



人类群体遗传空间结构的“克里格”模型

1

摘要 通过将“克里格”技术应用于人类群体遗传学领域，构建了人类群体遗传空间结构的“克里格”模型和计算方法。以HLA-A基因座为例，应用“克里格”模型，定量分析了中国人HLA-A基因座的空间遗传率的空间数据矩阵进行了主成分分析，进而定义了人类群体遗传结构的综合遗传测度（SPC），绘制了HLA-A基因座的“克里格”地图，分析了其群体遗传空间结构特性。与其他空间插值或平滑方法相比，人类群体遗传模型具有明显优点：1）“克里格”估计以空间遗传变异函数模型为基础，在绘制空间遗传结构地图之前，先对研究基因座（或多基因座）的空间遗传变异函数进行拟合，分析其空间遗传异质性；2）“克里格”插值方法是真正意义上的无偏插值，插值结果完全依赖于调查点周围的已知群体遗传调查点数据，并充分考虑调查点的空间影响范围，给出待估区域的最优估计值；3）插值误差，这种插值误差既可用于评价空间估计效果，又可通过绘制误差地图指导在误差过高的地点增加调查点，以优化估计效果。然而，人类群体遗传空间结构的“克里格”模型也存在一定缺点：1)若不能用半变异函数拟合观察遗传变异函数值，则不能建立“克里格”模型；2)若理论遗传变异函数的拟合优度很低，则估计结果的估计标准差在整个空间范围内会很大，此时“克里格”模型不适用于估计群体遗传空间结构。出现上述情况时，可采用空间随机插值方法绘制群体遗传结构地图，如基因绘图软件中的Cavalli-Sforza方法，反向距离插值法等。

[存档文本](#)