



第三章要点回顾

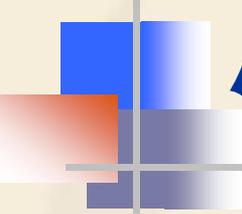
随机飘移和近交

- ❖ 随机飘移 (random drift), 造成系统分散, 在小群体中对等位基因的频率产生较大的影响, 且其方向不可预测。
- ❖ 近交的定义: 血缘关系较近或相同的个体间的交配, 或者说近交是具有共同祖先的个体间的交配。
- ❖ 近交系数的定义: 基因位点上2个等位基因后裔同样的概率。

随机交配小群体中 近交系数的估计

- ❖ 考虑某一位点的两个等位基因
- ❖ 小群体的容量为 N
- ❖ 那么一共有 $2N$ 个等位基因
- ❖ 那么在雌雄交配中，每个配子与其本身完全一样的配子结合的概率为 $1/(2N)$
- ❖ $1/(2N)$ 定义为理想群体随机交配1代后的近交系数

$$\Delta F = \frac{1}{2N}$$

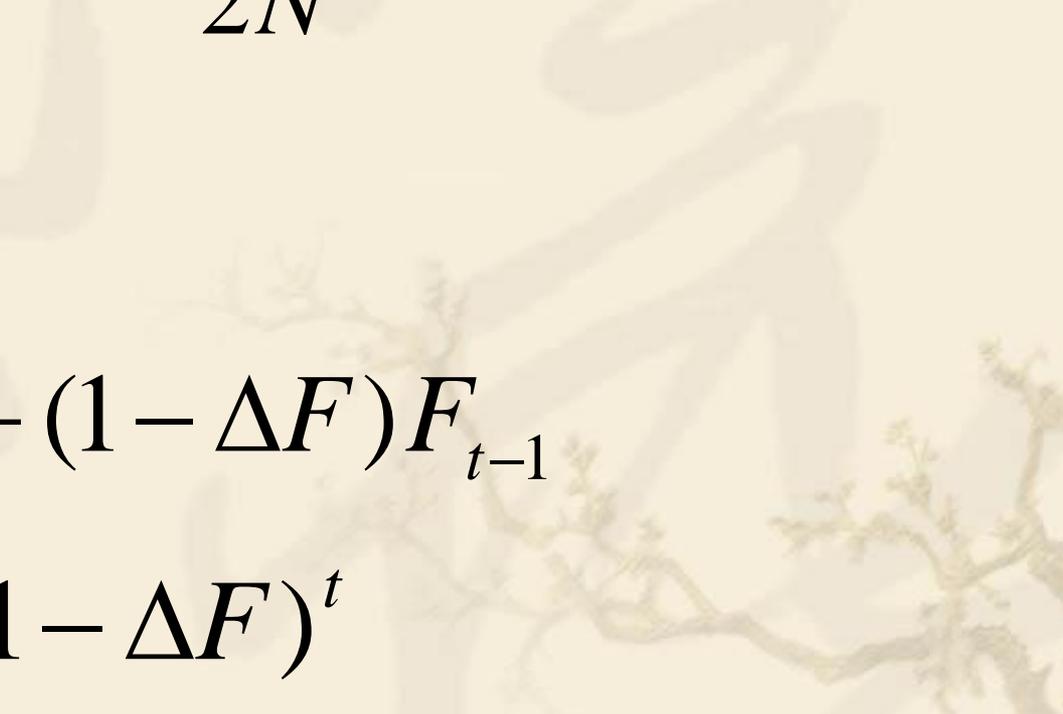


小群体中近交系数的变化

$$F_2 = \frac{1}{2N} + \left(1 - \frac{1}{2N}\right)F_1$$

$$\Delta F = \frac{1}{2N}$$

$$F_t = \Delta F + (1 - \Delta F)F_{t-1}$$

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$$


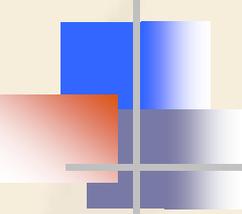
利用有效群体大小估计 近交系数

❖ 近交有效群体大小
(Inbreeding effective
population size)

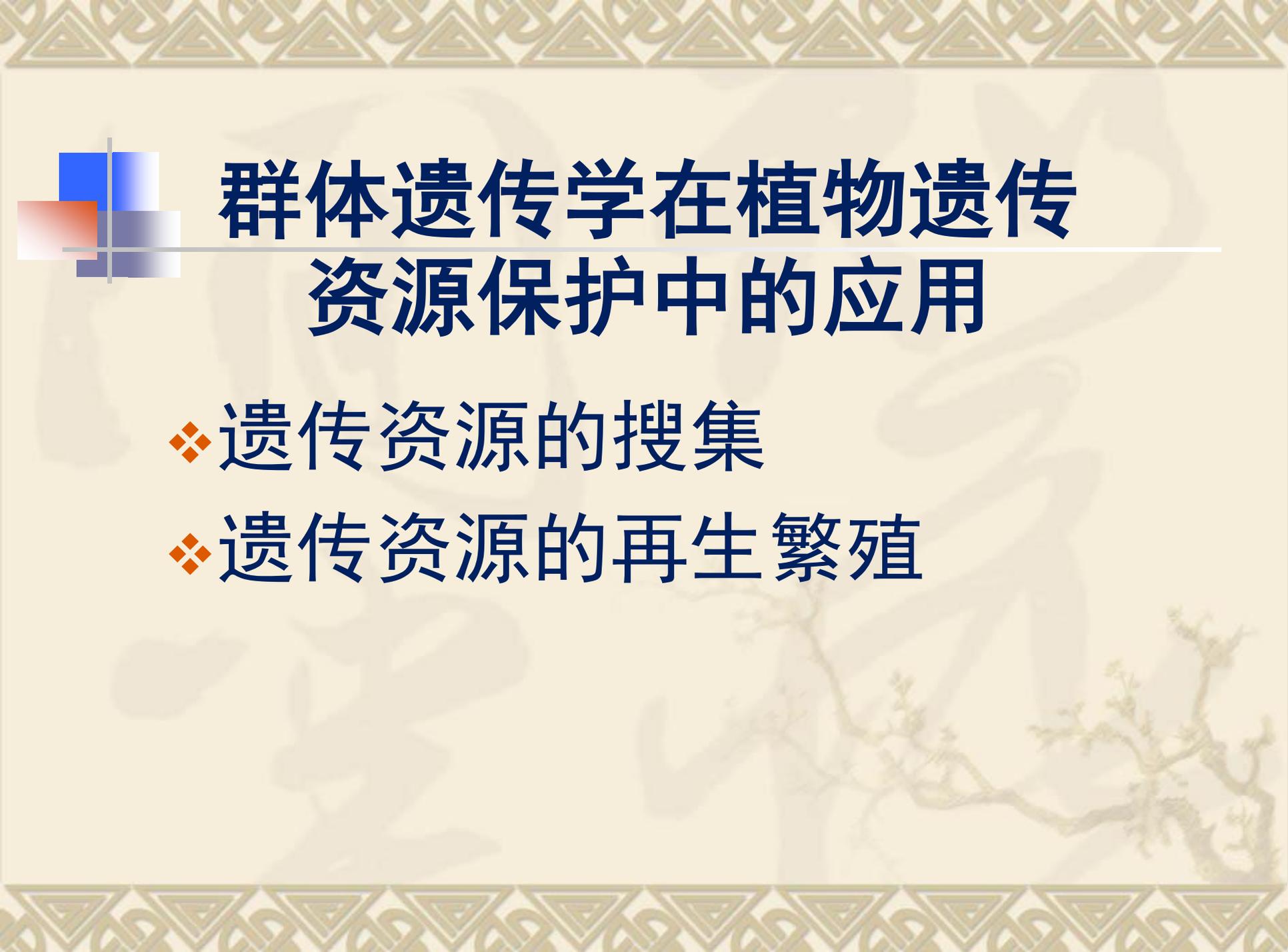
$$\Delta F = \frac{1}{2N_e}$$

❖ 方差有效群体大小
(Variance effective
population size)

$$\sigma_{\Delta q}^2 = \frac{q_0(1-q_0)}{2N_e}$$

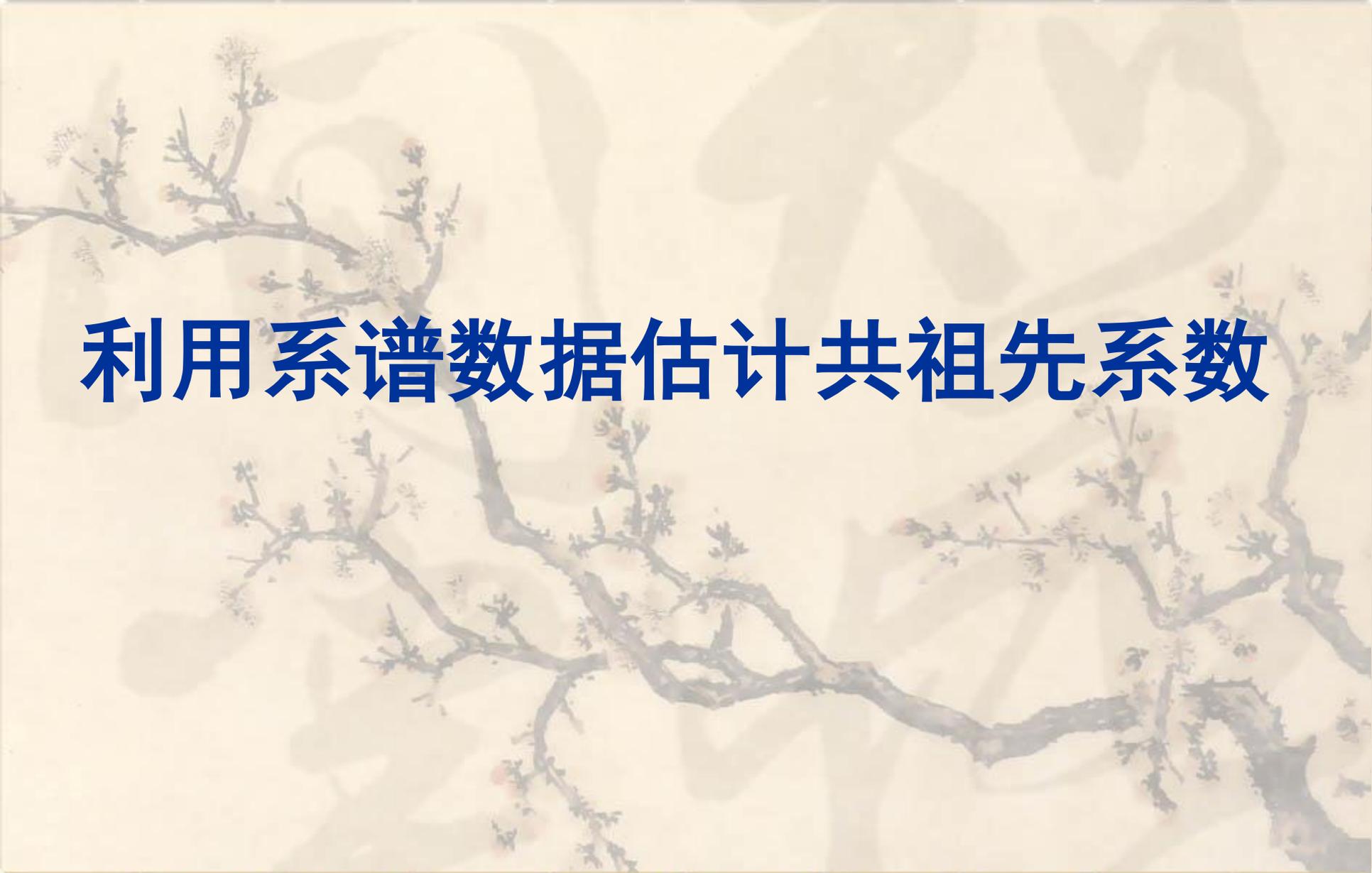


群体遗传学在植物遗传资源保护中的应用

- ❖ 遗传资源的搜集
 - ❖ 遗传资源的再生繁殖
- 
- 

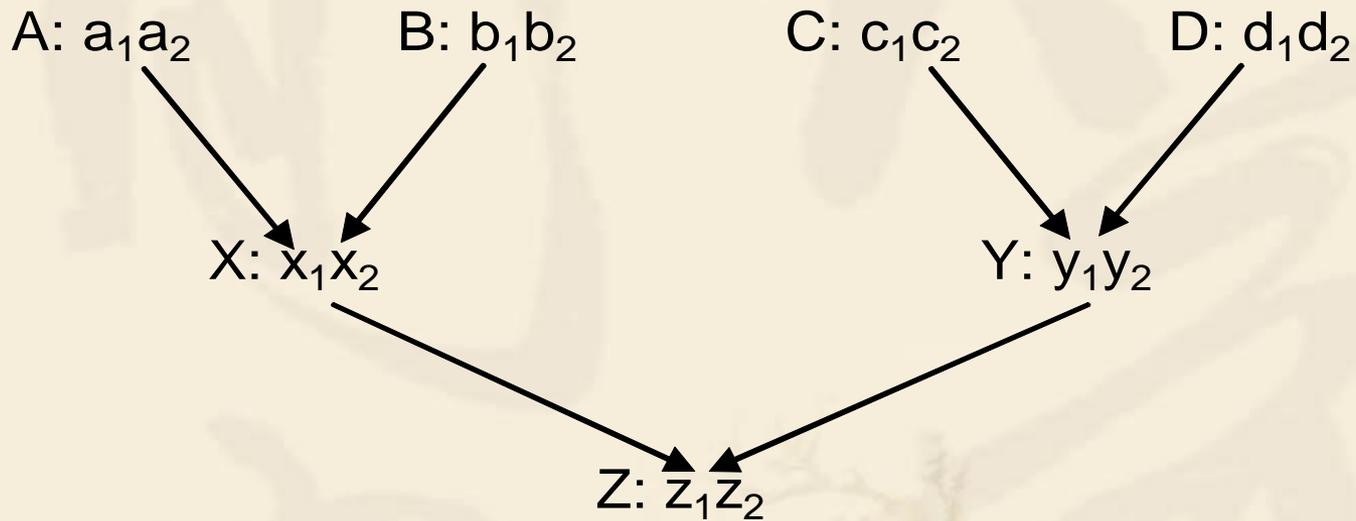
亲属关联和近交系数

- ❖ 祖先关联 (related by ancestry)
- ❖ 状态相同 (alike in state, IBS)
- ❖ 后裔同样 (identical by descent, IBD)
- ❖ 共祖先系数 (coefficient of ancestry)
 - ∞ 在一个基因座位上，X的一个随机等位基因与Y的一个随机等位基因后裔同样的概率，又称亲本系数 (coefficient of parentage)
 - ∞ 它针对的是两个个体
 - ∞ 个体X和Y之间的共祖先系数常用 f_{XY} 表示



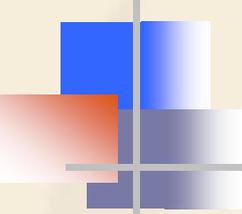
利用系谱数据估计共祖先系数

一个假定的系谱中的个体及其基因型



- 由上图可见，个体X和Y间的共祖先系数 f_{XY} 为等位基因x和y后裔同样的概率为：

$$f_{XY} = P\{x \equiv y\}$$



二倍体物种的共祖先系数

$$P\{x = x_1\} = P\{x = x_2\} = P\{y = y_1\} = P\{y = y_2\} = \frac{1}{2}$$

$$f_{XY} = \frac{1}{4}[P\{x_1 \equiv y_1\} + P\{x_1 \equiv y_2\} + P\{x_2 \equiv y_1\} + P\{x_2 \equiv y_2\}]$$

- ❖ 上式是共祖先系数的一般数学表述，是利用系谱计算共祖先系数的基础。
- 

个体X与其自身的共祖先系数

$$\begin{aligned} f_{XX} &= \frac{1}{4}[P\{X_1 \equiv X_1\} + P\{X_1 \equiv X_2\} + P\{X_2 \equiv X_1\} + P\{X_2 \equiv X_2\}] \\ &= \frac{1}{4}[1 + F_X + F_X + 1] = \frac{1}{2}[1 + F_X] \end{aligned}$$

- ❖ 如果个体X是非自交系，即 $F_X=0$ ，则个体X和它自己的共祖先系数 $f_{XX}=1/2$ 。
- ❖ 如果个体X是自交系，即 $F_X=1$ ，则个体X和它自己的共祖先系数 $f_{XX}=1$ 。

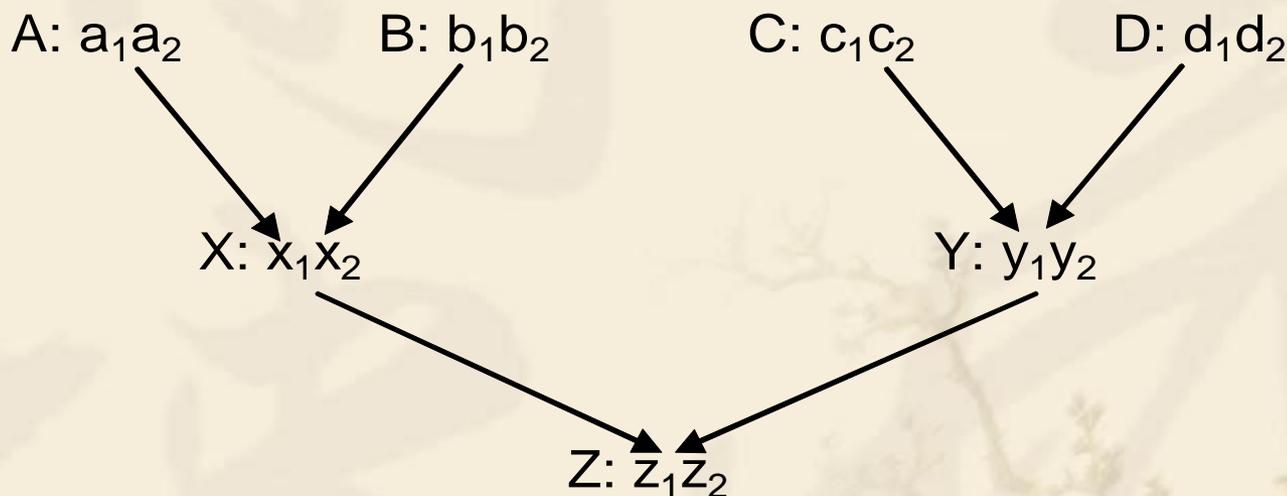
双亲后代的近交系数

$$F_Z = \frac{1}{4}[P\{x_1 \equiv y_1\} + P\{x_1 \equiv y_2\} + P\{x_2 \equiv y_1\} + P\{x_2 \equiv y_2\}]$$
$$= f_{XY}$$

- ❖ 等式表明，一个个体的近交系数等于它的两个亲本间的共祖先系数。即有祖先关联的亲本会引起后代的近交。

利用四个亲本的 共祖先系数估计

- ❖ 个体间的共祖先系数为亲本间共祖先系数的平均



$$f_{XY} = \frac{1}{4} [f_{AC} + f_{AD} + f_{BC} + f_{BD}]$$

利用个体和另一个体的两个亲本的共祖先系数

❖ f_{XY} 是X与Y的两个亲本C和D间的共祖先系数的平均。 $f_{XY} = \frac{1}{2}[f_{AY} + f_{BY}]$

∞ 条件：Y不是X的后代

❖ f_{XY} 是Y与X的两个亲本A和B间的共祖先系数的平均。 $f_{XY} = \frac{1}{2}[f_{CX} + f_{DX}]$

∞ 条件：X不是Y的后代

如果Z是X和Y的后代，那么X一定不是Z的后代

$$f_{XZ} = \frac{1}{2}[f_{XX} + f_{XY}] = \frac{1}{2}\left[\frac{1}{2}(1 + F_X) + f_{XY}\right]$$

根据自交系的系谱估计 亲本系数

- ❖ 假定有 n 个自交系，把自交系按系谱中的先后排序，近交系数和亲本系数的计算从基础群体开始。

$$f_{ij} = f_{ji} = \begin{cases} 0, & 1 \leq i < j \leq p \\ \frac{1}{2}(1 + F_i) = 1, & 1 \leq i = j \leq p \end{cases}$$

根据自交系的系谱 估计亲本系数

- ❖ 依次计算自交系 i ($i > p$) 和自交系1、2、...、 i 间的亲本系数，自交系 i 的亲本为 g 和 h 。

$$f_{ij} = f_{ji} = \begin{cases} \frac{1}{2} f_{gj} + \frac{1}{2} f_{hj}, & p < j < i \\ \frac{1}{2} (1 + F_i) = 1, & p < j = i \end{cases}$$

根据动物（非近交）系谱 估计亲本系数

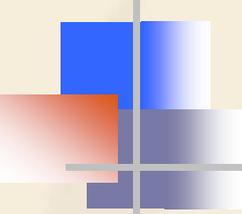
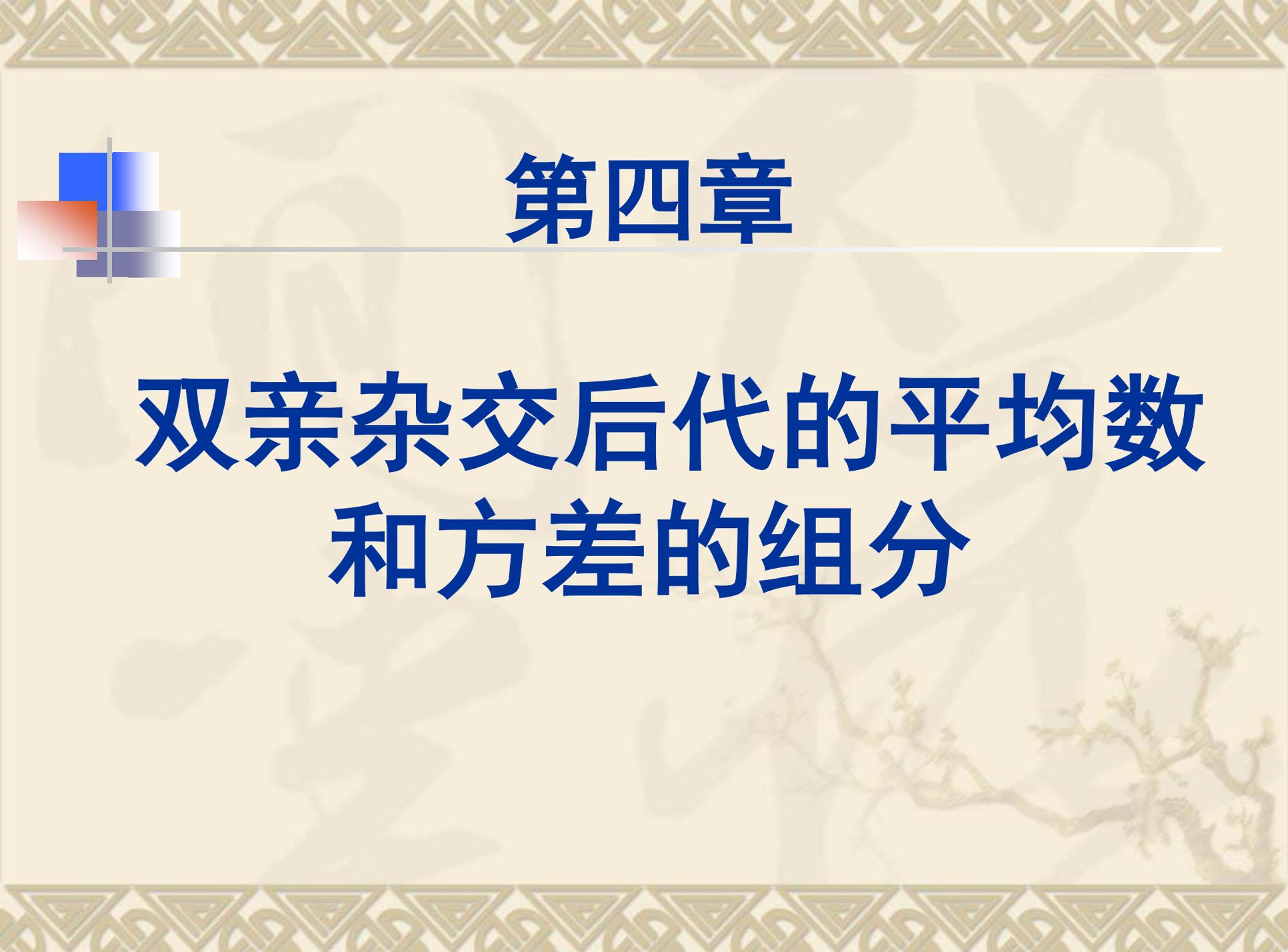
- ❖ 假定有 n 个个体 $i > p$ ，把个体按系谱中的先后排序，近交系数和亲本系数的计算从基础群体开始

$$f_{ij} = f_{ji} = \begin{cases} 0, & 1 \leq i < j \leq p \\ \frac{1}{2}(1 + F_i) = \frac{1}{2}(1 + 0) = \frac{1}{2}, & 1 \leq i = j \leq p \end{cases}$$

根据动物系谱估计亲本系数

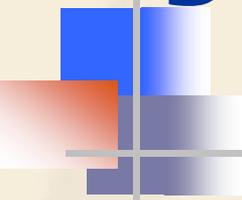
- ❖ 依次计算个体 i ($i > p$) 和个体1、2、...、 i 间的亲本系数
- ❖ 设个体 i 的亲本为 g 和 h ，由于个体按先后次序排列，因此有 $g > i$ ， $h > i$

$$f_{ij} = f_{ji} = \begin{cases} \frac{1}{2} f_{gj} + \frac{1}{2} f_{hj}, & p < j < i \\ \frac{1}{2} (1 + F_i) = \frac{1}{2} (1 + f_{gh}), & p < j = i \end{cases}$$

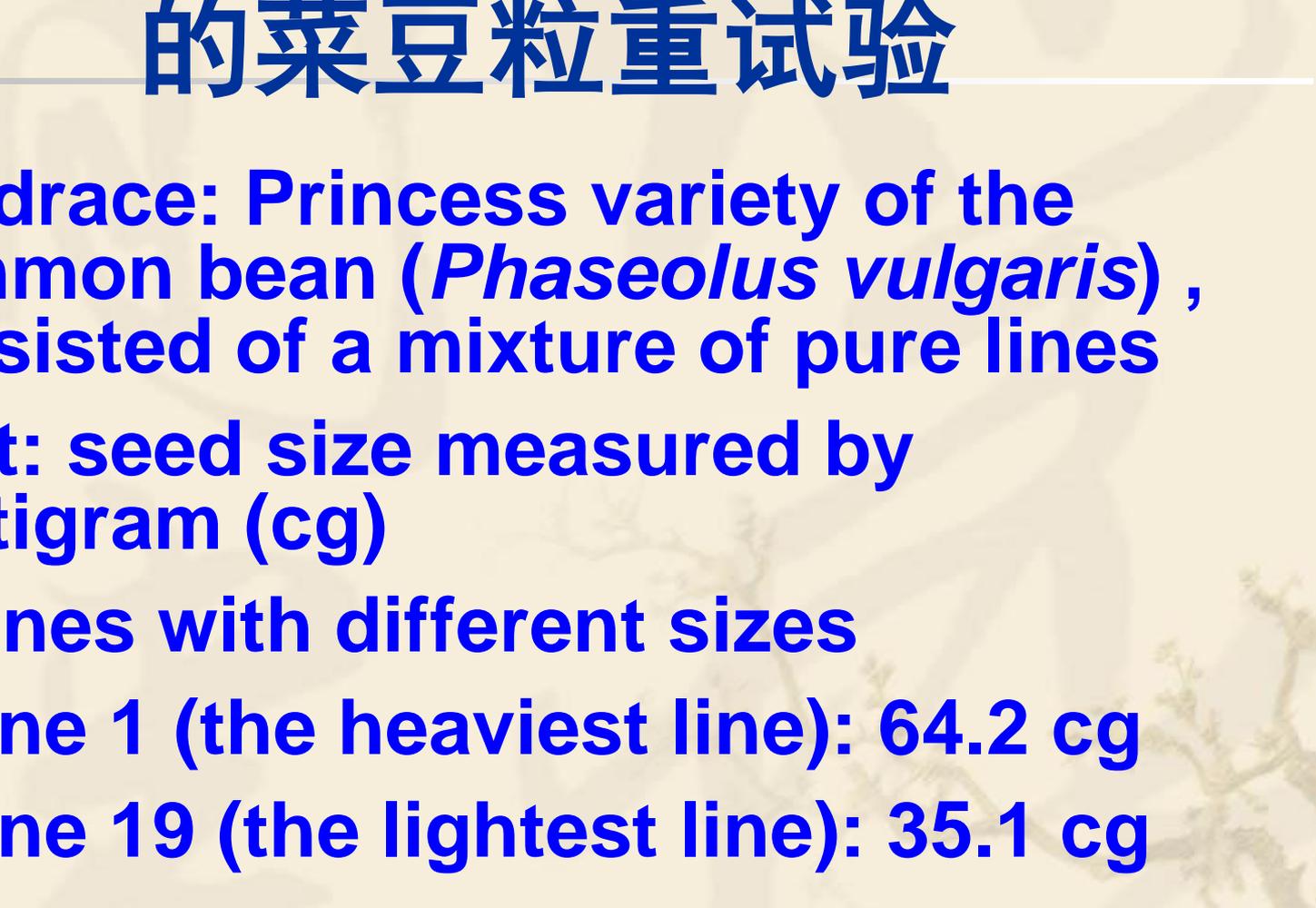


第四章

双亲杂交后代的平均数 和方差的组分



Johannsen (1903, 1909) 的菜豆粒重试验

- ❖ Landrace: Princess variety of the common bean (*Phaseolus vulgaris*), consisted of a mixture of pure lines
 - ❖ Trait: seed size measured by centigram (cg)
 - ❖ 19 lines with different sizes
 - ∞ Line 1 (the heaviest line): 64.2 cg
 - ∞ Line 19 (the lightest line): 35.1 cg
- 
- 

纯系学说

❖ 试验结果

❧ 家系间的变异是部分遗传的

❧ 家系内的变异是不遗传的

❖ Line13: 粒重为20、30、40、50的后代的平均粒重为47.5、45.0、45.1、45.8

❖ Line1: 连续6个世代选择最轻和最重的籽粒，后代粒重分别为69和68，选择无效

❧ 利用亲子间的相关系数估计遗传力

❖ 19个家系间: $r = 0.336 \pm 0.08$

❖ Line13: $r = 0.018 \pm 0.038$

❖ 纯系学说将变异区分为遗传的变异与非遗传的变异，提出了基因型和表现型的概念，这为理解连续性变异也是遗传性状提供了依据。

Nilsson-Ehle (1906)的小麦粒色试验:

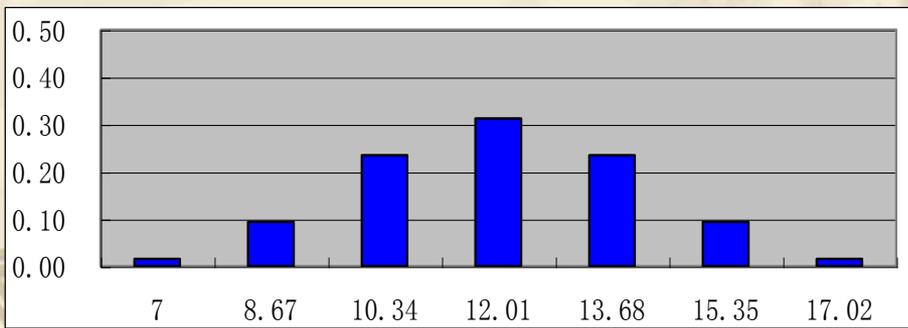
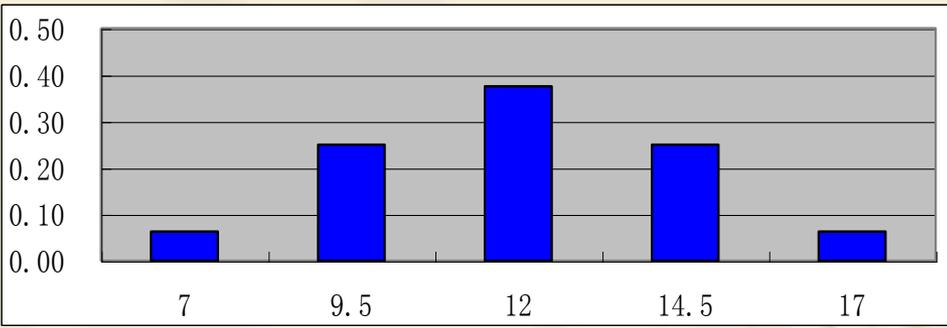
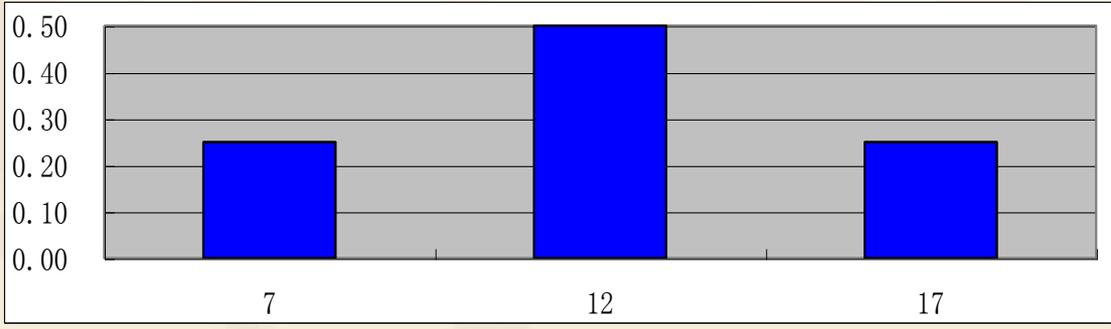
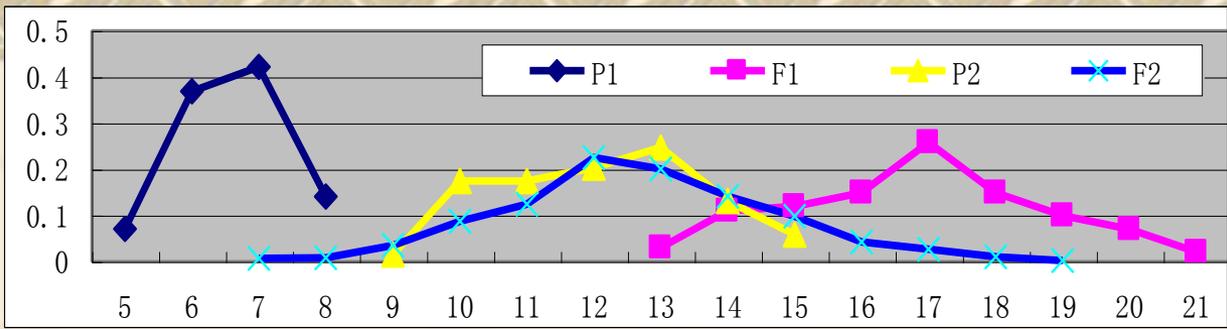
控制一个性状的基因可以有多个；效应可以累加！

- ❖ Three Mendelian loci govern red versus white kernel color in bread wheat and cultivated oats
- ❖ Any one gave 3 red to 1 white when segregating alone
- ❖ Two loci segregating: 15 red to 1 white
- ❖ Three loci segregating: 63 red to 1 white
- ❖ A cross between white and deep-red parents
- ❖ 1:6:15:20:15:6:1 for F₂ individuals carrying 0, 1, 2, 3, 4, 5, and 6 red alleles (identified through progeny test)
- ❖ Significance: effects of different alleles of different loci could be cumulative

East (1911) 的玉米穗长试验

穗长 (cm)	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	平均
P1	4	21	24	8														7
F1					1	12	12	14	17	9	4							12
P2									3	11	12	15	26	15	10	7	2	17
F2			4	5	22	56	80	145	129	91	63	27	17	6	1			13

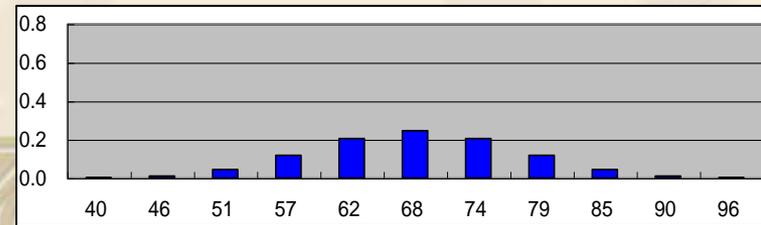
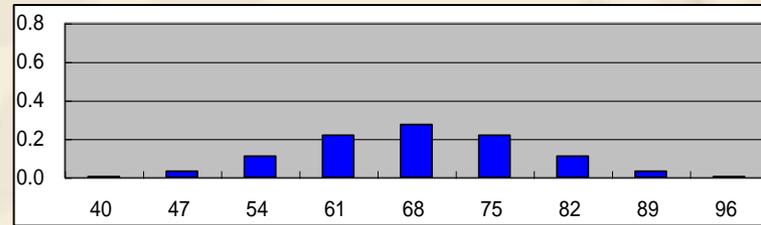
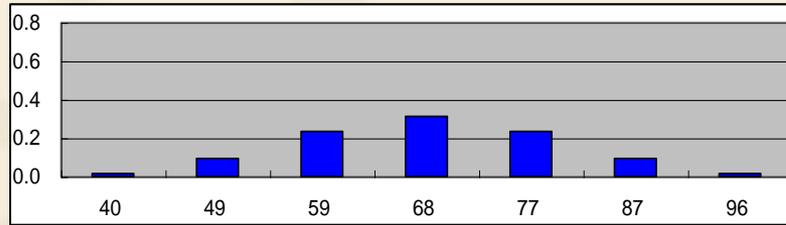
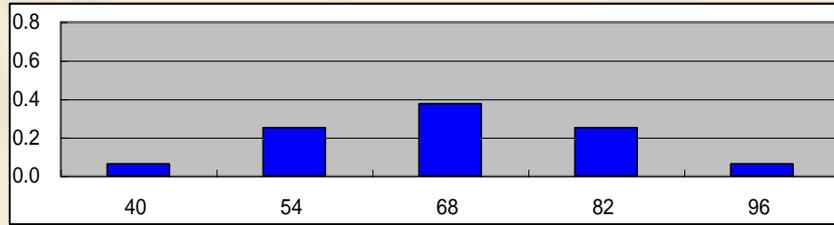
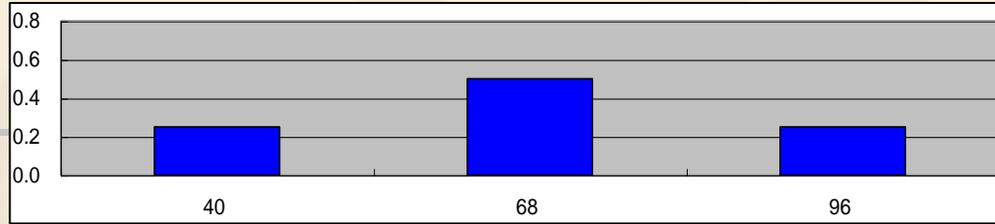
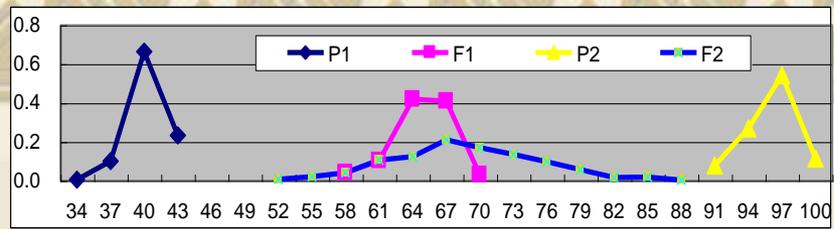
- ❖ 作业：在多基因假说下，计算2个亲本间控制穗长变异的基因数。

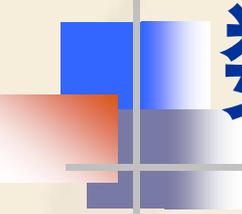


East (1913) 的烟草花冠长度 (mm) 试验

	34	37	40	43	46	49	52	55	58	61	64	67	70	73	76	79	82	85	88	91	94	97	100
P1	1	21	140	49																			
F1									4	10	41	40	3										
P2																				13	45	91	19
F2							3	9	18	47	55	93	75	60	43	25	7	8	1				
F3	46			1	4	26	44	38	22	7	1												
F3	50			6	20	53	49	15	4														
F3	50				7	25	55	55	18														
F3	60			2	3	9	25	37	70	19	10												
F3	72									4	20	25	59	41	19	2							
F3	77					1	0	1	1	1	2	16	33	43	34	20	6	1					
F3	80									2	8	14	21	39	39	32	10	1					
F3	81									1	1	8	16	20	32	41	17	3	3	1			
F3	82											3	5	12	20	40	41	30	9	2			

❖ 作业：在多基因假说下，计算2个亲本间控制花冠长度变异的基因数。



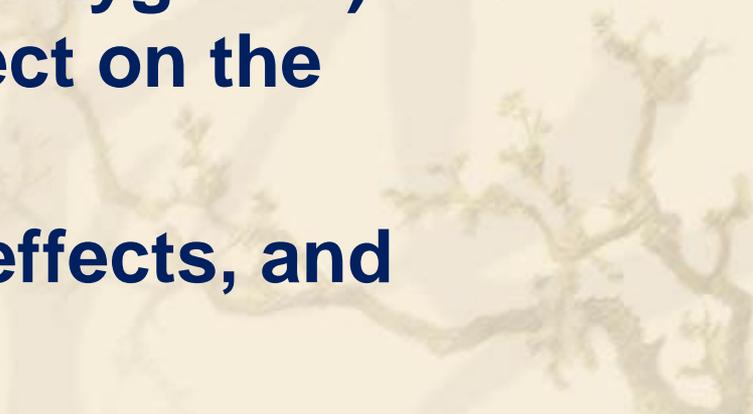


数量性状遗传的多基因假说

- ❖ **Multiple-factor hypothesis (polygene system)**

- ❧ **A hypothesis to explain quantitative variation by assuming the interaction of a large number of genes (polygenes) each with a small additive effect on the character**

- ❧ **Number of genes, gene effects, and environmental effects**



加性-显性遗传效应模型

❖ 加性-显性模型 (Additive and dominance model) 定义, 示意图

基因型

$P_2: aa$

$F_1: Aa$ $P_1: AA$

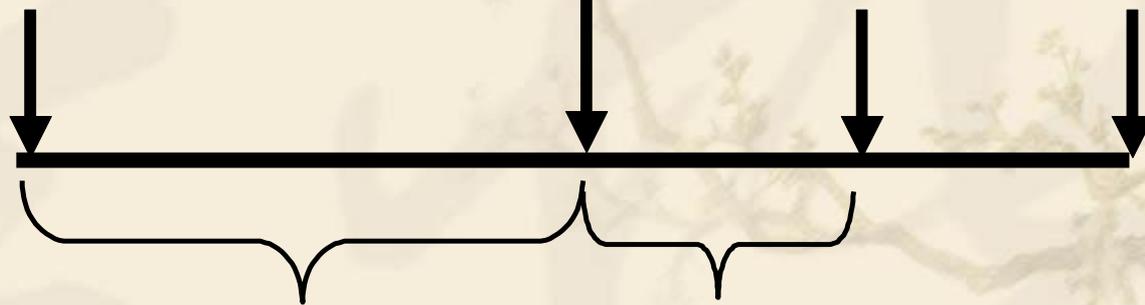
基因型值

$m - a$

中亲值 m

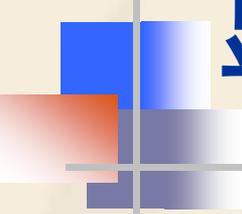
$m + d$

$m + a$



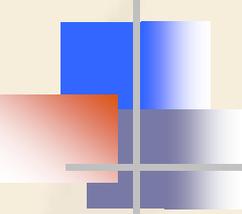
加性效应 a

显性效应 d



显性度 (degree of dominance)

- ❖ 显性度: d/a
 - ❖ 加性模型: $d=0$, $d/a=0$
 - ❖ 显性模型
 - ∞ 正向: $d=a$, $d/a=1$
 - ∞ 负向: $d=-a$, $d/a=-1$
 - ❖ 部分显性模型: $|d/a|$ 在0和1之间
 - ❖ 超显性模型: $|d/a|$ 大于1
- 
- 



多基因系统：例如3个

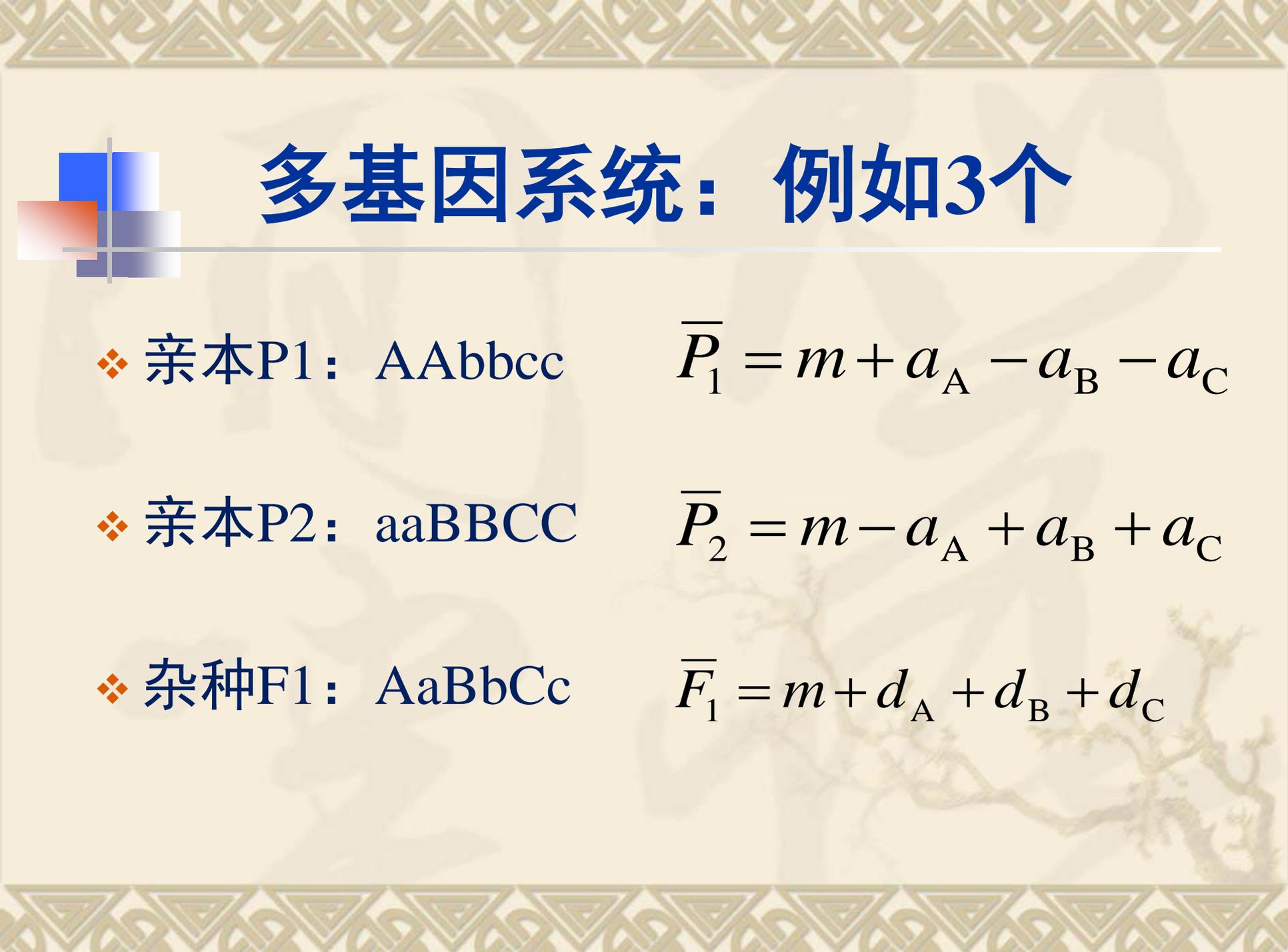
❖ 亲本P1: AAbbcc

$$\bar{P}_1 = m + a_A - a_B - a_C$$

❖ 亲本P2: aaBBCC

$$\bar{P}_2 = m - a_A + a_B + a_C$$

❖ 杂种F1: AaBbCc

$$\bar{F}_1 = m + d_A + d_B + d_C$$


多基因系统的加性和显性效应

❖ 加性效应： $\frac{1}{2}(\bar{P}_1 - \bar{P}_2) = a_A - a_B - a_C$

$$\Sigma a = a_A - a_B - a_C$$

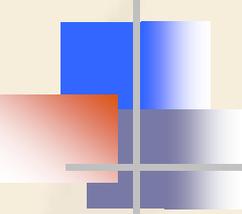
❖ 显性效应： $\Sigma d = d_A + d_B + d_C$

多基因系统基因型值的表示方法

❖ 亲本P1: $AAbbcc$ $\bar{P}_1 = m + \Sigma a$

❖ 亲本P2: $aaBBCC$ $\bar{P}_2 = m - \Sigma a$

❖ 杂种F1: $AaBbCc$ $\bar{F}_1 = m + \Sigma d$

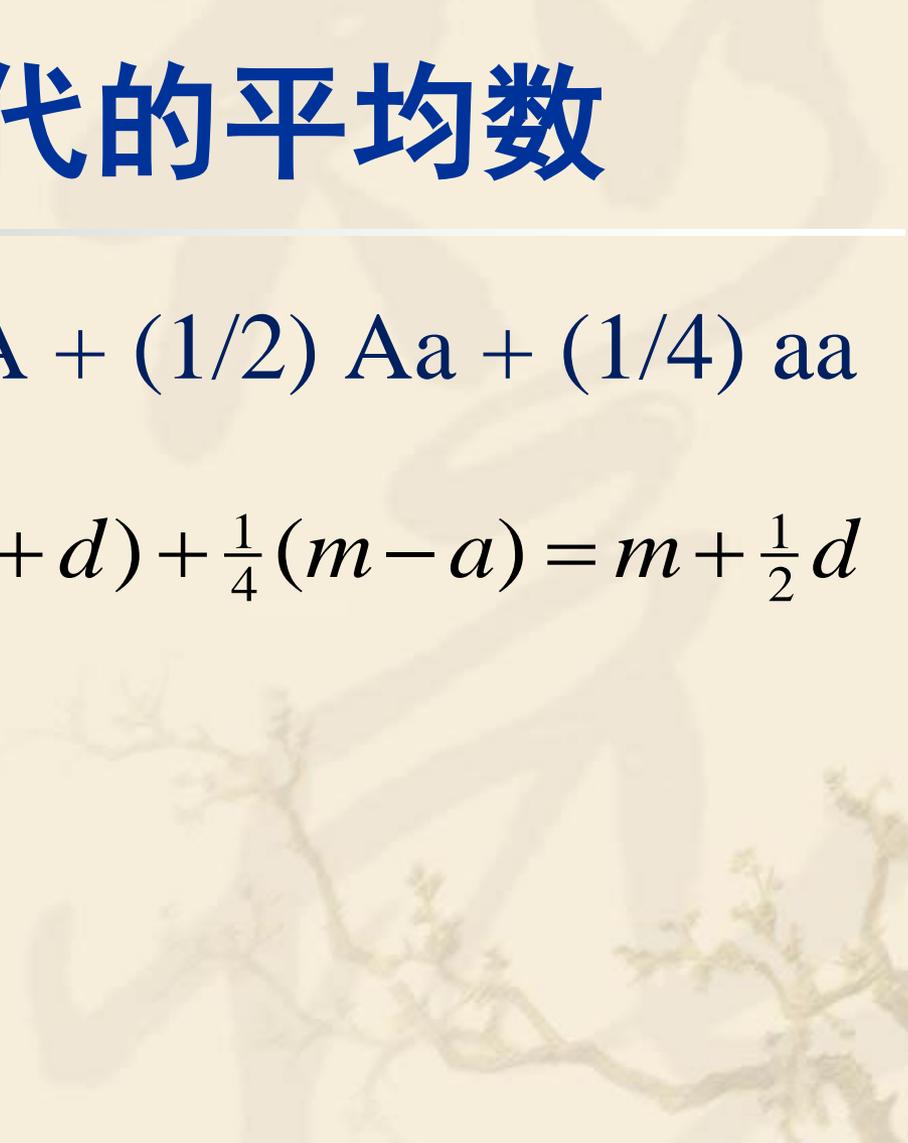


F2分离世代的平均数

❖ F2世代: $(1/4) AA + (1/2) Aa + (1/4) aa$

$$\bar{F}_2 = \frac{1}{4}(m + a) + \frac{1}{2}(m + d) + \frac{1}{4}(m - a) = m + \frac{1}{2}d$$

❖ 多基因系统

$$\bar{F}_2 = m + \frac{1}{2}\Sigma d$$


B1和B2分离世代的平均数

❖ B1: $(1/2) AA + (1/2) Aa$

$$\bar{B}_1 = \frac{1}{2}(m+a) + \frac{1}{2}(m+d) = m + \frac{1}{2}a + \frac{1}{2}d$$

$$\bar{B}_1 = m + \frac{1}{2}\Sigma a + \frac{1}{2}\Sigma d$$

❖ B2: $(1/2) Aa + (1/2) aa$

$$\bar{B}_2 = \frac{1}{2}(m+d) + \frac{1}{2}(m-a) = m - \frac{1}{2}a + \frac{1}{2}d$$

$$\bar{B}_2 = m - \frac{1}{2}\Sigma a + \frac{1}{2}\Sigma d$$

其他分离世代的平均数

❖ 自交世代 F_n 平均数

$$\bar{F}_n = m + \left(\frac{1}{2}\right)^{n-1} \Sigma d$$

❖ P1回交 n 代的平均数

$$\bar{B}_{1n} = m + [1 - \left(\frac{1}{2}\right)^n] \Sigma a + \left(\frac{1}{2}\right)^n \Sigma d$$

❖ P2回交 n 代的平均数

$$\bar{B}_{2n} = m - [1 - \left(\frac{1}{2}\right)^n] \Sigma a + \left(\frac{1}{2}\right)^n \Sigma d$$

❖ 自F2开始同胞交配 n 代 S_n 的平均数

$$\bar{S}_n = m + f_n \Sigma d$$

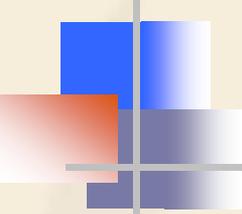
基因的联合与分散

- ❖ 纯合亲本的总基因效应为增效基因的效应之和减去减效基因的效应之和，即

$$\Sigma a = \sum_{k-k'} a_+ - \sum_{k'} a_- = \sum_k a_+ - 2 \sum_{k'} a_-$$

- ❖ 基因的联合系数

$$r_a = \frac{\sum_k a_+ - 2 \sum_{k'} a_-}{\sum_k a_+} = \frac{\Sigma a}{\sum_k a_+}$$

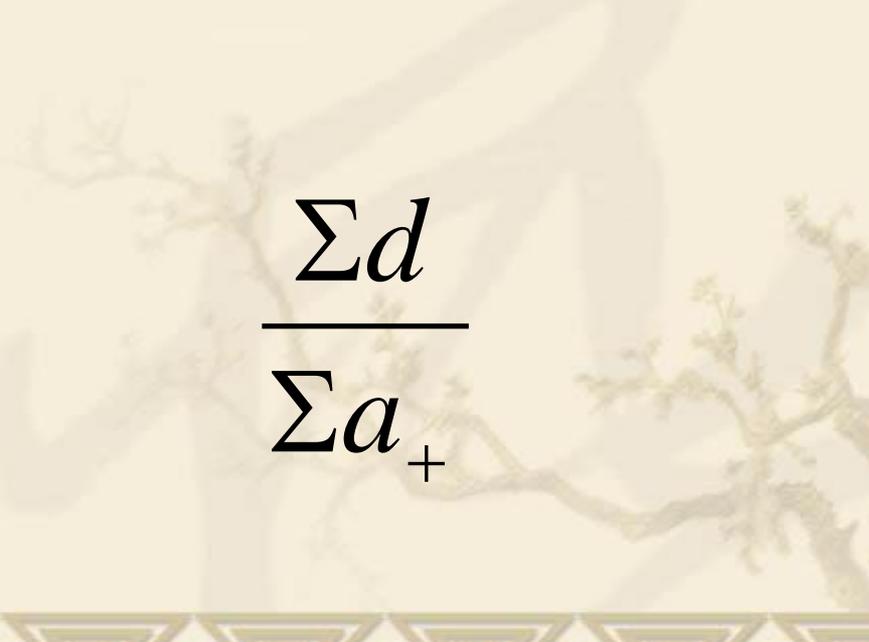
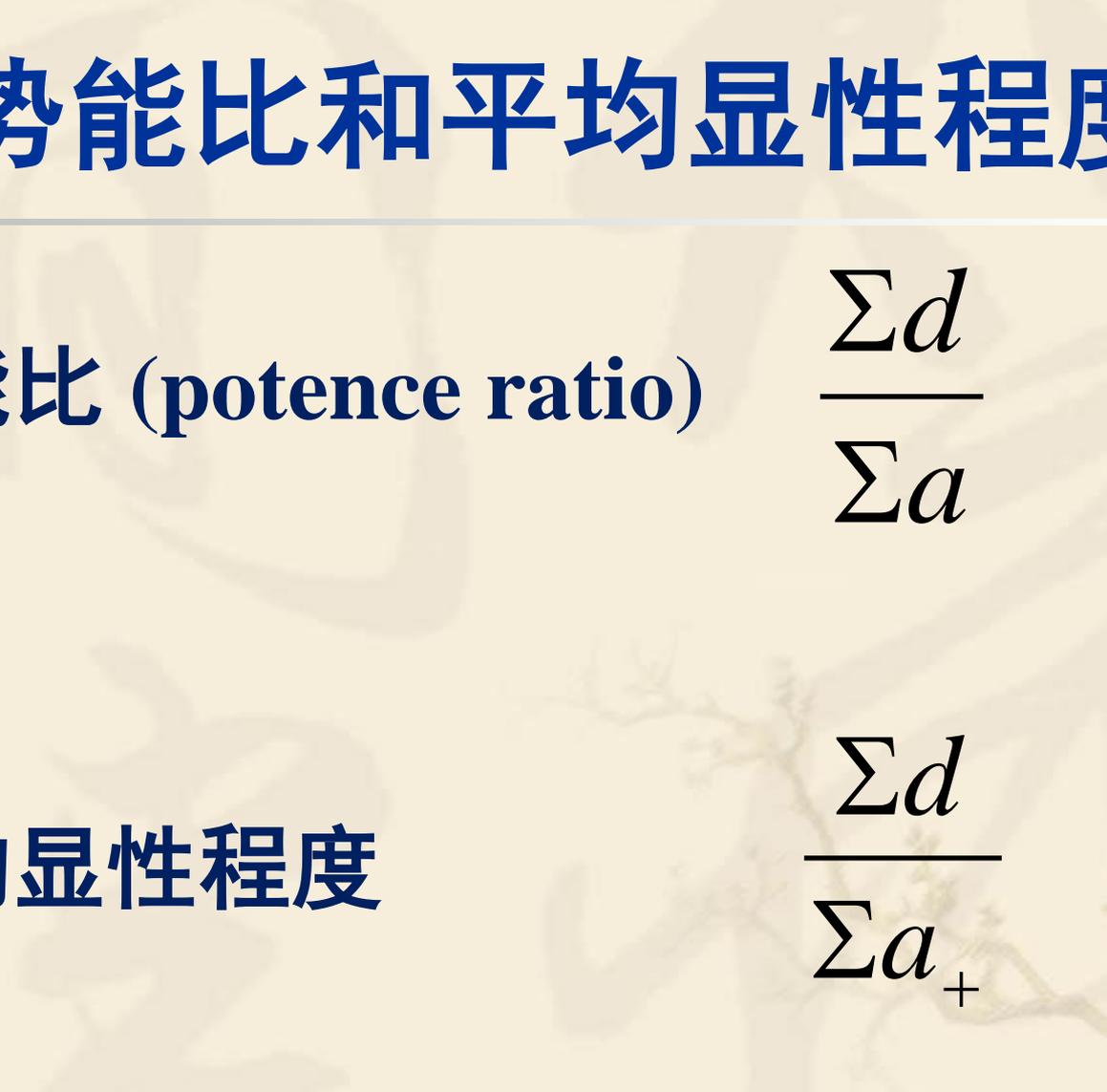


势能比和平均显性程度

❖ 势能比 (potence ratio)

$$\frac{\Sigma d}{\Sigma a}$$

❖ 平均显性程度

$$\frac{\Sigma d}{\Sigma a_{+}}$$


F2群体的遗传方差： 单基因位点

基因型	遗传效应(X)	频率(f)	fX	fX ²
AA	a	1/4	1/4 a	1/4 a ²
Aa	d	1/2	1/2 d	1/2 d ²
aa	-a	1/4	1/4 (-a)	1/4 (-a) ²
合计		1	1/2 d	1/4 a ² +1/4 d ²

$$V_{F_2} = \sum fX^2 - \left(\sum fX\right)^2 = \frac{1}{2} a^2 + \frac{1}{4} d^2$$

F2群体的遗传方差： 多基因位点

❖ k 对基因控制

$$V_{F_2} = \frac{1}{2} \Sigma a^2 + \frac{1}{4} \Sigma d^2$$

❖ 在加-显性效应模型下，
双亲杂交的 F_2 后代的
方差可分解

$$V_A = \frac{1}{2} \Sigma a^2 \quad V_D = \frac{1}{4} \Sigma d^2$$

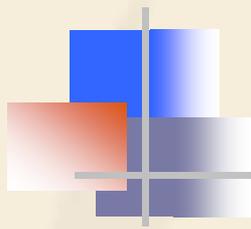
∞ 加性方差

$$V_{F_2} = V_A + V_D$$

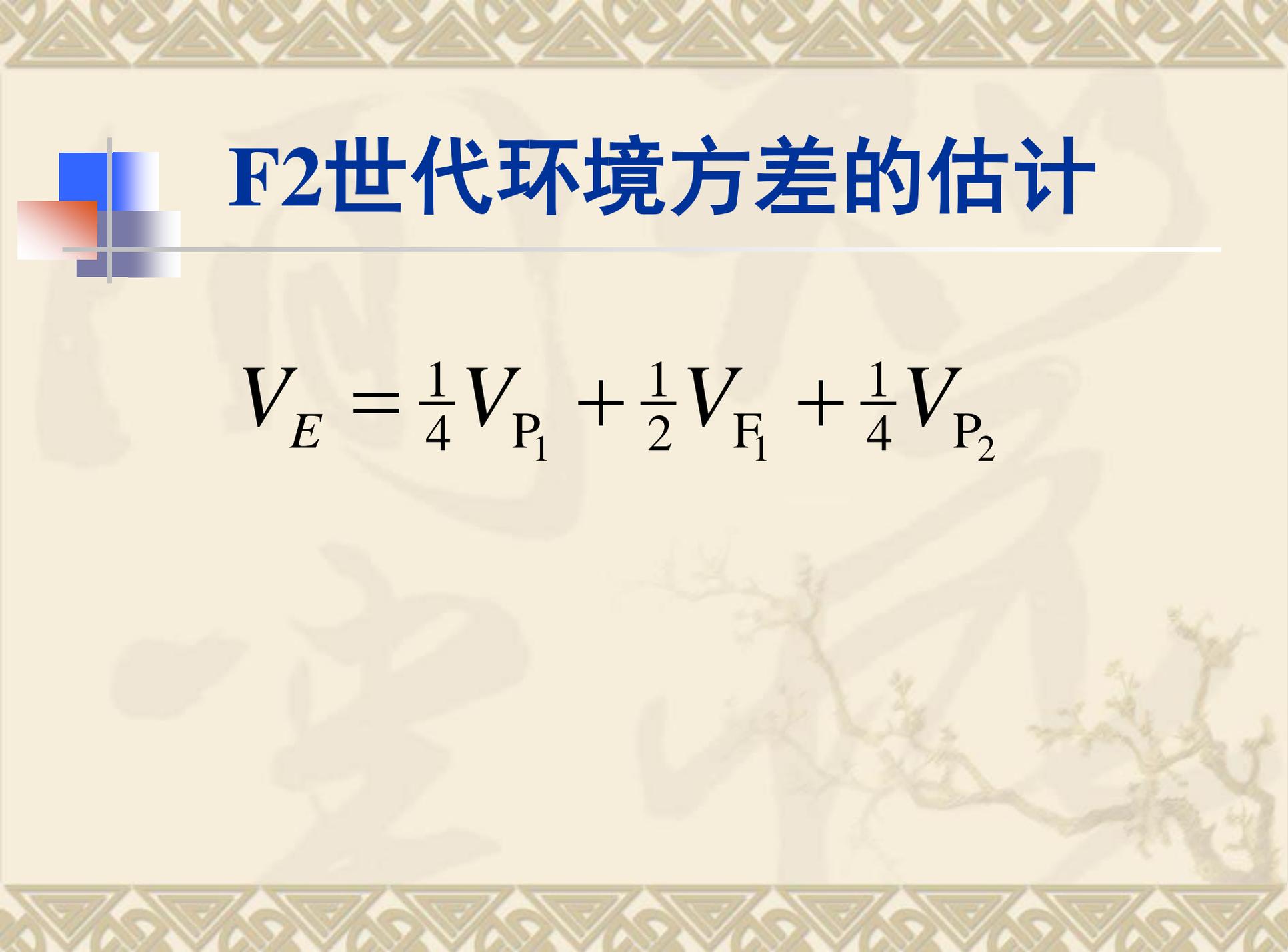
∞ 显性方差

❖ 考虑到环境变异， F_2
世代的方差为

$$V_{F_2} = V_A + V_D + V_E$$



F2世代环境方差的估计

$$V_E = \frac{1}{4}V_{P_1} + \frac{1}{2}V_{F_1} + \frac{1}{4}V_{P_2}$$


回交群体B1和B2的遗传方差

$$V_{B_1} = \frac{1}{4} \Sigma(a-d)^2 = \frac{1}{4} \Sigma a^2 + \frac{1}{4} \Sigma d^2 - \frac{1}{2} \Sigma ad$$

$$V_{B_2} = \frac{1}{4} \Sigma(a+d)^2 = \frac{1}{4} \Sigma a^2 + \frac{1}{4} \Sigma d^2 + \frac{1}{2} \Sigma ad$$

$$V_{B_1} + V_{B_2} = \frac{1}{2} \Sigma a^2 + \frac{1}{2} \Sigma d^2 = V_A + 2V_D$$

$$-V_{B_1} + V_{B_2} = \Sigma ad = F$$

F3世代的遗传方差： 单基因位点

❖ F3家系间方差

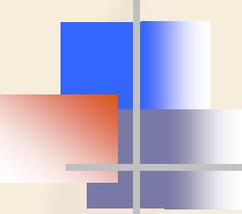
$$V_{1F_3} = \frac{1}{4}a^2 + \frac{1}{2}\left(\frac{1}{2}d\right)^2 + \frac{1}{4}(-a)^2 - \left(\frac{1}{4}d\right)^2 = \frac{1}{2}a^2 + \frac{1}{16}d^2$$

❖ F3家系内方差的平均

$$V_{2F_3} = \frac{1}{4} \times 0 + \frac{1}{2}V_{F_2} + \frac{1}{4} \times 0 = \frac{1}{4}a^2 + \frac{1}{8}d^2$$

❖ F3世代的总遗传方差

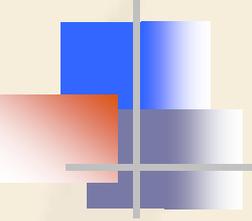
$$V_{F_3} = V_{1F_3} + V_{2F_3} = \frac{3}{4}a^2 + \frac{3}{16}d^2$$



F2个体与F3家系间的遗传协方差

$$\begin{aligned} Cov_{1F_{2,3}} &= \frac{1}{4} \times a \times a + \frac{1}{2} \times d \times \left(\frac{1}{2}d\right) + \frac{1}{4} \times (-a) \times (-a) - \left(\frac{1}{2}d\right) \times \left(\frac{1}{4}d\right) \\ &= \frac{1}{2} a^2 + \frac{1}{8} d^2 \end{aligned}$$





多基因系统

$$V_A = \frac{1}{2} \Sigma a^2 \quad V_D = \frac{1}{4} \Sigma d^2 \quad V_{F_2} = V_A + V_D$$

$$V_{1F_3} = V_A + \frac{1}{4} V_D$$

$$V_{2F_3} = \frac{1}{2} V_A + \frac{1}{2} V_D$$

$$V_{F_3} = \frac{3}{2} V_A + \frac{3}{4} V_D$$

$$Cov_{1F_2,3} = V_A + \frac{1}{2} V_D$$

F3世代的环境方差

- ❖ 家系内环境方差 (within-family environmental variance)
- ❖ 家系间环境方差 (between-family environmental variance)
- ❖ 家系平均数中的环境方差有两部分，一部分是家系间的方差 V_{Ec} ，另一部分是家系内的抽样误差，利用表型值计算的家系平均数的方差为

$$V_{1F_3} = V_A + \frac{1}{4}V_D + \frac{1}{n}V_{2F_3} + V_{Ec}$$

$$V_{2F_3} = \frac{1}{2}V_A + \frac{1}{2}V_D + V_{Ew}$$

F4世代的方差组成

F ₁	Aa						自交 ↓
比例	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$				$\frac{1}{4}$	
F ₂	个体: a	个体: d				个体: $-a$	
	$\frac{1}{4}$ AA	$\frac{1}{2}$ Aa				$\frac{1}{4}$ aa	
F ₃	家系平均: a	家系平均: $\frac{1}{2}d$				家系平均: $-a$	
	个体	个体: a	个体: d		个体: $-a$	个体	
	$\frac{1}{4}$ AA	$\frac{1}{8}$ AA	$\frac{1}{4}$ Aa		$\frac{1}{8}$ aa	$\frac{1}{4}$ aa	
F ₄	家系群平均: a	家系群平均: $\frac{1}{4}d$				家系群平均: $-a$	
	家系平均: a	家系平均: a	家系平均: $\frac{1}{2}d$		家系平均: $-a$	家系平均: $-a$	
	个体	个体	个体	个体	个体	个体	
	$\frac{1}{4}$ AA	$\frac{1}{8}$ AA	$\frac{1}{16}$ AA	$\frac{1}{8}$ Aa	$\frac{1}{16}$ aa	$\frac{1}{8}$ aa	$\frac{1}{4}$ aa

简单尺度测验

❖ 简单尺度检验 (Simple scaling tests)

$$A = 2\bar{B}_1 - \bar{F}_1 - \bar{P}_1 = 0 \quad B = 2\bar{B}_2 - \bar{F}_1 - \bar{P}_2 = 0$$

$$C = 4\bar{F}_2 - 2\bar{F}_1 - \bar{P}_1 - \bar{P}_2 = 0 \quad t = \frac{A}{SE_A}$$

❖ t -测验的方法

$$V_A = 4V_{\bar{B}_1} + V_{\bar{F}_1} + V_{\bar{P}_1}$$

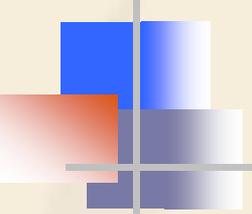
$$SE_A = \sqrt{V_A}$$

$$V_B = 4V_{\bar{B}_2} + V_{\bar{F}_1} + V_{\bar{P}_2}$$

$$SE_B = \sqrt{V_B}$$

$$V_C = 16V_{\bar{F}_2} + 4V_{\bar{F}_1} + V_{\bar{P}_1} + V_{\bar{P}_2}$$

$$SE_C = \sqrt{V_C}$$



联合尺度测验

- ❖ 联合尺度测验 (Joint scaling test)
- ❖ 计算步骤：
 - ∞ 考虑各个世代的权益，用方差的倒数表示；
 - ∞ 用6个世代估计3个参数，即6个方程估计3个参数，故应用加权最小二乘法。

加权最小二乘

- ❖ 记各世代平均数的标准差为对角元素的对角阵为，此时的线性模型为

$$\mathbf{W}^{\frac{1}{2}} \mathbf{y} = \mathbf{W}^{\frac{1}{2}} \mathbf{X} \mathbf{b}$$

$$\mathbf{y}^* = \mathbf{W}^{\frac{1}{2}} \mathbf{y} \quad \mathbf{X}^* = \mathbf{W}^{\frac{1}{2}} \mathbf{X}$$

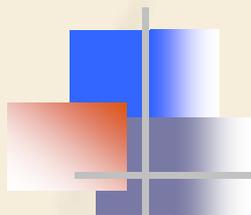
$$\mathbf{y}^* = \mathbf{X}^* \mathbf{b}$$

黄花烟草纯合品系V22和V73及其杂交后代植株最后高度 (cm) 的联合尺度测验

世代	株数	平均数的抽样方差 $V_{\bar{x}}$	平均数 y	加权后的平均数 y^*	估计值 \hat{y}^*	差异 $y^* - \hat{y}^*$	χ^2
P ₁	20	1.0034	116.30	114.41	115.52	0.766	0.59
P ₂	20	1.4525	98.45	81.69	99.11	-0.547	0.30
F ₁	60	0.9699	117.68	119.49	117.38	0.295	0.09
B ₁	120	0.4888	116.00	165.92	116.45	-0.647	0.42
B ₂	120	0.6135	109.16	139.37	108.25	1.166	1.36
F ₂	160	0.4916	111.78	159.42	112.35	-0.815	0.66

总 χ^2 值和显著概率

$\chi^2 = 3.42 \sim \chi^2(3)$, $P = 0.33$



两个位点间的互作

- ❖ 基因间的相互作用又称上位性 (Epistasis) 或基因间互作 (Inter-genic interaction)。上位性有四种类型
 - ∞ 纯合基因型间的上位性 (用 aa 表示)
 - ∞ A位点纯合基因型和B位点杂合基因型间的上位性 (用 ad 表示)
 - ∞ A位点杂合基因型和B位点纯合基因型间的上位性 (用 da 表示)
 - ∞ 杂合基因型间的上位性 (用 dd 表示)
- 

两个基因位点间的相互作用

- 考虑上位性效应时的遗传模型称为加性-显性-上位性效应模型，此时9种基因型值见下图：

基因型	AA	Aa	aa	平均
BB	$a_A + a_B + aa$	$d_A + a_B + da$	$-a_A + a_B - aa$	$\frac{1}{2} d_A + a_B + \frac{1}{2} da$
Bb	$a_A + d_B + ad$	$d_A + d_B + dd$	$-a_A + d_B - ad$	$\frac{1}{2} d_A + d_B + \frac{1}{2} dd$
bb	$a_A - a_B - aa$	$d_A - a_B - da$	$-a_A - a_B + aa$	$\frac{1}{2} d_A - a_B - \frac{1}{2} da$
平均	$a_A + \frac{1}{2} d_B + \frac{1}{2} ad$	$d_A + \frac{1}{2} d_B + \frac{1}{2} dd$	$-a_A + \frac{1}{2} d_B - \frac{1}{2} ad$	$\frac{1}{2} d_A + \frac{1}{2} d_B + \frac{1}{4} dd$

两个基因位点间的相互作用时， 不同F2分离比下的遗传效应

F ₂ 分离比	基因型值				a _A	d _A	a _B	d _B	aa	ad	da	dd
	A-B-	aaB-	A-bb	aabb								
9:3:3:1	3	2	1	0	1.00	1.00	0.50	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00
9:3:4	2	1	0	0	0.75	0.75	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25
12:1:3	2	2	0	1	0.75	0.75	-0.25	-0.25	0.25	0.25	0.25	0.25
3:9:4	1	2	0	0	0.75	0.75	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25
12:3:1	2	2	1	0	0.75	0.75	0.25	0.25	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25
9:7	1	0	0	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25
3:13	0	1	0	0	0.25	0.25	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25
9:4:3	2	1	0	1	0.50	0.50	0.00	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50
9:1:6	2	0	0	1	0.25	0.25	0.25	0.25	0.75	0.75	0.75	0.75
10:3:3	2	1	0	2	0.25	0.25	-0.25	-0.25	0.75	0.75	0.75	0.75
15:1	1	1	1	0	0.25	0.25	0.25	0.25	-0.25	-0.25	-0.25	-0.25
3:12:1	1	2	1	0	0.50	0.50	0.00	0.00	-0.50	-0.50	-0.50	-0.50
10:6	1	0	0	1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50
6:9:1	1	2	2	0	0.25	0.25	0.25	0.25	-0.75	-0.75	-0.75	-0.75

加性-显性-上位性模型下双亲及其杂交后代中群体平均数的分解

❖ 亲本P₁的基因型为AABB，亲本P₂的基因型为aabb

$$\bar{P}_1 = m + a_A + a_B + aa = m + \Sigma a + \Sigma aa$$

$$\bar{P}_2 = m - a_A - a_B + \Sigma aa = m - \Sigma a + \Sigma aa$$

$$\bar{F}_1 = m + d_A + d_B + dd = \Sigma d + \Sigma dd$$

$$\bar{F}_2 = m + \frac{1}{2} d_A + \frac{1}{2} d_B + \frac{1}{4} dd = m + \frac{1}{2} \Sigma d + \frac{1}{4} \Sigma dd$$

加性-显性-上位性模型下双亲及其杂交后代中群体平均数的分解

❖ 亲本P₁的基因型为AABB，亲本P₂的基因型为aabb

$$\bar{B}_1 = m + \frac{1}{2}a_A + \frac{1}{2}d_A + \frac{1}{2}a_B + \frac{1}{2}d_B + \frac{1}{4}aa + \frac{1}{4}ad + \frac{1}{4}da + \frac{1}{4}dd$$

$$= m + \frac{1}{2}\Sigma a + \frac{1}{2}\Sigma d + \frac{1}{4}\Sigma aa + \frac{1}{4}\Sigma(ad + da) + \frac{1}{4}\Sigma dd$$

$$\bar{B}_2 = m - \frac{1}{2}a_A + \frac{1}{2}d_A - \frac{1}{2}a_B + \frac{1}{2}d_B + \frac{1}{4}aa - \frac{1}{4}ad - \frac{1}{4}da + \frac{1}{4}dd$$

$$= m - \frac{1}{2}\Sigma a + \frac{1}{2}\Sigma d + \frac{1}{4}\Sigma aa - \frac{1}{4}\Sigma(ad + da) + \frac{1}{4}\Sigma dd$$

数量性状有效因子数的估计

- ❖ Castle-Wright公式 (1921)
- ❖ 基本假定：位点数 k
 - ∞ 加性模型 ($d=0$)
 - ∞ 等效
 - ∞ 无连锁
 - ∞ 正效基因集中在P1，负效基因集中在P2
- ❖ F2遗传方差 $V_{F2} = \frac{1}{2}ka^2$

数量性状有效因子数的估计

$$\bar{P}_1 = ka \quad \bar{P}_2 = -ka$$

$$k = \frac{(\bar{P}_1 - \bar{P}_2)^2}{8[V_{F2} - \frac{1}{2}(V_{P1} + V_{P2})]}$$

数量性状有效因子数的估计

$$V_A = \frac{1}{2} \Sigma a^2 = \frac{1}{2} k a^2$$

$$k = \frac{(\bar{P}_1 - \bar{P}_2)^2}{8V_A}$$

数量性状有效因子数的估计

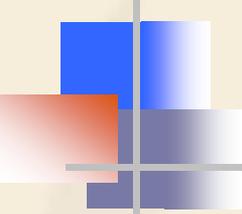
例如水稻莲塘早 × 矮脚南特杂交组合抽穗期

$$\bar{P}_1 = 38.36 \quad V_{P1} = 4.6852$$

$$\bar{P}_2 = 28.13 \quad V_{P2} = 5.6836$$

$$V_{F2} = 8.9652$$

因此 $k=3.46 \approx 4$ ，即两亲本对抽穗期大约有4对基因的差异。



下周上机实习任务

- ❖ 联合尺度检验
 - ❖ 计算East的2个遗传试验中多基因的个数
 - ❖ 计算互补上位时，即F₂世代的表型分离比为9:7，2个基因位点上的加性效应、显性效应、和各种互作效应
- 
- 