

DOI: 10.1360/yc-007-1027

多对独立杂合基因自交群体 F_1 到 F_n 基因型熵的变化规律

李大林, 陈奇, 韦文惠, 黄忆

广西柳州职业技术学院, 柳州 545006

摘要: 建立了具有多对独立杂合基因的自交群体的基因型熵的逐代演变数学模型, 给出每一世代中各个基因型所占的比例的三叉树算法。揭示出群体的基因型熵与独立杂合基因对数 m 存在线性关系, 与自交代数 n 存在非线性关系。固定代数 n , 具有 m 对独立杂合基因的群体的基因型熵是仅有一对杂合基因的群体的基因型熵的 m 倍; 固定独立杂合基因对数 m , 群体的基因型熵由 F_1 至 F_3 逐代递增, 在 F_3 达到最大值, 从 F_3 起逐代递减, 最终平衡在基因型熵最小的世代。讨论了这一模型对杂交育种工作的意义。

关键词: 熵; 独立分配; 随机交配; Hardy-Weinberg 平衡; 三叉树算法

Laws of the change in genotype entropy from F_1 to F_n for pairs of independent genes of the selfing population

LI Da-Lin, CHEN Qi, WEI Wen-Hui, HUANG Yi

Liuzhou Vocational & Technical College, Liuzhou 545006, China

Abstract: This paper constructs a mathematic model for the change in each generation's genotype entropy of the selfing population with independent heterogenes, and describes a ternary tree algorithm to compute the proportion of every genotype. It reveals a linear relationship between the population genotype entropy and the pairs of independent heterogenes m , and a nonlinear relationship between the population genotype entropy and the ordinal number n of a selfing generation. As n is fixed, the population genotype entropy with m pairs of independent heterogenes is m times as many as that with only one pair. As the pairs of the independent heterogenes m is fixed, the population genotype entropy increases generation after generation from F_1 to F_3 , reaching the maximum value at F_3 , and decreases generation after generation from F_3 , reaching equilibrium finally at the generation whose genotype entropy is minimum. In this paper, the significance of crossbreeding is also discussed.

Keywords: entropy; independent assortment; random match; Hardy-Weinberg equilibrium; ternary tree algorithm

基因的传递伴随着熵增与约束^[1], 两者互相介入, 因此, 与分子的热运动不同的是, 基因在分离重组中并不是完全随机的, 而是受到各种制约。在随机交配群体中, 基因传递所获得的最大随机结果是 Hardy-weinberg 平衡^[2], 平衡后的各代群体基因型

熵逐代保持不变^[3]。当 $P = 0.5$ 时, 基因型熵达到最大值^[4], 这是基因在遵守约束规则前提下的最大随机结果。

近亲繁殖意味着基因的传播受到限制, 因此, 随机交配条件下最大熵原理与近亲交配下的遗传平

收稿日期: 2006-12-23; 修回日期: 2007-04-05

作者简介: 李大林(1968-), 男, 广西玉林人, 硕士, 副教授, 研究方向: 生物数学建模研究。Tel: 0772-3610416; E-mail: ldlin668@163.com

通讯作者: 陈奇(1955-), 男, 广西柳州人, 研究生, 副教授, 研究方向: 水稻育种及生物统计, 曾在广西大学农学院培育出水稻品种“福糯”, 获自治区科技进步三等奖。Tel: 0772-2850146; E-mail: taiyang_cc@163.com

衡状态是不一致的^[5]。有学者证明近亲交配使群体的信息熵降低,有序增加^[6],进而推出完全自交时,母子间的基因型联合熵最小的结论^[7]。但对自交群体的最大基因型熵的研究尚未见报道。

本文在上述工作基础上,推导出自交群体 m 对独立杂合基因从 F_1 到 F_n 的熵变公式,并得出了 F_3 基因型熵最大这一结论。

1 从 F_1 到 F_n 的基因型熵值变化规律

用 $H_m(n)$ 表示 m 对独立杂合基因自交第 n 代群体的基因型熵。显然, $H_m(1) = 0$ 。

1.1 一对基因的情形

只有一对杂合基因 Aa 时, F_n 中的基因型 AA 、 Aa 和 aa 所占的比例分别等于^[8]

$$\frac{2^{n-1}-1}{2^n}, \frac{1}{2^{n-1}}, \frac{2^{n-1}-1}{2^n} \quad (1)$$

根据(1)式及熵的计算公式^[2], F_n ($n \geq 2$)的基因型熵为

$$H_1(n) = -2 \times \frac{2^{n-1}-1}{2^n} \ln \frac{2^{n-1}-1}{2^n} - \frac{1}{2^{n-1}} \ln \frac{1}{2^{n-1}} \quad (2)$$

设 $x \in (1, +\infty)$, $H_1(x) = -2 \times \frac{2^{x-1}-1}{2^x} \ln \frac{2^{x-1}-1}{2^x} - \frac{1}{2^{x-1}} \ln \frac{1}{2^{x-1}}$ 。则 $H(x)$ 的导数为:

$$H'_1(x) = -\frac{\ln 2}{2^{x-1}} (\ln(2^{x-1}-1) - \ln 2)。$$

令 $H'_1(x) = 0$, 得 $x = 1 + \log_2 3$ 。当 $x < 1 + \log_2 3$ 时, $H'_1(x) > 0$; 当 $x > 1 + \log_2 3$ 时, $H'_1(x) < 0$ 。由于 n 只取整数, $2 < 1 + \log_2 3 < 3$, 比较 $H_1(2) = 1.0396$, $H_1(3) = 1.0819$ 的大小, 得到:

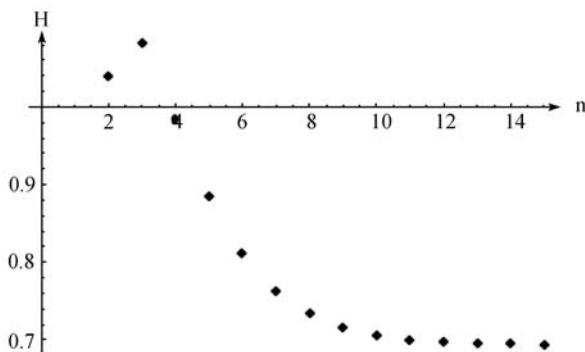


图 1 一对杂合基因 F_1 到 F_{15} 群体基因型熵值的变化趋势

Fig. 1 The trend of the values of population genotype entropy for a pair of heterogenes from F_1 to F_{15}

定理 1 只有一对杂合基因时, F_3 代的基因型熵值 $H_1(3)$ 最大。当 $n \leq 3$ 时, F_n 的基因型熵 $H_1(n)$ 随着代数 n 的增加而递增; 当 $n > 3$ 时, $H_1(n)$ 随着 n 的增加而递减。

从图 1 可以看出, 到了 F_{10} 以后, 熵减少的速度非常缓慢。

1.2 多对基因的情形

自交后代的基因型种类随着独立杂合基因的代数增加, 呈几何级数增长, 因此, 用经典算法求每一世代中各个基因型所占的比例是非常困难的。下文首先解决这一问题。

具有两对独立杂合基因的 F_1 , 其分离后代中有 9 种基因型 $AABB$ 、 $AABb$ 、 $AAbb$ 、 $AaBB$ 、 $AaBb$ 、 $Aabb$ 、 $aaBB$ 、 $aaBb$ 和 $aabb$ 。把它们分为 3 组: 第一组含 AA , 包括 $AABB$ 、 $AABb$ 和 $AAbb$; 第二组含 Aa , 包括 $AaBB$ 、 $AaBb$ 和 $Aabb$; 第三组含 aa , 包括 $aaBB$ 、 $aaBb$ 和 $aabb$ 。在第 n 代, 这 3 组的比例为(1)式。简而言之, 不管有多少对基因, 当我们只观察其中一对时, 这一对所对应的是 3 个组, 它们的比例为(1)式。因此, 在第 n 代, 分别按照含 BB 、 Bb 及 bb 对这 9 种基因型分组, 各组比例也是(1)式。

由于两对基因 $AaBb$ 是相互独立的, 根据相互独立的二元概率分布原理, 用乘法算得 9 种基因型在 F_n 代中所占的比例如表 1。

注意, 表 1 第一行与第一列的 AA 、 Aa 、 aa 、 BB 、 Bb 和 bb 并不表示配子, 因为依据分离规律, 等位基因是不能分配到同一配子中去的。这个表不同于遗传学研究中常用的配子合子一览表, 而是为了说明下文的计算原理而设计出来的特殊表格, 它的第一列及第一行中的系数分别为第 n 代中 AA 、 Aa 和 aa 以及 BB 、 Bb 和 bb 的比例, 即(1)式。

将该表用二叉树^[9]表示更符合我们的思维方式, 并便于递推出具有任意 m 对独立杂合基因的群体的各个基因型所占的比例。具体的算法是, 从该表的第二行起, 每一行写成 1 棵二叉树, 其中第一项为第一层, 后面 3 项为第二层。共得到 3 棵二叉树。例如, 该表的第二行表示为:

$$\begin{array}{ccc} & \frac{2^{n-1}-1}{2^n} AA & \\ & \swarrow \quad \downarrow \quad \searrow & \\ \frac{(2^{n-1}-1)^2}{2^{2n}} AABB & \frac{2(2^{n-1}-1)}{2^{2n}} AABb & \frac{(2^{n-1}-1)^2}{2^{2n}} AAbb \end{array} \quad (3)$$

表 1 两对独立杂合基因独立分配状况下 F_n 的合子及概率一览表

Table 1 Schedule on zygotes and probability about two pairs of independent heterogenes in F_n under independent assortment

χ	$\frac{2^{n-1}-1}{2^n} BB$	$\frac{2}{2^n} Bb$	$\frac{2^{n-1}-1}{2^n} bb$
$\frac{2^{n-1}-1}{2^n} AA$	$\frac{(2^{n-1}-1)^2}{2^{2n}} AABB$	$\frac{2(2^{n-1}-1)}{2^{2n}} AABb$	$\frac{(2^{n-1}-1)^2}{2^{2n}} AAbb$
$\frac{2}{2^n} Aa$	$\frac{2(2^{n-1}-1)}{2^{2n}} AaBB$	$\frac{4}{2^{2n}} AaBb$	$\frac{2(2^{n-1}-1)}{2^{2n}} Aabb$
$\frac{2^{n-1}-1}{2^n} aa$	$\frac{(2^{n-1}-1)^2}{2^{2n}} aaBB$	$\frac{2(2^{n-1}-1)}{2^{2n}} aaBb$	$\frac{(2^{n-1}-1)^2}{2^{2n}} aabb$

这样, (3)中第一层 $\frac{2^{n-1}-1}{2^n} AA$ 表示只有一对杂合基因时 F_n 中的 AA 所占比例为 $\frac{2^{n-1}-1}{2^n}$, 第二层的 3 项分别表示有两对独立杂合基因时 F_n 的 9 种基因型其中的 3 种 AABB、AABb 和 AAbb 所占比例。(3)式的具体算法是, 第一层的系数 $\frac{2^{n-1}-1}{2^n}$ 直接由(1)式给出, 第二层的 3 个系数由第一层的系数分别乘(1)式的 3 个数得到。

第二层往下生出第 3 层, 得到有 3 对独立杂合基因时, F_n 的 27 种基因型比例。例如, 其中的 3 种 AABbCC、AABbCc 和 AABbcc 的比例可由(3)的第二层的第二项 $\frac{2(2^{n-1}-1)}{2^{2n}} AABb$ 分别乘以(1)的 3 个数后, 生成子树^[9]而获得:

$$\begin{array}{c}
 \frac{2(2^{n-1}-1)}{2^{2n}} AABb \\
 \swarrow \quad \downarrow \quad \searrow \\
 \frac{2(2^{n-1}-1)^2}{2^{3n}} AABbCC \quad \frac{2^2(2^{n-1}-1)}{2^{3n}} AABbCc \quad \frac{2(2^{n-1}-1)^2}{2^{3n}} AABbcc
 \end{array}$$

一般地, 有 $m-1$ 对独立杂合基因 $A_1a_1, A_2a_2, \dots, A_{m-1}a_{m-1}$ 时, F_n 的基因型有 3^{m-1} 种, 记其中的第 i 种 $x_1y_1x_2y_2 \dots x_{m-1}y_{m-1}$ (其中 x_j, y_j 表示 A_j 或 a_j) 所占的比例为 p_i 。则有 m 对独立杂合基因时, F_n 的 3^m 种基因型中的 3 种 $x_1y_1 \dots x_{m-1}y_{m-1}A_mA_m, x_1y_1 \dots x_{m-1}y_{m-1}A_ma_m, x_1y_1 \dots x_{m-1}y_{m-1}a_ma_m$ 所占的比例可计算如下:

$$\begin{array}{c}
 p_i x_1 y_1 x_2 y_2 \dots x_{m-1} y_{m-1} \\
 \swarrow \quad \downarrow \quad \searrow \\
 \frac{2^{n-1}-1}{2^n} p_i x_1 y_1 \dots x_{m-1} y_{m-1} A_m A_m \quad \frac{2}{2^n} p_i x_1 y_1 \dots x_{m-1} y_{m-1} A_m a_m \quad \frac{2^{n-1}-1}{2^n} p_i x_1 y_1 \dots x_{m-1} y_{m-1} a_m a_m
 \end{array} \tag{4}$$

总之, 先算出具有 $m=1$ 对杂合基因自交第 n 代群体的每个基因型所占比例(1)式, 再利用它的三项为树根, 生成 3 棵二叉树, 它们的第 m 层中的 3^m 项表示 m 对独立杂合基因的自交第 n 代群体的每个基因型所占比例。限于篇幅, 就不列出这 3 棵树了。

由于具有 m 对独立杂合基因的 F_n 的基因型有 3^m 种, 直接用熵的公式^[2]计算 $H_m(n)$, 是非常烦琐的。下面给出它的简便算法。

定理 2 当代数 $n (n \geq 2)$ 不变时, 具有 m 对独立杂合基因的群体的基因型熵是仅有一对杂合基因的群体的基因型熵的 m 倍, 即 $H_m(n) = mH_1(n)$ 。

证明: $m-1$ 对独立杂合基因的第 i 个基因型

$$\begin{aligned}
 & x_1 y_1 \dots x_{m-1} y_{m-1} \text{ 在第 } n \text{ 代所占比例为 } p_i, \sum_{i=1}^{3^{m-1}} p_i = 1. \\
 & \text{根据(4), 增加一对独立杂合基因后, } x_{m-1} y_{m-1} A_m A_m \\
 & \text{与 } x_1 y_1 \dots x_{m-1} y_{m-1} a_m a_m \text{ 各占 } \frac{2^{n-1}-1}{2^n} p_i, x_1 y_1 \dots \\
 & x_{m-1} y_{m-1} A_m a_m \text{ 占 } \frac{1}{2^{n-1}} p_i. \text{ 这三项对 } H_m(n) \text{ 的贡献为} \\
 & 2 \left(-\frac{2^{n-1}-1}{2^n} p_i \ln \left(\frac{2^{n-1}-1}{2^n} p_i \right) \right) - \frac{1}{2^{n-1}} p_i \ln \left(\frac{1}{2^{n-1}} p_i \right) \\
 & = 2 \left(-\frac{2^{n-1}-1}{2^n} p_i \left(\ln \frac{2^{n-1}-1}{2^n} + \ln p_i \right) \right) - \frac{1}{2^{n-1}} p_i \\
 & \left(\ln \frac{1}{2^{n-1}} + \ln p_i \right)
 \end{aligned}$$

$$= \left(2 \left(-\frac{2^{n-1}-1}{2^n} \right) - \frac{1}{2^{n-1}} \right) p_i \ln p_i + \left(2 \left(-\frac{2^{n-1}-1}{2^n} \ln \frac{2^{n-1}-1}{2^n} \right) - \frac{1}{2^{n-1}} \ln \frac{1}{2^{n-1}} \right) p_i$$

$$= -p_i \ln p_i + H_1(n) p_i$$

i 取遍 $1, 2, \dots, 3^{m-1}$, 并累加, 得到

$$H_{m+1}(n) = \sum_{i=1}^{3^{m-1}} (-p_i \ln p_i + H_1(n) p_i)$$

$$= \sum_{i=1}^{3^{m-1}} (-p_i \ln p_i) + H_1(n) \sum_{i=1}^{3^{m-1}} p_i = H_m(n) + H_1(n)$$

根据递推关系, 有 $H_m(n) = mH_1(n)$ 。证毕。

定理 3 函数 $H_m(n)$ 以 $H_m(3)$ 为最大值。从 F_3 以后, 熵值 $H_m(n)$ 随着代数 n 的增加而递减。当独立杂合基因对数 m 不变, 而代数 $n \rightarrow \infty$ 时, $H_m(n)$ 的极限为 $m \ln 2$ 。

证明: 根据定理 2 及定理 1, $H_m(3)$ 为最大值, $H_m(n)$ 从第 3 代起递减。由(2),

$$\lim_{n \rightarrow \infty} H_m(n) = \lim_{n \rightarrow \infty} m \left(-2 \cdot \frac{2^{n-1}-1}{2^n} \ln \frac{2^{n-1}-1}{2^n} - \frac{1}{2^{n-1}} \ln \frac{1}{2^{n-1}} \right) = m \ln 2。证毕。$$

定理 2 揭示了随着独立杂合基因对数 m 的增加, 基因型熵变大。定理 3 表明, 从 F_3 以后, 熵值递减。根据图 1 以及定理 1-3, 到了 F_{10} 以后, 熵减少的速度非常缓慢。由该模型提出的原因结果, 与育种工作的真实情况完全一致。一般来说, 一个杂交组合, 经历了 10 代左右的自交, 基本上就趋于稳定。 m 对基因 $A_1a_1, A_2a_2, \dots, A_m a_m$ 虽然共有 3^m 个不同的组合, 但在平衡状态 ($n \rightarrow \infty$), 只剩下 2^m 种纯合的组合, 它们所占的比例都是 $\frac{1}{2^{2m}}$ 。其余杂合的组合所占的比例趋向于零, 此时熵为 $m \ln 2$ 。由此看来, 熵的大小与群体的类型有关。当群体类型多时, 即使都是纯合体, 熵值仍然大。因此, 单纯以熵来判断群体中个体的纯杂是片面的。

2 讨论

2.1 随机交配群体与自交群体的比较

随机交配群体的基因型熵是逐代递增的, 不需几代就平衡于最大熵状态, 即 Hardy-Weinberg 平衡^[2]。

与随机交配群体比较, 自交群体熵变过程要复杂

一些, 它要经历一个由升到降直至稳定的漫长过程。具体来说, 即连续自交的群体从 F_1 至 F_n 各代基因型熵先增后降。由 F_1 至 F_3 基因型熵逐代递增, 从 F_3 起, 基因型熵逐代递减, 经历多代自交, 分离群体最终平衡于最小熵状态, 熵的平衡状态是 $m \ln 2$ 。

外在的选择能产生负熵^[10]。然而, 在没有选择的情况下, F_3 至 F_n 的熵值也是逐代递减的, 这从另一个角度证明了生物体本身也存在一个内在的熵减机制^[11]。

2.2 F_3 比 F_2 熵值大的解释

本文仅讨论了独立杂合基因的情况, 结论是 F_3 的熵大于 F_2 的熵。然而, 我们不能据此轻率地下结论说, F_3 的变异大于 F_2 , 因为这里计算的仅是独立杂合基因的情形, 而 F_2 的变异除了独立杂合基因的作用外, 还有连锁和互作的作用。基因的连锁和互作的联合作用会使得变异更为复杂。目前还没有见到有关这方面的报道。从熵的角度看, 任何相关性均会降低群体的熵值^[12], 而基因的连锁和基因的互作又都体现为基因间的相关性, 因此, 它们或许会起到降低群体的熵值的作用。至于在各代各降低多少, 其差异如何, 还不清楚。

在育种界, 人们一贯认为, F_2 的杂合程度最大。我们从图 1 与定理 2 可以看出, 在只有独立杂合基因作用的情况下, F_3 的变异程度略大于 F_2 。这与人们的传统认识是不一致的, 究其原因, 可能有三。一是, 人们在选种中, 第一代留下的种子少, 而以后各代产生的种子呈几何级数增长, 人们不可能留下所有的种子。通常, F_2 是由 F_1 的所有种子产生的, 而 F_3 则是从 F_2 中选中的那一部分单株的种子, 它们实际上是从总体中选出的一个样本。由于这个样本是选出来的, 不是随机抽出来的, 而对一株植物的选择会影响后代的基因型的类型及分布。因此, 在育种工作中以实际的 F_3 估计理论的 F_3 的变异会存在系统误差。二是, F_1 特别整齐, 而 F_2 跟 F_1 比较, 就有明显的差异。这种巨大的反差容易让人产生先入为主的印象。而 F_3 的熵只是稍大于 F_2 的熵, 由于混乱程度本身并没有明确的定义, 这就让人们认为 F_2 的变异最大。

F_3 的熵大于 F_2 的熵的结论, 有悖于人们的共识。它从侧面反映出另一个问题, 即群体的纯合究竟指的是什么。在遗传理论中, 纯合指的是相对位置上具有相同基因的染色体以及带有这些染色体的个体^[13]。而杂合指的是一个或几个位点上的基因的

杂合状态^[13]。这些定义都是针对个体而言。而熵除了与不同遗传组成的个体有关外,还与各遗传组成的类型出现的概率有关。因此,虽然熵能反映遗传的纯与杂,但在概念上并不完全相同。目前,群体的纯与杂还没有一个明确的定义,在育种工作中,杂与杂合这两个概念往往是混为一谈的。

2.3 对育种工作的意义

自交是育种工作的常用手段。在自交各代中每一代应该留多少种,一直是困扰着人们的问题。留种太多,不仅增加了工作强度,更重要的是它会分散人的精力,使人抓不住重点;留种太少,又可能漏掉有价值的变异。 F_1 至 F_n 熵变规律的揭示,定量描述了各代的变异程度。育种工作中家系选择由哪一代开始,各代应留多少种,该模型均有一定的参考意义。比如说,育种工作者既希望群体的变异大,又希望选中的个体能够稳定遗传。因此,如果采用早代选择的方式,就应该在 F_3 代中选择,而不是人们常常采用的 F_2 代,因为 F_3 代的熵值最大。熵值大,变异就大,选择的余地就大。而从 F_3 之后,各代的熵值逐代变小,熵值小,就意味着稳定。所选择的材料逐渐走向稳定。这恰恰满足了育种工作者的两个要求。

参考文献(References):

- [1] CHEN Qi, WEI Wen-Hui, LI Da-Lin. Entropy increment and restraint in segregation and recombination of genes. *Journal of Shanghai Jiaotong University (Agricultural Science)*, 2007,25(1):71-75.
陈奇, 韦文惠, 李大林. 基因在分离重组中的熵增与制约. 上海交通大学学报(农业科学版), 2007, 25(1): 71-75.
- [2] WANG Xiao-Long, YUAN Zhi-Fa, GUO Man-Cai, SONG Shi-De, ZHANG Quan-Qi, BAO Zhen-Min. Maximum entropy principle and population genetic equilibrium. *Acta Genetica Sinica*, 2002,29(6): 562-564.
汪小龙, 袁志发, 郭满才, 宋世德, 张全启, 包振民. 最大信息熵原理与群体遗传平衡. 遗传学报, 2002, 29(6): 562-564.
- [3] LIU Jian-Jun, GUO Man-Cai, XIE Xiao-Li, ZHANG Hong-Li, ZHOU Jing-Yu, YUAN Zhi-Fa. Study on information model of sex-linked equilibrium population. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry (Nat Sci Ed)*, 2002, 30(5): 114-116.
- 刘建军, 郭满才, 解小莉, 张宏礼, 周静芋, 袁志发. 性连锁群体平衡的信息模型研究. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2002, 30(5): 114-116.
- [4] ZHANG Hong-Li, GUO Man-Cai, XIE Xiao-Li, LIU Jian-Jun, ZHOU Jing-Yu, YUAN Zhi-Fa. The entropy character of a pair alleles population in inbreeding. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry (Nat Sci Ed)*, 2003,31(1): 148-150.
张宏礼, 郭满才, 解小莉, 刘建军, 周静芋, 袁志发. 近亲繁殖下一对等位基因群体的熵性质. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2003, 31(1): 148-150.
- [5] ZHANG Hong-Li, ZHANG Hong-Yan. Study on the maximum entropy principle and population genetic equilibrium. *Hereditas(Beijing)*, 2006, 28(3): 324-328.
张宏礼, 张鸿雁. 关于最大信息熵原理与群体遗传平衡一致性的探讨. 遗传, 2006, 28(03): 324-328.
- [6] GUO Man-Cai, XIE Xiao-Li, LIU Jian-Jun, ZHANG Hong-Li, SONG Shi-De, ZHOU Jing-Yu, YUAN Zhi-Fa. The entropy character of alleles equilibrium population. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry (Nat Sci Ed)*, 2002,30(4): 119-122.
郭满才, 解小莉, 刘建军, 张宏礼, 宋世德, 周静芋, 袁志发. 复等位基因平衡群体熵的性质. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2002, 30(4): 119-122.
- [7] ZHANG Hong-Li, GUO Man-Cai, XIE Xiao-Li, DU Jun-Li, LIU Jian-Jun, ZHOU Jing-Yu, YUAN Zhi-Fa. The character of entropy of the associated probability distribution between a female genotype and its descendant genotypes in inbreeding. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry (Nat Sci Ed)*, 2003, 31(3): 193-197.
张宏礼, 郭满才, 解小莉, 杜俊莉, 刘建军, 周静芋, 袁志发. 近亲交配母子间基因型联合分布的信息熵性质. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2003,31(3): 193-197.
- [8] HUANG Yu-Quan, FAN Zheng-Zhong, CHEN Cai-An. *Genetics*. Beijing: Higher Education Press, 1994, 351.
黄裕泉, 樊正忠, 陈彩安. 遗传学. 北京: 高等教育出版社, 1994, 351.
- [9] GENG Su-Yun, QU Wan-Ling. *Discrete Mathematics*. Beijing: Higher Education Press, 2002, 381.
耿素云, 屈婉玲. 离散数学. 北京: 高等教育出版社, 2002, 381.

- [10] WANG Shen-Li. A table of great achievements in genetic research within 140 years. *Journal of Natural Science of Hunan Normal University*, 2001,24(1): 69-77.
王身立. 基因研究 140 年大事表. 湖南师范大学自然科学学报, 2001, 24(1): 69-77.
- [11] CHEN Qi, WEI Wen-Hui, LI Da-Lin. Reduction of entropy in plant population heredity. *Journal of Shenyang Agricultural University*, 2006, 37(6): 890-892.
陈奇, 韦文惠, 李大林. 论植物群体遗传中的熵减机制. 沈阳农业大学学报, 2006, 37(6): 890-892.
- [12] CHEN Qi, WEI Wen-Hui. Second law of thermodynamics and quantitative analysis about heredity. *Journal of Guangxi Agricultural and Biological Science*, 2006, 25(1): 72-77.
陈奇, 韦文惠. 热力学第二定律与遗传机理的量化分析. 广西农业生物科学, 2006, 25(1): 72-77.
- [13] Institute of Genetics of Fudan University. *Genetics Dictionary*. Beijing: Science Press, 1979, 25, 276.
上海复旦大学遗传研究所. 遗传学词典. 北京: 科学出版社, 1979, 25, 276.

《植物生态学报》2008 年征订启事

《植物生态学报》创刊于 1955 年, 是我国生态学领域创刊最早的专业性学术刊物。由中国科学院主管, 中国科学院植物研究所和中国植物学会主办。《植物生态学报》以发挥其在植物生态学领域的导向性、权威性和科学性为指导思想, 突出反映植物生态学科热点和生长点的研究成果。刊登稿件主要以发表植物生态学领域(包括个体和生理生态, 种群、群落、景观、生态系统生态学及当前国际生态学研究热点)及与本学科有关的创新性原始论文或有新观点的国际植物生态学研究前沿和动态的综述。本刊还设有论坛栏目, 主要对学科发展中具有争议性的问题开展学术争鸣和讨论, 促进学科发展。

《植物生态学报》多年来学术影响力不断提高, 十几年来, 影响因子提高较快, 近几年影响因子一直在生物类期刊前 3 位, 2004 年 CAJCED 影响因子 2.733, 生命类期刊排名第一; 2004 年 CSTPCD 影响因子 1.373, 2005 年 CSTPCD 影响因子为 1.523, 期刊他引率在 93% 以上。该刊已被国内外多家重要检索刊物和引文数据库摘引收录。如: BIOSIS、CA、BA、AJ、Ecological Abstracts、Advances in Ecology、AGRIS International、中国科学引文数据库、中国科技论文与引文数据库、中国学术期刊文摘、中国学术期刊全文库等。

《植物生态学报》刊登论文涉及植物学、生态学、农学、林学、地理学、土壤学及气象学等多个学科, 反映各学科领域的最新研究进展, 主要读者对象为科研院所研究人员及各大院校老师、学生等。

目前该刊全铜版纸印刷, 双月刊, 每期 176 页。

本刊国内外公开发行: ISSN 1005-264; CN11-3397/Q; 国内定价: 每期 70.00 元, 全年 6 期 420 元。国内邮发代号: 82-5; 国外发行代号: BM415。

订阅办法: 可到各地邮局订阅。

编辑部订阅地址: 北京香山南辛村 20 号《植物生态学报》编辑部, 100093;

电话: 010-62836134;

传真: 82599431。

欢迎订阅, 欢迎网上注册投稿, 欢迎发布广告

主编: 马克平; 编辑部主任: 姜联合

联系地址: 北京香山南辛村 20 号《植物生态学报》编辑部;

邮政编码: 100093

电话: 010-62836134

传真: 010-82599431

E-mail: apes@ibcas.ac.cn