型值 | | | 后代群体平均数 | 基础群体平均数 | 等位基因效应 |
|------|-------------|-------------|--------------|----------|---------------|----------------|
| | A1A1 a | A1A2 d | A2A2 $-a$ | | | |
| A1 | p | q | | $pa+qd$ | $(p-q)a+2pqd$ | $q[a+(q-p)d]$ |
| A2 | | p | q | $-qa+pd$ | $(p-q)a+2pqd$ | $-p[a+(q-p)d]$ |

基因替代效应

- ❖ 基因替代效应 (Effect of an allele substitution) 定义
- ❖ 平均基因替换效应
- ❖ 有等位基因 A_2 的个体基因型和基因替换前后基因型值的变化

基因替代效应的计算

| 替换前 | | 替换后 | | 替换前后的 效应变化量 | 频率 |
|------|------|------|------|----------------|-----|
| 基因型 | 基因型值 | 基因型 | 基因型值 | | |
| A1A2 | d | A1A1 | a | $a-d$ | p |
| A2A2 | $-a$ | A1A2 | d | $d+a$ | q |

$$\alpha = p(a-d) + q(d+a) = a + (q-p)d$$

$$\alpha_1 = q\alpha \quad \alpha_2 = -p\alpha \quad \alpha = \alpha_1 - \alpha_2$$

个体随机交配后代的平均表现

| 个体基因型 | 后代基因型和基因型值 | | | 后代群体平均数 | 后代群体平均数与基础群体平均数的差 |
|-------|-------------|-------------|--------------|----------------|--|
| | A1A1 a | A1A2 d | A2A2 $-a$ | | |
| A1A1 | p | q | 0 | $pa+qd$ | $q[a+(q-p)d] = q\alpha$ |
| A1A2 | $p/2$ | $1/2$ | $q/2$ | $(p-q)a/2+d/2$ | $(pa+qd)/2 + (-qa+pd)/2 - \mu$ $= q\alpha/2+(-p\alpha)/2$ |
| A2A2 | 0 | p | q | $-qa+pd$ | $-p[a+(q-p)d] = -p\alpha$ |

育种值 (Breeding value)

- ❖ 定义：育种中，往往从一个个体所产生后代的平均表现去判断其育种价值，后代相对于群体平均数的平均表现为该个体的育种值的1/2，即一个个体的育种值等于其后代相对于群体平均数的平均表现为该个体的2倍。
- ❖ 个体的育种值等于它所携带的所有等位基因的基因效应的总和。如个体 A_1A_1 、 A_1A_2 和 A_2A_2 的育种值分别为

$$2\alpha_1$$

$$\alpha_1 + \alpha_2$$

$$2\alpha_2$$

显性离差

❖ 显性离差 (dominance deviation) 的定义

$$G_{ij} = \mu + g_{ij} = \mu + \alpha_i + \alpha_j + \delta_{ij} = \mu + A + D$$

随机交配群体中效应和方差的分解

随机交配群体的平均表现: $\mu = m + (p - q)a + 2pqd$

等位基因替换效应: $\alpha = a + (q - p)d$

| 基因型 | 频率 | 基因型值 | 遗传效应 | 育种值 | 显性离差 |
|------|-------|---------|---------------|-----------------|----------|
| A1A1 | p^2 | $m + a$ | $m + a - \mu$ | $2q\alpha$ | $-2q^2d$ |
| A1A2 | $2pq$ | $m + d$ | $m + d - \mu$ | $(q - p)\alpha$ | $2pqd$ |
| A2A2 | q^2 | $m - a$ | $m - a - \mu$ | $-2p\alpha$ | $-2p^2d$ |

加性方差: $V_A = p^2(2q\alpha)^2 + 2pq[(q - p)\alpha]^2 + q^2(-2p\alpha)^2 = 2pq\alpha^2$

显性方差: $V_D = p^2(-2q^2d)^2 + 2pq(2pqd)^2 + q^2(-2p^2d)^2 = 4p^2q^2d^2$

两个基因位点的模型

$$G_{ijkl} = \mu + (\alpha_i + \alpha_j + \delta_{ij}) + (\alpha_k + \alpha_l + \delta_{kl}) + I_{ijkl}$$

$$= \mu + g_{ij} + g_{kl} + I_{ijkl} = \mu + A_{ij} + B_{kl} + I_{ijkl}$$

$$I_{ijkl} = G_{ijkl} - (\mu + A_{ij} + B_{kl}) = G_{ijkl} - G_{ij..} - G_{..kl} + \mu$$

$$G = A + D + I$$

- ❖ 随机交配群体中，平均育种值、平均显性离差和平均上位性离差的均值均为0，且三者之间无相关。

植物育种中常见亲属间的协方差

| 个体 X 和 Y 的类型 | V_A 的系数 ($2f_{XY}$) | V_D 的系数 (Δ_{XY}) |
|--------------------|-------------------------|-----------------------------|
| 亲代和子代 | $\frac{1}{2}$ | 0 |
| 半同胞 | | |
| 非近交共同亲本 | $\frac{1}{4}$ | 0 |
| 任意亲本 F | $\frac{1+F}{4}$ | 0 |
| 全同胞 | | |
| 非近交共同亲本 | $\frac{1}{2}$ | $\frac{1}{4}$ |
| 任意亲本 F_A 和 F_B | $\frac{2+F_A+F_B}{4}$ | $\frac{(1+F_A)(1+F_B)}{4}$ |

第六章

遗传交配设计与遗传方差的估计

方差分析的线性模型

简介 (附录第六节)

遗传交配设计

- ❖ **环境设计 (Environmental design)**
 - ⌚ 随机、局部控制、重复
 - ⌚ 问题：它们的作用是什么？
- ❖ **遗传交配设计 (Mating design) 定义**
- ❖ **参照群体 (Reference population) 或基础群体 (Base population)**

遗传交配设计的类型

- ❖ 双亲杂交设计 (BIP)
- ❖ 单因子遗传设计 (One-factor design)
- ❖ 双因子巢式类型设计 (NCI)
- ❖ 双因子交叉式类型设计 (NCII)
- ❖ 回交系统类型设计 (NCIII)
- ❖ 双列杂交类型设计 (Diallel cross design)

实施遗传交配设计的四个步骤

- ❖ 创造一种或多种类型的家系
 - ☞ 半同胞家系、测交组合、全同胞家系、重组近交家系，甚至是克隆家系等
- ❖ 在一组环境下评价家系的表现
- ❖ 从方差分析的均方估计方差成分
- ❖ 根据方差成分和遗传方差之间的关系，进一步估计遗传方差和遗传力

基本概念

- ❖ 家系 (Progenies or families)
- ❖ 目标环境群体 (TPE: target population of environments)
 - ❧ 评价家系的一组环境是目标环境群体的一个样本。因此在基因型和环境互作分析中，一般把环境效应设定为随机效应。
- ❖ 平衡数据 (Balanced data)
- ❖ 非平衡数据：混和模型 (mixed model)

双亲杂交设计

| 交配类型 | 频率 | F ₂ 随机交配产生的家系世代 | |
|---------|----------------|----------------------------|------------------------------------|
| | | 家系平均数 | 家系内方差 |
| AA × AA | $\frac{1}{16}$ | a | 0 |
| AA × Aa | $\frac{1}{4}$ | $\frac{1}{2}(a + d)$ | $\frac{1}{4}(a - d)^2$ |
| AA × aa | $\frac{1}{8}$ | d | 0 |
| Aa × Aa | $\frac{1}{4}$ | $\frac{1}{2}d$ | $\frac{1}{2}a^2 + \frac{1}{4}d^2$ |
| Aa × aa | $\frac{1}{4}$ | $\frac{1}{2}(d - a)$ | $\frac{1}{4}(a + d)^2$ |
| aa × aa | $\frac{1}{16}$ | $-a$ | 0 |
| 平均 | | $\frac{1}{2}d$ | $\frac{1}{4}a^2 + \frac{1}{16}d^2$ |

BIP家系世代的遗传方差

- ❖ BIP家系世代的方差可分解为家系平均数的方差 $V(\text{家系间})$ 和家系内方差的平均 $V(\text{家系内})$ 两部分：

$$V(\text{家系间}) = \frac{1}{4}a^2 + \frac{3}{16}d^2 = \frac{1}{2}V_A + \frac{3}{4}V_D$$

$$V(\text{家系内}) = \frac{1}{4}a^2 + \frac{1}{16}d^2 = \frac{1}{2}V_A + \frac{1}{4}V_D$$

BIP家系世代的表型方差

❖ 考虑环境方差 V_{Ew} 和 V_{Ec} 有:

$$V(\text{家系间}) = \frac{1}{2}V_A + \frac{1}{4}V_D + V_{Ec}$$

❖ 总的表型方差为

$$V_P = V_A + V_D + V_{Ec} + V_{Ew}$$

单因子设计

- ❖ 单因子试验 (One-factor design)
- ❖ 假定有 n 个家系，按照 r 次重复的随机区组设计，在 e 个环境中进行种植，有以下线性模型：

$$y_{lik} = \mu + e_l + r_{k(l)} + f_i + (fe)_{il} + \varepsilon_{lik}$$

单因子设计的方差分析

| 变异来源 | 自由度 | 均方 | 随机模型的期望均方 |
|-------------|---------------|------------------|-----------------------------------|
| 环境间(E) | $e-1$ | | |
| 环境内重复间(R/E) | $(r-1)e$ | | |
| 家系间(F) | $n-1$ | MS_F | $V_\varepsilon + rV_{FE} + reV_F$ |
| 家系×环境(FE) | $(n-1)(e-1)$ | MS_{FE} | $V_\varepsilon + rV_{FE}$ |
| 机误 | $(n-1)(r-1)e$ | MS_ε | V_ε |

❖ 家系间的方差估计为
$$V_F = \frac{MS_F - MS_{FE}}{re}$$

❖ 家系间方差的显著性
$$F = \frac{MS_F}{MS_{FE}} \sim F[(n-1), (n-1)(e-1)]$$

不同家系间的方差的遗传解释

- ❖ 半同胞家系：
$$V_F = \frac{1+F}{4} V_A \quad V_A = \frac{4}{1+F} V_F$$
- ❖ 测交组合家系：
$$V_F = \frac{1+F}{2} V(\alpha_i^T) \quad V(\alpha_i^T) = \frac{2}{1+F} V_F$$
- ❖ 全同胞家系：
$$V_F = \frac{1+F}{2} V_A + \frac{(1+F)^2}{4} V_D$$
- ❖ 重组近交家系：
$$V_F = 2V_A \quad V_A = \frac{1}{2} V_F$$
- ❖ 克隆家系：
$$V_F = V_A + V_D + V_I$$

带有多个试验组的单因素设计

- ❖ 假定有 s 个试验组，每组有 n 个家系，按照 r 次重复的随机区组设计在 e 个环境中进行种植，有以下线性模型：

$$y_{tlik} = \mu + s_t + e_l + (se)_{tl} + r_{k(tl)} + f_{i(t)} + (fe)_{il(t)} + \varepsilon_{tlik}$$

- ❖ 家系平均数的方差 $V_{\bar{y}} = \frac{V_{\varepsilon}}{re} + \frac{V_{FE}}{e}$

- ❖ 利用家系平均数估计的遗传力为 $h^2 = \frac{V_F}{V_F + V_{\bar{y}}}$

带有多个试验组的单因素设计的方差分析

| 变异来源 | 自由度 | 均方 | 随机模型的期望均方 |
|------------------|----------------|--------------------|-------------------------------------|
| 试验组间(用 S 表示) | $s-1$ | | |
| 环境间(E) | $e-1$ | | |
| 试验组×环境间(SE) | $(e-1)(s-1)$ | | |
| 试验组×环境内区组间(R/SE) | $(r-1)se$ | | |
| 试验组内家系间(F/S) | $(n-1)s$ | $MS_{F/S}$ | $V_{\varepsilon} + rV_{FE} + reV_F$ |
| 试验组内家系×环境间(FE/S) | $(n-1)(e-1)s$ | $MS_{FE/S}$ | $V_{\varepsilon} + rV_{FE}$ |
| 机误 | $(n-1)(r-1)se$ | MS_{ε} | V_{ε} |

一个半同胞家系的单因素设计的方差分析

| 变异来源 | 自由度 | 均方 | 随机模型的期望均方 |
|-------------|-------------------|-----------------------|-----------------------------------|
| 环境间(E) | $e-1=2$ | | |
| 环境内区组间(R/E) | $(r-1)e=3$ | | |
| 家系间(F) | $(n-1)=59$ | $MS_F=14.36$ | $V_\varepsilon + rV_{FE} + reV_F$ |
| 家系 × 环境(FE) | $(n-1)(e-1)=118$ | $MS_{FE}=6.18$ | $V_\varepsilon + rV_{FE}$ |
| 机误 | $(n-1)(r-1)e=177$ | $MS_\varepsilon=4.00$ | V_ε |

遗传参数的估计

$$V_F = \frac{MS_F - MS_{FE}}{re} = \frac{14.36 - 6.18}{2 \times 3} = 1.36$$

$$V_A = \frac{4}{1 + F} V_F = \frac{4}{1 + 0.5} \times 1.36 = 3.63$$

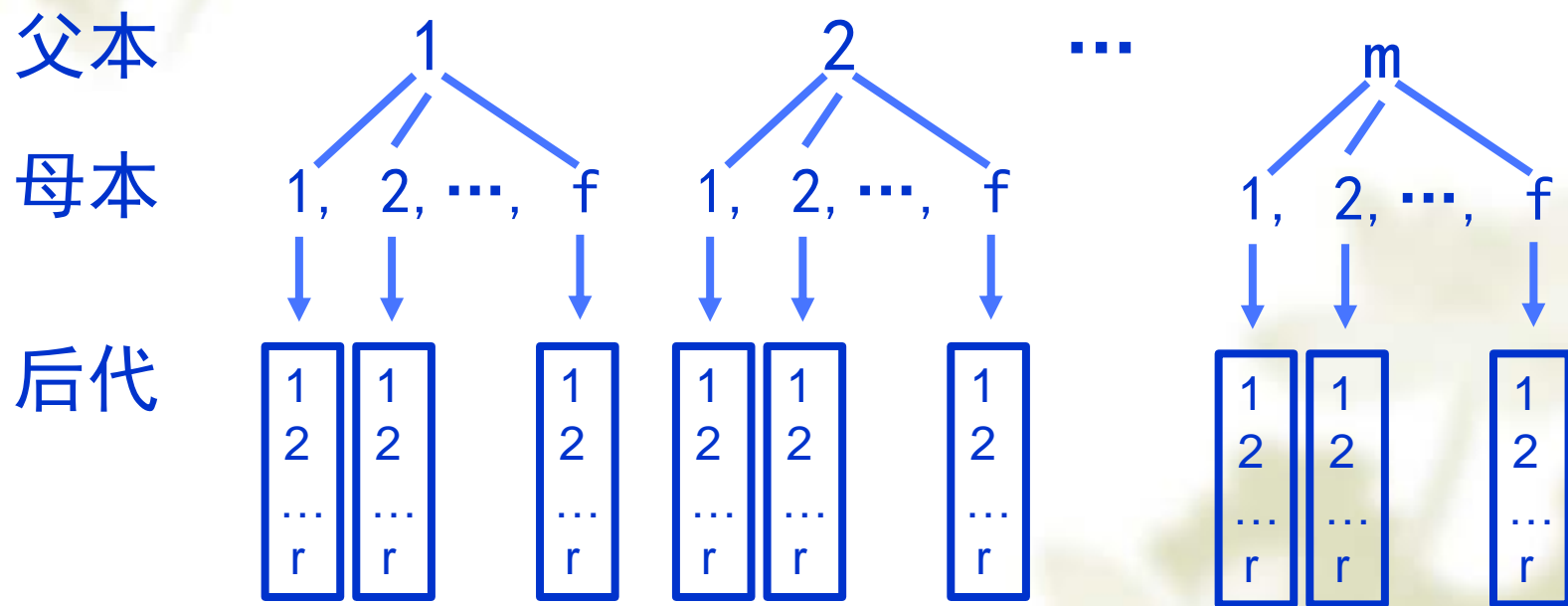
$$V_{\bar{y}} = \frac{MS_{FE}}{re} = \frac{6.18}{2 \times 3} = 1.03 \quad h^2 = \frac{V_F}{V_F + V_{\bar{y}}} = 57\%$$

巢式设计（NCI设计）

- ❖ 从一个群体中随机挑选若干个个体作为父本，对每一父本，再随机挑选若干个个体作为母本与之杂交，因此有多少父本就有多少组母本，但每一母本只交配一次。
- ❖ 如有 m 个父本，每一父本与 f 个不同的母本杂交，计有 $m + mf$ 个个体作亲本，交配得到 mf 个全同胞家系，假设每个家系观察 r 个个体。

NCI遗传交配设计

❖ NCI遗传交配设计示意图



❖ 每组母本互不相同

NCI设计的线性模型

- ❖ Y_{tijk} : 第 t 个试验组在第 l 个环境下的第 i 个父本和第 j 个母本的杂交组合的第 k 个观测值

$$y_{tijk} = \mu + s_t + e_l + (se)_{tl} + r_{k(tl)} + m_{i(t)} + f_{j(it)} \\ + (me)_{jl(mt)} + (fe)_{jl(mt)} + \varepsilon_{tijk}$$

NCI设计的方差分析

| 变异来源 | 自由度 | 均方 | 随机模型的期望均方 |
|---------------------------|---------------------|------------------|---|
| 试验组间(S) | $s - 1$ | | |
| 环境间(E) | $e - 1$ | | |
| 试验组 × 环境间(SE) | $(e - 1)(s - 1)$ | | |
| 试验组 × 环境内重复间(R/SE) | $(r - 1)se$ | | |
| 试验组内雄亲间(M/S) | $(m - 1)s$ | MS_M | $V_\varepsilon + rV_{FE} + rfV_{EM} + reV_F + refV_M$ |
| 试验组 × 雄亲内雌亲间(F/MS) | $(f - 1)ms$ | MS_F | $V_\varepsilon + rV_{FE} + reV_F$ |
| 试验组内雄亲 × 环境间(ME/S) | $(e - 1)(m - 1)s$ | MS_{ME} | $V_\varepsilon + rV_{FE} + rfV_{ME}$ |
| 试验组 × 雄亲内的雌亲 × 环境间(FE/MS) | $(e - 1)(f - 1)ms$ | MS_{FE} | $V_\varepsilon + rV_{FE}$ |
| 机误 | $(mf - 1)(r - 1)se$ | MS_ε | V_ε |

遗传参数估计

$$V_A = \frac{4}{1+F} V_M \quad V_F = \frac{1+F}{4} V_A + \frac{(1+F)^2}{4} V_D$$

$$V_D = \frac{4}{(1+F)^2} (V_{F/M} - V_M)$$

NCI设计实例

| 变异来源 | 自由度 | 平方和 (SS) | 均方 (MS) | 期望均方 (EMS) |
|------------------|--------------------------|-------------------------|-----------------------|------------------------------------|
| 重复间(R) | $(r-1)=1$ | | | |
| 雄亲间(M) | $(m-1)=3$ | $SS_M=456.86$ | $MS_M=152.29$ | $V_\varepsilon + rV_{F/M} + rfV_M$ |
| 雄亲内的雌亲 间(F/M) | $(f-1)m=40$ | $SS_{F/M}=1109.02$ | $MS_{F/M}=27.72$ | $V_\varepsilon + rV_{F/M}$ |
| 机误 | $(mf-1)(r-1)$ =43 | $SS_\varepsilon=292.73$ | $MS_\varepsilon=6.81$ | V_ε |

遗传参数的估计

$$V_M = \frac{MS_M - MS_{F/M}}{rf} = \frac{152.29 - 27.72}{22} = 5.66$$

$$V_{F/M} = \frac{MS_{F/M} - MS_\varepsilon}{r} = \frac{27.72 - 6.81}{2} = 10.66$$

$$V_A = \frac{4}{1+F} V_M = 4V_M = 22.84$$

$$V_D = \frac{4}{(1+F)^2} (V_{F/M} - V_M) = 4(V_{F/M} - V_M) = 20.00$$

NCII遗传交配设计（因子设计）

❖ NCII设计的特点

❖ **线性模型** $y_{tijk} = \mu + s_t + e_l + (se)_{tl} + r_{k(tl)} + m_{i(t)} + f_{j(t)} + (mf)_{ij(t)}$
 $+ (me)_{il(t)} + (fe)_{jl(t)} + (mfe)_{ijl(t)} + \varepsilon_{mlik}$

❖ 父本方差的估计和显著性测验及统计量自由度有：

$$V_M = \frac{1}{ref} [(MS_M + MS_{MFE}) - (MS_{MF} + MS_{ME})]$$

$$F = \frac{MS_M + MS_{MFE}}{MS_{MF} + MS_{ME}} \sim F(df_1, df_2) \quad df = \frac{(MS_1 + MS_2)^2}{\frac{MS_1}{df_{MS1}} + \frac{MS_2}{df_{MS2}}}$$

因子设计中的母本方差

❖ 方差的估计

$$V_F = \frac{1}{rem} [(MS_F + MS_{MFE}) - (MS_{MF} + MS_{FE})]$$

❖ 显著性测验

$$F = \frac{MS_F + MS_{MFE}}{MS_{MF} + MS_{FE}} \sim F(df_1, df_2)$$

❖ 自由度参照父本方差 V_M

因子设计中的父母本交互作用

❖ 交互作用方差 $V_{MF} = \frac{1}{re} (MS_{MF} - MS_{MFE})$

❖ 显著性测验 $F = \frac{MS_{MF}}{MS_{MFE}} \sim F[(m-1)(f-1)s, (m-1)(f-1)(e-1)s]$

❖ 父本和母本加性方差估计值

$$V_A = \frac{4}{1+F} V_M \quad V_A = \frac{4}{1+F} V_F$$

利用父母本交互作用方差估计 显性效应方差

❖ 显性效应的估计方法

由 $V_{MF} = V_{FS} - V_M - V_F = Cov_{FS} - 2Cov_{HS} = \frac{(1+F)^2}{4} V_D$

得 $V_D = \frac{4}{(1+F)^2} V_{MF}$

群体间因子设计

❖ 群体间因子设计 (Inter-population factorial design)

❖ 测交效应方差

$$V_A^{P1} = \frac{2}{1+F} V_M$$

$$V_A^{P2} = \frac{2}{1+F} V_F$$

❖ 显性离差方差

$$V_D^{P1 \times P2} = \frac{4}{(1+F)^2} V_{MF}$$

因子设计 (NCII) 实例

| 变异来源 | 自由度 | 均方 | 期望均方 |
|-----------|-------------------|-----------------------|-----------------------------------|
| 重复间(R) | $r-1=2$ | 2.90 | |
| 父本间(M) | $m-1=3$ | $MS_M=114.57$ | $V_\varepsilon + rV_{MF} + rfV_M$ |
| 母本间(F) | $f-1=4$ | $MS_F=57.43$ | $V_\varepsilon + rV_{MF} + rmV_F$ |
| 父本×母本(MF) | $(m-1)(f-1)=12$ | $MS_{MF}=8.56$ | $V_\varepsilon + rV_{MF}$ |
| 机误 | $(mf-1)(r-1)r=38$ | $MS_\varepsilon=1.81$ | V_ε |

遗传参数的估计

$$V_A = \frac{4}{1+F} V_M = \frac{4}{1+F} \frac{MS_M - MS_{MF}}{rm} = 28.26$$

$$V_A = \frac{4}{1+F} V_F = \frac{4}{1+F} \frac{MS_F - MS_{MF}}{rf} = 16.30$$

$$V_D = \frac{4}{(1+F)^2} V_{MF} = \frac{4}{(1+F)^2} \frac{MS_{MF} - MS_\varepsilon}{r} = 11.16$$

$$V_A = 22.28 \quad h^2 = \frac{V_A}{V_A + V_D + V_\varepsilon} = 67\%$$

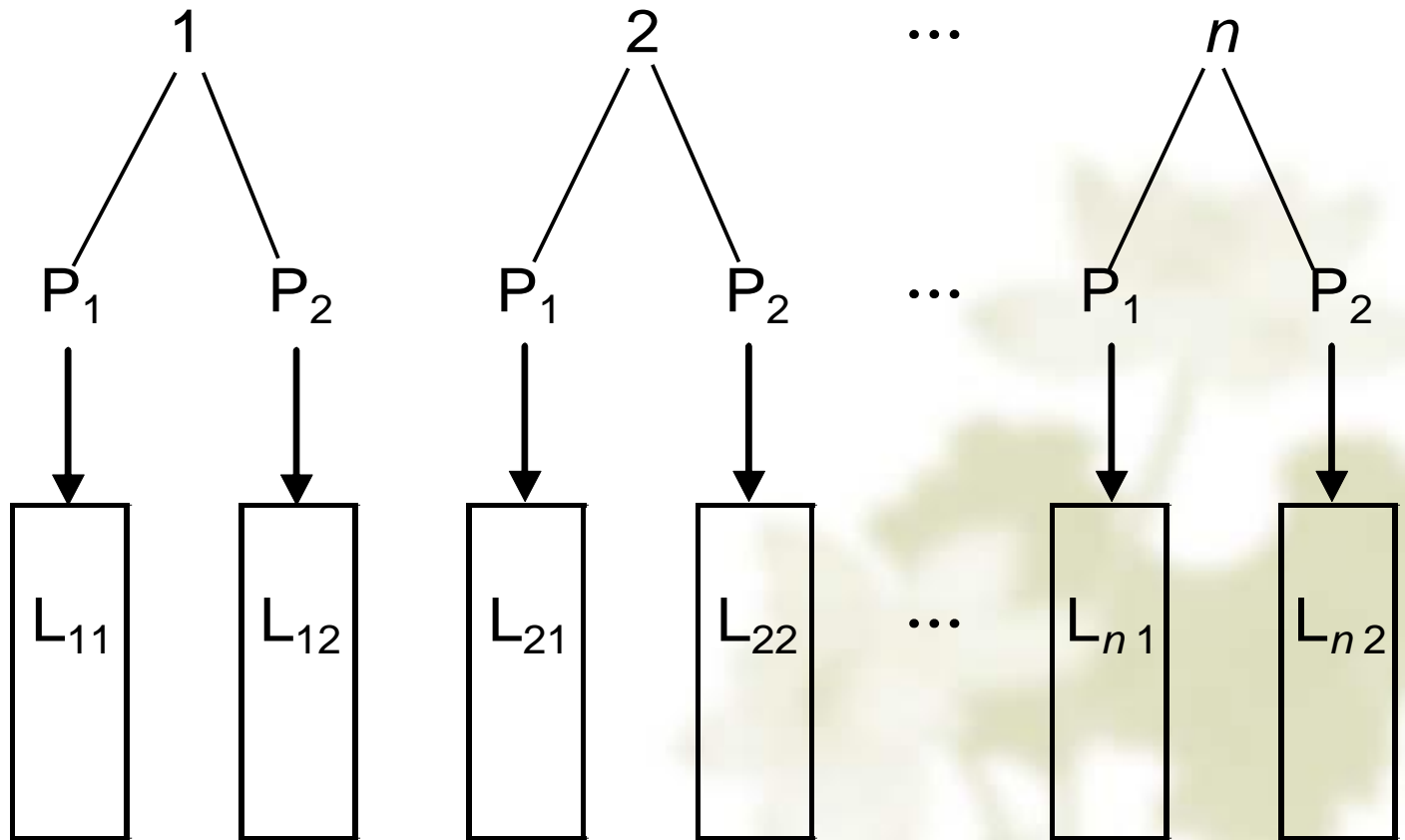
NCIII遗传交配设计

- ❖ NCIII (North Carolina Design III) 设计
- ❖ NCIII遗传交配设计示意图

F₂随机个体
作为父本

亲本P₁和P₂
作为母本

后代



NCIII遗传交配设计的方差分析

- ❖ 方差分析的线性模型 $y_{tik} = S_t + r_{k(t)} + m_{i(s)} + \varepsilon_{ijk}$
- ❖ 方差分析表

| 变异来源 | 自由度 | 均方 | 随机模型的期望均方 |
|-------------------------------|---------------|------------------|------------------------|
| 试验组间(S) | $s-1$ | | |
| 试验组内重复间(R/S) | $(r-1)s$ | | |
| 试验组内 F ₂ 个体亲间(M/S) | $(n-1)s$ | MS_M | $V_\varepsilon + rV_M$ |
| 机误 | $(r-1)(n-1)s$ | MS_ε | V_ε |

NCIII遗传交配设计中F₂个体和两亲本回交家系间的方差及两个家系的和与差的方差

| F ₂ 基因型和频率 | P ₁ : AA (L ₁) | P ₂ : aa (L ₂) | (L ₁ +L ₂) | (L ₁ -L ₂) |
|-----------------------|---|--|-----------------------------------|-----------------------------------|
| AA, $\frac{1}{4}$ | AA, a | Aa, d | $a+d$ | $a-d$ |
| Aa, $\frac{1}{2}$ | $\frac{1}{2}$ AA + $\frac{1}{2}$ Aa, $\frac{1}{2}(a+d)$ | $\frac{1}{2}$ Aa + $\frac{1}{2}$ aa, $\frac{1}{2}(-a+d)$ | d | a |
| aa, $\frac{1}{4}$ | Aa, d | aa, $-a$ | $-a+d$ | $a+d$ |
| 平均数 | $\frac{1}{2}(a+d)$ | $\frac{1}{2}(a-d)$ | d | a |
| 方差 | $\frac{1}{8}(a-d)^2$ | $\frac{1}{8}(a+d)^2$ | $\frac{1}{2}a^2$ | $\frac{1}{2}d^2$ |

NCIII遗传交配设计中 F2个体间的方差

- ❖ 由期望均方得方差 $V_M = \frac{MS_M - MS_\varepsilon}{r}$
- ❖ 方差分析的数据是 (L_1+L_2) ，则 $V_A=V_M$
- ❖ 方差分析的数据是 (L_1-L_2) ，则 $V_D=\frac{1}{2} V_M$

双列杂交设计

- ❖ 双列杂交设计 (Diallel cross design)
- ❖ 双列杂交设计的分析方法
- ❖ 一般配合力 (GCA, general combining ability)
- ❖ 特殊配合力 (SCA, specific combining ability)
- ❖ 双列杂交设计类型
 - ⌘ 完全双列杂交设计
 - ⌘ 部分双列杂交设计

Griffing分析方法

- ❖ 固定模型
- ❖ 随机模型
- ❖ 一般配合力方差

$$V_{GCA} = \frac{1}{re(p-2)} [(MS_{GCA} + MS_{SCA \times E}) - (MS_{SCA} + MS_{GCA \times E})]$$

- ❖ 测验统计量 $F = \frac{MS_{GCA} + MS_{SCA \times E}}{MS_{SCA} + MS_{GCA \times E}}$

- ❖ 特殊配合力方差 $V_{SCA} = \frac{1}{re} (MS_{SCA} - MS_{SCA \times E})$

一般配合力方差和特殊配合力方差

❖ 忽略上位性时，一般配合力方差

$$V_{GCA} = \frac{1+F}{4} V_A \quad V_A = \frac{4}{1+F} V_{GCA}$$

❖ 特殊配合力方差

$$V_{SCA} = Cov_{FS} - 2Cov_{HS} = \frac{(1-F)^2}{4} V_D$$

$$V_D = \frac{4}{(1+F)^2} V_{SCA}$$

Hayman分析方法的数学模型

❖ 母体效应的线性模型

$$y_{ijkl} = \mu + c_i + g_{ij} + b_k + (bg)_{ijk} + e_{ijkl}$$

❖ 以小区为单位的模型

$$y_{ijk} = \mu + c_i + g_{ij} + b_k + e_{ijk}$$

❖ 组合的遗传效应分解

$$g_{ij} = f_i + m_j + (fm)_{ij}$$

❖ 变异和自由度可分解为四个部分

(a) 加性效应 (b) 显性效应

(c) 平均的母性效应 (每个家系)

(d) 测定正反交效应中不属于 (c) 的其余效应

完全双列杂交设计的数据结构

| 个体 | 1 | 2 | ... | p | 和 |
|-----|---------------|---------------|-----|---------------|------------------|
| 1 | X_{11} | X_{12} | ... | X_{1p} | $X_{1\cdot}$ |
| 2 | X_{21} | X_{22} | ... | X_{2p} | $X_{2\cdot}$ |
| ... | ... | ... | ... | ... | ... |
| p | X_{p1} | X_{p2} | ... | X_{pp} | $X_{p\cdot}$ |
| 和 | $X_{\cdot 1}$ | $X_{\cdot 2}$ | ... | $X_{\cdot p}$ | $X_{\cdot\cdot}$ |

完全双列杂交自由度的分解

| | 数据的个数 | 自由度 | 测定的效应 |
|-----------------|---------------------|-------------------------|-----------------------------------|
| 正反 交差 | $\frac{1}{2}p(p-1)$ | $p-1$ | (c) 测定母性效应 |
| | | $\frac{1}{2}(p-1)(p-2)$ | (d) 测定 (正反交效应 - 母性效应) |
| 正反 交和 b | $\frac{1}{2}p(p+1)$ | $p-1$ | (a) 加性效应 |
| | | $\frac{1}{2}p(p-1)$ | (b) 显性效应 |
| | b_1 | 1 | 自交对杂交或者 F_1 对中亲 (MP) 的方向显性 |
| | | $(p-1)$ | 测定双列中 F_1 显性离差 $X_{ij} - MP$ |
| | | $\frac{1}{2}p(p-3)$ | 测定显性离差部分, 相当于 Griffing 分析方法的特殊配合力 |

完全双列杂交的方差分析 (完全随机设计)

| 变异来源 | 自由度 | 均方 | 期望均方 |
|-------|------------|------------------|-----------------------------------|
| 父本间 | $p-1$ | MS_M | $V_\varepsilon + rV_{MF} + prV_M$ |
| 母本间 | $p-1$ | MS_F | $V_\varepsilon + rV_{MF} + prV_F$ |
| 父本×母本 | $(p-1)^2$ | MS_{MF} | $V_\varepsilon + rV_{MF}$ |
| 家系内 | $p^2(r-1)$ | MS_ε | V_ε |

自交和随机交配群体的双列杂交 分析中方差分量的含义

| 变异来源 | 亲本为随机交配群体中的个体 | 亲本为自交系 |
|----------------------|---|------------------------|
| 父本间 (V_M) | $V_M = \frac{1}{4}V_A + V_{Ec}$ | $V_M = \frac{1}{2}V_A$ |
| 母本间 (V_F) | $V_F = \frac{1}{4}V_A + V_{Ec}$ | $V_F = \frac{1}{2}V_A$ |
| 父本×母本 (V_{MF}) | $V_{MF} = \frac{1}{4}V_D$ | $V_{MF} = V_D$ |
| 家系内 (V_{Within}) | $V_{Within} = \frac{1}{2}V_A + \frac{3}{4}V_D + V_{Ew}$ | $V_{Within} = V_E$ |
| 总计 | $V_A + V_D + V_{Ec} + V_{Ew} = V_A + V_D + V_E$ | $V_A + V_D + V_E$ |

Hayman分析方法的原理

❖ 一对等位基因双列杂交的方差和协方差

| | | | |
|----------|------------------------|------------------------|--------------------------|
| 亲本 | AA, a | aa, $-a$ | 平均数 |
| AA, a | AA, a | Aa, d | $\frac{1}{2}(a + d)$ |
| aa, $-a$ | Aa, d | aa, $-a$ | $\frac{1}{2}(-a + d)$ |
| 平均数 r | $\frac{1}{2}(a + d)$ | $\frac{1}{2}(-a + d)$ | $\frac{1}{2}d$ |
| V_r | $\frac{1}{4}(a - d)^2$ | $\frac{1}{4}(a + d)^2$ | $\frac{1}{4}(a^2 + d^2)$ |
| W_r | $\frac{1}{2}a(a - d)$ | $\frac{1}{2}a(a + d)$ | $\frac{1}{2}d^2$ |

Hayman分析方法中纯合亲本的有关方差（以上页图表为例）

❖ AA行的方差

$$V_{r(AA)} = \frac{1}{2} a^2 + \frac{1}{2} d^2 - \left[\frac{1}{2} (a + d) \right]^2 = \frac{1}{4} (a - d)^2$$

❖ aa行的方差

$$V_{r(aa)} = \frac{1}{2} d^2 + \frac{1}{2} (-a)^2 - \left[\frac{1}{2} (d - a) \right]^2 = \frac{1}{4} (a + d)^2$$

❖ 行方差的平均

$$\bar{V}_r = \frac{1}{2} \left[\frac{1}{4} (a + d)^2 + \frac{1}{4} (a - d)^2 \right] = \frac{1}{4} (a^2 + d^2)$$

❖ 行平均数的方差

$$V_{\bar{r}} = \frac{1}{2} \left[\left[\frac{1}{2} (a + d) \right]^2 + \left[\frac{1}{2} (-a + d) \right]^2 \right] - \left(\frac{1}{2} d \right)^2 = \frac{1}{4} a^2$$

纯合亲本与其对应的非共同亲本之间的协方差

❖ 对AA行家系

$$W_{r(AA)} = \frac{1}{2}a \times a + \frac{1}{2}(-a) \times d - \frac{1}{2}(a+d) \times 0 = \frac{1}{2}a(a-d)$$

❖ 对aa行家系

$$W_{r(aa)} = \frac{1}{2}a \times d + \frac{1}{2}(-a) \times (-a) - \frac{1}{2}(-a+d) \times 0 = \frac{1}{2}a(a+d)$$

❖ AA与aa行的协方差平均为

$$\bar{W}_r = \frac{1}{2} \left[\frac{1}{2}a(a-d) + \frac{1}{2}a(a+d) \right] = \frac{1}{2}a^2$$

行方差 (家系间的) 与行协方差 (家系与非共同亲本间的) 的关系

❖ 行间方差的差值:

$$\Delta V_r = \frac{1}{4}(a+d)^2 - \frac{1}{4}(a-d)^2 = ad$$

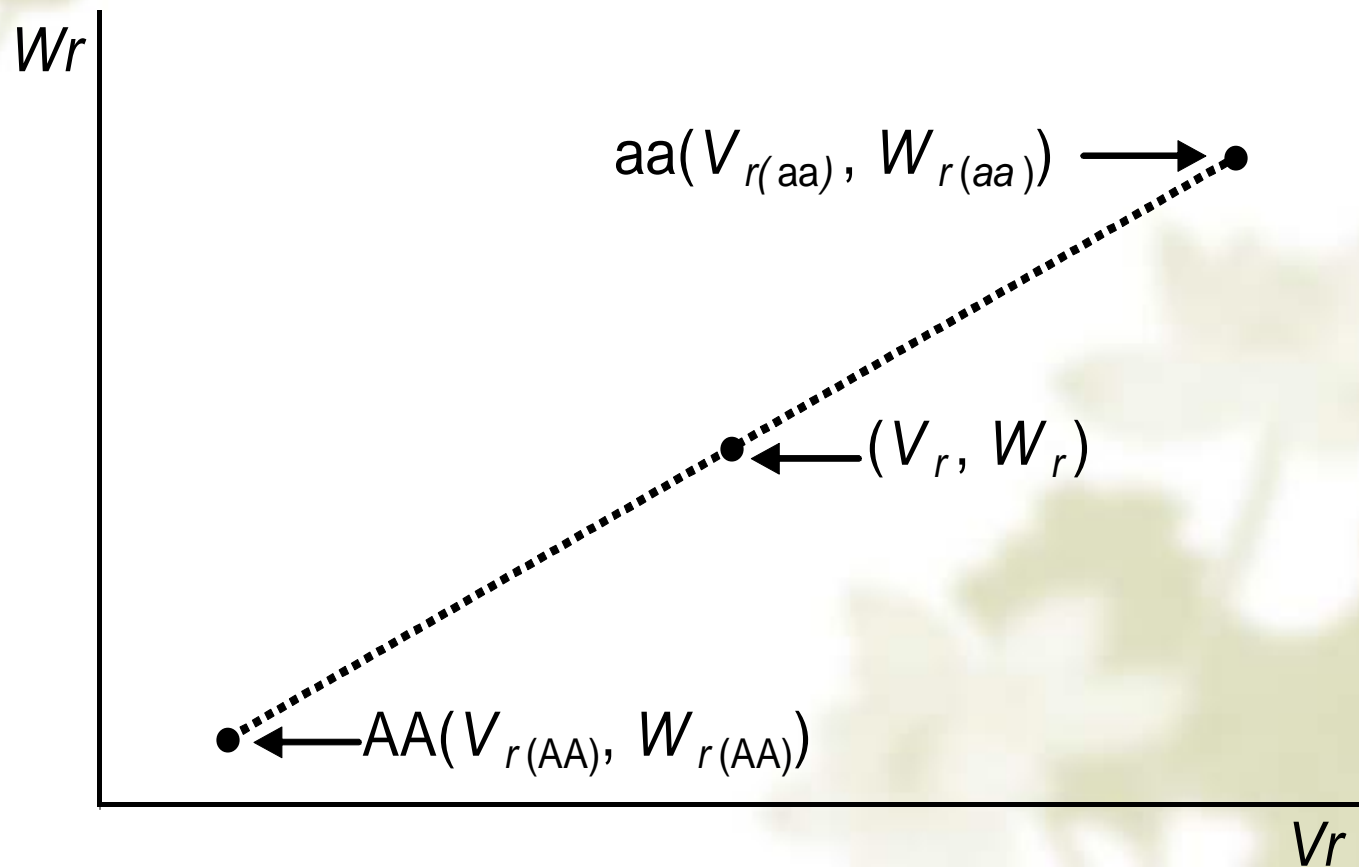
$$\Delta W_r = \frac{1}{2}a(a+d) - \frac{1}{2}a(a-d) = ad$$

❖ 以 V_r 为横坐标, W_r 为纵坐标, 则点 $[V_{r(AA)}, W_{r(AA)}]$ 和点 $[V_{r(aa)}, W_{r(aa)}]$ 连成直线的斜率为

$$\beta_1 = \frac{\Delta W_r}{\Delta V_r} = \frac{ad}{ad} = 1$$

❖ 截距为 $\beta_0 = \bar{W}_r - \beta_1 \bar{V}_r = \frac{1}{2}a^2 - \frac{1}{4}(a^2 + d^2) = \frac{1}{4}(a^2 - d^2)$

双列杂交设计中的方差和协方差关系



综合分析

- ❖ 回归系数是否为1可以检验基因的效应是否属于加性-显性模型。
- ❖ 若 $H_0: \beta_1 = 1$ 被接受，则具有较多显性基因的公共亲本位于回归线的左下方，而较少显性基因的公共亲本位于回归线的右上方（见上页图）。
- ❖ 回归截距 β_0 是对平均显性度的度量。

对非加性效应的检验

❖ 行方差与行协方差之和：

$$W_{r(AA)} + V_{r(AA)} = \frac{1}{2}a(a-d) + \frac{1}{4}(a-d)^2 = \left(\frac{3}{4}a - \frac{1}{4}d\right)(a-d)$$

$$W_{r(aa)} + V_{r(aa)} = \frac{1}{2}a(a+d) + \frac{1}{4}(a+d)^2 = \left(\frac{3}{4}a + \frac{1}{4}d\right)(a+d)$$

显然若各个公共亲本的 $V_r + W_r$ 彼此间差异显著，表明显性效应存在，即 $d \neq 0$ ；若无显著差异，则显性效应不存在。

对上位性的检验

❖ 行方差与行协方差之差

$$W_{r(AA)} - V_{r(AA)} = \frac{1}{2}a(a-d) + \frac{1}{4}(a-d)^2 = \frac{1}{4}(a^2 - d^2)$$

$$W_{r(aa)} - V_{r(aa)} = \frac{1}{2}a(a+d) + \frac{1}{4}(a+d)^2 = \frac{1}{4}(a^2 - d^2)$$

若各个公共亲本的 $W_r - V_r$ 之间有显著的差异, 则表明有上位性存在; 如无显著差异, 则表明不存在上位性效应。

综 述

- ❖ 首先求正反交组合的平均数, 然后计算 W_{r_i} 和 V_{r_i} , 最后对 W_{r_i} 依 V_{r_i} 作回归分析。
- ❖ 作回归分析时可用 t 测验检验 W_{r_i} 依 V_{r_i} 的回归系数是否等于1, 若不显著, 说明不存在上位性, 可以继续分析加性、显性方差。
- ❖ 对 W_{r_i} 依 V_{r_i} 的分析, 采用方差分析的方法, 分析 $W_{r_i} + V_{r_i}$ 和 $W_{r_i} - V_{r_i}$ 的显著性。若 $W_{r_i} - V_{r_i}$ 差异不显著, 说明加性-显性模型是适合的; 若 $W_{r_i} + V_{r_i}$ 差异显著, 说明显性作用存在。

TTC设计

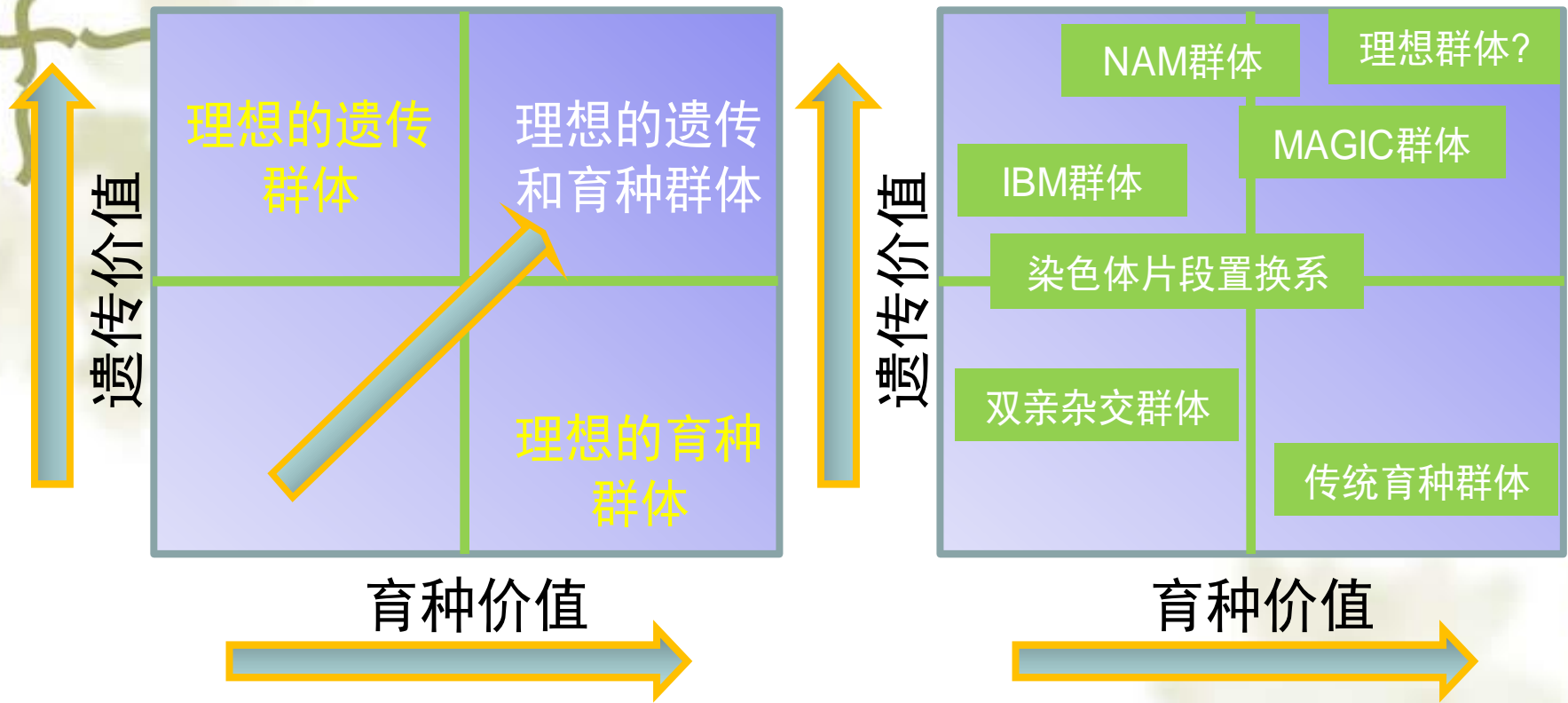
- ❖ TTC即三重测交法 (Triple test cross design)
- ❖ TTC设计分析的原理
 - * 测验上位性的存在
 - * 检测单个 $\bar{L}_{i1} + \bar{L}_{i2} - 2\bar{L}_{i3}$ 值是否为0
 - * 资料的联合分析
 - * 测验加性和显性效应的作用

加性—显性模型下三重测交分析

| | P ₁ | P ₂ | F ₁ | | | |
|------------------|----------------------|----------------------|--------------------|--|-------------------------------|---|
| F ₂ | \bar{L}_{i1} | \bar{L}_{i2} | \bar{L}_{i3} | $\bar{L}_{i1} + \bar{L}_{i2} + \bar{L}_{i3}$ | $\bar{L}_{i1} - \bar{L}_{i2}$ | $\bar{L}_{i1} + \bar{L}_{i2} - 2\bar{L}_{i3}$ |
| $\frac{1}{4}$ AA | a | d | $\frac{1}{2}(a+d)$ | $\frac{3}{2}(a+d)$ | $a-d$ | 0 |
| $\frac{1}{2}$ Aa | $\frac{1}{2}(a+d)$ | $\frac{1}{2}(d-a)$ | $\frac{1}{2}d$ | $\frac{3}{2}d$ | a | 0 |
| $\frac{1}{4}$ aa | d | $-a$ | $\frac{1}{2}(d-a)$ | $\frac{3}{2}(d-a)$ | $a+d$ | 0 |
| 方差 | $\frac{1}{8}(a-d)^2$ | $\frac{1}{8}(a+d)^2$ | $\frac{1}{8}d^2$ | $\frac{9}{8}a^2$ | $\frac{1}{2}d^2$ | 0 |

基因组时代的遗传交配设计 和分析方法研究

- ❖ 研究新的遗传交配设计
- ❖ 研究特殊遗传和育种群体的遗传分析方法
- ❖ 研究基因/QTL精细定位研究新的遗传交配设计的方法和途径
- ❖ 研究上位型互作QTL定位的方法和途径



遗传研究群体和育种群体之间的关系。右图给出常见群体的育种和遗传价值，其中NAM（Nested Association Mapping）群体由Cornell大学创制，采用25玉米自交系和一个共同亲本杂交，然后产生5000个重组近交家系；IBM群体以著名玉米自交系B73作母本、Mo17作父本杂交，自F₂代开始随机交配4个世代后自交产生重组近交家系；MAGIC（Multiparent Advanced Generation Inter-Crossing）群体是近2年提出的利用8个亲本成对杂交、然后互交、再随机交配、最后自交产生重组近交家系。