

- ✧ 遗传力与遗传传递能力的关系？
- ✧ 遗传力与选择效果的关系，如某群体的遗传力为0，育种家应如何提高选择的效率？

✧ 数量性状与质量性状的区别和联系？

✧ 超显性与超亲遗传的区别？

✦ 数量性状与质量性状的区别和联系？

# 思考题1:

- (1) 染色体组的概念及其基本特征;染色体数目变异的类型;
- (2) 非整倍性变异的产生机制和遗传特点 ;
- (3) 同源多倍体的产生机制、遗传特点及其在遗传育种中的应用;
- (4) 异源多倍体的来源及其在生物进化中的地位。

## 思考题2:

同源三倍体和同源四倍体育性差异原因？  
同源三倍体和三体育性差异原因？

同源四倍体的基因分离：染色体随机分离和染色单体随机分离形成配子的类型及比例？

单体和三体形成配子类型，及其在基因定位中的应用

单体和三体形成配子类型，及其在基因定位中的应用

- ✦ 1、为什么大部分数量性状表现正态分布？
- ✦ 2、质量性状与数量性状的区别？

## 第八章 数量性状遗传(P168)



**遗传性状：**

**质量性状：表现型具有  
不连续的变异**



**数量性状：表现型具有  
连续的变异**



# 第八章 数量性状遗传(P168)

## 第一节 数量性状的遗传特征

一、数量性状的特征：

二、数量性状的遗传基础

# 第一节 数量性状的遗传特征

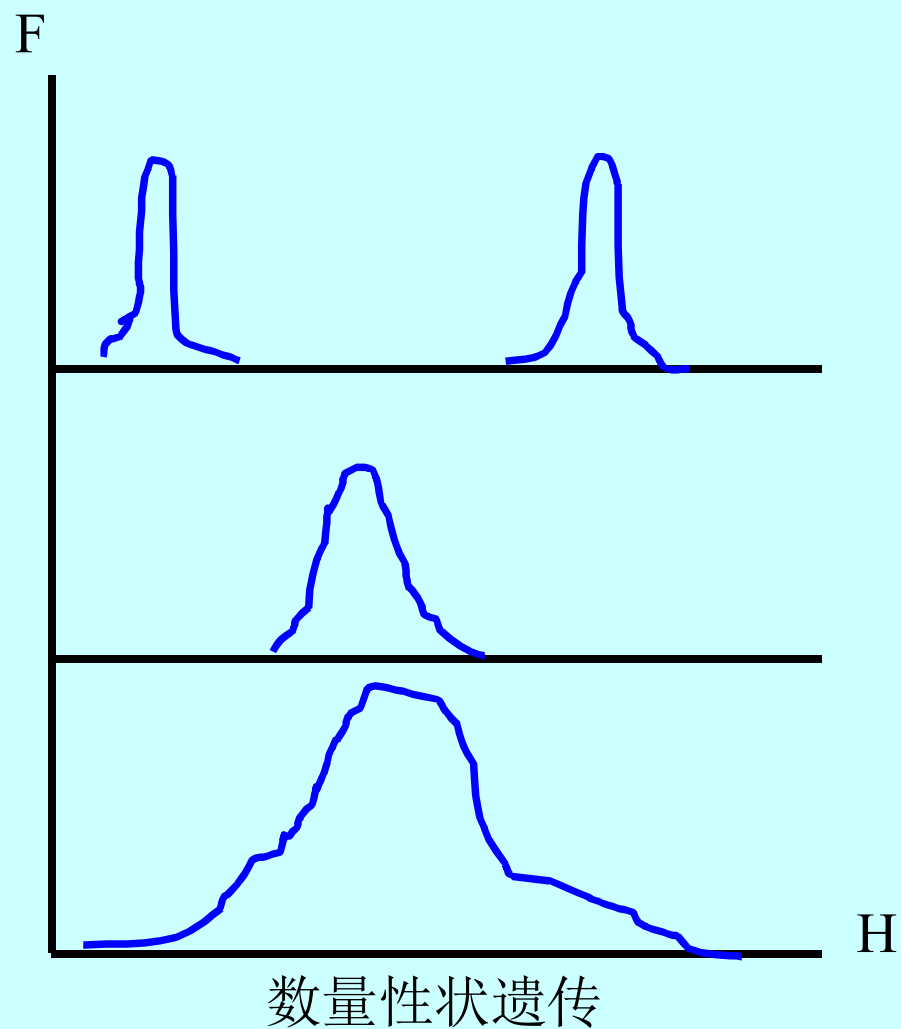
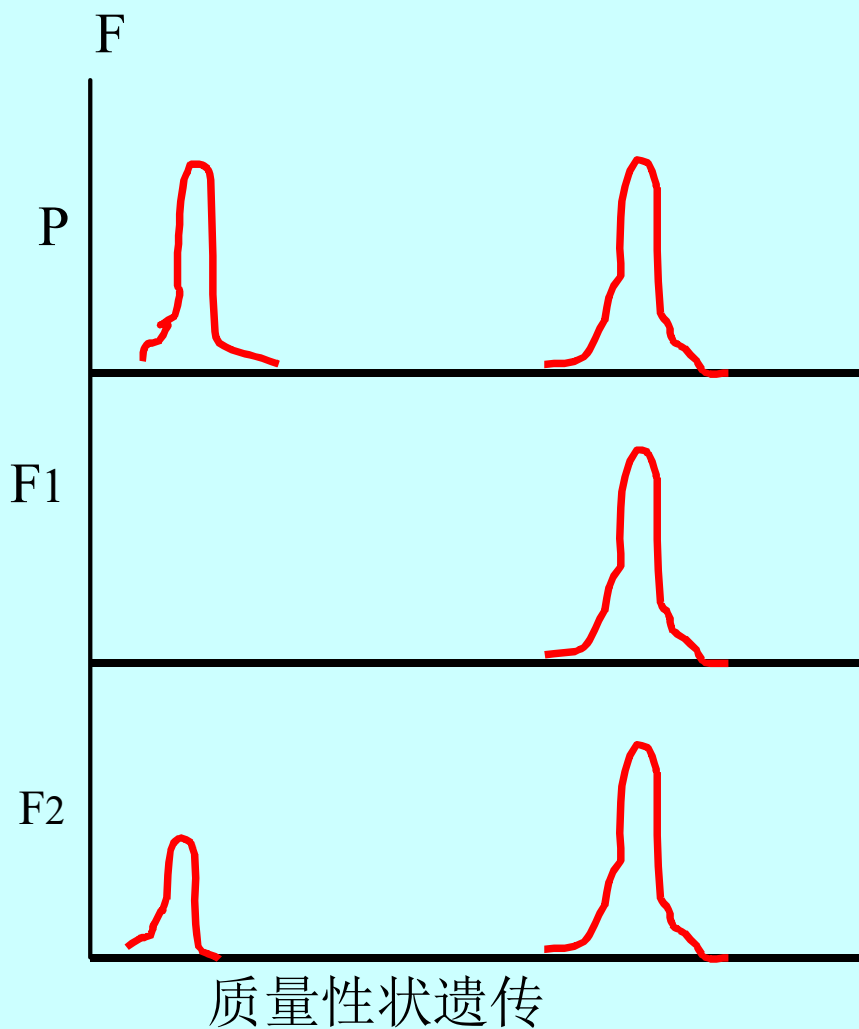
# 一、数量性状的特征：

## (一)质量性状 (qualitative character) 的特征：

- 1.性状表现：种类上的变化（如红花、白花）、间断型；
- 2.遗传基础：受一对或少数几对基因控制；
- 3.环境作用：不易受环境条件的影响；
- 4.研究方法：系谱和概率分析。

## **(二) 数量性状** (quantitative character) **的特征:**

- 1.性状表现: 数量上的变化 (如穗长)、连续型;**
- 2.遗传基础: 受多基因控制;**
- 3.环境作用: 易受环境条件的影响;**
- 4.研究方法: 统计分析。**



质量性状遗传和数量性状遗传的区别

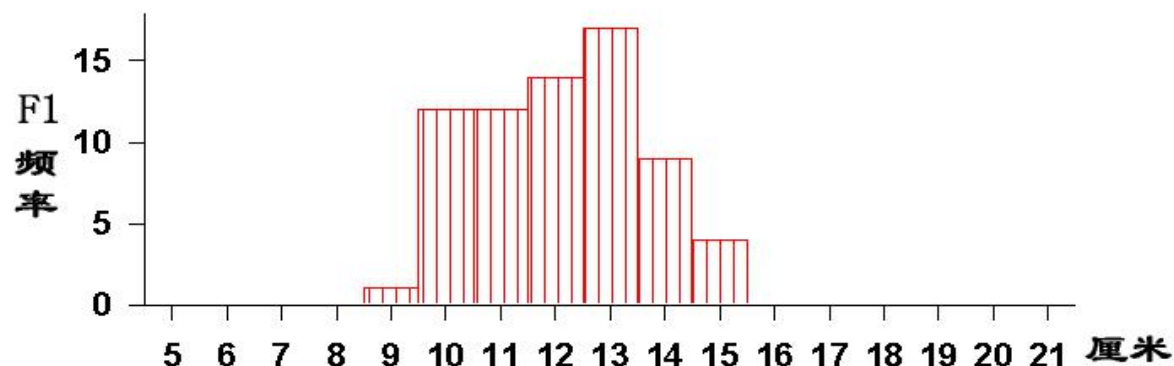
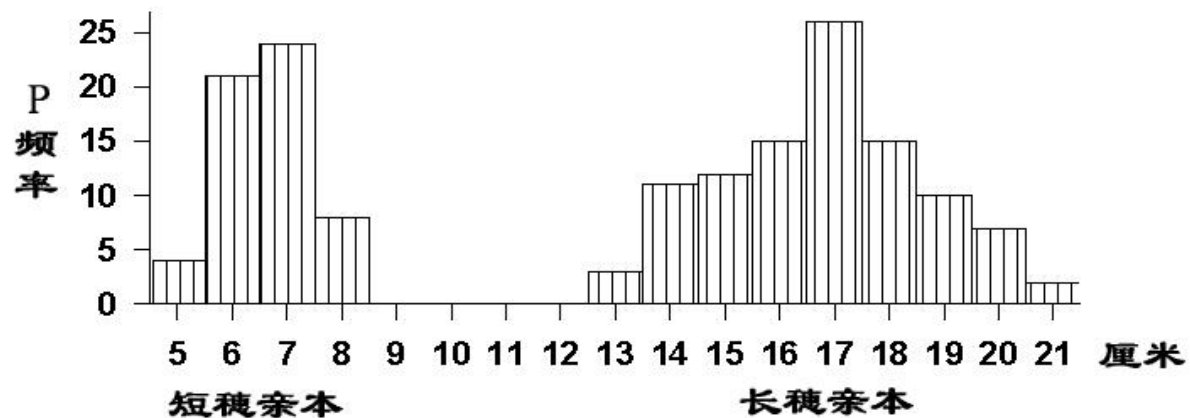
### (三) 数量性状的重要性

**动植物的大多数经济、农艺性状都是数量性状。**

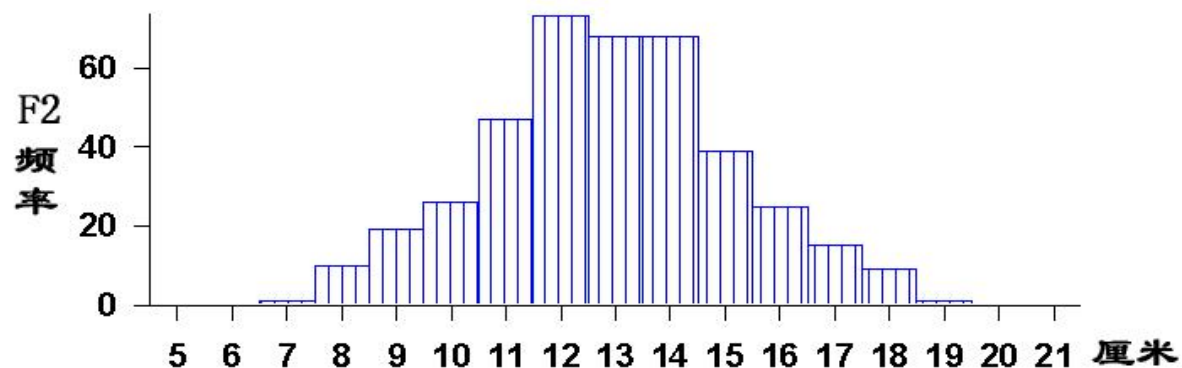
**因此研究数量性状的表现、遗传及其改良具有重要的意义。**

**动物：体重、产仔(卵)数、出栏期、肉质等；**

**植物：株高、成熟期、产量、粒重(果实大小)、品质等。**



## 玉米穗长遗传





## 二、数量性状的遗传基础

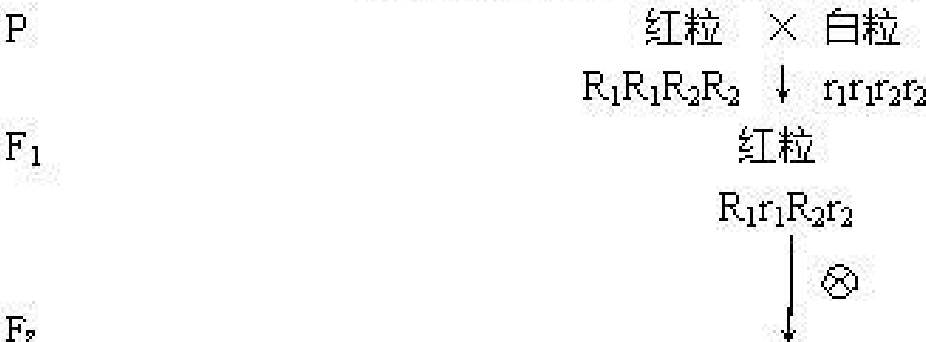
## (一) 多基因假说

*Nilson-Ehle, H.(1909)*根据小麦粒色遗传提出 (P170)

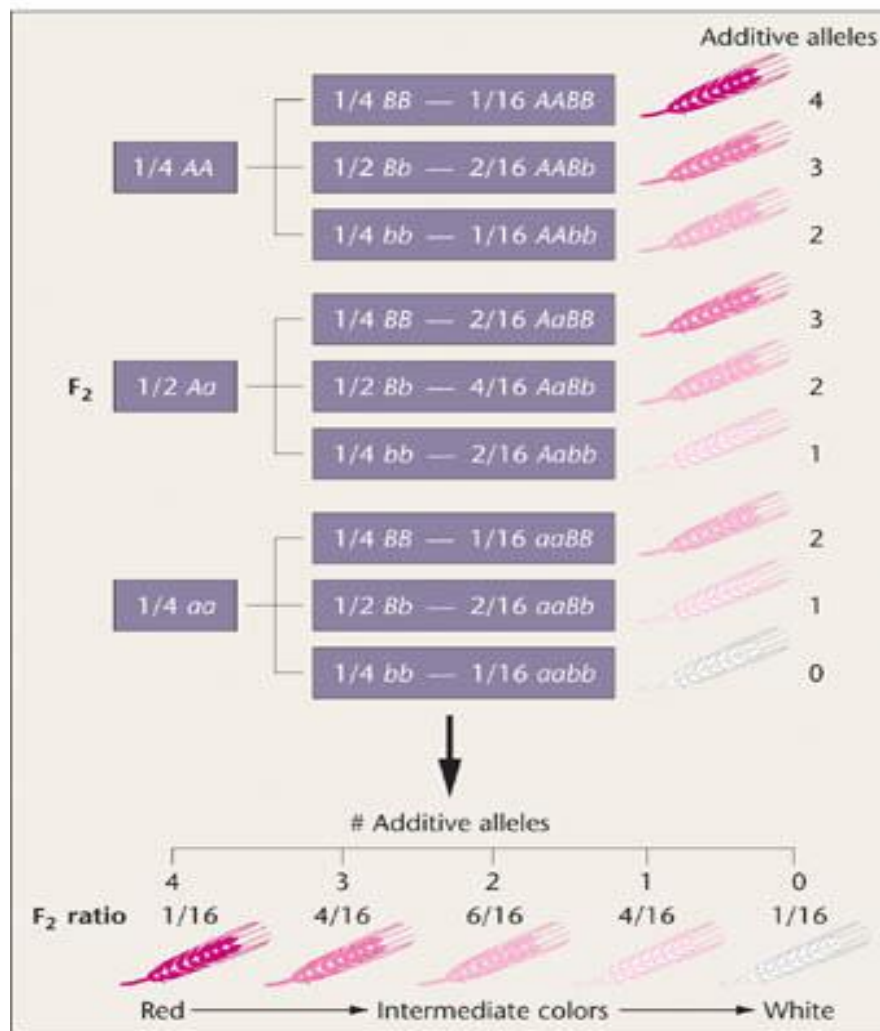
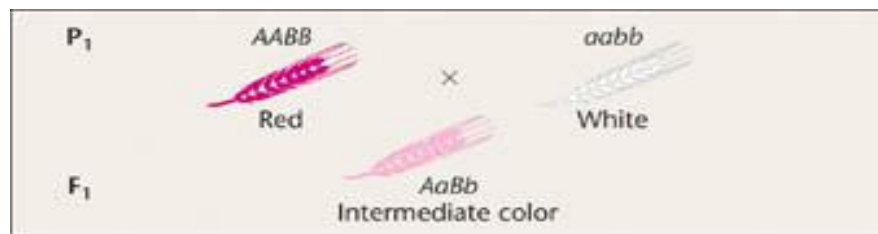
- 1.数量性状受许多**彼此独立**的基因共同控制，每个基因对性状表现的效果较微，但各对基因遗传方式仍然服从孟德尔遗传规律；
- 2.各基因的效应相等；
- 3.各个等位基因表现为不完全显性或无显性，或表现为增效和减效作用；
- 4.各基因的作用是累加的。

# 两对基因差异

小麦子粒颜色受两对重叠基因决定时的遗传动态:



表现型类别	红 色				白色
	深 红	中 深 红	中 红	浅 红	
表现型比例	1	4	6	4	1
红粒有效基因 数	4R	3R	2R	1R	0R
基因型	1R <sub>1</sub> R <sub>1</sub> R <sub>2</sub> R <sub>2</sub>	2R <sub>1</sub> R <sub>1</sub> R <sub>2</sub> r <sub>2</sub> 2R <sub>1</sub> r <sub>1</sub> R <sub>2</sub> R <sub>2</sub>	1R <sub>1</sub> R <sub>1</sub> r <sub>1</sub> r <sub>2</sub> 4R <sub>1</sub> r <sub>1</sub> R <sub>2</sub> r <sub>2</sub> 1r <sub>1</sub> r <sub>1</sub> R <sub>2</sub> R <sub>2</sub>	2 R <sub>1</sub> r <sub>1</sub> r <sub>2</sub> r <sub>2</sub> 2r <sub>1</sub> r <sub>1</sub> R <sub>2</sub> r <sub>2</sub>	r <sub>1</sub> r <sub>1</sub> r <sub>2</sub> r <sub>2</sub>
红粒:白粒	15 : 1				



# 小麦籽粒颜色的遗传

## ◆性状表现:

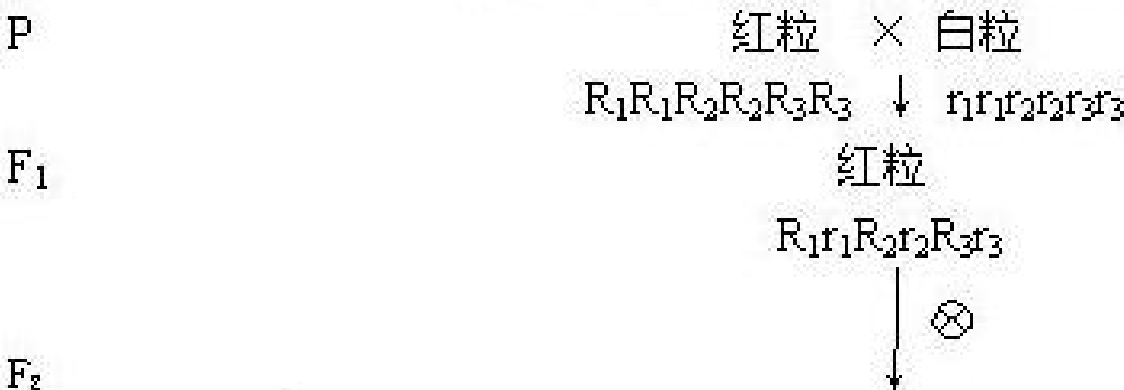
$F_1$ 表现为两亲本间的中间类型;

$F_2$ 表现为两对基因间的重叠作用(15:1);

籽粒颜色的深浅取决于所含 $R$ 基因的数目, 表现明显的累加效应, 并且有3种中间类型。

# 三对基因差异

小麦子粒颜色受三对重叠基因决定时的遗传动态：



表现型类别	红 色						白色
	最深红	暗 红	深 红	中深红	中 红	浅 红	
表现型比例	1	6	15	20	15	6	1
红粒有效基 因 数	6R	5R	4R	3R	2R	1R	0R
红粒:白粒	63						1

## ◆ 性状表现:

$F_1$ 表现为两亲本间的中间类型;

$F_2$ 表现为两对基因间的重叠作用(63:1);

存在累加效应, 有5种中间类型。

# 多对基因差异

当所研究的情况由  $n$  对 独立遗传的基因控制时， $F_2$  基因型频率为：

$$\left(\frac{1}{2}R + \frac{1}{2}r\right)^2 \left(\frac{1}{2}R + \frac{1}{2}r\right)^2 \left(\frac{1}{2}R + \frac{1}{2}r\right)^2 \dots\dots$$

$$= \left(\frac{1}{2}R + \frac{1}{2}r\right)^{2n}$$

当  $n=2$  时

$$\left(\frac{1}{2}R + \frac{1}{2}r\right)^{2 \times 2} = \frac{1}{16}(4R) + \frac{4}{16}(3R) + \frac{6}{16}(2R) + \frac{4}{16}(1R) + \frac{1}{16}(0R)$$

当  $n=3$  时

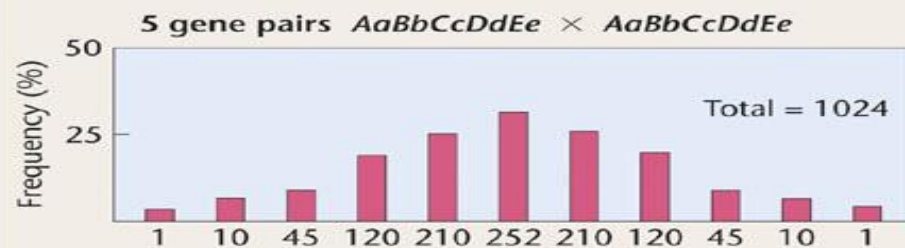
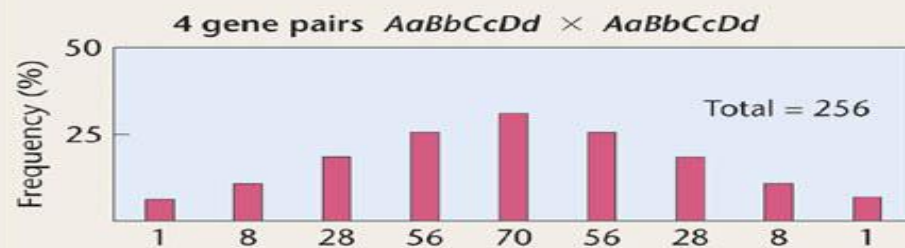
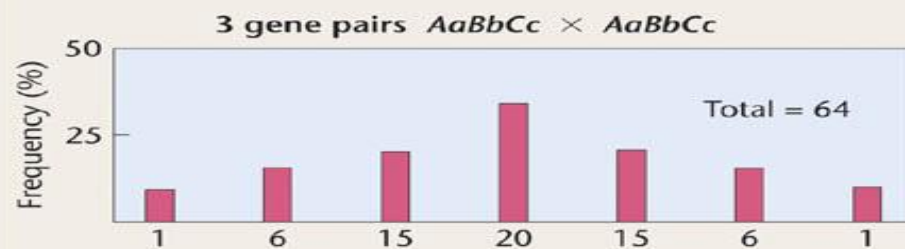
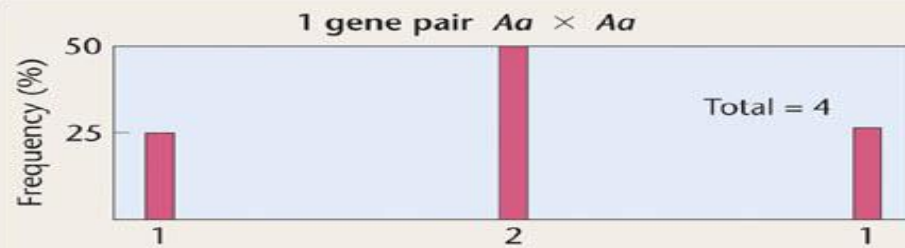
$$\left(\frac{1}{2}R + \frac{1}{2}r\right)^{2 \times 3} = 1/64 + 6/64 + 15/64 + 20/64 + 15/64 + 6/64 + 1/64$$

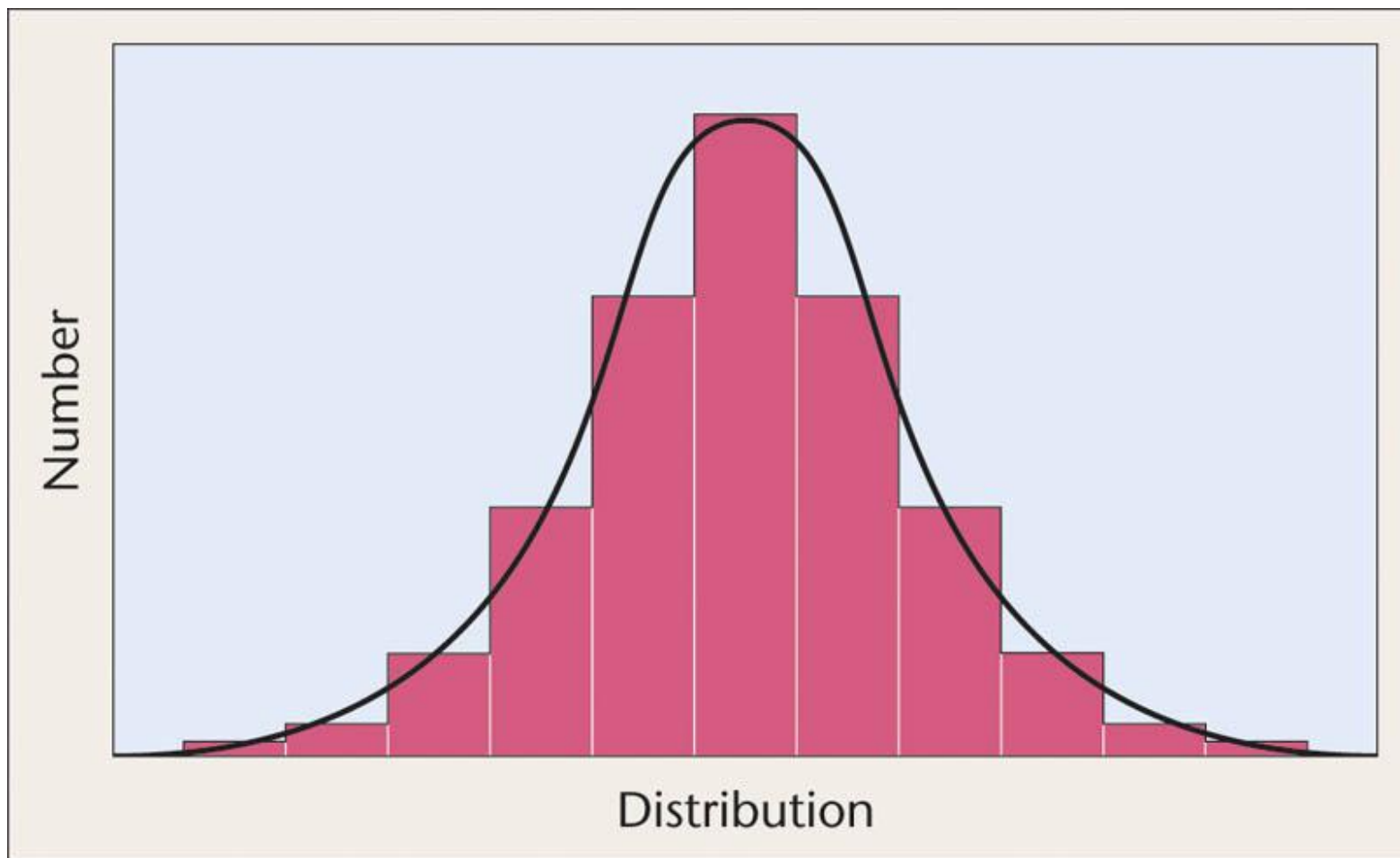
R	r	6R	5R	4R	3R	2R	1R	0R
---	---	----	----	----	----	----	----	----



## ◆粒色遗传总结:

**基因间表现累加效应，基因对数越多，中间类型越多，类型间差异越小，随基因对数增加将表现为连续变异。**





典型数量性状分布图（正态分布）

## (二) 多基因假说的丰富与发展

数量性状可以由少数效应较大的**主基因**控制，也可以由数目较多、效应较小的**微效多基因**控制。

**主基因** (*major gene*): 指对性状的作用比较明显的1对或少数几对基因。

**微效基因** (*minor gene*): 指控制性状的效应较微小的基因。

# 质量—数量性状

- 质量性状
- 数量性状
- 质量-数量性状：受少数几对主效基因控制，但另有许多效应很小的基因能够增强或者削弱主效基因对表型的作用
- 这一类微效基因在遗传学上称为修饰基因（modifying gene）。

### (三) 超亲遗传 (transgressive inheritance) (P172)

杂种后代的某一性状超越双亲的现象

指在数量性状的遗传中，杂种第2代及以后的分离世代群体中，出现超越双亲性状的新表型的现象。

例如：小麦籽粒颜色遗传

浅红 × 微红				
$(R_1r_1R_2r_2r_3r_3) \downarrow (r_1r_1r_2r_2R_3r_3)$				
F <sub>1</sub>				
♂ 配子 \ ♀ 配子	$R_1R_2r_3$	$R_1r_2r_3$	$r_1R_2r_3$	$r_1r_2r_3$
$r_1r_2R_3$	中红 $R_1r_1R_2r_2R_3r_3$	浅红 $R_1r_1r_2r_2R_3r_3$	浅红 $r_1r_1R_2r_2R_3r_3$	微红 $r_1r_1r_2r_2R_3r_3$
$r_1r_2r_3$	浅红 $R_1r_1R_2r_2r_3r_3$	微红 $R_1r_1r_2r_2r_3r_3$	微红 $r_1r_1R_2r_2r_3r_3$	白粒 $r_1r_1r_2r_2r_3r_3$

❖ 如：两个水稻品种，早熟 $\times$ 晚熟， $F_1$ 表现为中熟，但后代中可能出现比早熟亲本更早熟、或比晚熟亲本更晚熟的植株。这就是超亲遗传。

## 第二节 数量性状遗传研究的基本统计方法



## 第二节 数量性状遗传研究的基本统计方法

平均数

$$\bar{x} = \frac{x_1 + x_2 + x_3 + \cdots + x_n}{n} = \frac{\sum x}{n}$$

方差  $V/S^2$

$$V = \frac{\sum (x - \bar{x})^2}{n - 1}$$

$$V = \frac{\sum x^2 - \frac{(\sum x)^2}{n}}{n - 1}$$

标准差  $S$

$$S = \sqrt{\frac{\sum (x - \bar{x})^2}{n - 1}}$$

# 第八章 数量性状遗传(P168)

## 第一节 数量性状的遗传特征

- 一、数量性状的特征：
- 二、数量性状的遗传基础

## 第二节 数量性状遗传研究的基本统计方法

- 一. 资料均值
- 二. 资料变异程度

# 一. 资料均值

◆ **平均数** (mean) : 数量资料的代表值, 表示一组资料中变量的中心位置。

◆ 总体平均数用 $\mu$ 表示, 但总体平均数往往是不能直接获得, 而是通过样本平均数来估计。

样本平均数的计算公式：

**n个观察值样本资料均值的计算公式.**

$$\begin{aligned}\hat{\mu} &= \frac{1}{n}(x_1 + x_2 + \cdots + x_i + \cdots + x_n) \\ &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^k f_i x_i\end{aligned}$$

$\hat{\mu}$  表示平均数估计值、 $x$  表示资料中每一个观察数、 $n$  表示观察的总个数、 $k$  为组数、 $f$  为频率， $\sum_{i=1}^n$  表示从1至 $n$ 的累加。

世代	长度 (cm)	N	$\bar{X}$	S	V
	5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21				
短穗亲本 (No.60)	4 21 24 8	57	6.632	0.816	0.666
长穗亲本 (No.54)	3 11 12 15 26 15 10 7 2	101	16.802	1.887	3.561
$F_1$	1 12 12 14 17 9 4	69	12.116	1.519	2.307
$F_2$	1 10 19 26 47 73 68 39 25 15 9 1	401	12.888	2.252	5.072

$$\hat{\mu} = \frac{5+5+5+5+6+\dots+8}{57} = 6.632\text{cm}$$

$$\hat{\mu} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^k f_i x_i = \frac{4 \times 5 + 21 \times 6 + \dots + 8 \times 8}{57} = 6.632\text{cm}$$

## 二.资料变异程度

◆ 衡量群体数量资料的变异程度(也称离中性/分散程度)的参数主要有:

**方差** (variance) ( $V/S^2$ );

**标准差**(standard deviation) ( $S$ )。

总体资料的参数由样本的统计量估计：

✦ 方差： $V = \sum (x - \bar{X})^2 / n$  表示一组资料的分散程度或离中性。

■ 全部观察值偏离平均数的度量参数。

■ 方差愈大，说明平均数的代表性愈小。

✦ 当样本容量大于30时，可用n代替n-1计算方差与标准差。

■ 计算方法：先求出全部资料中每一个观察值与平均数的离差的平方的总和，再除以观察值个数。

离均差：每个变量和平均数之差称离均差。离均差之和为零。

离均差的平方和 $\sum (x - \bar{X})^2$ 简单称平方和。反映了各个变量和平均数的差异程度。

✦ 标准差 :  $S = V^{1/2} = [\sum (x - \bar{X})^2 / n]^{1/2}$

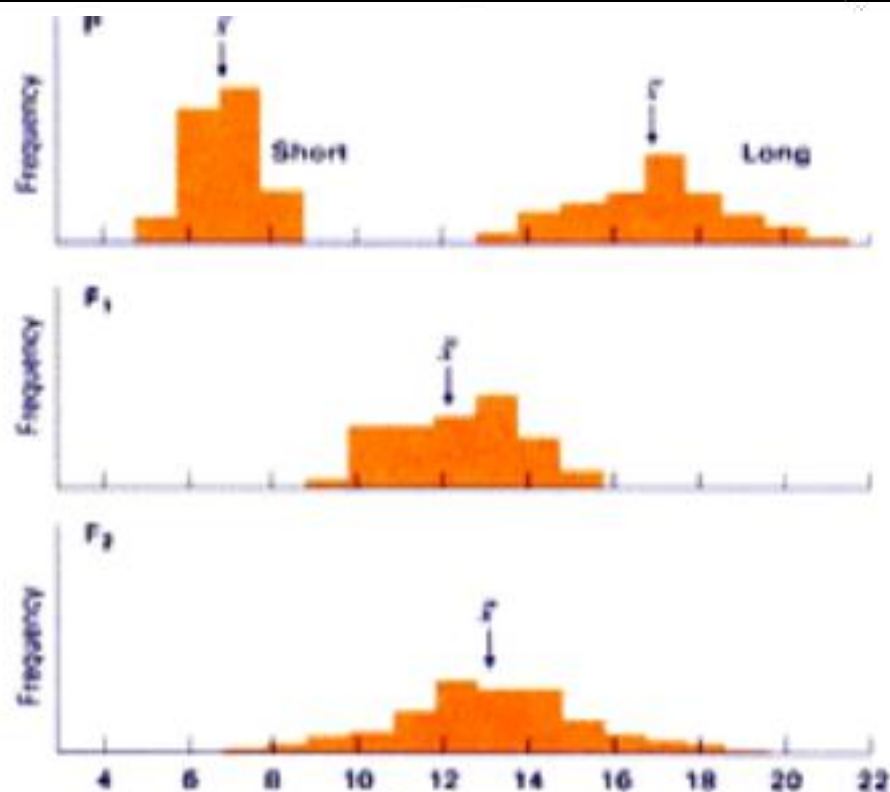
方差的平方根值

✦ 方差和标准差是全部观察值偏离  
平均数的重要度量参数



玉米穗长的平均数与标准差

长度 频率 世代	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	N	X	S	V
短穗亲本 No.60	4	21	24	8														57	6.632	0.816	0.666
长穗亲本 No.54									3	11	12	15	26	15	10	7	2	101	16.802	1.887	3.561
F1	1 12 12 14 17 9 4																	69	12.116	1.519	2.307
F2	1 10 19 26 47 73 68 68 39 25 15 9 1																	401	12.888	2.252	5.072



# 第三节 数量性状的遗传模型和方差分析

(P173)

# 一、数量性状的遗传模型

# 表现型值 (phenotype value)

❖ 对个体某个性状度量或观察到的数值。

如：某玉米的穗长10cm

某水稻穗上有300粒稻谷

# 数量性状的遗传模型

- **表现型值**（phenotype value），P。
- 其中有基因型所决定的部分，称为**基因型值**（genotype value），G。
- 表现型值与基因型值之差就是环境条件引起的变异，称为**环境离差**。（environmental deviation），E。

$$P = G + E$$

- 这就是数量性状的基本数学模型

基因型值还可以分解为：

- ❖ 加性效应 (additive effect),  $A$
- ❖ 显性效应 (dominance effect),  $D$
- ❖ 上位性效应 (epistasis effect),  $I$

# 加性效应 (A)

- ❖ 基因座位 (locus) 内等位基因之间以及非等位基因之间的累加效应
- ❖ 是上下代遗传中可以固定的遗传分量

## 显性效应 (D)

- ❖ 基因座位内等位基因之间的**互作效应**。
- ❖ 非加性效应，不能在世代间固定
- ❖ 与基因型有关
- ❖ 随着基因在不同世代中的分离与重组，基因间的关系（基因型）会发生变化，显性效应会逐代减小。



# 上位性效应 (I)

- ❖ 非等位基因之间的相互作用对基因型值产生的效应。
- ❖ 非加性效应。

## 加性-显性模型

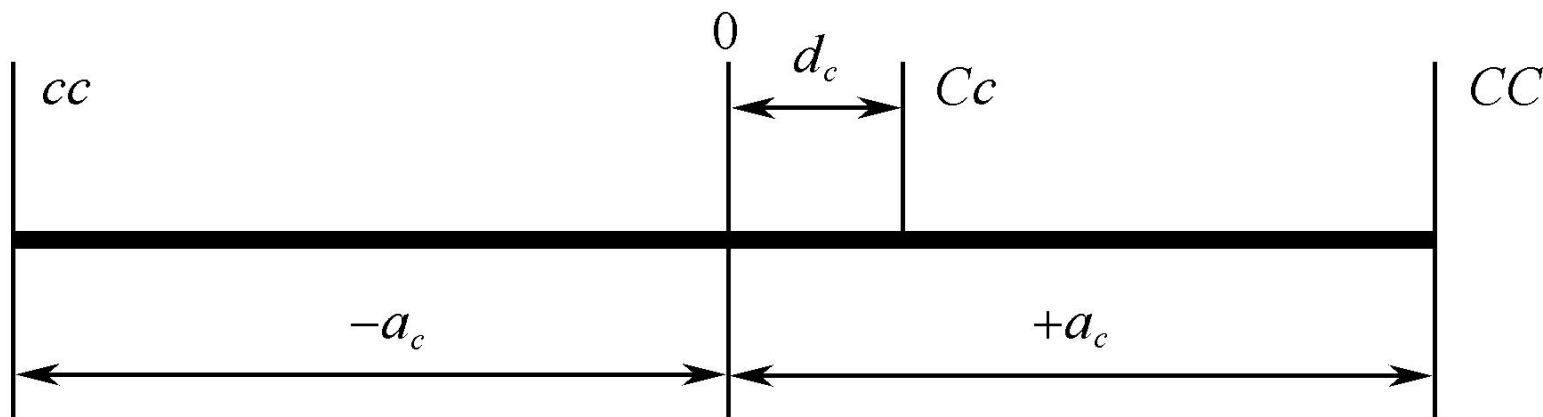
$$G = A + D$$

$$V_G = V_A + V_D$$

$$P = A + D + E$$

$$V_P = V_A + V_D + V_E$$

# 加性-显性模型



## 基因型效应的数学模型

- 中亲值 ( $m$ ) =  $(CC + cc) / 2$ , 定为0
- 各基因型值与中亲值的差就是相应的基因型效应
- $a_c$  为加性效应, 表示  $CC$  和  $cc$  基因型值与中亲值之差
- $d_c$  为显性效应, 表示  $Cc$  基因型值与中亲值之差
- $d_c = 0$ , 无显性;  $d_c > 0$ , 有显性效应;  $d_c < 0$ , 表示  $c$  基因为显性;  $d_c = a_c$ , 完全显性;  $d_c > a_c$ , 超显性

## 小鼠6周龄体重（平均值）

基因型	PP	Pp	pp
体重(g)	14	12	6

$$m = (14 + 6) / 2 = 10g,$$

$$a = 14 - 10 = 4g$$

$$d = 12 - 10 = 2g$$

❖ 同理，对于等位基因E、e，也有3种基因型：EE、Ee、ee

❖ 3种基因型的效应值分别为 $a_e$ 、 $d_e$ 、 $-a_e$

❖ 涉及多对基因时，基因型值为：

$$ccEERR \quad -a_c + a_e + a_r$$

$$CCEeRr \quad a_c + d_e + d_r$$

$$CcEeddRRTt \quad d_c + d_e - a_d + a_r + d_t$$

## 加性—显性遗传模型

### ❖ 如果涉及k对基因

$$A = [a] = \sum a_+ - \sum a_-$$

$$D = [d] = \sum d$$

### ❖ 基因型值是各种基因效应值的总和

$$G = A + D$$

$$P = A + D + E$$

# 加性—显性—上位性遗传模型

- ❖ 对于某些性状，不同基因座位上的基因还可能存在互作效应，即上位性效应。
- ❖ 基因型值包括加性效应、显性效应和上位性效应

$$G = A + D + I$$

$$P = A + D + I + E$$

## 加性-显性-上位性模型

$$G = A + D + I$$

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

$$P = A + D + I + E$$

$$V_P = V_A + V_D + V_I + V_E$$



现以  $\bar{P} = \bar{G} + \bar{E}$  表示三者的平均数，则各项的方差可以推算如下。

$$\begin{aligned} & \sum (P - \bar{P})^2 \\ &= \sum \left[ (G + E) - (\bar{G} + \bar{E}) \right]^2 \\ &= \sum \left[ (G - \bar{G}) + (E - \bar{E}) \right]^2 \\ &= \sum (G - \bar{G})^2 + 2 \sum (G - \bar{G})(E - \bar{E}) + \sum (E - \bar{E})^2 \end{aligned}$$

✦ 表型离均差平方和

$$\sum (P - \bar{P})^2$$

✦ 基因型离均差平方和

$$\sum (G - \bar{G})^2$$

✦ 环境影响造成的离均差平方和

$$\sum (E - \bar{E})^2$$

✦ 基因型与环境条件的互作效应

$$\sum (G - \bar{G})(E - \bar{E})$$

✦ 若基因型与环境之间没有互作，即：

$$\sum (G - \bar{G})(E - \bar{E}) = 0$$

✦ 则表型离差平方和等于基因型离差平方和加环境引起的离差平方和

$$\begin{aligned} \sum (P - \bar{P})^2 \\ = \sum (G - \bar{G})^2 + \sum (E - \bar{E})^2 \end{aligned}$$

上式两边都除以n或n-1:

$$\frac{\sum (P - \bar{P})^2}{n} = \frac{\sum (G - \bar{G})^2}{n} + \frac{\sum (E - \bar{E})^2}{n}$$

$$V_P = \frac{\sum (P - \bar{P})^2}{n}$$

$$V_G = \frac{\sum (G - \bar{G})^2}{n}$$

$$V_E = \frac{\sum (E - \bar{E})^2}{n}$$

$$V_P = V_G + V_E$$

$$V_P = V_G + V_E$$

$V_P$ : 表现型方差

$V_G$ : 基因型方差

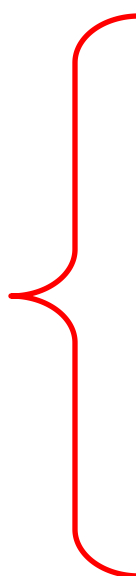
$V_E$ : 环境方差

❖ 基因型方差是群体内个体间基因型差异引起的变异量。

❖ 基因型方差可以进一步分解成：

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

$$V_P = V_A + V_D + V_I + V_E$$

基因型方差 ( $V_G$ ) =   $\begin{cases} \text{加性方差}(V_A) \\ \text{显性方差} (V_D) \\ \text{上位性方差} (V_I) \end{cases}$

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

**加性方差 ( $V_A$ )**：指同一座位上等位基因间和不同座位上的非等位基因间的**累加作用**引起的变异量

**显性方差 ( $V_D$ )**：指同一座位上等位基因间**相互作用**引起的变异量

**上位性方差 ( $V_I$ )**：指非等位基因间的**相互作用**引起的变异量

**加性方差只和基因有关，而和基因型无关**

**比如：** $R_1r_1R_2r_2$ 、 $R_1R_1r_2r_2$ 、 $r_1r_1R_2R_2$ 三种基因型是等效的。

**显性方差、上位性方差直接与基因型有关**

**比如：** $R_1R_1r_2r_2$ 、 $r_1r_1R_2R_2$  和  $R_1r_1R_2r_2$  的效应是不同的。



**亲代传递给子代的是基因，而不是基因型，基因在上下代之间是连续的、不变的，而基因型在上下代之间是不连续的、变化的。**

**加性方差是可固定的遗传变异量，它可在上、下代间传递。而显性方差和上位性方差是不能固定的遗传变异量。**

# 数量遗传学 (quantitative genetics)

- ✦ 运用统计学方法，研究生物群体的表现型变异中遗传效应和环境效应的分量，并进一步分解遗传变异中基因效应的变异分量。
- ✦ 方差分析是数量遗传学研究的基本方法。

遗传学  
Genetics

传递遗传学 **Transmission genetics**

(经典遗传学)

细胞遗传学

**Cytogenetics**

生统遗传学

**Biometrical genetics**

分子遗传学

**Molecular genetics**

数量遗传学

**Quantitative genetics**

群体遗传学

**Population genetics**

## 二、常用的几种群体的方差 (P176)

### (一) 不分离世代( $P_1, P_2, F_1$ )的方差

不分离世代个体间无基因型差异。

即：  $V_G=0$ ，因此：  $V_P = V_E \rightarrow$  可用不分离世代表型方差估计环境方差；

# 常用遗传群体的方差

- ❖ 方差分析要以一定的遗传(数学) 模型为基础。
- ❖ 数量性状分析常用模型是

$$V_P = V_A + V_D + V_I + V_E$$

- ❖ 但是，上位性效应较难分析。
- ❖ 初学者使用的模型是

$$V_P = V_A + V_D + V_E$$

# 1、不分离群体的方差

- ❖ 一般来说，纯系农作物品种亲本 $P_1$ 、 $P_2$ 群体中各个个体的基因型是纯合一致的。
- ❖  $F_1$ 群体的各个个体的基因型是杂合一致的。
- ❖ 这3种群体均为不分离群体。
- ❖ 不分离群体内个体间没有遗传差异，所有的变异都是环境因素引起的。

$$V_{P1} = V_E$$

$$V_{P2} = V_E$$

$$V_{F1} = V_E$$

## (二) 分离世代的方差

## F<sub>2</sub>基因型效应及遗传方差的计算

基因型	频率(f)	基因型效应值(x)	fx	fx <sup>2</sup>
AA	1/4	a	1/4a	1/4a <sup>2</sup>
Aa	2/4	d	1/2d	1/2d <sup>2</sup>
aa	1/4	-a	- 1/4a	1/4a <sup>2</sup>
合计	n=1		Σf(x)= 1/2d	Σfx <sup>2</sup> =1/2a <sup>2</sup> +1/2d <sup>2</sup>

$$V_{G(F_2)} = \frac{\sum fx^2 - \frac{(\sum fx)^2}{n}}{n} = \frac{1}{2}a^2 + \frac{1}{4}d^2$$

假若这一性状由*k*对基因控制，效应相等，可累加：

$$V_{G(F_2)} = 1/2V_A + 1/4V_D$$

$$V_{F_2} = 1/2V_A + 1/4V_D + V_E$$



## B<sub>1</sub>基因型效应及遗传方差的计算

基因型	频率(f)	基因型效应值(x)	$fx$	$fx^2$
AA	1/2	a	1/2a	1/2a <sup>2</sup>
Aa	1/2	d	1/2d	1/2d <sup>2</sup>
合计	n=1		$\sum f(x) = \frac{1}{2}(a+d)$	$\sum fx^2 = \frac{1}{2}a^2 + \frac{1}{2}d^2$

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

## B<sub>2</sub>基因型效应及遗传方差的计算

基因型	频率(f)	基因型效应值(x)	fx	fx <sup>2</sup>
aa	1/2	-a	-1/2a	1/2a <sup>2</sup>
Aa	1/2	d	1/2d	1/2d <sup>2</sup>
合计	n=1		$\sum f(x) = \frac{1}{2}(d-a)$	$\sum fx^2 = \frac{1}{2}a^2 + \frac{1}{2}d^2$

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

**假若这一性状由*k*对基因控制，效应相等，可累加：**

$$V_{G(B1)} + V_{G(B2)} = 1/2V_A + 1/2V_D$$

$$V_{B1} + V_{B2} = 1/2V_A + 1/2V_D + 2V_E$$

## 第四节 遗传率的估算及其应用 (P179)

一、遗传率 (力) (heritability) :遗传方差在总方差中所占的比值。可作为杂种后代进行选择的一个指标。

◆ **广义遗传率( $h_B^2$ 或 $H^2$ ):** 基因型方差 (遗传方差) 占表型方差 (总方差) 的比率。

◆ **狭义遗传率( $h_N^2$ 或 $h^2$ ):** 加性方差占总方差的比率。

$$\begin{aligned} h_B^2 &= \frac{\text{遗传方差}}{\text{总方差}} \times 100 \% \\ &= \frac{V_G}{V_P} \times 100 \% = \frac{V_G}{V_G + V_E} \times 100 \% \\ h_N^2 &= \frac{\text{加性方差}}{\text{总方差}} \times 100 \% \\ &= \frac{V_A}{V_P} \times 100 \% = \frac{V_A}{(V_A + V_D + V_I) + V_E} \times 100 \% \end{aligned}$$

✦ 遗传率衡量遗传因素和环境条件对所研究的性状的表型总变异所起作用的相对重要性。

✦ 遗传力又称为遗传决定度（**degree of genetic determination**）。

- ❖ 某性状 $H_b^2=70\%$ ，表示在后代的总变异（总方差）中，70%是由基因型差异造成的，30%是由环境条件影响所造成的。
- ❖  $H_b^2=20\%$ ，说明环境条件对该性状的影响占80%，而遗传因素所起的作用很小。在这样的群体中选择，效果一定很差。
- ❖ 遗传率大的性状，选择效果好；遗传力小的性状，选择效果差。

遗传率不是性状传递的能力！

❖ 遗传率是度量变异的参数

❖ 纯系品种的遗传率为0



## 二、广义遗传率 的估算方法

(一) 利用  **$F1$  表现型方差** 估算环境方差来计算  $h_B^2$

## 玉米穗长的频率、平均数、方差和标准差

长度 频率 世代	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	N	X	S	V
短穗亲本 No.60	4	21	24	8														57	6.632	0.816	0.666
长穗亲本 No.54									3	11	12	15	26	15	10	7	2	101	16.802	1.887	3.561
F1	1 12 12 14 17 9 4																	69	12.116	1.519	2.307
F2	1 10 19 26 47 73 68 68 39 25 15 9 1																	401	12.888	2.252	5.072

$$h_B^2 = (5.072 - 2.307) / 5.072 \times 100\% = 54\%$$

表明，在该杂交组合中，F<sub>2</sub>穗长的变异大约有54%是由于遗传差异造成的，46%是环境影响造成的。

(二) 利用亲本的表现型方差估算环境方差来计算  $h_B^2$

$$\begin{aligned}
 h_B^2 \quad (H^2) &= V_G / (V_E + V_G) \times 100\% \\
 &= (V_P - V_E) / V_P \times 100\%
 \end{aligned}$$

$$V_E = 1/4 V_{P1} + 1/2 V_{F1} + 1/4 V_{P2}$$

$$\begin{aligned}
 V_E = V_{F1} &= 1/2 (V_{P1} + V_{P2}) \\
 &= 1/3 (V_{P1} + V_{P2} + V_{F1})
 \end{aligned}$$

# 第八章 数量性状遗传

## 第一节 数量性状的遗传特征

- 一、数量性状的特征：
- 二、数量性状的遗传基础

## 第二节 数量性状遗传研究的基本统计方法

- 一. 资料均值
- 二. 资料变异程度

## 第三节 数量性状的遗传模型和方差分析

- 一、数量性状的遗传模型
- 二、常用的几种群体的方差

## 第四节 遗传率

- 一、遗传率
- 二、广义遗传率 的估算方法
- 三、狭义遗传率 的估算方法

### 三、狭义遗传率 的估算方法

利用**F<sub>2</sub>代及两个回交世代**表现型方差来估算  **$h_N^2$**

$$V_{F2} = 1/2V_A + 1/4V_D + V_E$$

$$V_{B1} + V_{B2} = 1/2V_A + 1/2V_D + 2V_E$$

$$1/2V_A = 2V_{F2} - (V_{B1} + V_{B2})$$

# 狭义遗传率的估算方法

$$h_N^2 = \frac{F_2 \text{基因加性方差}}{F_2 \text{总方差}} \times 100\%$$

$$= \frac{V'_A}{V'_P} \times 100\%$$

$$= \frac{\frac{1}{2}V_A}{V_{F2}} \times 100\%$$

$$= \frac{2V_{F2} - (V_{B1} + V_{B2})}{V_{F2}} \times 100\%$$



# 实际操作程序简述

✧ 第一年:  $(P_1 \times P_2) \rightarrow F_1$

✧ 第二年:  $(F_1 \times P_1) \rightarrow B_1$

$(F_1 \times P_2) \rightarrow B_2$

$F_1 \rightarrow F_2$

✧ 第三年: 将世代作为处理因素, 进行试验, 并考察各世代性状表现。

✧ 种植 $F_2$ 与 $F_1$ (或3个不分离世代), 可估计广义遗传率;

✧ 同时种植 $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$ , 可估算狭义遗传率。

✧ 六世代遗传模型分析。



## 6家系

$$\begin{array}{c} \mathbf{P}_1 \times \mathbf{P}_2 \\ \downarrow \\ \mathbf{B}_1 \leftarrow \mathbf{P}_1 \times \mathbf{F}_1 \times \mathbf{P}_2 \rightarrow \mathbf{B}_2 \\ \downarrow \oplus \\ \mathbf{F}_2 \end{array}$$

## 育种值方差

- 理论上，在同一个试验中 $H_N^2$ 一定小于 $H_B^2$ 。
- 狭义遗传力才真正表示以表现型值作为选择指标的可靠性程度。
- 加性方差又称为育种值方差。

用这种方法估计 $h_n^2$ 有以下几个优点：

1、方法简便。

只要根据 $F_2$ 及两个回交子代的表现型方差，就可以估计出群体的狭义遗传力，不需要用不分离的群体估计环境方差。

2、特别适用于异花授粉作物，杂交方便。

## 缺点：

1. 回交要增加工作量。
2. 当控制性状的基因之间存在连锁和有互作时，可能使狭义遗传力估计值偏大，甚至大于广义遗传力。
3. 仍不能分拆上位性方差。

## 注意点:

- 遗传率是一个统计学概念，是针对群体的而不适用于个体。
- 例如人类身高的遗传率是0.5（50%），并不是说某一个人的身高一半是由遗传控制的，另一半是由环境决定的，而只是说，在人群中，身高的总变异中， $1/2$ 与遗传差异有关， $1/2$ 与环境的差异有关，或者说，群体中各个人身高的变异，50%是由其个体间的遗传差异造成的。

# 注意点:

- 遗传力是对特定群体特定性状而言的，是某一群体的遗传变异和环境变异在表现变异中所占的相对比例。所以，若遗传基础改变了，或环境条件改变了，遗传力自然也随之改变。
- 估算同一群体在两个不同环境中的遗传力或者测定两个群体在同一环境中的遗传力，或者同一群体的两个不同的性状的遗传力，其结果都有可能是不同的。

## 四、遗传力在育种上的应用

- 性状的表现（表现型）是基因型和环境共同作用的结果，但对某一具体性状而言，了解它的遗传作用和环境影响在其表现中各占多大的比重，对于育种家关系极大。
- 一般地说，遗传率高的性状，容易选择，遗传率低的性状，选择的效果较小。
- 遗传率高的性状，在杂种的早期世代选择，收效较好。而遗传率较低的性状，则应在杂种后期世代选择才能收到较好的效果。



## 相关选择（间接选择）

- 有些性状，尤其是产量等经济性状都是典型的数量性状，遗传率很低。
- 但是若这些性状与某些遗传率高的简单性状密切相关，可以用这些简单性状作为指标进行间接选择，以提高选择的效果。

如大豆产量的遗传率很低，而子粒重、开花期的遗传率较高，且与产量之间有很高的相关系数，因此可以通过选择子粒重、开花期而达到对产量的选择目的。

# 人类的数量性状

人类一些性状的遗传力

性状	遗传力	性状	遗传力
身材	0.81	理科天赋	0.34
坐高	0.76	数学天赋	0.12
体重	0.78	文史天赋	0.45
口才	0.68	拼写能力	0.53
IQ(Binet)	0.68	先天性幽门狭窄	0.75
IQ(Otis)	0.80	精神分裂症	0.80
唇裂	0.76	糖尿病	0.75
高血压	0.62	冠状动脉病	0.65

## 第四节 数量性状基因座

## 一、QTL的概念

**QTL**是数量性状座位 (quantitative trait loci, QTLs)。

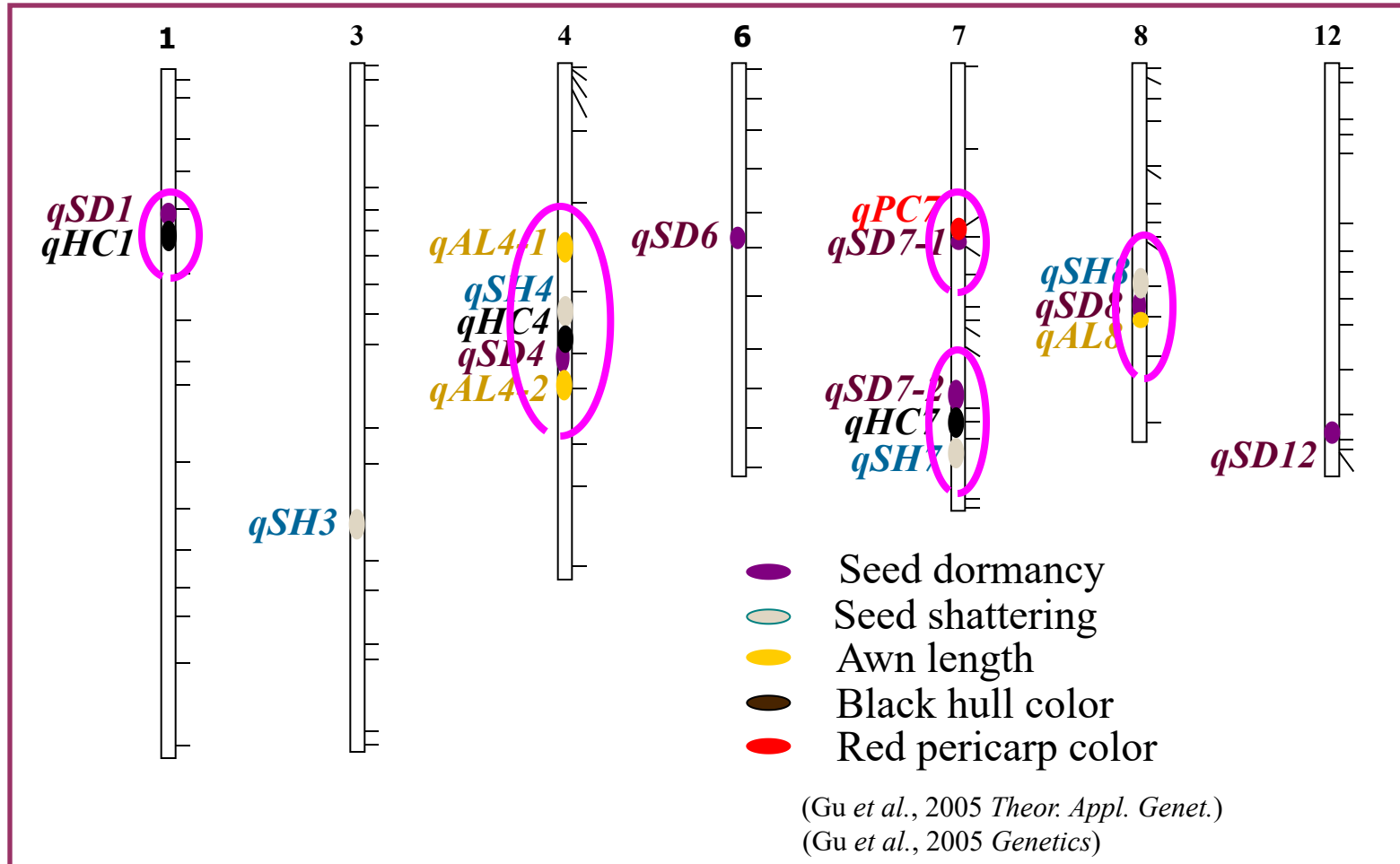
它代表染色体 (连锁群) 上**影响数量性状**表现的某个区段。

可以估算数量性状的基因座数目、位置和遗传效应- **QTL定位**。

一个QTL并不就是一个基因座

✦ 在实践上，每一个QTL并不是控制某个数量性状的一个基因座，而是指与某个数量性状相关的、与某些分子标记紧密连锁的一个染色体区段，它可能是一个基因，也可能是紧密连锁在一起的若干个基因。

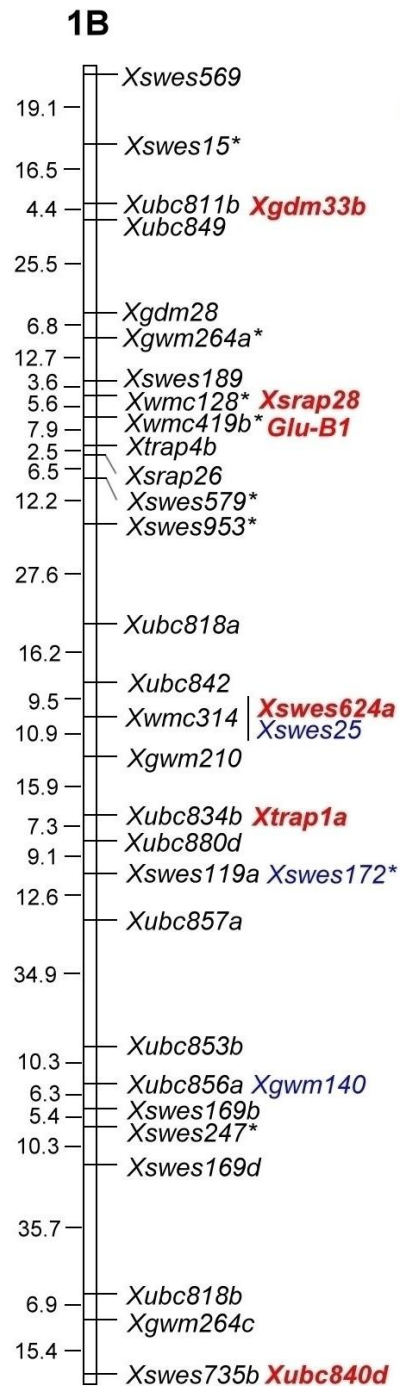
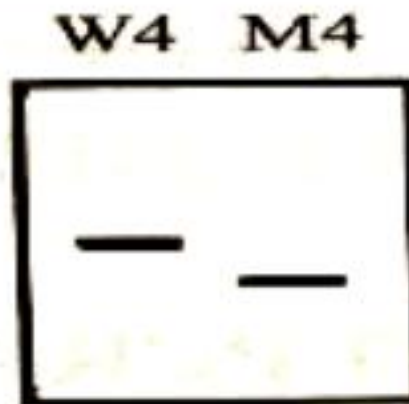
# Quantitative Trait loci (QTLs) for Weedy Adaptive Traits



## 二、QTL作图原理和步骤

**QTL作图 (QTL定位)**：利用特定的**遗传标记**可以确定某个性状的QTL在染色体上的数目、位置及其遗传效应 (P196)。

**DNA标记 (分子标记)**：指显示个体基因型差异的DNA片段。



**基本原理：**利用特定遗传分离群体中的遗传标记及相应的理化性状观测值，分析遗传标记和性状之间的连锁关系。

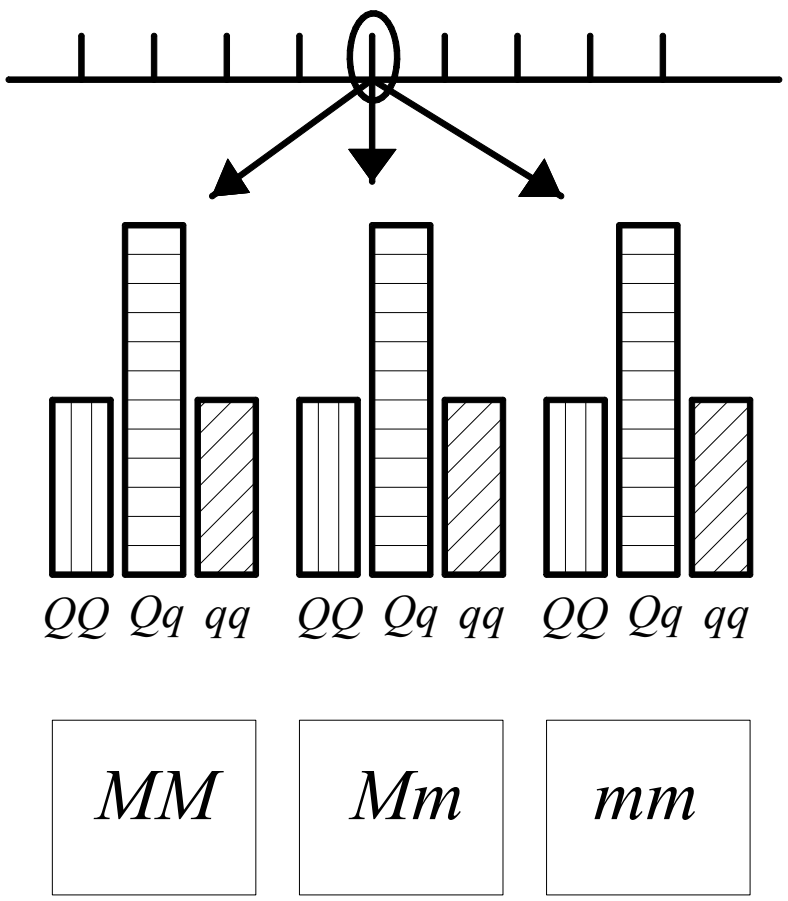


# QTL定位的原理

- (1) 分子标记覆盖整个基因组，控制数量性状的基因座 ( $Q_i$ ，即QTL) 两侧会有相连锁的分子标记 ( $M_{i-}$ 和 $M_{i+}$ )
- (2) 用分子标记定位QTL，分析分子标记与 $Q_i$ 的连锁关系，通过计算分子标记与 $Q_i$ 之间的重组率，来确定 $Q_i$ 的具体位置
- (3) QTL作图中的连锁分析与质量性状不同，不能直接计算标记和QTL之间的重组率，要用统计学方法计算它们之间连锁的可能性，依据这种可能性是否达到某个阈值来判断标记和QTL是否连锁，确定其位置和效应

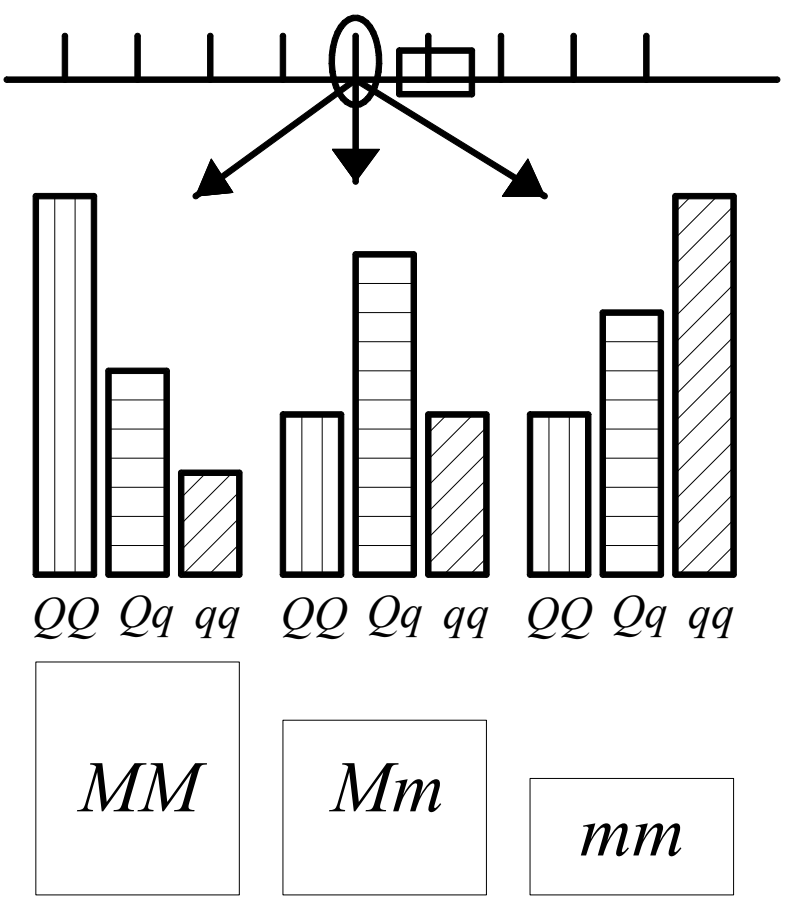
- ❖ QTL定位的基础是高密度的分子标记连锁图谱。
- ❖ 如果分子标记在基因组中的分布是均匀的，覆盖了整个基因组，那么控制某个数量性状的基因附近的分子标记就会与某个数量性状表型共分离。
- ❖ QTL定位就是寻找那些与数量性状共分离的分子标记。这些分子标记并不是基因，但是它们却是基因的代表。
- ❖ 分析这些分子标记，就可以推断与其连锁的数量性状基因的位置和效应。

# 单基因、单标记



标记  $M$  与性状  $Q$  无连锁

$M$  不同基因型中  $Q$  基因型分布频率相同



标记  $M$  与性状  $Q$  有连锁

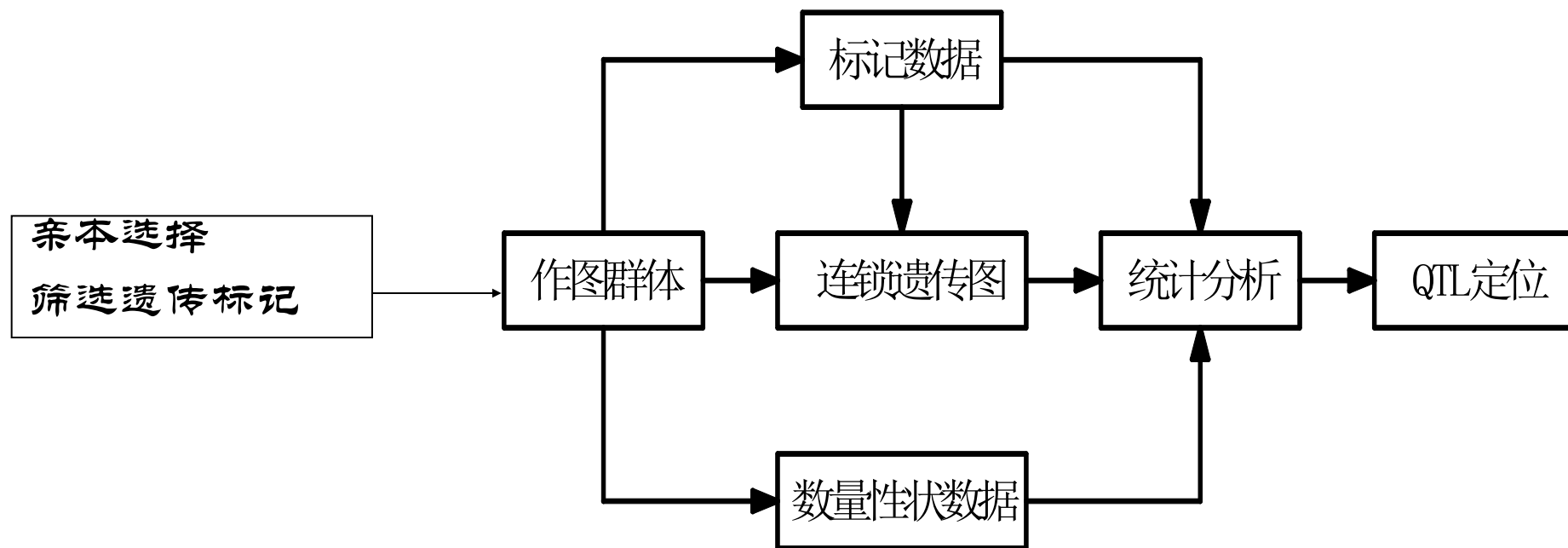
$M$  不同基因型中  $Q$  基因型分布频率不相同

## QTL定位的基本原理示意图

## 二、QTL定位的步骤

- (1) 构建作图群体: F2群体、BC群体、DH群体, RIL群体
- (2) 确定和筛选遗传标记: 数量丰富、多态性好、中性、共显性, RFLP、AFLP、RAPD、VNTR、SSR
- (3) 检测分离世代群体中每一个体的标记基因型值和数量性状值
- (4) 测量数量性状
- (5) 统计分析: 用统计方法分析数量性状与标记基因型值之间是否关联, QTL与标记之间是否连锁, 确定QTL在标记图谱上的数目、位置, 估计QTL的效应

# QTL定位的基本步骤



# Steps in QTL Mapping

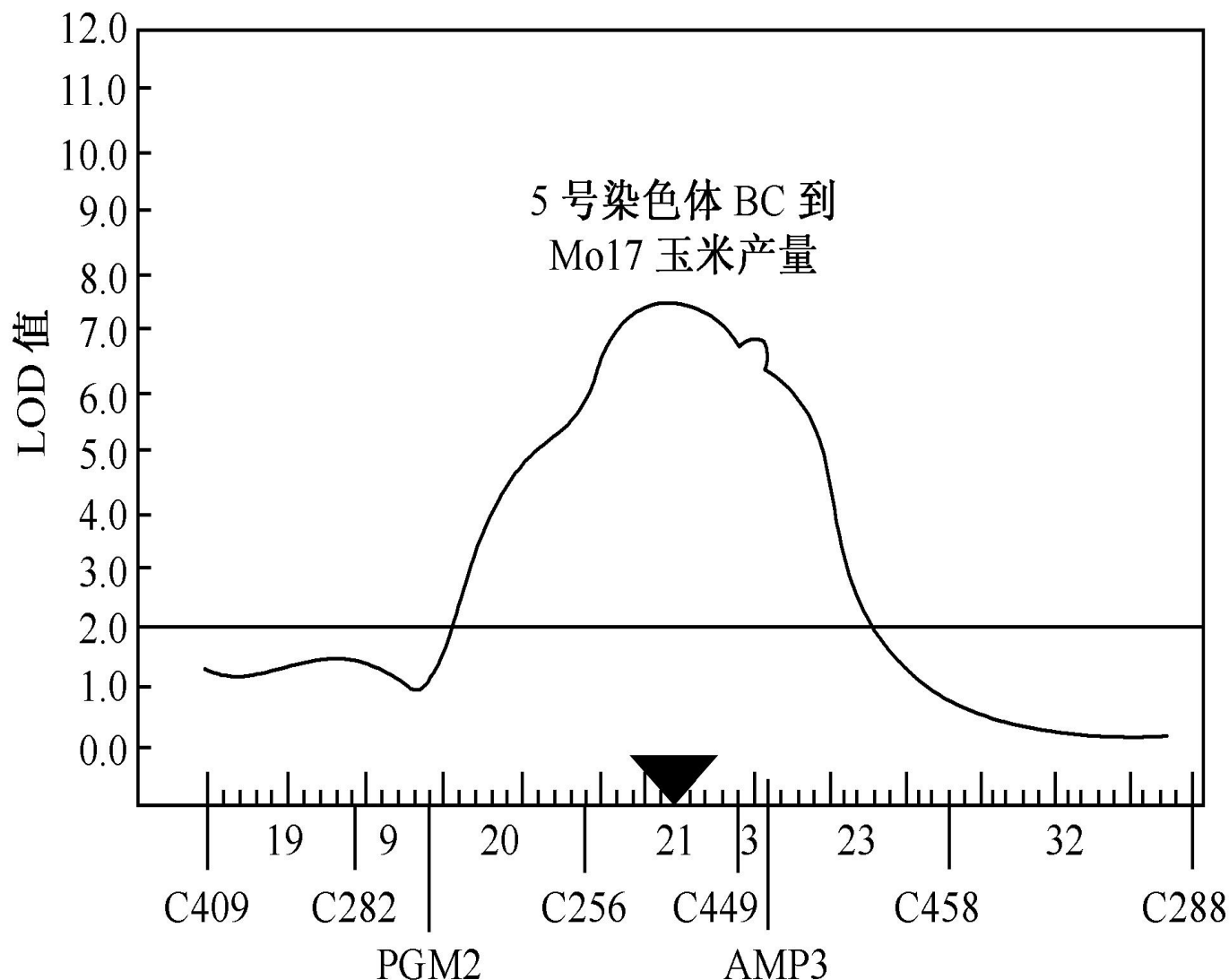
- Selection of parents
- Crossing parents to obtain F1
- Advancing the F1 to obtain a segregating population for the trait of interest.
- Evaluating the population for the phenotype
- Evaluating the population for genotype – molecular marker
- Statistical analysis of phenotypic and marker data
- Identification and characterization of QTLs

### 三、QTL定位的统计方法

(1)单标记分析法：检测1个标记与QTL是否连锁，并估计二者重组率，分析其遗传效应

## (2) 区间定位法：用2个相邻的标记来检测和定位位于它们之间QTL, 使用最大似然法和LOD的概念

图8-6 玉米5号染色体上影响产量的QTL位置与LOD曲线图





(3)复合区间定位法: 是区间作图法的改进, 是在做双标记区间分析时, 利用多元回归控制其他区间内可能存在的QTL的影响, 从而提高QTL位置和效应估计的准确性

## 四、QTL的应用

- (1)由QTL定位得到的遗传图谱可转换成物理图谱，对QTL进行克隆和序列分析，用基因工程操纵QTL
- (2)用于标记辅助选择，MAS
- (3)利用标记与QTL连锁分析，鉴定与杂种优势有关的标记位点，确定亲本在QTL上的差异，可以有效地预测杂种优势

## 本章重点

- (1) 数量性状和质量性状的概念及其遗传特征;
- (2) 数量性状的遗传基础;
- (3) 数量性状遗传研究的基本统计方法;
- (4) 数量性状的基本遗传模型, 常用遗传分析群体的方差构成;
- (5) 遗传率的含义, 遗传率的估算方法;
- (6) QTL的含义, QTL作图的原理和基本步骤。

作业:

P188

第8, 9题

作业:

P188

第8, 9题

50 50