

ICS 65.020.30

B 43

NY

中华人民共和国农业行业标准

NY/T 1872—2010

种羊遗传评估技术规范

Stud sheep and goat genetic assessment of the technical regulation

2010-05-20 发布

2010-09-01 实施

中华人民共和国农业部 发布

前　　言

本标准附录 A、附录 B、附录 C、附录 D 均为规范性附录。

本标准由中华人民共和国农业部提出。

本标准由全国畜牧业标准化技术委员会归口。

本标准由农业部种羊及羊毛羊绒质量监督检验测试中心(乌鲁木齐)、中国农业科学院北京畜牧兽医研究所负责起草。

本标准主要起草人:郑文新、田可川、黄锡霞、高维明、宫平、张艳花、张莉、王乐、曹克涛、陶卫东、采复拉、吕雪峰、乌兰、胡波、师帅、叶尔兰、李武臣、何茜。

种羊遗传评估技术规范

1 范围

本标准规定了种羊遗传评定的术语与定义以及遗传力估计、后裔测定、个体育种值估计、综合选择指数估计和最佳线性无偏预测 BLUP 法的估计方法。

本标准适用于种羊各经济性状遗传程度的评估。

2 规范性引用文件

下列文件对于本文件的应用是必不可少的。凡是注日期的引用文件,仅注日期的版本适用于本文件。凡是不注日期的引用文件,其最新版本(包括所有的修改单)适用于本文件。

NY/T 1236 绵、山羊生产性能测定技术规范

3 术语与定义

下列术语与定义适用于本标准。

3.1 种羊 stud sheep and goat

以繁殖后代为主要用途的公母绵、山羊。应比同品种非种用的羊有较好的生产性能和遗传品质,但又能适应一定的经济自然环境。

3.2 遗传相关 genetic correlation

遗传相关是对两个性状间遗传关系的强度和方向(正或负)的估计,是由于基因的一因多效和基因间的连锁不平衡造成的。

3.3 系谱鉴定 pedigree evaluation

系谱是记载种羊的父母及其各祖先的编号、生产性能成绩及鉴定结果的记录文件。系谱鉴定是根据祖先性能及品质的历史资料来选种的方法。

3.4 后裔测定 progeny testing

后裔测定是根据一定数量随机交配后代的表型值来评定种羊遗传性能的一种选种方法。测定对象是需进行遗传评估个体的后裔。

3.5 育种值 breeding value

育种值是个体育种值的简称,又称为种用价值,是种用个体可遗传给下一代的控制一个数量性状的所有基因座上基因加性效应的总和。

3.6 选择指数 selection index

在进行家畜选种工作中,经常需要同时选择几个性状,把所选择的几个性状根据其经济加权值综合成一个使个体间可以互相比较的数值,便于比较并据此进行选种,这个数值就是选择指数。

3.7

BLUP 法 best linear unbiased prediction

也称最佳线性无偏预测法,是以线性混合模型为基础的育种值估计方法。它可以在估计育种值的同时对系统环境误差进行估计和校正。

4 用于遗传评估的种羊生产性能参数的测定

用于遗传评估的种羊生产性能参数的测定参照 NY/T 1236 执行。

5 遗传力估计基本方法

遗传力估计基本方法参见附录 A。

6 后裔测定

6.1 后裔测定方法

6.1.1 母女对比法

用该公羊子代的成绩和与该公羊配种的母羊要评估的经济性状进行比较。凡是子女要评估的经济性状超过母亲的,则认为公羊为优或改良者;子女要评估的经济性状低于母亲的,则认为公羊为差者或恶化者;如子女要评估的经济性状与母亲无大差异,则认为公羊为中庸者。

6.1.2 后裔与畜群平均指标的比较法

将后裔周岁的平均成绩与同期羊群成绩相比。如果高,说明待评种公羊对于羊群是改良者,反之则为恶化者,相等为中庸者。

6.1.3 种公羊之间比较

选择生产性能接近的母羊在相同饲养管理条件、相同季节分别随机配种,分组比较不同公羊后代的生产性能,并以此判断种羊的优劣。

7 育种值估计

7.1 估计育种值资料准备

待评估种羊的生产记录、亲代、旁系和后裔的记录等。

7.2 育种值估计

见附录 B。

8 综合选择指数

8.1 应用选择指数的前提

8.1.1 所有测定值间没有系统环境效应(场、年度、季节等),或者在应用测定值之前进行系统环境效应校正。

8.1.2 候选个体间不存在固定遗传差异,即要求个体源于同一遗传基础的群体。

8.1.3 各种群体参数各生产性能数据已知。如误差方差协方差、育种值方差协方差等都已知。

8.2 应用综合选择指数估计

见附录 C。

8.3 制订选择指数的基本要求

8.3.1 突出主要经济性状,一般以 2 个~4 个为宜。

8.3.2 所选性状较容易度量。

8.3.3 尽可能选择早期性状。

8.3.4 对希望数值变小的性状进行选择时,加权值设置为负。

8.3.5 对负相关的性状尽可能合并为一个性状来处理。

9 最佳线性无偏预测法 BLUP(best linear unbiased prediction)

9.1 适用于大群体中的育种值估计。

9.2 BLUP 育种值估计方法见附录 D。

9.3 实际应用时,可用相关软件进行计算和估测。

附录 A
(规范性附录)
遗传力估计基本方法

A.1 亲子资料估计遗传力

利用亲子资料估计遗传力主要应用于种公羊内母女回归方法。

A.1.1 种公羊内母女回归方法

适用于母羊数普遍超过种公羊数的情况。

A.1.2 种公羊内母女回归估计的方法

当 S 头公羊,各配 d_i 头母羊,各有一个女儿, D_{ij} 和 O_{ij} 分别表示第 i 头种公羊所配的第 j 头母羊表型值和其女儿表型值。表 A.1 中列出了它们的平方和与乘积和。该性状的遗传力估计值如下:

$$h^2 = 2b_{W(O,D)} = 2 \frac{Cov_{W(D,O)}}{\sigma_{W(D)}^2} = 2 \frac{SP_{W(D,O)}}{SS_{W(D)}} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{A.1})$$

$$h^2 = 2r_{W(O,D)} = 2 \frac{Cov_{W(O,D)}}{\sigma_{W(D)} \sigma_{W(O)}} = 2 \frac{SP_{W(D,O)}}{\sqrt{SS_{W(D)} SS_{W(O)}}} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{A.2})$$

表 A.1 种公羊内母、女平方和及乘积和

变异来源	自由度	母亲平方和	女儿平方和	母女乘积和
种公羊内	$\sum d_i - s$	$\sum \sum D_{ij}^2 - \sum \frac{(\sum D_{ij})^2}{d_i}$	$\sum \sum D_{ij}^2 - \sum \frac{(\sum D_{ij})^2}{d_i}$	$\sum \sum D_{ij} O_{ij} - \sum \frac{(\sum D_{ij})(\sum O_{ij})}{d_i}$

式中:

h^2 ——遗传力估计值;

W ——公羊内的有关统计量;

r_w ——为各测量的表型值间的表型相关,当信息来源是一个个体多次度量均值时, r_p 等于多次度量的重复率 r_e ;

b_w ——种公羊内母女回归系数;

SS_w ——种公羊内平方和;

SP_w ——种公羊内乘积和;

D_{ij} ——第 i 头公羊所配第 j 头母羊的表型值;

O_{ij} ——第 i 头公羊所配第 j 头母羊女儿的表型值。

A.2 同胞资料估计遗传力

一般有半同胞组内相关法和全同胞组内相关法两种。

A.2.1 由半同胞组内相关法估测遗传力的条件

要满足各公羊的后代有大致相似的环境条件;公羊间没有亲缘相关,所配母畜是从群体中随机选留和随机选配的,每头母畜只选取一个后代,即双羔不应同时列入;公母性别不同时,应分开计算。

A.2.2 由半同胞组内相关法估测遗传力的方法

如有 S 头公羊,每一头公羊有 n_i 个半同胞子女,其中第 j 个子女的表型值为 X_{ij} ,利用单因素方差分析方法得到表 A. 2 的结果, k_0 是有效平均子女数,因此遗传力估计值为公式(A. 3):

$$h^2 = 4r_{HS} = \frac{4\sigma_S^2}{\sigma_S^2 + \sigma_W^2} = \frac{4(MS_S - MS_W)}{MS_S + (k_0 - 1)MS_W} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{A. 3})$$

式中:

r_{HS} ——半同胞组内相关系数;

σ_S^2 ——种公羊间方差;

σ_W^2 ——种公羊内子女间方差;

MS_S ——种公羊间均方;

MS_W ——种公羊内子女间均方;

k_0 ——种公羊的有效(加权)平均女儿头数,如各公羊(s)子女数不相等需要套用加权平均公式。

表 A. 2 半同胞遗传力估计方差分析表

变异来源	自由度	平方和	均方	期望均方
公羊间	$df_s = S - 1$	$SS_s = \sum \frac{(\sum X_{ij})^2}{n_i} - \frac{(\sum \sum X_{ij})^2}{\sum n_i}$	$MS_s = \frac{SS_s}{df_s}$	$\sigma^2_w + k_0 \sigma_S^2$
公羊内	$df_w = \sum n_i - S$	$SS_w = \sum \sum X_{ij}^2 - \sum \frac{(\sum X_{ij})^2}{\sum n_i}$	$MS_w = \frac{SS_w}{df_w}$	σ_w^2

A. 2.3 由全同胞相关估测遗传力的条件

所有变异来源除公羊个体效应和母羊个体效应外,其余效应全部为随机误差效应;公羊间的母羊不交叉;母体效应不存在或很小,可以忽略不计。否则,全同胞间会因母体效应导致组内变异 σ_w^2 变小,遗传力估计偏高;不同公羊、母羊间均无亲缘相关,否则,存在亲缘相关的两组间的全同胞个体一致性增加,导致组间变异 σ_S^2 或 σ_D^2 下降,遗传力估计偏低。

A. 2.4 由全同胞相关估测遗传力的方法

$$h^2 = 2r_{FS} = \frac{2(\sigma_S^2 + \sigma_D^2)}{\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{A. 4})$$

式中:

h^2 ——估计遗传力;

r_{FS} ——全同胞组内相关系数;

σ_S^2 ——种公羊间变量方差,也就是种公羊家系内(全同胞)的协变量组分;

σ_D^2 ——母羊间变量方差,也就是母羊家畜内(全同胞)的协变量组分;

σ_W^2 ——个体(全同胞)间的方差。

如有 S 头公羊,各配 d_i 头母羊,每头母羊有 n_{ij} 个全同胞子女,其中第 k 个子女的表型值为 X_{ijk} 利用二因素系统分组方差分析方法得到如表 A. 3 的结果, k_1 、 k_2 和 k_3 是相应的有效重复数,因此遗传力估计值为:

$$\begin{cases} h_S^2 = \frac{4\sigma_S^2}{\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2} \\ h_D^2 = \frac{4\sigma_D^2}{\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2} \\ h_{SD}^2 = \frac{4\sigma_W^2}{\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2} \end{cases} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{A. 5})$$

表 A. 3 全同胞遗传力估计方差分析表

变异来源	自由度	平方和	均方	期望均方
公羊间	$df_s = S - 1$	$SS_s = \sum \frac{(\sum \sum X_{ijk})^2}{\sum n_{ij}} - \frac{(\sum \sum \sum X_{ijk})^2}{\sum \sum \sum n_{ij}}$	$MS_s = \frac{SS_s}{df_s}$	$\sigma_w^2 + k_2 2\sigma_D^2 + k_3 \sigma_D^2$
公羊内母羊间	$df_D = \sum d_i - S$	$SS_D = \sum \frac{(\sum \sum X_{ijk})^2}{\sum n_{ij}} - \frac{(\sum \sum \sum X_{ijk})^2}{\sum \sum \sum n_{ij}}$	$MS_D = \frac{SS_D}{df_D}$	$\sigma_w^2 + k_1 2\sigma_D^2$
公母羊内子女间	$df_w = \sum \sum n_{ij} - \sum d_i$	$SS_w = \sum \sum \sum X_{ijk}^2 - \sum \sum \frac{(\sum X_{ijk})^2}{n_{ij}}$	$MS_w = \frac{SS_w}{df_w}$	σ_w^2

当这三个估计值相差不大时,在满足全同胞资料估计遗传力的条件下,一般应以 h_{SD}^2 为准。

当这三个估计值相差太大时,应设法进一步收集资料,重新估计,或者应考虑到有显著的显性效应或母体效应存在。

A. 3 显著性检验

A. 3. 1 估计出遗传力后均需进行显著性检验。

A. 3. 2 用亲子资料估计遗传力时,显著性检验与普通的回归分析和相关分析一样。当用半同胞资料估计时,遗传力的显著性检验可转化为组内相关系数的显著性检验。即:

$$\left\{ \begin{array}{l} t = \frac{h^2}{\sigma_h^2} \\ \sigma_h^2 = \sqrt{\frac{32(1 - r_{HS})^2 [1 + (k_0 - 1)r_{HS}]^2}{df_s k_0 (k_0 - 1)}} \end{array} \right. \quad \text{..... (A. 6)}$$

式中:

r_{HS} ——半同胞相关系数;

k_0 ——种公羊的有效(加权)平均女儿头数,如各公羊(s)子女数不相等需要套用加权平均公式。

利用全同胞资料估计时,也可用方差分析的 F 检验近似替代,或用组内相关系数的显著性检验替代。

为了使估计的遗传力达到统计显著,一般都需要增加样本含量。半同胞资料估计遗传力, t 检验达到显著所需的最低样本含量,见表 A. 4。

表 A. 4 半同胞资料遗传力估计显著所需最低样本含量

遗传力	近似家系数	近似家系含量	近似总样本含量
0.05	31	80	2 478
0.01	30	40	1 209
0.15	30	27	786
0.20	29	20	575
0.25	28	16	449
0.30	27	13	364
0.35	27	11	305
0.40	26	10	260
0.45	25	9	225
0.50	25	8	197
0.60	23	7	156
0.70	22	6	126
0.80	21	5	105
0.90	20	4	88

附录 B
(规范性附录)
育种值估计方法

B. 1 育种值估计的通用公式

$$\hat{A}_x = (P_x - \bar{P})h^2 \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B. 1})$$

在不同表型资料估计育种值时, 表现为各种不同的遗传力, 估计育种值公式为:

$$\hat{A}_x = b_{AP}(P_x - \bar{P}) \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B. 2})$$

其中

$$b_{AP} = \frac{r_A nh^2}{1 + (n - 1)r_P} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B. 3})$$

式中:

\hat{A}_x ——个体 x 某性状的育种值;

h^2 ——性状遗传力;

b_{AP} ——回归系数, 根据提供信息个体间亲缘关系不同而给予不同加权的遗传力;

P_x ——个体 x 某性状的表型值;

\bar{P} ——畜群该性状的平均数表型值;

r_A ——表示提供信息的个体与估计育种值个体间的亲缘系数;

r_P ——为各测量的表型值间的表型相关, 当信息来源是一个个体多次度量均值时, r_P 等于多次度量的重复率 r_e ; 当信息来源是 n 个同类个体单次度量均值, r_P 等于同类个体间的亲缘系数与性状遗传力的乘积 $r_A \times h^2$ 。

B. 2 根据亲本资料估计个体育种值

$$\hat{A}_x = \left[\frac{1}{2} (P_S + P_D) - \bar{P} \right] h^2 \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B. 4})$$

式中:

P_S ——为个体 x 的父亲该性状的表型值;

P_D ——为个体 x 的母亲该性状的表型值。

例题: 一只羔羊, 其父亲成年时的毛长为 8 cm, 母亲成年时的毛长为 7.5 cm, 与其父、母同期成年羊群的平均毛长为 7 cm, 若毛长的遗传力按 0.5 计算, 该羔羊成年时毛长的估计育种值应是多少?

解: 根据有关数据代入公式(B. 4):

$$\hat{A}_x = \left[\frac{1}{2} (P_S + P_D) - \bar{P} \right] h^2 + \bar{P} = \left[\frac{1}{2} (8 + 7.5) - 7 \right] 0.5 = 0.375(\text{cm})$$

B. 3 根据后裔资料估计个体育种值

$$\hat{A}_{x2} = (\bar{P}_o - \bar{P}) \frac{0.5nh^2}{1 + (n - 1)0.25h^2} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B. 5})$$

$$\hat{A}_{x2} = (\bar{P}_o - \bar{P}) \frac{0.5nh^2}{1 + (n - 1)0.25h^2} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B. 6})$$

式中：

\hat{A}_{x2} ——全同胞后裔；

\hat{A}_{x1} ——半同胞后裔；

\bar{P}_o ——为供测后裔该性状的平均表型值；

\bar{P} ——为供测后裔同期畜群该性状的平均表型值；

n ——为供测后裔数；

h^2 ——遗传力。

例题：一只种公羊，其与配种母羊产羔 200 只。供测后裔一岁龄羊平均剪毛量为 4.5 kg。与这些后裔同期羊群的平均产毛量为 4.2 kg。若该性状的遗传力 0.3，按公式(B.6)计算，这只种公羊平均产毛量的估计育种值应是多少？

$$\hat{A}_{x2} = (\bar{P}_o - \bar{P}) \frac{0.5nh^2}{1 + (n-1)0.25h^2} = (4.5 - 4.2) \frac{0.5 \times 200 \times 0.3}{1 + (200-1)0.25 \times 0.3} = 0.57(\text{kg})$$

根据计算结果，可与其他个体相应的估计育种值对比，确定是否选留。

B.4 根据同胞资料估计个体育种值

由于同胞资料一般分为半同胞和全同胞两种，根据通用公式中要求，个体间亲缘关系不同而给予不同加权的遗传力，其公式分别为：

根据半同胞表型值估算个体育种值的公式为：

$$\hat{A}_x = (\bar{P}_s - \bar{P}) \frac{0.25nh^2}{1 + (n-1)0.25h^2} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B.7})$$

根据全同胞表型值估算个体育种值的公式为：

$$\hat{A}_x = (\bar{P}_s - \bar{P}) \frac{0.5nh^2}{1 + (n-1)0.5h^2} \quad \dots \dots \dots \quad (\text{B.8})$$

以上两式中：

\hat{A}_x ——个体育种值；

\bar{P}_s ——为供选个体该性状的平均表型值；

\bar{P} ——为供选个体同胞同期畜群该性状的平均表型值；

n ——半同胞数或全同胞数；

h^2 ——遗传力。

例题：一头绒山羊种公羊，其 30 只同父异母半同胞的平均产绒量为 650 g，这些半同胞同期羊群的平均产绒量为 610 g。若该性状的遗传力按 0.3 计算，这只种公羊该性状的估计育种值应是多少？

解：将有关数据代入公式(B.7)：

$$\hat{A}_x = (\bar{P}_s - \bar{P}) \frac{0.25nh^2}{1 + (n-1)0.25h^2} = (650 - 610) \frac{0.25 \times 30 \times 0.3}{1 + (30-1)0.25 \times 0.3} = 28.35(\text{g})$$

根据计算结果，可与其他个体相应的估计育种值对比，确定是否选留。

附录 C
(规范性附录)
综合选择指数估计方法

C.1 综合选择指数公式

$$I = \sum_{i=1}^m b_i X_i = b' X \quad \dots \dots \dots \quad (\text{C.1})$$

其中：

$$b = P^{-1} D A w \quad \dots \dots \dots \quad (\text{C.2})$$

式中：

I ——选择指数；

m ——性状表型值个数；

b_i ——性状 X_i 的加权系数，即偏回归系数；

X_i ——个体本身性状的单次度量值 $[X_1 \ X_2 \ \dots \ X_m]$ ；

P ——待评估性状表型值之间的方差、协方差矩阵；

D ——提供每一信息性状表型值的个体与被估计个体间的亲缘关系对角矩阵；

A ——各信息性状与目标性状育种值之间的方差、协方差矩阵。

$$P = \begin{pmatrix} \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ \dots & \sigma_{P_i}^2 & \dots & \text{Cov}_P(i, j) & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ \dots & \text{Cov}_P(j, i) & \dots & \sigma_{P_j}^2 & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \end{pmatrix}$$

$$A = \begin{pmatrix} \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ \dots & \sigma_{A_i}^2 & \dots & \text{Cov}_A(i, j) & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ \dots & \text{Cov}_A(j, i) & \dots & \sigma_{A_j}^2 & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \end{pmatrix}$$

$$D = \begin{pmatrix} \dots & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & r_{A(i, D)} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & r_{A(j, D)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \dots \end{pmatrix}$$

C.2 综合选择指数法示例

例题：某羊场历年资料计算得到的净毛量(x_1)、体重(x_2)和毛长(x_3)的各有关参数，列入表 C.5。现确定选育目标是提高 2 个目标性状 x_1 和 x_2 的综合育种值， x_3 作为选种辅助性状，根据选育方案，有下列 3 个信息来源：

- ①公羊本身的 x_1 、 x_2 和 x_3 表型值；
- ②公羊的 20 个半同胞姐妹的 x_1 平均表型值；

③公羊的 20 个半同胞女儿的 x_1 、 x_2 和 x_3 平均表型值。

试制定一个公羊的选择指数，并评价选择的效果。公羊 A 的度量信息为：

①公羊本身的 $x_1 = 3.01$ 、 $x_2 = 39.00$ 和 $x_3 = 11.00$ ；

②公羊的 20 个半同胞姐妹 $x_1 = 3.05$ ；

③公羊的 20 个半同胞女儿的 $x_1 = 3.02$ 、 $x_2 = 39.50$ 和 $x_3 = 10.50$ ；

试计算该公羊个体的选择指数。

表 C.1 绵羊三个性状的表型、遗传参数和经济加权值

性状	单位	\bar{x}	σ_p^2	h^2	w	x_1	x_2	x_3
净毛量	kg	3.00	0.25	0.47	63.36		0.46	0.37
体重	kg	38.90	20.52	0.40	1.15	0.21		0.06
毛长	cm	10.10	0.88	0.30	0.10	0.55	-0.26	

由表 C.1 中参数可得到两个目标性状育种值方差、协方差矩阵为：

$$G = \begin{pmatrix} 0.1175 & 0.2062 \\ 0.2062 & 8.2084 \end{pmatrix}$$

其中：

$$G_{11} = h_{X_1}^2 \sigma_{X_1}^2 = 0.47 \times 0.25 = 0.1175$$

$$G_{12} = \text{Cov}_A(X_1, X_2) = r_{(12)} \sigma_{AX_1} \sigma_{AX_2} = 0.21 \times \sqrt{0.47 \times 0.25 \times 0.40 \times 20.52} = 0.2062$$

其他元素值可类似计算得到。3 个信息来源共 7 个信息性状的方差、协方差矩阵可根据前面的公式计算，得到：

$$P = \begin{pmatrix} 0.2500 & 0.4757 & 0.2585 & 0.0294 & 0.0587 & 0.1031 & 0.0485 \\ 0.4757 & 20.5209 & -1.1071 & 0.0516 & 0.1031 & 4.1042 & -0.1918 \\ 0.2585 & -1.1071 & 0.8836 & 0.0243 & 0.0485 & -0.1918 & 0.1325 \\ 0.0294 & 0.0516 & 0.0243 & 0.2500 & 0.0147 & 0.0258 & 0.0121 \\ 0.0587 & 0.1031 & 0.0485 & 0.0147 & 0.0404 & 0.1011 & 0.0317 \\ 0.1031 & 4.1042 & -0.1918 & 0.0258 & 0.1011 & 2.9755 & -0.0783 \\ 0.0485 & -0.1918 & 0.1325 & 0.0121 & 0.0317 & -0.0783 & 0.1071 \end{pmatrix}$$

其中：

$$P_{11} = \sigma_{1(D)}^2 = 0.2500$$

$$P_{12} = \text{Cov}(X_{1(D)}, X_{2(D)}) = 0.46 \times \sqrt{0.25 \times 20.52} = 0.4757$$

$$P_{14} = r_{(X_{1(D)} X_{1(HS)})} \text{Cov}_A(X_1, X_1) = 0.25 \times 0.2062 = 0.0294$$

其他元素值可类似计算得到。信息性状与两个目标性状的育种值方差、协方差矩阵为：

$$A = \begin{pmatrix} 0.1175 & 0.2062 \\ 0.2062 & 8.2084 \\ 0.0971 & -0.3835 \\ 0.1175 & 0.2062 \\ 0.1175 & 0.2062 \\ 0.2062 & 8.2084 \\ 0.0971 & -0.3835 \end{pmatrix}$$

其中：

$$A_{11} = \text{Cov}_A(X_1, X_1) = h_{X_1}^2 \sigma_{X_1}^2 = 0.47 \times 0.25 = 0.1175$$

$$A_{21} = \text{Cov}_A(X_2, X_1) = r_{(X_1 X_2)} \sqrt{h_{X_1}^2 h_{X_2}^2 \sigma_{X_1}^2 \sigma_{X_2}^2} = 0.21 \times \sqrt{0.47 \times 0.40 \times 0.25 \times 20.52} = 0.2062$$

其他元素可类似计算。亲缘系数矩阵和经济加权值向量分别为：

$$D = \begin{pmatrix} 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0.250 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0.500 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.500 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.500 \end{pmatrix}$$

$$w' = (63.36 \quad 1.15)$$

得到系数矩阵方程为：

$$b = P^{-1} D A w$$

$$= \begin{pmatrix} 0.250 & 0.475 & 0.258 & 0.029 & 0.058 & 0.103 & 0.048 \\ 0.475 & 20.520 & -1.107 & 0.051 & 0.103 & 4.104 & -0.191 \\ 0.258 & -1.107 & 0.883 & 0.024 & 0.048 & -0.191 & 0.132 \\ 0.029 & 0.051 & 0.024 & 0.250 & 0.014 & 0.025 & 0.012 \\ 0.058 & 0.103 & 0.048 & 0.014 & 0.040 & 0.101 & 0.031 \\ 0.103 & 4.104 & -0.191 & 0.025 & 0.101 & 2.975 & -0.078 \\ 0.048 & -0.191 & 0.132 & 0.012 & 0.031 & -0.078 & 0.107 \end{pmatrix}^{-1}$$

$$\times \begin{pmatrix} 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0.250 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0.500 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.500 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.500 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0.117 & 0.206 \\ 0.206 & 8.208 \\ 0.097 & -0.383 \\ 0.117 & 0.206 \\ 0.117 & 0.206 \\ 0.206 & 8.208 \\ 0.097 & -0.383 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 63.36 \\ 1.15 \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} 13.801 & 7 \\ 0.264 & 5 \\ -1.388 & 4 \\ 1.726 & 6 \\ 73.926 & 1 \\ 0.342 & 5 \\ 0.730 & 6 \end{pmatrix}$$

三个性状的综合选择指数为：

$$I = 13.801 \times (X_{1(D)} - \bar{X}_1) + 0.264 \times (X_{2(D)} - \bar{X}_2) - 1.388 \times (X_{3(D)} - \bar{X}_3) \\ + 1.726 \times (X_{1(HS)} - \bar{X}_1) + 73.926 \times (X_{1(HO)} - \bar{X}_1) + 0.342 \times (X_{2(HO)} - \bar{X}_2) \\ + 0.732 \times (X_{3(HO)} - \bar{X}_3)$$

若采用这一指数对公羊 A 进行遗传评估，则公羊 A 的选择指数为：

$$I_A = 13.801 \times (3.1 - 3.0) + 0.264 \times (39 - 38.9) - 1.388 \times (11 - 10.10) \\ + 1.726 \times (3.05 - 3.0) + 73.926 \times (3.02 - 3.0) + 0.342 \times (39.5 - 38.9) \\ + 0.732 \times (10.5 - 10.10) \\ = 2.2205$$

附录 D (资料性附录) BLUP 育种值估计方法

D. 1 BLUP 的混合模型公式

式中：

y ——观察值量;

b ——固定效应向量；

u ——随机效应向量；

e ——随机误差向量;

X 和 Z —— b 和 u 的关联矩阵。

D.2 动物模型 BLUP

D.2.1 无重复观察值时的动物模型 BLUP

当一个个体在所评估的性状上只有一个观察值,且不考虑显性和上位效应时,则该观测值用下面的模型来描述:

$$y = \sum_i^r b_j + a + e \quad \dots \dots \dots \quad (\text{D.2})$$

式中：

b_j ——第 j 个系统环境效应, 一般都是固定效应;

a ——该个体的加性遗传效应(育种值),是随机效应;

e ——随机残差(主要由随机环境效应所致)。

如有 n 个个体的观察值, 需要对 s 个个体估计育种值 ($s \geq n$), 则对这 n 个观测值用下面的以矩阵表示的模型来描述:

式中：

y ——所有 n 个观测值的向量；

b ——所有(固定)环境效应的向量;

X —— b 的关联矩阵;

a — s 个个体的育种值向量;

$Z=a$ 的关联矩阵,当 a 中的所有个体都有观察值时(即 $s=n$), $Z=I$, α 的协方差矩阵为:

$$\text{Var}(a) = G = A\sigma_a^2$$

其中, A 为 s 个个体间的加性遗传矩阵, σ_a^2 为加性遗传方差;

e ——随机环境效应向量,通常假设随机环境效应间彼此独立,且具有相同的方差, e 的协方差矩阵为:

$$\text{Var}(e) = R = I\sigma_e^2,$$

与此模型相应的混合模型方程组为:

$$\left[\begin{array}{cc} X'X & \frac{1}{\sigma_e^2} \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \end{array} \right] \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad \dots \quad (\text{D. 4})$$

其中：

$$k = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{\sigma_y^2 - \sigma_a^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - \sigma_a^2/\sigma_y^2}{\sigma_a^2/\sigma_y^2} = \frac{1 - h^2}{h^2}$$

解此方程组即得到固定效应(b)和个体育种值(a)的估计值。

D. 2.2 有重复观察值时的动物模型 BLUP

当个体在被评估的性状上有重复观察值时,个体的一个观察值 y 可剖分为:

$$y = \sum_{j=1}^r b_j + a + p + e \dots \dots \dots \quad (\text{D. 5})$$

式中：

b_j ——第 j 个系统环境效应, 一般都是固定效应;

a ——该个体的加性遗传效应(育种值),是随机效应;

p —随机永久性环境效应;

e ——随机环境效应向量,通常假设随机环境效应间彼此独立,且具有相同的方差。

表型方差可分解为

$$\sigma_y^2 = \sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2 \dots \dots \dots \quad (\text{D. 6})$$

对公式(D.7)用矩阵形式表示为

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 p + e \quad \dots \dots \dots \quad (D. 7)$$

$$\text{Var}(a) = A\sigma_a^2, \text{Var}(p) = I\sigma_p^2, \text{Var}(e) = I\sigma_e^2$$

$$\text{令 } Z = (Z_1 \quad Z_2), u = \begin{bmatrix} a \\ p \end{bmatrix}, \text{Var}(u) = G = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 \end{bmatrix}$$

得相应的混合模型方程组

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_1 & X'Z_2 \\ Z'_1X & Z'_1Z_1 + A^{-1}k_1 & Z'_1Z_2 \\ Z'_2X & Z'_2Z_1 & Z'_2Z_2 + Ik_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'_1y \\ Z'_2y \end{bmatrix} \quad \dots \quad (\text{D. 8})$$

其中：

$$\begin{aligned}k_1 &= \sigma_e^2 / \sigma_a^2 = (1-r) / h^2 \\k_2 &= \sigma_e^2 / \sigma_p^2 = (1-r) / (r - h^2) \\r &= (\sigma_a^2 + \sigma_p^2) / \sigma_y^2 = \text{重复力} \\h^2 &= \sigma_a^2 / \sigma_y^2 = \text{遗传力}\end{aligned}$$

D. 2.3 多性状的 BLUP 育种值估计

BLUP方法可直接应用于多性状模型。例如,设考虑两个性状,第一个性状的模型为:

$$y_1 = X_1 b_1 + Z_1 a_1 + e_1$$

式中：

y_1 ——所有 n 个观测值的向量；

b_1 ——所有(固定)环境效应的向量;

X_1 —— b_1 的关联矩阵;

a_1 —— s 个个体的育种值向量；

Z_1 —— a_1 的关联矩阵。

第二个性状的模型为

$$y_2 = X_2 b_2 + Z_2 a_2 + e_2$$

式中：

y_2 ——所有 n 个观测值的向量；

b_2 ——所有(固定)环境效应的向量；

X_2 —— b_2 的关联矩阵；

a_2 —— s 个个体的育种值向量；

Z_2 —— a_2 的关联矩阵。

令

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}, X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}, b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix}, Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}, a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix}, e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

则

$$y = Xb + Za + e$$

$$E(a) = 0, E(e) = 0$$

令

$$G_0 = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{12} & g_{22} \end{bmatrix}, R_0 = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} \\ r_{12} & r_{22} \end{bmatrix}$$

其中, g_{11} 和 g_{22} 分别为第一个性状和第二个性状的加性遗传方差, g_{12} 为两个性状间的遗传协方差, r_{11} 和 r_{22} 为第一个性状和第二个性状的误差方差, r_{12} 为性状间的误差协方差。于是

$$Var(a) = G = \begin{bmatrix} Ag_{11} & Ag_{12} \\ Ag_{12} & Ag_{22} \end{bmatrix}$$

$$Var(e) = R = \begin{bmatrix} Ir_{11} & Ir_{12} \\ Ir_{12} & Ir_{22} \end{bmatrix}$$

其中, A 为个体间的加性遗传相关矩阵。

令

$$G_0^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{12} & g^{22} \end{bmatrix}, R_0^{-1} = \begin{bmatrix} r^{11} & r^{12} \\ r^{12} & r^{22} \end{bmatrix}$$

则

$$G^{-1} = \begin{bmatrix} A^{-1}g^{11} & A^{-1}g^{12} \\ A^{-1}g^{12} & A^{-1}g^{22} \end{bmatrix}, R^{-1} = \begin{bmatrix} Ir^{11} & Ir^{12} \\ Ir^{12} & Ir^{22} \end{bmatrix}$$

与此模型相应的混合模型方程组为：

$$\begin{bmatrix} X'_1 X_1 r^{11} & X'_1 X_2 r^{12} & X'_1 Z_1 r^{11} & X'_1 Z_2 r^{12} \\ X'_2 X_1 r^{12} & X'_2 X_2 r^{22} & X'_2 Z_1 r^{12} & X'_2 Z_2 r^{22} \\ Z'_1 X_1 r^{11} & Z'_1 X_2 r^{12} & Z'_1 Z_1 r^{11} + A^{-1}g^{11} & Z'_1 Z_2 r^{12} + A^{-1}g^{12} \\ Z'_2 X_1 r^{12} & Z'_2 X_2 r^{22} & Z'_2 Z_1 r^{12} + A^{-1}g^{12} & Z'_2 Z_2 r^{22} + A^{-1}g^{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'_1 y_1 r^{11} + X'_1 y_2 r^{12} \\ X'_2 y_2 r^{12} + X'_2 y_2 r^{22} \\ Z'_1 y_1 r^{11} + Z'_1 y_2 r^{12} \\ Z'_2 y_2 r^{12} + Z'_2 y_2 r^{22} \end{bmatrix}$$

最后, 可解得 a_1 和 a_2 的 BLUP 估计值。