

## 选择指数与相关遗传进展的分解原理

袁志发 常智杰 刘光祖

(基础课部)      (畜牧系)      (基础课部)

## 摘 要

选择指数的实质是各选择性状所引起的目标性状的相关遗传进展的分解。根据这个原理, 可以把选择指数的制订和通径分析结合起来。

**关键词:** 选择指数; 相关遗传进展; 通径系数分析

在育种工作中，产量等一些复杂性状，一般是由若干简单性状决定的，为了提高其选择效率，先求出选择指数，以进行综合判断。

选择指数的制订及其效率的描述是必要的,然而选择指数的思想性分析可以使我们对选择策略有更加生动和深入的了解。作者认为,选择指数的实质是各选择性状所引起的目标性状的相关遗传进展的分解。从这个原理出发,不但可以制订选择指数和讨论其效率,而且可以和通径系数分析方法融为一体,对选择指数的利用策略进行更为深入的讨论。

## 1 相关选择与选择指数

由数量遗传学<sup>[1,2]</sup>知,选择x性状而引起y性状的相关遗传进展为

$$CGS_{\mathbf{r}(\mathbf{x})} = k_{\mathbf{x}} h_{\mathbf{x}}^2 \sigma_{\mathbf{r}} \quad (1)$$

式中:  $k_x$ ——性状的选择强度;  $h_x^2$ —— $x$ 性状的遗传力;  
 $r_{xy}$ ——与 $y$ 的遗传相关系数;  $\sigma_{xy}^2$ —— $y$ 性状的遗传方差。

下面, 关于选择指数原理作以简述, 设以  $x_1, x_2, \dots, x_m$  作为构造选择指数 ( $I$ ) 的  $m$  个经济性状, 以产量 作为唯一育种目标, 则选择指数与聚合遗传型值分别为:

$$I = b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots + b_n x_n \quad (2)$$

$$\bar{H} = y \quad (3)$$

其中  $y_{\bullet}$  为  $y$  的遗传型值。构造选择指数是以  $y_{\bullet}$  与  $\bar{y}$  的相关系数最大为准则的。从这个准则出发, 确定  $b_1, b_2, \dots, b_n$  的正则方程组为:

[illegible]

其中:  $\sigma_{P_{1i}}$  为  $x_1$  与  $x_i$  的表型协方差,  $\sigma_{g_{1i}}$  为  $x_1$  与  $x_i$  的遗传协方差。

由于对 $x$ 的选择,而引起 $y$ 的相关遗传进展为

本文于1988年2月29日收到。



$$\begin{cases} 3.6930x_1 + 17.0119x_2 - 1.5590x_3 + 0.0070x_4 = 0.0566 \\ 17.0119x_1 + 213.1820x_2 + 20.2007x_3 - 20.5937x_4 = 0.8543 \\ -1.5590x_1 + 20.2007x_2 + 14.9940x_3 - 10.2136x_4 = 0.1895 \\ 0.0070x_1 - 20.5937x_2 - 10.2136x_3 + 10.8600x_4 = -0.1709 \end{cases}$$

经计算得选择指数为  $I = 0.008371x_1 + 0.002191x_2 + 0.007422x_3 - 0.004615x_4$

为方便计算写成  $I = 0.262x_1 + 0.887x_2 - 0.551x_3 + 0.13880x_4$

的遗传进展为  $\Delta y(1) = 0.13880$

表1 有关性状遗传参数( $y$ 为小区产量, 单位: 斤/0.8米<sup>2</sup>)

|       | $x_1$                  | $x_2$              | $x_3$               | $x_4$                | $r_{gil}/\sigma_{gil}$ | $h^2_i$ | $CGS_y(x_i)$<br>$h=2.06$ |
|-------|------------------------|--------------------|---------------------|----------------------|------------------------|---------|--------------------------|
|       | $r_{gil}/\sigma_{gil}$ |                    |                     |                      | $r_{gil}/\sigma_{gil}$ | $h^2_i$ | $CGS_y(x_i)$<br>$h=2.06$ |
| $x_1$ | 1/<br>3.6930           | 0.6063/<br>17.0119 | -0.2095/<br>-1.5590 | 0.0011/<br>0.0070    | 0.6997/<br>0.0566      | 0.21094 | 0.06067                  |
| $x_2$ |                        | 1/<br>213.1820     | 0.3573/<br>20.2007  | -0.4280/<br>-20.5937 | 0.7353/<br>0.8543      | 0.75378 | 0.12050                  |
| $x_3$ |                        |                    | 1/<br>14.9940       | -0.8004/<br>-10.2136 | 0.6065/<br>0.1895      | 0.77518 | 0.10080                  |
| $x_4$ |                        |                    |                     | 1/<br>10.8600        | -0.5753/<br>-0.1709    | 0.96731 | -0.10680                 |
| $y$   |                        |                    |                     |                      | 1/<br>0.0084           | 0.55263 | 0.14040                  |

表2 相关遗传进展分解分析

| 选择路            | 直接贡献 $a_i$     | 间接贡献 $r_{pji}a_j$      | 贡献率(%) | 总贡献 $CGS_y(x_i)$ |
|----------------|----------------|------------------------|--------|------------------|
| $x_1 \cdots y$ | $a_1=0.03313$  |                        | 54.6   |                  |
|                |                | $a_2r_{p12}=0.03997$   | 65.9   |                  |
|                |                | $a_3r_{p13}=-0.01240$  | -20.4  |                  |
|                |                | $a_4r_{p14}=-0.000034$ | -0.1   | 0.06067          |
| $x_2 \cdots y$ | $a_2=0.06590$  |                        | 54.7   |                  |
|                |                | $a_1r_{p21}=0.02009$   | 16.6   |                  |
|                |                | $a_3r_{p23}=0.02115$   | 17.6   |                  |
|                | $a_3=0.05920$  | $a_4r_{p24}=0.01340$   | 11.1   | 0.1205           |
| $x_3 \cdots y$ |                |                        | 58.7   |                  |
|                |                | $a_1r_{p31}=-0.00694$  | -6.9   |                  |
|                |                | $a_2r_{p32}=0.02355$   | 23.3   |                  |
|                |                | $a_4r_{p34}=0.02505$   | 24.9   | 0.1008           |
| $x_4 \cdots y$ | $a_4=-0.03130$ |                        | 29.3   |                  |
|                |                | $a_1r_{p41}=0.000036$  | -0.03  |                  |
|                |                | $a_2r_{p42}=-0.02821$  | 26.4   |                  |
|                |                | $a_3r_{p43}=-0.04738$  | 44.36  | -0.1068          |

注:  $K=2.05$ , 5%

相对于 $x_1$ 的选择效率为

$$CGS_{y(1)}/CGS_{y(x_1)} = \frac{0.13880}{0.06067} = 229\%$$

进一步运用相关遗传进展原理进行分析, 其结果如表 2 所示。

由表 2 可得出以下结论:

1. 每穗粒数 $x_2$ 可以作为水稻品种生产力选育方面的一个可靠指数。它的直接贡献在四个性状中最大(0.06590), 贡献率为54.7%, 它通过其它三个性状对 $y$ 的间接贡献均为正值, 贡献率在11~17%之间, 这是一个很好的选择路径结构。它告诉我们, 在利用指数进行选择时, 首先要注意每穗粒数, 其次要注意结实率和单株产量的选择, 它们三个的总贡献为88.9%。

2. 单株产量 $x_1$ 的直接贡献为0.0313, 它通过每穗粒数的贡献为0.03997, 但它与结实率负相关, 而千粒重的直接贡献亦为负值, 故其总贡献不大, 因而它不能作为选育的可靠性指标。

3. 结实率 $x_3$ 的直接贡献为0.0592, 占第二位, 它通过每穗粒数和千粒重的间接贡献是很可观的, 只有通过单株产量有微弱的负贡献, 故结实率是选育中最重要的辅助性状。

4. 千粒重 $x_4$ 是选育中的一个限制性指标, 它的直接贡献为负值, 它与选育的重要指标每穗粒数和结实率均呈负相关。因此在粒重选择上不能过分追求。

由上述可见, 相关遗传进展分解原理是把选择的遗传进展和通径分析结合起来的一种新统计分析方法。它不但能制订选择指数和分析选择的预期结果, 而且能生动地分析利用选择指数的策略, 从而使选择指数发挥更可靠的作用。

#### 参 考 文 献

- 1 吴仲贤. 统计遗传学, 科学出版社, 1979 第十四章
- 2 马育华. 植物育种的数量遗传学基础, 江苏科学技术出版社, 1982 第十章
- 3 李白忠等. 遗传 1980; 2(1): 13—16

## SELECTION INDEX AND THE RESOLUTION PRINCIPLE OF CORRELATED GENETIC PROGRESS

Yuan Zhifa

(Department of Basic course)

Chang Zhijie

(Department of Animal Husbandry)

Liu Guangzu

(Department of Basic Course)

#### Abstract

The essential idea of selection index is the resolution of correlated genetic progress produced by all of the selective traits. According to this principle, the construction of a selection index and the path coefficient analysis can be joined together.

**Key words:** correlated genetic progress, selection index, path coefficient analysis