

在滩羊育种时可以估计选择效果和预测引种效果。如A品系初生毛长与初生弯曲数的遗传相关系数为0.7452,据此,要获得较高的初生毛弯曲数,可选留初生毛长的羔羊作种用。

另外,初生重与毛长,初生重与弯曲数的遗传相关同类研究表现负相关^[1,2],而滩羊A品系分别为正的0.6504和0.4351,这确是A品系的一个遗传特点。

(三) 表型参数值 滩羊A品系性状表型参数值如表3。

三、讨 论

1. 滩羊这个古老品种经过长期的自然选择和人工选择,已成为我国独有的裘皮羊品种,要提高滩羊的生命力和价值,就要从建立多品系、多用途入手,利用品系间杂交丰富滩羊的重组变异。滩羊A品系经过选种选配和一系列培育措施,其遗传性能稳定,已成为黄河以西贺兰山东麓农垦系统滩羊的一个优良品系,这个品系应求得国家有关部门的支持、重视和保护。

2. 从估测的遗传参数看,A品系的某些性状有较高的遗传力,但作为裘皮主要经济性状的弯曲数来说,则属于低遗传力,这与育种区已有的水准有关。对某些遗传力较低的性状,在选种时可根据表型相关和遗传相关分别去对待。

3. 提高初生重增加初生毛长是一个有利因素,但提高初生重和二毛活重及一岁半活重对毛长呈负的或弱的正相关,故对提高毛长方面对A品系来说不能过分追求,应该适当的从提高剪毛量方面谋求增加粗毛长度,避免羊毛过细,失去滩羊的多种经济用途。

4. 在今后的选育过程中,要继续提高滩羊A品系的体尺,保持滩羊应有的剪毛量则是不可忽视的,而体重与剪毛量、体尺有着显著的相关性,所以增加体重利多弊少,可以起到事半功倍的作用。

主要参考文献

- [1] 尹长安等:1983。中国畜牧杂志,2:22—23。
- [2] 许百善等:1986。滩羊选育研究资料汇编,宁夏畜牧研究所,6—8。

个体近交系数的 BASIC 电算程序¹⁾

师 守 堃

(北京农业大学畜牧系)

在高等动植物的遗传改良中,人们经常通过近交选育出遗传优秀的个体。为度量生物个体的近交程度,需要根据谱系估计生物个体的近交系数。估计个体近交系数的一般原理和方法已经解决,有关论述可参阅吴仲贤著《统计遗传学》一书。本文主要是依据一般原理和方法,研讨如何应用微型电子计算机准确、快速地计算出任何系谱上全部个体的近交系数以及全部个体间的亲缘系数,并提供各种型号微型机均可使用的 BASIC 语言软件程序与具体方法。

编制软件程序的遗传原理

手工计算个体近交系数和个体间亲缘系数

时的基本过程和方法是:首先根据谱系记录绘制出相应的祖先到后代的路径图,其次按路径图找出有关个体间的全部传递联系路径的世代数,然后代人 $f = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n+n'+1} (1 + f_A)$ 公式计算每一个体的近交系数 f 。这种手算方式在准确程度和计算速度上是存在问题的,尤其对较复杂的系谱进行计算时,人工难以从路径图中找出全部应有的联系路径,极易漏掉不易

Shi Shoukun: BASIC Program of Inbreeding Coefficient

- 1) 本文承蒙吴仲贤教授审校,特此致谢。
本文于1985年11月18日收到。

看出的联系路径或忘记应该进行的校正，而且需要逐一计算代入，不能同时给出谱系上所有个体的各自近交系数。

应用微型机使用本文的软件程序，很容易克服手算时难以解决的各项问题，并在估计出所有个体的加性协方差和个体间加性协方差的基础上，进一步计算出所有个体间的亲缘系数。为阐述编制软件程序的遗传原理，特用图1的个体k路径系谱，说明如何估计加性协方差、近交系数和亲缘系数。

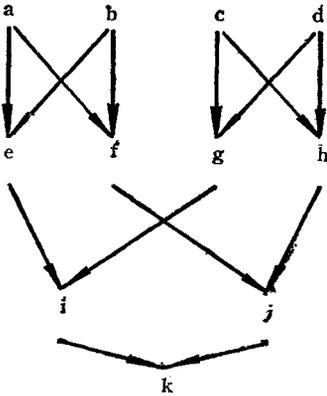


图1 个体k的路径系谱

首先，从图1观察个体i与个体j的加性

协方差。i与j两个个体必须通过共同祖先才可能具有同一来源的基因，而且每代具有相同基因的概率为1/2，因此两个个体间的加性协方差等于其中一个体的父(S)及母(d)与另一个体的加性协方差之和的1/2。现设个体间加性协方差为 A_{ij} ，上述结论用公式给出是：

$$A_{ij} = (A_{si} + A_{dj})/2 = (A_{ii} + A_{jj})/2$$

其次，从图1研究i或j各自的加性协方差。当个体i或j为非近交个体时，个体的加性协方差等于1。因为此时个体基因没有向下传递，所以每代1/2的概率指数等于零，即 $(\frac{1}{2})^0 = 1$ 。当个体i或j为近交个体时，个体的加性协方差等于1加上其父母间加性协方差的一半。现设个体的加性协方差为 A_{ii} 或 A_{jj} ，上述结论用公式给出是：

$$A_{ii} \text{ 或 } A_{jj} = 1 + A_{sd}/2$$

第三，根据上述结果可推导出个体的近交系数。已知父母间加性协方差的1/2就是子代个体的近交系数。现设个体i的近交系数为 f_i ，用公式给出是：

$$A_{ii} = 1 + A_{sd}/2 = 1 + f_i$$

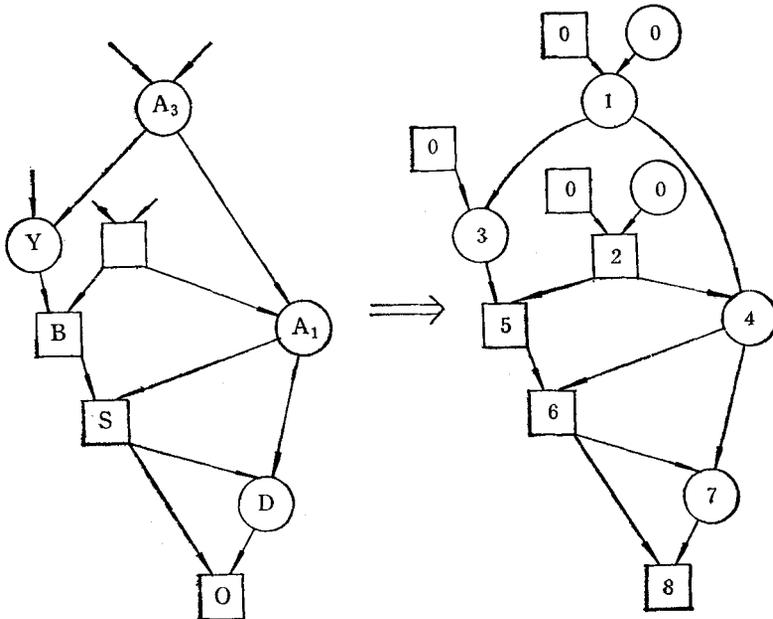


图2 公牛 Comet 的路径系谱和编码系谱

$$\therefore f_i = A_{sd}/2$$

第四,还可以使用任何两个个体间的加性协方差除以这两个个体各自加性协方差乘积的平方根,得出这两个个体间的亲缘系数。现设 ij 两个个体间亲缘系数为 R_{ij} ,用公式给出是:

$$R_{ij} = A_{ij} / \sqrt{A_{ii}A_{jj}}$$

上述4点是以个体 i 与 j 为例得出的,其关系适用于所有个体。本文所提供的软件程序就是根据上述遗传原理编制的,用 $A_{ii} = 1 + A_{sd}/2$ 的形式估计出所有个体的加性协方差,其中 $A_{sd}/2$ 部分就是相应个体的近交系数,用 $A_{ij} = (A_{si} + A_{dj})/2$ 的形式估计出所有个体间加性协方差,再用 $A_{ij}/\sqrt{A_{ii}A_{jj}}$ 算出所有个体间亲缘系数。

```

100 DIM A(30,30), C(30,30), ID(30), S(30), D(30)
110 READ N: ' Number of individuals
120 FOR I = 1 TO N
130 READ ID (I), S(I), D(I): ' Code of individual and parents
140 NEXT I
150 FOR I = 1 TO N: FOR J = I TO N
160 SI = S(I): DI = D(I): SJ = S(J): DJ = D(J)
170 IF I = J THEN A(I, I) = 1 + A(SI, DI)/2 ELSE A(I, J) = (A(I, SJ) + A(I, DJ))/2: A(J, I) = A(I, J)
180 NEXT J, I
190 FOR I = 1 TO N: FOR J = I TO N
200 IF I < J THEN C(N + 1 - I, N + 1 - J) = A(I, J)/(A(I, I)*A(J, J))^.5: ELSE C(N + 1 - I, N + 1 - J) = A(I, J)
210 NEXT J, I
220 FOR J = 1 TO N: PRINT USING "##"; J; NEXT J: PRINT
230 FOR I = 1 TO N :PRINT USING "##"; I;
240 FOR J = 1 TO I
250 PRINT USING "##. ###"; C(I, J);
260 NEXT J: PRINT
270 NEXT I
280 END
290 DATA 8,1,0,0,2,0,0,3,0,1,4,2,1,5,2,3,6,5,4,7,6,4,8,6,7

```

表1 公牛 Coment 系谱上的系数矩阵

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1.4688							
2	0.8119	1.3438						
3	0.8045	0.7422	1.1875					
4	0.5028	0.4583	0.6309	1.0000				
5	0.6317	0.7279	0.6309	0.3750	1.0000			
6	0.2836	0.2696	0.3441	0.5000	0.2500	1.0000		
7	0.4126	0.4313	0.4588	0.5000	0.5000	0.0000	1.0000	
8	0.3352	0.3774	0.3441	0.2500	0.5000	0.5000	0.0000	1.0000

程序比较简单,其中150至180语句是循环完成 $A_{ii} = 1 + A_{sd}/2$ 和 $A_{ij} = (A_{si} + A_{dj})/2$ 的运算,190至210语句是循环完成 $R_{ij} =$

软件程序及其应用举例

计算任何谱系上个体的近交系数时,应根据谱系记录画出传递路径系谱图,再据此图编码输入微型机内。现将公牛柯美特(Comet)的传递路径系谱换成编码系谱,转换结果见图2。从图2的路径系谱上看,编码顺序是从上代到下代按出现位置的早晚依次编码,凡未在联结路径上出现的个体,而这些个体又是联结路径上个体的父母者,皆编为零号。编为零号的不可不必在编码系谱上画出,但为说明问题,将5个零号个体也画出来了。

编码后可将下述应用软件程序及数据资料一起输进微型机内。

$A_{ij}/\sqrt{A_{ii}A_{jj}}$ 的运算,220至270语句是完成打印输出结果的语句。这里需要说明的是290

(下转第34页)

我们把本组样本 HLA-A、B 位点抗原频率与以往不同作者报道的中国人,尤其是广东人的 HLA-A、B 位点抗原频率进行比较^[4-6]。结果显示,本组样本中,除少数抗原,如 A₃₁ 和 B₃₅ 抗原频率低于上海地区人群的频率 ($P_c < 0.05$)、B₁₅ 抗原频率低于美国的广东人 ($P_c < 0.01$)、A₁₁ 抗原频率低于东南亚华人 ($P_c < 0.05$) 外,其余抗原频率与徐静娟等、Chan 等、Chen 和 Ting 等的报道非常相似。可见,尽管 HLA 是具有高度多态性的抗原系统,但中国不同地区汉族,包括侨居异国的汉族人群的 HLA-A、B 位点抗原象是很相似的。然而,由于 HLA 的高度多态性,我国人口众多,各个不同民族和地区的 HLA 抗原频率也可能存在一些差异。

本文报告的广州地区广东籍汉族人群 HLA-A、B 位点抗原频率和基因频率的数据是重要的群体遗传学参数,对于 HLA 有关研究和实践,如 HLA 基础研究、人种学、同种异体器官和组织移植、亲子鉴定和疾病关联研究等,都有一定意义。

参 考 文 献

- [1] 赵桐茂等: 1981. 中华血液学杂志, 2(1): 48。
- [2] 赵桐茂等: 1981. 中华内科学杂志, (9): 515。
- [3] 赵桐茂等: 1982. HLA 分型原理和应用, 上海科学技术出版社第 55 页。
- [4] 徐静娟等: 1981. 上海免疫学杂志, 3: 34。
- [5] Chan, S. H. et al.: 1979. *Tissue Antigens*, 13: 361.
- [6] Ting, A. et al.: 1981. *ibid.*, 1:258.

(上接第 25 页)

语句。该 DATA 语句是根据编码谱系输入的。第一个数值 8 代表该谱系上全部编上非零代码个体的总数,从图 2 可知编上代码的个体总数只有 8 个。第一个 8 后,从 1, 0, 0, ..., 8, 6, 7 这些数据是每 3 个一组依次输入的。每组内 3 个数据排列顺序绝对不能颠倒,现对最后一组 8, 6, 7 这 3 个数据加以说明,第一个数据 8 代表个体本身,第二个数据 6 代表个体父亲,第三个数据 7 代表个体母亲。程序执行后,会迅速在显示器上输出形式如表 1 的计算结果。

表 1 实质是个 n 阶方阵。方阵主对角线上各元素是根据 $A_{ii} = 1 + A_{i,d}/2$ 的循环运算得到的,各元素值的 $A_{i,d}/2$ 部分就是相应个体的近交系数。结果输出顺序是先子代后祖代给出的,编码为 6 号的 S 个体的近交系数 $f_6 = 0.1875$ 或 18.75%, 依次 7 号的 D 个体的近交系数 $f_7 = 0.3438$ 或 34.38%, 8 号的 0 个体的近交系数

$f_8 = 0.4688$ 或 46.88%, 其他个体皆为非近交个体。方阵主对角线外的各元素是上下对称的,都是根据 $R_{ij} = A_{ij}/\sqrt{A_{ii}A_{jj}}$ 的循环得到的,各元素值就是对应两个个体间亲缘系数。例如,编码 6 号的 S 个体与编码 7 号的 D 个体的亲缘系数 $R_{67} = 0.7422$ 或 74.22%。

本软件程序完全是根据遗传学原理进行编制的,应用微型机可以计算每一谱系上所有个体的近交系数和个体间亲缘系数,运算迅速,结果准确,像公牛 Coment 谱系使用 NEC 的 PC-8801 微型机计算,时间不足 1 秒钟即可在显示器开始输出计算结果。在本软件程序基础上稍加技巧性补充发展,就可一个谱系接着一个谱系地连续计算输出,并可给出群体平均值。

参 考 文 献

- [1] 吴仲贤: 1977. 统计遗传学, p. 44-58。