

《数量遗传学》（科学出版社，2017年3月）练习题

《数量遗传学》第1章练习题.....	2
《数量遗传学》第2章练习题.....	6
《数量遗传学》第3章练习题.....	9
《数量遗传学》第4章练习题.....	13
《数量遗传学》第5章练习题.....	16
《数量遗传学》第6章练习题.....	19
《数量遗传学》第7章练习题.....	22
《数量遗传学》第8章练习题.....	25
《数量遗传学》第9章练习题.....	29
《数量遗传学》第10章练习题.....	32
《数量遗传学》第12章练习题.....	34
《数量遗传学》第13章练习题.....	38

《数量遗传学》第 1 章练习题

1.1 已知两个纯合亲本的基因型为 AA 和 aa ，计算 F_1 、 F_2 、 F_3 、 BC_2F_1 (AA 是轮回亲本) 及 BC_2F_2 等 5 个后代群体中的杂合度和基因多样性。

1.2 以一个座位上的三个等位基因为例，证明随机交配大群体中，群体杂合度等于基因多样性。

1.3 不考虑任何家系结构，证明纯系双亲遗传研究中， F_3 群体在一个座位上三种基因型的理论分离比是 3:2:3， $P_1BC_2F_2$ 群体在一个座位上三种基因型的理论分离比是 13:2:1。

1.4 对表 1.1 中各种性状的两种表现型做分离比为 3:1 的适合性检验。

1.5 一个纯合亲本的籽粒形状为圆形、籽粒颜色为黄色，另一个纯合亲本的籽粒形状为皱形、籽粒颜色为绿色，它们间的杂交 F_1 代全部为圆形、黄色， F_2 的表型观测数为：圆形和黄色 315、圆形和绿色 108、皱形和黄色 101、皱形和绿色 32。

(1) 对籽粒形状和籽粒颜色两个性状的表型分别做 3:1 分离比检验。

(2) 对两个性状的 4 种表型做 9:3:3:1 分离比检验。

1.6 在孟德尔的豌豆杂交试验中，控制黄色籽粒的基因用 Y 表示，其等位基因用 y 表示， Y 对 y 为显性，纯合基因型 yy 的籽粒为绿色。现有两个纯系，分别用 P_1 和 P_2 表示。 P_1 的基因型为 YY ，籽粒颜色为黄色。 P_2 的基因型为 yy ，籽粒颜色为绿色。

(1) 给出 P_1 和 P_2 杂交产生 F_1 杂种的基因型和籽粒颜色。

(2) 给出杂种 F_1 与 P_1 的回交群体中各种基因型和表型的频率；给出杂种 F_1 与 P_2 的回交群体中各种基因型和表型的频率。由此说明，为何遗传学研究中测交试验一般选择与隐性亲本做回交。

(3) 给出杂种 F_1 的自交群体（即 F_2 ）中，各种基因型和表型的频率。

(4) 利用条件概率公式，计算 F_2 群体中黄色籽粒个体基因型为 YY 的频率。

1.7 在孟德尔的豌豆杂交试验中，控制黄色籽粒的基因用 Y 表示，其等位基因用 y 表示， Y 对 y 为显性，纯合基因型 yy 的籽粒为绿色。控制圆型籽粒的基因用 R 表示，其等位基因用 r 表示， R 对 r 为显性，纯合基因型 rr 的籽粒为皱缩型。已知这两对基因位于不同染色体上。现有两个纯系，分别用 P_1 和 P_2 表示。 P_1 的基因型为 $YYRR$ ，为黄色和圆型籽粒。 P_2 的

基因型为 $yyrr$ ，为绿色和皱缩型籽粒。

- (1) 列出 F_2 群体中各种基因型的频率，以及各种基因型对应的表型。
- (2) F_2 群体中的表型有哪些？利用概率加法定律，计算各种表型的频率。

1.8 两个人群中的 MN 血型调查数据如下表：

血型	MM	MN	NN	总人数
群体 I	475	89	5	569
群体 II	233	385	129	747

- (1) 计算两个群体中的基因和基因型频率。
- (2) 检验这两个群体是否是 HWE 群体。
- (3) 如将这两个群体合并形成一个混合群体，计算混合群体中的基因和基因型频率，并对混合群体做 HWE 的检验。
- (4) 利用 (2) 和 (3) 得到的检验结果，说明遗传研究中应该注意的问题。

1.9 一个座位上有三个等位基因 A 、 B 和 C ，在调查的 178 人中，各种基因型的观测人数如下表。

基因型	AA	AB	BB	AC	BC	CC
观测人数	17	86	61	5	9	0

- (1) 计算该人群中三个等位基因 A 、 B 和 C 的频率。
- (2) 为什么调查的群体中没有基因型 CC ？
- (3) 检验该群体是否处于 HWE。

1.10 控制人类 ABO 血型的座位上存在三个等位基因 I^A 、 I^B 和 I^O ，基因型 $I^A I^A$ 和 $I^A I^O$ 的血型为 A 型，基因型 $I^B I^B$ 和 $I^B I^O$ 的血型为 B 型，基因型 $I^A I^B$ 的血型为 AB 型，基因型 $I^O I^O$ 的血型为 O 型。某随机交配人群中 3 个决定血型的等位基因 I^A 、 I^B 和 I^O 的频率分别为 0.7、0.2 和 0.1。

- (1) 计算该人群中 6 种不同基因型的频率。
- (2) 计算该人群中 A、B、AB 和 O 4 种血型的频率。

1.11 对一个人群四种血型的调查数据如下表。

血型	A	B	AB	O
人数	2162	738	228	2876

- (1) 在 Hardy-Weinberg 平衡的假定下，利用 EM 迭代算法计算三种等位基因的频率。
- 提示：从练习 1.10 可以看出，如果知道了 6 种基因型的观测值或频率，就可计算三个等位

基因的频率。基因型 $I^A I^B$ 和 $I^O I^O$ 的观测值分别等于 AB 血型 and O 血型的观测值。基因型 $I^A I^A$ 和 $I^A I^O$ 的观测值需要从 A 血型的观测值分解出来。基因型 $I^B I^B$ 和 $I^B I^O$ 的观测值需要从 B 血型的观测值分解出来。设定等位基因 I^A 、 I^B 和 I^O 的一组初始频率 p_0 、 q_0 、 r_0 ，在 HWE 下计算六种基因型的期望频率。以 A 血型为例，两种基因型 $I^A I^A$ 和 $I^A I^O$ 在整个群体中的频率为 p_0^2 和 $2p_0 r_0$ ，由此可以计算基因型 $I^A I^A$ 和 $I^A I^O$ 在血型 A 中的比例，根据这个比例把 A 血型样本观测值 2162 分解成两种基因型 $I^A I^A$ 和 $I^A I^O$ 的观测值。对 B 血型观测值 738 作类似的分解。然后，重新估计三个等位基因的频率。重复上述过程，直到等位基因频率收敛为止。

(2) 利用 (1) 得到的等位基因频率估计值，检验该群体是否处于 Hardy-Weinberg 平衡状态。

1.12 利用列联表的独立性检验，说明练习 1.5 中控制籽粒形状和籽粒颜色这两个座位间不存在连锁关系。

1.13 现有两个单基因控制性状，一个性状为抗病性，有抗病和感病两种表型，一个性状为分子标记条带，有 A、H、B 三种表型。一个群体中两个性状的 6 种表型观测数据如下表。利用列联表的独立性检验，说明控制这两个性状的基因座位间是否存在连锁不平衡。

抗病性	抗病			感病		
	A	H	B	A	H	B
观测个体数	572	1161	14	3	22	569

1.14 已知某疾病基因座位上存在 2 个等位基因 A 和 a ，等位基因 a 表现为隐性遗传，在随机交配群体 I 和随机交配群体 II 中的频率分别为 0.2 和 0.4，不考虑其它影响群体结构的因素。

- (1) 计算群体 I 和群体 II 中发病个体所占的比例。
- (2) 计算群体 I 和群体 II 中正常个体携带致病基因的比例。
- (3) 如果将群体 I 和群体 II 按 1:1 比例混合，混合群体是否处于 HW 平衡？为什么？

1.15 已知两个座位之间无连锁，每个座位上有两个等位基因，分别用 A 、 a 和 B 、 b 表示。现将基因型为 $AABB$ 和 $aabb$ 的个体等量混合，混合群体称为世代 0。计算混合群体的随机交配一代和二代群体中，两个座位间的不平衡度。由此说明，对于不存在连锁的两个基因座位，如果初始群体存在不平衡，这种不平衡随机交配数代后仍然存在。

1.16 已知两个座位间的重组率 $r=0.1$ ，每个座位上有两个等位基因，分别用 A 、 a 和 B 、

b 表示。现将基因型为 $AABB$ 和 $aabb$ 的个体等量混合，混合群体称为世代 0。计算混合群体的随机交配一代、10 代和 100 代群体中，两个座位间的不平衡度。由此说明，对于存在连锁的两个基因座位，长期的随机交配后，群体中将观测不到连锁不平衡。

1.17 座位 A 和 B 上有四个单倍型 AB 、 Ab 、 aB 、 ab ，在一个随机交配群体中的频率分别为 u 、 s 、 t 、 v ($u+s+t+v=1$)。四个等位基因的频率分别为 $p_A=u+s$ 、 $p_a=t+v$ 、 $p_B=u+t$ 、 $p_b=s+v$ 。如下表，对座位 A 定义一个变量 X ，对等位基因 A 取 1，对等位基因 a 取 -1；对座位 B 定义一个变量 Y ，对等位基因 B 取 1，对等位基因 b 取 -1。

单倍型	观测频率 (p)	座位 A (X)	座位 B (Y)	平衡频率
AB	u	1	1	$p_A p_B$
Ab	s	1	-1	$p_A p_b$
aB	t	-1	1	$p_a p_B$
ab	v	-1	-1	$p_a p_b$

(1) 证明变量 X 的期望和方差分别为 $E(X) = p_A - p_a$ 和 $V(X) = 4p_A p_a$ 。

(2) 证明变量 Y 的期望和方差分别为 $E(Y) = p_B - p_b$ 和 $V(Y) = 4p_B p_b$ 。

(3) 证明变量 X 与 Y 的协方差为 $Cov(X, Y) = 4D$ ，其中 $D = uv - st$ 。

(4) 利用相关系数的计算公式 $r = \frac{Cov(X, Y)}{\sqrt{V(X)V(Y)}}$ ，证明变量 X 与 Y 相关系数的平方等于

于公式 1.35 定义的连锁不平衡度。

(5) 如样本总量为 n ， n 乘以观测频率为观测样本量， n 乘以平衡频率为期望样本量。

证明：两个座位处于平衡状态的适合检验 χ^2 统计量为 $\chi^2 = nr^2$ ，其中 r^2 为公式 1.35 定义的连锁不平衡度，其平方根等于 (4) 中变量 X 与 Y 的相关系数。

《数量遗传学》第2章练习题

2.1 一个座位上，等位基因A突变到a的频率是万分之一，反向突变的频率是十万分之一，三种基因型有相同的适合度。计算平衡群体中三种基因型的频率。

2.2 一个果蝇突变群体在突变座位上基因型aa的频率为1，野生群体中不存在等位基因a。假定每个世代从野生群体到突变群体的迁移比例为0.01。经过5个世代的迁移之后计算：

- (1) 突变群体中等位基因a的频率。
- (2) 突变群体中纯合突变型aa所占比例的百分数。

2.3 一个隐性单基因控制的疾病使得个体没有生育能力，该疾病在某人群中的发病率为1/2000。不考虑其它因素，计算基因频率下降一半需要经过的随机交配世代数。

2.4 利用表2.1中的数据，分别检验婴儿群体和成人群体是否处于HW平衡，说明两个群体中检验结果存在差异的主要原因。

2.5 利用表2.1中的数据，不考虑其它改变群体结构的因素，计算选择达到平衡状态时等位基因A和S的频率；根据基因频率计算平衡时三种基因型的频率，并与表2.1婴儿群体基因型频率进行对比。

2.6 利用表2.2中的加性模型，推导选择过程中，等位基因a频率在上下代之间的关系。

2.7 假定一个起始群体中等位基因a的频率为0.95，基因型AA、Aa和aa的适合度分别为1、0.9和0.8。利用练习2.6的结果，计算10代随机交配过程中，等位基因a在每个世代中的频率，绘制基因频率随世代的变化曲线，并与图2.4A进行对比。

2.8 利用表2.2中的完全显性但选择对基因AA和Aa不利的模型，推导选择过程中等位基因a频率在上下代之间的关系。

2.9 已知一个群体中两个座位上四种配子型AB、Ab、aB、ab的频率分别为0.1、0.4、0.1、0.4，雌雄配子频率无差异。

- (1) 计算两个座位的不平衡度D。
- (2) 计算等位基因A、a、B、b的频率。

(3) 计算雌雄配子随机结合产生的9种合子的频率。

(4) 假定座位B与适合度无关，座位A与适合度有关，基因型AA和Aa的适合度为1，aa的适合度为0。计算选择发生之后9种合子的频率。

(5) 根据(4)得到的基因型频率，计算选择后等位基因A、a、B、b的频率，并比较选择前后等位基因频率的差异。

2.10 已知一个群体中两个座位上四种配子型AB、Ab、aB、ab的频率分别为0.15、0.35、0.05、0.45，雌雄配子频率无差异。

(1) 计算两个座位的不平衡度D。

(2) 计算等位基因A、a、B、b的频率。

(3) 计算雌雄配子随机结合产生的9种合子的频率。

(4) 假定座位B与适合度无关，座位A与适合度有关，基因型AA和Aa的适合度为1，aa的适合度为0。计算选择发生之后9种合子的频率。

(5) 根据(4)得到的基因型频率，计算选择后等位基因A、a、B、b的频率，并比较选择前后等位基因频率的差异。

2.11 某随机交配物种中，三种基因型的亲代及这些亲本随机交配产生子代的观测数据如下表。

基因型	AA	Aa	aa
亲代观测值	50	100	50
后代观测值	200	1000	500

(1) 计算三种基因型的适合度和选择系数。

(2) 假定起始群体中等位基因A的频率为0.5，不考虑其他改变群体结构的因素，计算选择和随机交配发生一代后等位基因A的频率。

2.12 一个自然群体中，座位A观测到两个等位变异，用A₁和A₂表示。座位B观测到三个，用B₁、B₂、B₃表示。座位C观测到两个，用C₁和C₂表示。三个座位上12种单倍型的频率如下表。

单倍型编号	座位 A	座位 B	座位 C	频率
1	A ₁	B ₁	C ₁	0.0960
2	A ₁	B ₁	C ₂	0.0040
3	A ₁	B ₂	C ₁	0.0768
4	A ₁	B ₂	C ₂	0.0032
5	A ₁	B ₃	C ₁	0.0192

6	A_1	B_3	C_2	0.0008
7	A_2	B_1	C_1	0.3840
8	A_2	B_1	C_2	0.0160
9	A_2	B_2	C_1	0.3072
10	A_2	B_2	C_2	0.0128
11	A_2	B_3	C_1	0.0768
12	A_2	B_3	C_2	0.0032

- (1) 计算三个座位上每个等位基因的频率。
- (2) 计算每个座位的杂合度和三个座位的平均杂合度。
- (3) 哪些是稀有等位变异，哪些是常见等位变异？
- (4) 哪些是多态性座位，哪些是单态性座位？

2.13 假定基因型 AA 、 Aa 、 aa 的适合度分别为1、0和0.5。随机交配起始群体中，等位基因的频率用 p 和 q 表示，不考虑其它改变群体结构的因素。

- (1) 推导选择一代后等位基因 A 的频率和变化量。
- (2) 群体最终达到的平衡点有哪些？并对这些平衡点进行分类。

《数量遗传学》第3章练习题

3.1 一个随机交配大群体中,某座位上等位基因A的频率为0.8。从中随机抽取5个个体,这5个个体包含等位基因A的个数是一随机变量。

- (1) X 的可能取值有哪些?给出所有可能取值的概率。
- (2) 绘制随机变量 X 概率分布的柱形图。
- (3) 分别计算 X 在6到9之间、以及 X 少于6的概率。
- (4) 用 Y 表示除基因A以外其它等位基因的个数。根据(1)给出的概率,分别计算 X 和 Y 的均值、方差、以及它们之间的协方差和相关系数,并用公式3.11、3.12、3.13进行验证。

3.2 从一个随机交配大群体中随机调查10个个体,对他们的基因型进行鉴定后共发现了13个等位基因A。试估计随机交配大群体的等位基因A频率及估计值的标准差。

3.3 一个随机交配大群体中,等位基因A和a的频率分别为0.9和0.1,现从中随机抽取5个个体。那么,基因型AA、Aa和aa的个体数 X_1 、 X_2 和 X_3 将服从多项分布 $B(n=5, p_1=0.81, p_2=0.18, p_3=0.01)$ 。

- (1) 计算基因型AA、Aa和aa的个体数 X_1 、 X_2 和 X_3 所有可能取值的概率。
- (2) 利用(1)计算出的概率,分别计算AA、Aa和aa的个体数为0的概率。
- (3) 利用(1)计算出的概率,分别计算AA、Aa和aa的个体数为2的概率。

3.4 以多项分布公式3.10中的两个随机变量 X_1 和 X_2 为例,根据文中给出的多项分布性质,我们知道: $E(X_1)=np_1$; $E(X_2)=np_2$; $V(X_1)=np_1(1-p_1)$; $V(X_2)=np_2(1-p_2)$; $E(X_1+X_2)=n(p_1+p_2)$; $V(X_1+X_2)=n(p_1+p_2)(1-p_1-p_2)$ 。另外,对于任意两个随机变量 X 和 Y , $V(X+Y)=V(X)+V(Y)+2Cov(X,Y)$ 。利用上述结果证明下面的两个结论。

- (1) 随机变量 X_1 和 X_2 的协方差为 $Cov(X_1, X_2) = -np_1p_2$ 。

- (2) 随机变量 X_1 和 X_2 的相关系数为 $Corr(X_1, X_2) = -\frac{p_1p_2}{\sqrt{p_1(1-p_1)p_2(1-p_2)}}$ 。

3.5 观察一个 F_2 群体中12个单株的花色,红花和白花各发现有6株。

- (1) 估计群体中红花表型的频率，以及估计值的标准差。
- (2) 利用 χ^2 统计量检验判断该群体中红花和白花是否服从3:1的分离比。
- (3) 利用校正 χ^2 统计量检验判断该群体中红花和白花是否服从3:1的分离比。
- (4) 利用精确检验判断该群体中红花和白花是否服从3:1的分离比。
- (5) 样本量较小时，应该采用哪种检验方法？

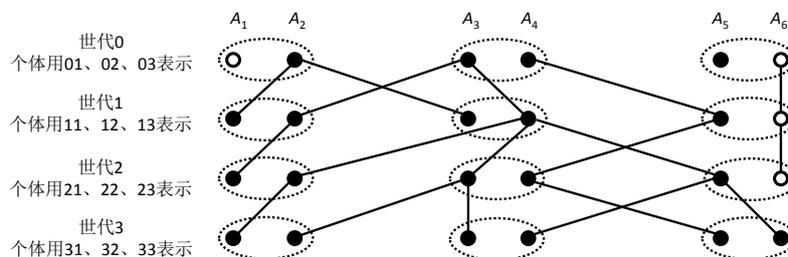
3.6 对一个随机交配群体中的20个个体进行基因型鉴定，三种基因型AA、Aa、aa分别占7、11、2个。

- (1) 估计等位基因A的频率，以及估计值的标准差。
- (2) 利用 χ^2 统计量检验判断该群体是否符合HW平衡。
- (3) 利用校正 χ^2 统计量检验判断该群体是否符合HW平衡。
- (4) 利用精确检验判断该群体是否符合HW平衡。
- (5) 样本量较小时，应该采用哪种检验方法？

3.7 根据公式3.20，计算随机交配大群体中一个突变基因1~10代的丢失概率，并绘制丢失概率随世代的变化曲线。

3.8 调查结果表明，人类双胞胎的出生比例大约为1:89。某医院每年接收大约300个孕妇。利用泊松分布计算生产双胞胎的孕妇多于6个的概率。

3.9 下图是大小为三的理想随机交配群体中，基因在三个世代中的传递示意图。世代0为随机交配大群体中抽取的3个个体，它们携带的六个基因用 $A_1 \sim A_6$ 表示。实心圆表示等位基因A，空心圆表示等位基因a。不考虑其它座位。



- (1) 计算个体01、02、03的近交系数。
- (2) 判断个体11、12、13携带的两个基因是否后裔同样。

- (3) 计算个体11、12、13两两之间的共祖先系数。
- (4) 判断个体21、22、23携带的两个基因是否后裔同样。
- (5) 计算个体31、32、33的近交系数。

3.10 对于图3.6的理想群体，假定 $N=2$ ，基础群体中等位基因A、a频率分别为0.7、0.3。

- (1) 给出随机遗传漂变Wright-Fisher模型的转移矩阵。
- (2) 给出世代0基因A个数的概率向量。
- (3) 根据转移矩阵和世代0概率向量，计算随机漂移10个世代后基因A个数的概率向量。
- (4) 如有1000个亚群体，随机漂移10个世代后，大概有多少个亚群体被固定在基因A上？多少个丢失了基因A？多少个基因A和a同时存在？
- (5) 随机漂移10个世代后，计算亚群体中基因A频率的均值和方差。

3.11 对于图3.6的理想群体，假定基础群体中等位基因A、a的频率分别 p 、 q 。不论亚群体的大小如何，经过足够多代随机漂移后，亚群体被固定在等位基因A、a的频率也分别是 p 、 q 。证明在固定的亚群体中，等位基因A频率的方差等于 p 和 q 的乘积。

3.12 对于图3.6的理想群体，假定基础群体中等位基因A、a频率分别为0.7、0.3，亚群体大小为30。

- (1) 计算基础群体的基因型频率。
- (2) 计算20代随机交配后亚群体的近交系数。
- (3) 如果20代随机交配后合并亚群体形成一个混合群体，计算混合群体的基因频率和基因型频率。
- (4) 在(3)的基础上，计算混合群体中杂合型频率相对于基础群体下降的百分数。
- (5) 在(3)的基础上，计算亚群体中基因A频率的方差。

3.13 在多个随机漂移群体的混合群体中，观察到一个座位上三种基因型AA、Aa、aa的个体数为42、76、448。估计混合群体的近交系数。

3.14 一个随机交配生物种群被地理环境分割成两个亚群体，这两个亚群体分别占种群的25%和75%。调查数据表明，某座位上等位基因A在两个亚群体中的频率分别为0.1和0.5。

- (1) 计算等位基因A在该种群中的平均频率。
- (2) 分别计算这两个亚群体的杂合度。

- (3) 计算该种群在不存在群体结构这一假定下的平均杂合度。
- (4) 计算亚群体间的分化系数 F_{ST} 。
- (5) 从基因频率的方差计算分化系数 F_{ST} 。

《数量遗传学》第4章练习题

4.1 从一个随机交配大群体中，采用相同的亚群体抽样方法，经过20个世代的遗传漂移后共产生了10个亚群体。随机交配过程中，亚群体之间没有基因交流。在最终的亚群体中调查一个座位上的基因型，得到的基因频率如下表。计算亚群体的有效群体大小。

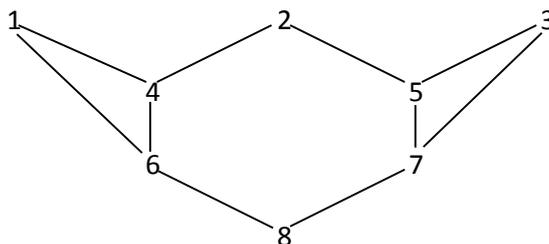
亚群体	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
基因频率	0.537	0.435	0.118	0.279	0.265	0.161	0.157	0.090	0.254	0.642

4.2 假定一个随机交配群体在世代0、1、2、3的大小分别为1000、1000、10、1000，即在世代2存在一次瓶颈效应。计算有效群体大小。

4.3 假定一个果蝇群体中，等位基因A、a频率分别为0.7、0.3。从中随机选取1只雄性和10只雌性放在一个封闭的笼子中饲养。现有大量的笼子采用同样的饲养方法，以后的世代每个笼子都是只留下1只雄性和10只雌性。一个笼子中的群体称为一个家系。

- (1) 计算随机交配10代后每个家系的近交系数。
- (2) 如果10代随机交配后，将这些家系合并形成一个混合群体，计算混合群体的基因频率和基因型频率。
- (3) 在(2)的基础上，计算混合群体中杂合型频率相对于基础群体下降的百分数。
- (4) 在(2)的基础上，计算亚群体中基因A频率的方差。

4.4 在下面的系谱中，1、2、3表示随机交配大群体中抽取的三个个体。



- (1) 计算个体6、7、8的近交系数。
- (2) 计算加性关系矩阵。

4.5 从一个随机交配大群体中随机抽取三个个体，按照图4.7的规则近交系统进行半同胞交配。

- (1) 计算前5个世代的近交系数。

(2) 计算第5个世代相对于第4个的近交系数增长速率, 并由此计算近交有效群体大小。

(3) 如果基础群体中一个隐性疾病基因的频率为0.1, 5个世代后近交系统中的患病概率是基础群体的多少倍?

4.6 自然状态下, 一个自花授粉植物的异交率为3%。不考虑突变和选择等因素。

(1) 计算自然群体中的近交系数。

(2) 座位1上存在两个等位基因, 频率分别为0.2和0.8, 计算座位1上群体的杂合度。

(3) 座位2上存在三个等位基因, 频率分别为0.2、0.3、0.5, 计算座位2上群体的杂合度。

(4) 计算座位1和2上群体的平均杂合度。

4.7 在以自花授粉为主的一个植物自然群体中, 考察200个个体在一个座位上的三种基因型, 得到的观测数据分别为109、12、79。不考虑突变和选择等因素, 计算该物种的异交率。

4.8 今需采集一个玉米地方品种的100粒种子, 作为一份种质资源保存起来。计算下列采集方法的有效群体大小。

(1) 成熟时, 从田间种植的地方品种群体中, 随机选取100个植株, 每个植株上随机采集1粒种子。

(2) 成熟时, 从田间种植的地方品种群体中, 随机选取10个植株, 每个植株上随机采集10粒种子。

(3) 成熟时, 从田间种植的地方品种群体中, 随机选取1个植株, 从上面随机采集100粒种子。

(4) 成熟时, 从田间种植的地方品种群体中, 随机选取10个植株, 分别采集5、5、5、5、10、10、10、10、20、20粒种子。

(5) 从混合收获的大量种子中, 随机采集100粒种子。

4.9 今需对保存多年的一份玉米地方品种进行再生繁殖, 从种质库保存的种子中随机抽取100粒在田间种植, 假定成活率为100%。计算下列再生繁殖方法的有效群体大小。

(1) 配置50个成对杂交, 无反交, 成熟时每个杂交组合采集2粒种子。

(2) 配置50个成对杂交, 无反交, 成熟时混合收获50个杂交组合的所有种子, 最后从

混合种子中随机抽取100粒。

(3) 将100个植株的花粉混合，用混合花粉进行授粉，成熟时每个植株上采集1粒种子。

(4) 将100个植株的花粉混合，用混合花粉进行授粉，成熟时混合收获100个植株上的所有种子，最后从混合种子中随机抽取100粒。

4.10 根据群体遗传学的知识，解释图4.11中观察到的两种再生方法“100-自交-1”和“100-自交-2”在丢失基因数目上表现出来的差异。

4.11 在一个近交交配系统中，世代 t 的近交系数与前三个世代近交系数的关系是：

$F_t = \frac{1}{16}(3 + 8F_{t-1} + 4F_{t-2} + F_{t-3})$ 。假定世代0、1、2的近交系数均为0。给出0~10个世代的

近交系数，并由此计算近交系数的增长速率和该近交交配系统的有效群体大小。

《数量遗传学》第5章练习题

5.1 在大小为30的理想群体中，

- (1) 计算只有一份拷贝的基因在下一个世代中的丢失概率；
- (2) 计算只有两份拷贝的基因在下一个世代中的丢失概率。

5.2 如果一个群体的参数 $\theta = 10$ ，利用公式5.15分别计算大小为10、20、50的样本群体中多态性位点的平均数。

5.3 参阅一本概率统计方面的教材，证明几何分布 $G(p)$ 的均值和方差公式5.3。

5.4 在大小为10的理想群体中，绘制两个基因融合时间的概率分布柱形图。

5.5 一个大小为50的理想群体中，在一个座位上存在4个不同的等位基因，不考虑突变和选择。大约经过多少个世代，群体中只存在3个等位基因？大约经过多少个世代，群体中只存在2个等位基因？大约经过多少个世代，群体被固定到一个等位基因上？

5.6 在练习5.5的基础上，如果每个世代的突变频率为0.001，不考虑选择。在最初的4个等位基因融合成一个等位基因的过程中，计算突变产生的等位基因个数。在群体达到突变和漂移的平衡状态时，计算群体的近交系数和等位基因的平均个数。

5.7 对同一段长度为5kb的基因区域，检测了6份遗传材料的DNA序列，得到20个多态性位点上的碱基如下，其他位置上没有差异。

材料1: GCCTT ATTGG CCTGT ATGAG

材料2: ACTAT TAAGG CTTGT TTGAT

材料3: ACCAC TGTCG CCCGT ACGCG

材料4: GTCAT TGTGG TCCTC TTGAG

材料5: GCTTT TATGA CCTTT ATAAG

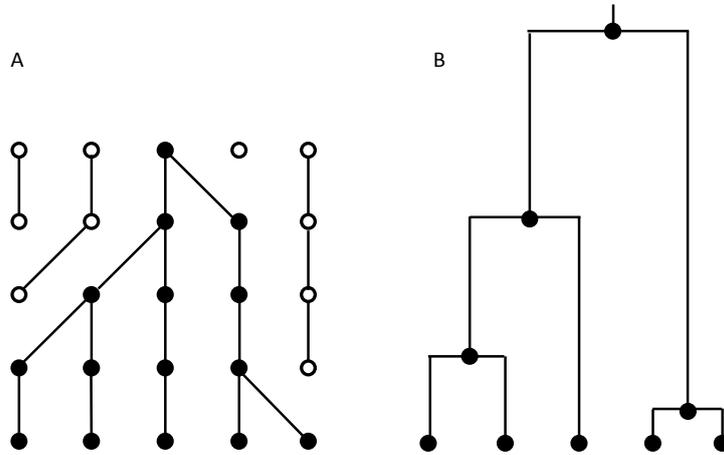
材料6: ACCAT CATGA CCTTT ATAAT

- (1) 计算多态性位点的比例。
- (2) 计算平均非匹配数。
- (3) 根据公式5.31估计群体参数 $\theta = 4Nu$ ，并用公式5.30计算该估计值的方差和标准差。

(4) 根据公式5.33估计群体参数 $\theta = 4Nu$ ，并用公式5.32计算该估计值的方差和标准差。

(5) 如果这6份材料是随机交配群体的一组随机样本，你觉得中性理论是否可以解释这个座位上的多态性？这个座位上的基因是否受选择的作用？

5.8 下图A是一个原始群体中5个基因传递过程的谱系，最终被固定下来的基因用实心圆表示，丢失的基因用空心圆表示。下图B是根据图A绘制的基因融合过程示意图，也称为基因树。请注意，这里的基因树与图5.3的表示方法是等价的。(1) 计算基因树从根部到顶部的长度（单位用世代表示）；(2) 计算基因树中所有分支的总长度（单位用世代表示）。



5.9 一个大小为500的理想群体中，每个世代基因的突变频率为 10^{-3} ，不考虑选择。

- (1) 计算突变和漂移共同作用下达达到平衡状态时群体的固定系数。
- (2) 假定在一个大小为10的样本群体中只发现了两种等位基因，计算这两种等位基因的期望频率。

5.10 一个大小为100的理想群体，在长期的随机漂移过程中近交系数接近于1。从目前开始，每个世代从外界迁入10个个体，随机交配的后代群体大小仍维持在100。

- (1) 计算多少个世代后，群体的近交系数下降到0.2以下；
- (2) 计算迁移和漂移共同作用下达达到平衡状态的近交系数。

5.11 在一个大群体中，如果随机交配的比例为 C ，全同胞交配的比例为 $1-C$ ，证明平衡近交系数为 $F = \frac{1-C}{1+3C}$ 。[提示：参考公式4.42和公式4.43，把公式4.42中的自交近交系数用全同胞交配的近交系数公式4.39代替，然后令相邻三个世代的近交系数相等即可]

5.12 在一个大群体中，如果随机交配的比例为 C ，半同胞交配的比例为 $1-C$ ，证明平衡近交系数为 $F = \frac{1-C}{1+7C}$ 。[提示：参考公式4.42和公式4.43，把公式4.42中的自交近交系数用半同胞交配的近交系数公式4.41代替，然后令相邻三个世代的近交系数相等即可]

《数量遗传学》第6章练习题

6.1 利用表6.1中的英国妇女身高数据。

- (1) 计算身高的样本均值、样本方差和标准差。
- (2) 利用 χ^2 统计量检验这组数据是否服从正态分布。
- (3) 如果样本量只有原来的 10%，这组数据是否服从正态分布？
- (4) 从 (2) 和 (3) 得到检验结果的差异，说明统计假设检验时“接受零假设”和“拒绝零假设”时应该注意的地方。
- (5) 在正态总体的假定下，计算总体均值的 95% 和 99% 置信区间。

6.2 图6.2中，亲本 P_1 的方差3.03是表6.2中的三个 P_1 合并起来计算的， P_2 的方差5.64是表6.2中的三个 P_2 合并起来计算的， F_1 的方差8.62根据表6.2中的 F_1 计算。这三个方差的自由度分别是多大？假定这三个群体中的变异都来自随机误差 σ_ϵ^2 ，如用下面的两种方法估计误差方差 σ_ϵ^2 ：(1) 将这三个方差相加后除以3；(2) 将这三个方差分别乘以它们的自由度后相加，然后除以总自由度（即三个自由度之和）。这两种估计方法你觉得哪一个更好些？为什么？

6.3 下表是Johannsen的菜豆试验中，第13个家系4种粒重种子的后代平均粒重。

亲代粒重 X/cg	20	30	40	50
子代平均粒重 Y/cg	47.5	45.0	45.1	45.8

- (1) 计算亲代粒重 X 与子代平均粒重 Y 的方差、以及它们之间的协方差。
- (2) 计算亲代粒重 X 与子代平均粒重 Y 的相关系数，并进行显著性检验。
- (3) 将亲代粒重 X 视为自变量，子代平均粒重 Y 视为因变量，建立二者的线性回归关系，并对回归方程和回归系数进行显著性检验。

6.4 假定某性状是由三对独立遗传、等效加性基因控制的，亲本 P_1 的基因型是 $AABBCC$ ，性状均值为24；亲本 P_2 的基因型是 $aabbcc$ ，性状均值为12。

- (1) 不考虑随机误差，亲本 P_1 和 P_2 杂交 F_1 群体的表型是多少？
- (2) 不考虑随机误差，亲本 P_1 和 P_2 杂交 F_2 群体中有多少种不同的表型？给出这些表型值和它们的存在频率，并计算 F_2 群体的方差。
- (3) 如随机误差为 2，绘制 F_2 群体理论分布函数的曲线图。

6.5 如何理解数量性状的多基因假说？它如何统一生物统计学派和孟德尔学派关于数量性状遗传所产生的分歧？

6.6 若等位基因 A 相对于 a 为显性，两个亲本的基因型分别为 AA 和 aa ，那么 F_2 群体中显性个体的基因型既可能为 AA 也可能为 Aa ，遗传上常用 F_2 个体产生的 F_3 家系中是否有显隐性的分离来判断一个显性 F_2 个体的基因型是 AA 或是 Aa 。

(1) 如果每个 F_3 家系仅种植 5 个单株，计算把 Aa 基因型误判成 AA 的概率是多大？

(2) 如果要保证基因型 Aa 被误判成 AA 的概率低于 0.05， F_3 家系至少要种植多少个单株？

(3) 如果要保证误判概率低于 0.01， F_3 家系至少要种植多少个单株？

6.7 随机变量 X 服从两点分布（也称 Bernoulli 分布），取 0 的概率为 $1-p$ ，取 1 的概率为 p 。随机变量 Y 服从二项分布 $B(n, p)$ ，可以看作 n 个独立两点分布的随机变量之和。

(1) 计算 X 的均值和方差。

(2) 计算 Y 的均值和方差。

6.8 随机变量 X 服从区间 (a, b) 上的均匀分布，概率密度函数如下，计算 X 的均值和方差。

$$p(x) = \begin{cases} \frac{1}{b-a} & a < x < b \\ 0 & \text{其他} \end{cases}$$

6.9 两点分布总体 X 的概率函数可以用 $p(x) = (1-p)^{1-x} p^x$ 表示，其中 x 等于 0 或 1。

设 X_1, X_2, \dots, X_n 是一组简单随机样本。计算总体参数 p 的 MLE。

6.10 假定变量 X 与 Y 有线性关系，大小为 n 的样本用模型 $Y_i = a + bX_i + \varepsilon_i$ 表示， $i=1, 2, \dots, n$ 表示样本。用 \bar{X} 和 \bar{Y} 表示样本均值，对样本进行中心化变换，即令 $X_i^* = X_i - \bar{X}$ ， $Y_i^* = Y_i - \bar{Y}$ 。中心化变换后得到的模型中只有回归系数，即 $Y_i^* = bX_i^* + \varepsilon_i$ 。计算中心化变换后模型中回归系数的 LSE。

6.11 在 n 个不同基因型构成的遗传群体中，繁殖后的基因型保持不变，基因型 i 的均值用 G_i 表示，它们之间的方差用 σ_G^2 表示。假定每个亲代基因型只繁殖一个后代个体，亲代和子代的表型 X_i 和 Y_i 分别用线性模型 $X_i = G_i + \varepsilon_i$ 和 $Y_i = G_i + \delta_i$ 表示， $\varepsilon_i, \delta_i \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ 且

相互独立。 $\sigma_p^2 = \sigma_G^2 + \sigma_\varepsilon^2$ 表示表型方差。计算子代表型对亲代表型的回归系数，以及它们之间的相关系数。

6.12 在一个随机交配群体中，等位基因 A 和 a 的频率为 p 和 $1-p$ 。对 N 个个体的调查发现，三种基因型 AA 、 Aa 、 aa 的个体数分别为 D 、 H 、 R 。证明 $\frac{1}{N}(D + \frac{1}{2}H)$ 是等位基因频率 p 的 MLE [提示：基因型的观察值 D 、 H 、 R 服从频率分别为 p^2 、 $2p(1-p)$ 、 $(1-p)^2$ 的多项分布]。

6.13 下表是烟草杂交试验中，8 个 F_3 个体的花冠长度 (X) 及它们自交后代的平均花冠长度 (Y) 数据。

F_3 个体花冠长度 (X)	46	50	60	72	77	80	81	82
后代花冠长度平均数 (Y)	53.5	50.2	56.3	70.1	73.0	74.0	76.3	80.2

- (1) 绘制 X 与 Y 的散点图。
- (2) 计算 X 与 Y 的相关系数，并进行显著性检验。
- (3) 将 X 视为自变量，将 Y 视为因变量，建立二者的线性关系，并对回归方程和回归系数进行显著性检验。

《数量遗传学》第7章练习题

7.1 下表是20个玉米自交系与同一个测验种的杂交试验中，每个杂种F₁群体3个单株的株高（cm）调查数据。给出这组数据的方差分析表；并利用方差分析的结果，估计株高性状的误差方差和遗传方差；在方差估计的基础上，估计单株株高的广义遗传力、重复平均数的广义遗传力。

自交系	植株 1	植株 2	植株 3	自交系	植株 1	植株 2	植株 3
L01	305	280	290	L11	260	280	285
L02	280	305	315	L12	310	310	310
L03	270	255	270	L13	310	335	330
L04	270	260	290	L14	335	310	330
L05	310	315	325	L15	260	245	255
L06	290	290	300	L16	320	305	300
L07	255	235	235	L17	300	298	278
L08	287	300	310	L18	310	305	278
L09	320	320	275	L19	295	270	275
L10	270	265	260	L20	290	300	280

7.2 利用表7.3环境I的数据，假定两个重复安排在环境条件相对一致的两个区组中。给出表型数据的方差分析表；并利用方差分析的结果，估计直链淀粉含量在环境I的误差方差和遗传方差；在方差估计的基础上，估计直链淀粉含量小区水平的广义遗传力、重复平均数的广义遗传力。

7.3 在单基因座位加显性模型下，两个亲本的基因型分别为AA和aa，该座位上群体平均数、加性效应和显性效应分别为 $m=10$ 、 $a=5$ 、 $d=0$ ，其它效应（包括遗传和误差）服从均值为0、方差为 σ^2 的正态分布。当 $\sigma^2=5$ 或 10 时，绘制 F₂ 群体的理论分布曲线图。

7.4 下表是East（1911）玉米穗长（cm）的杂交试验中亲本、F₁和F₂世代的次数分布。利用Castle-Wright公式计算有效因子个数。

群体	穗长的组中值/cm																
	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
P ₁	4	21	24	8													
F ₁					1	12	12	14	17	9	4						
P ₂									3	11	12	15	26	15	10	7	2
F ₂			4	5	22	56	80	145	129	91	63	27	17	6	1		

7.5 在单基因座位加显性模型下，群体平均数中亲值、加性效应和显性效应分别用 m 、

a 和 d 表示, 2 个亲本的基因型分别为 AA 和 aa , 计算回交群体 B_1 和 B_2 的群体平均数和遗传方差。

7.6 在单基因座位加显性模型下, 中亲值、加性效应和显性效应分别用 m 、 a 和 d 表示, 2 个亲本的基因型分别为 AA 和 aa 。

- (1) 计算 F_2 群体和 F_3 混合群体的均值和方差。
- (2) 计算 $F_{2:3}$ 家系平均数的方差和家系的平均方差。
- (3) 计算 F_2 群体中个体与其 F_3 家系平均数之间的协方差。

7.7 在单基因座位加显性模型下, 中亲值、加性效应和显性效应分别用 m 、 a 和 d 表示, 2 个亲本的基因型分别为 AA 和 aa 。

- (1) 计算 F_4 混合群体的均值和方差。
- (2) 计算 $F_{2:4}$ 家系平均数的方差和家系的平均方差。
- (3) 计算 F_2 群体中个体与其 F_4 家系平均数之间的协方差。

7.8 假定两个座位上 9 种基因型的平均表现有下表所示的 4 种情形。对每种情形, 计算座位 A 和 B 的加显性效应, 以及两座位间的上位性互作效应。

基因型	情形 I	情形 II	情形 III	情形 IV
$AABB$	6	5	5	5
$AABb$	5	5	5	8
$AAbb$	4	4	5	7
$AaBB$	5	5	5	6
$AaBb$	4	5	5	9
$Aabb$	3	4	5	4
$aaBB$	4	4	5	3
$aaBb$	3	4	5	2
$aabb$	2	3	1	1

7.9 假定控制某一性状的基因有两对, 它们之间不存在连锁。选择练习 7.8 平均基因型效应中的任何一种情形, 计算亲本 P_1 : $AABB$ 和亲本 P_2 : $aabb$ 杂交产生的 B_1 、 B_2 、 F_2 、DH 和 RIL 群体的均值和遗传方差。

7.10 假定控制某一性状的基因有两对, 它们之间的重组率 $r=0.1$ 。选择练习 7.8 平均基因型效应中的任何一种情形, 计算亲本 P_1 : $AABB$ 和亲本 P_2 : $aabb$ 杂交产生的 B_1 、 B_2 、 F_2 、DH 和 RIL 群体的均值和遗传方差。

7.11 下表是两个座位上 4 种纯合基因型的 6 次重复观测数据。

基因型	重复观测值					
	重复 1	重复 2	重复 3	重复 4	重复 5	重复 6
<i>AABB</i>	27.2	23.1	17.4	19.1	25.9	21.1
<i>AAbb</i>	29.2	27.3	25.1	31.1	26.9	33.3
<i>aaBB</i>	21.5	26.2	31.9	23.2	25.7	28.1
<i>aabb</i>	10.8	7.9	8.2	6.3	10.7	11.6

(1) 把重复平均数作为基因型值的估计, 给出两个座位的加性效应和加加互作效应的估计值。

(2) 利用两因素 2×2 的方差分析, 对两个座位的遗传效应和互作效应进行显著性检验, 并估计两个座位的遗传方差及它们之间的上位性互作方差。

7.12 下表是两个座位上 9 种基因型的 4 次重复观测数据。杂合基因型可利用两个纯合基因型的杂交来产生, 如 *AABB* 和 *AAbb* 杂交就得到基因型 *AABb*, *AAbb* 和 *aaBB* 杂交就得到基因型 *AaBb*。

基因型	重复观测值			
	重复 1	重复 2	重复 3	重复 4
<i>AABB</i>	55	51	52	54
<i>AABb</i>	76	72	72	74
<i>AAbb</i>	11	7	7	9
<i>AaBB</i>	64	60	60	62
<i>AaBb</i>	39	35	35	38
<i>Aabb</i>	57	53	54	56
<i>aaBB</i>	43	39	40	42
<i>aaBb</i>	96	92	93	95
<i>aabb</i>	21	17	18	20

(1) 把重复平均数作为基因型值的估计, 给出两个座位的加性效应、显性效应及各种互作效应的估计值。

(2) 利用两因素 3×3 的方差分析, 对两个座位的遗传效应和互作效应进行显著性检验, 并估计两个座位的遗传方差及他们之间的上位性互作方差。

《数量遗传学》第 8 章练习题

8.1 对于表 8.9 给出的基因型值分解结果，验证 $E(A) = 0$ 、 $E(D) = 0$ 、 $E(AD) = 0$ 。

8.2 已知一个老鼠矮化基因座位上的两个等位基因为+和 pg ，三种基因型的六周龄平均体重（g）如下表。

基因型	++	+ pg	$pg\ pg$
平均体重/g	14	12	6

在等位基因 pg 频率为 0.2 的随机交配群体中，计算：

- (1) 群体平均体重和遗传方差。
- (2) 三种基因型的遗传效应。
- (3) 等位基因+和 pg 的平均效应。
- (4) 三种基因型的育种值和显性离差。
- (5) 群体中的加性方差 V_A 、显性方差 V_D 、总遗传方差 V_G 。

8.3 一个座位上 3 种基因型的平均表现如下表。

基因型	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
平均表现	110	150	90

在等位基因 A_1 频率为 0.2 的随机交配群体中，计算：

- (1) 群体均值和遗传方差。
- (2) 三种基因型的遗传效应。
- (3) 等位基因 A_1 和 A_2 的平均效应。
- (4) 三种基因型的育种值和显性离差。
- (5) 群体中的加性方差 V_A 、显性方差 V_D 、总遗传方差 V_G 。

8.4 一个座位上三种基因型的平均表现如下表。

基因型	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
平均表现	110	150	90

什么样的随机交配群体具有最高的平均表现？并对此随机交配群体，计算：

- (1) 群体均值和遗传方差。
- (2) 三种基因型的遗传效应。
- (3) 等位基因 A_1 和 A_2 的平均效应。
- (4) 三种基因型的育种值和显性离差。
- (5) 群体中的加性方差 V_A 、显性方差 V_D 、总遗传方差 V_G 。

8.5 下表给出随机交配群体中，一个座位上三种基因型的频率、基因型值和等位基因数目（即表 8.4）。

基因型	频率 f	基因型值 Y	基因 A_1 的数目 X
A_1A_1	p^2	a	2
A_1A_2	$2pq$	d	1
A_2A_2	q^2	$-a$	0

- (1) 计算 X 和 Y 的均值。
- (2) 计算 X 的方差。
- (3) 计算 Y 与 X 之间的协方差。
- (4) 计算 Y 对 X 的一元回归方程。

8.6 下表给出随机交配群体中，雌雄配子随机结合后代基因型值的 2×2 双向表。根据方差分析原理，计算表中的行列平均数和行列效应，并由此计算三种基因型的育种值和显性离差。

雌配子及其频率	雄配子及其频率		行平均	行效应
	$A_1, 0.7$	$A_2, 0.3$		
$A_1, 0.7$	14	12		
$A_2, 0.3$	12	6		
列平均				
列效应				

8.7 假定一个座位上三种基因型 A_1A_1 、 A_1A_2 、 A_2A_2 的平均表现分别为 10、10 和 6。在 A_1 和 A_2 频率分别为 0.7 和 0.3 的随机交配群体中，下表给出了三种基因型频率，以及三类半同胞家系后代的基因型频率。

基因型	基因型值	频率	半同胞后代基因型的频率			半同胞家系的均值	半同胞家系内的方差
			A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2		
A_1A_1	10	0.49	0.7	0.3	0		
A_1A_2	10	0.42	0.35	0.5	0.15		
A_2A_2	6	0.09	0	0.7	0.3		

- (1) 根据上表的三种基因型值和频率，计算随机交配群体的遗传方差。
- (2) 根据上表的三种基因型值和家系内的基因型频率，计算家系均值和家系内的方差，即上表的最后两列。
- (3) 根据 (2) 计算出的家系均值，计算家系间方差；根据 (2) 计算出的家系内的方差，计算家系内的平均方差；验证这两部分方差之和等于 (1) 计算出的遗传方差。
- (4) 计算亲本与半同胞家系均值之间的协方差，并说明协方差与家系间方差的关系。

8.8 假定一个座位上三种基因型 A_1A_1 、 A_1A_2 、 A_2A_2 的平均表现分别为 10、10 和 6。在 A_1 和 A_2 频率分别为 0.7 和 0.3 的随机交配群体中，下表给出了 6 种全同胞家系的中亲值。

全同胞家系	中亲值	频率	全同胞后代基因型的频率			全同胞家系的均值	全同胞家系内的方差
			A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2		
$A_1A_1 \times A_1A_1$	10						
$A_1A_1 \times A_1A_2$	10						
$A_1A_1 \times A_2A_2$	8						
$A_1A_2 \times A_1A_2$	10						
$A_1A_2 \times A_2A_2$	8						
$A_2A_2 \times A_2A_2$	6						

(1) 计算各种全同胞家系的频率、以及全同胞后代的基因型频率，即上表中亲值后面两列。

(2) 在(1)的基础上，计算全同胞家系的均值和方差，即上表的最后两列。

(3) 根据(2)计算出的家系均值，计算家系间方差；根据(2)计算出的家系内的方差，计算家系内的平均方差。

(4) 计算中亲与全同胞家系均值之间的协方差。

8.9 随机交配可以降低连锁不平衡度(LD)，从而检测到比较紧密的连锁。例如，美国的IBM群体是以玉米自交系‘B73’作母本、‘Mo17’作父本杂交，自 F_2 开始随机交配4个世代后再连续自交而产生的重组近交家系。假定2个座位间一次交换的重组率为 r ，每个座位上只有2个等位基因，分别用 A 、 a 和 B 、 b 表示，2个亲本的基因型分别为 $AABB$ 和 $aabb$ ，杂种 F_1 的基因型为 AB/ab 。

(1) 计算 F_1 产生配子的LD，并视为 F_1 随机交配一代(即 F_2)的LD。

(2) 如果在 F_2 群体内再次随机交配，计算 F_2 随机交配1代群体中的LD值。

(3) 已知各种基因型连续自交产生的RIL群体中4种纯合基因型 $AABB$ 、 $AAbb$ 、 $aabb$ 和 $aaBB$ 的频率如下表，将 F_2 随机交配1代群体中各种基因型的频率填在下表第2列。计算 F_2 随机交配1代后再连续自交产生的RIL群体中4种基因型的频率，并填在下表最后一行。

亲代基因型	频率	连续自交多代的基因型，已知 $R = \frac{2r}{1+2r}$ ， r 为一次交换的重组率			
		$AABB$	$AAbb$	$aaBB$	$aabb$
$AABB$	1	1	0	0	0
$AAbb$	0.5	0.5	0.5	0	0
$AaBb$	0	0	1	0	0
$AaBB$	0.5	0.5	0	0.5	0
AB/ab		$\frac{1}{2}(1-R)$	$\frac{1}{2}R$	$\frac{1}{2}R$	$\frac{1}{2}(1-R)$
Ab/aB		$\frac{1}{2}R$	$\frac{1}{2}(1-R)$	$\frac{1}{2}(1-R)$	$\frac{1}{2}R$

<i>Aabb</i>	0	0.5	0	0.5
<i>aaBB</i>	0	0	1	0
<i>aaBb</i>	0	0	0.5	0.5
<i>aabb</i>	0	0	0	1
累计频率				

8.10 假定两对独立遗传基因的 9 种基因型的平均表现如下表。这些表现型在 *AABB* 和 *aabb* 的杂种 F_2 群体中将出现 15:1 的分离比。

	座位 B		
	<i>BB</i>	<i>Bb</i>	<i>bb</i>
座位 A			
<i>AA</i>	13	13	13
<i>Aa</i>	13	13	13
<i>aa</i>	13	13	1

以 *AABB* 和 *aabb* 为亲本，不考虑其他遗传因素，计算：

- (1) 两个座位上的加显性效应、以及两个座位间的各种上位型互作效应。
- (2) 杂种 F_2 群体的平均表现和遗传方差。
- (3) 杂种 F_3 群体的平均表现和遗传方差。
- (4) 杂种 F_1 连续自交衍生的重组近交家系群体的平均表现和遗传方差。

8.11 假定两对独立遗传基因的 9 种基因型的平均表现如下表。这些表现型在 *AABB* 和 *aabb* 的杂种 F_2 群体中将出现 9:3:4 的分离比。

	座位 B		
	<i>BB</i>	<i>Bb</i>	<i>bb</i>
座位 A			
<i>AA</i>	3	3	2
<i>Aa</i>	3	3	2
<i>aa</i>	1	1	1

在亲本 *AABB* 和 *aabb* 产生的 F_2 群体中，利用方差分析的方法计算：

- (1) 座位 A 和座位 B 的主效应。
- (2) 座位 A 和座位 B 之间的互作效应。
- (3) 座位 A 的方差和座位 B 的方差。
- (4) 座位 A 与座位 B 之间的互作方差。
- (5) 互作方差占遗传方差的比例。

《数量遗传学》第 9 章练习题

9.1 下表是4个基因型在三个环境下的平均表现，不考虑随机误差。计算基因型效应、环境效应和互作效应；计算各种方差成分及占总方差的百分数。

基因型	环境 1	环境 2	环境 3
基因型 1	13	14	15
基因型 2	18	19	26
基因型 3	17	21	13
基因型 4	15	24	27

9.2 下表是20个玉米自交系（用L1~L20表示）在干旱和非干旱两种环境条件下、三次重复的吐丝期（日）观测数据。

自交系编号	干旱环境			非干旱环境		
	重复 I	重复 II	重复 III	重复 I	重复 II	重复 III
L1	101	90	91	89	89	93
L2	82	85	87	84	84	83
L3	86	85	83	80	84	88
L4	85	85	87	83	84	83
L5	80	82	81	81	82	83
L6	95	98	95	89	94	95
L7	84	85	85	81	84	85
L8	86	85	87	84	85	83
L9	87	89	91	85	88	87
L10	84	85	89	82	85	85
L11	82	85	83	81	85	82
L12	83	85	87	83	87	83
L13	89	87	94	89	92	88
L14	90	92	93	89	91	90
L15	95	89	95	89	90	91
L16	82	85	87	84	85	87
L17	91	95	92	89	94	91
L18	88	90	89	89	91	88
L19	84	85	87	82	85	85
L20	88	92	101	89	90	93

(1) 列出 20 种基因型和两种环境吐丝期性状的 GE 双向表，在此基础上计算基因型的主效应和环境主效应，以及基因型和环境互作效应。

(2) 不考虑重复的区组效应，对吐丝期进行多环境联合方差分析，并利用联合方差分析的结果，估计吐丝期性状平均表现（即环境和重复平均数）的遗传力。

9.3 对于练习 9.2 中的数据，现假定每个重复是被安排在一个土壤条件相对一致的区组

内。因此，方差分析时需要考虑区组效应。考虑区组、基因型、环境、以及基因型和环境互作这 4 种变异来源，对于练习 9.2 中的数据作联合方差分析，并利用联合方差分析的结果，估计吐丝期性状平均表现（即环境和重复平均数）的遗传力。

9.4 下表是粳稻品种‘Asominori’与籼稻品种‘IR24’杂交产生的 20 个 RIL 家系（用 R1~R20 表示）在四个环境下两次重复的粒长（mm）数据，排在前两行的是两个亲本的表型观测值。

基因型	E1		E2		E3		E4	
	重复 1	重复 2						
Asominori	5.3	5.2	5.2	5.2	5.2	5.2	5.3	5.2
IR24	6.0	6.2	6.2	6.1	6.2	6.1	6.1	6.1
R1	5.4	5.5	5.5	5.4	5.4	5.4	5.6	5.4
R2	6.3	6.4	6.2	6.1	6.2	6.3	6.5	6.3
R3	5.3	5.4	5.4	5.3	5.3	5.2	5.3	5.4
R4	5.4	5.4	5.4	5.5	5.5	5.4	5.4	5.3
R5	5.3	5.4	5.4	5.3	5.4	5.3	5.3	5.3
R6	5.4	5.5	5.5	5.3	5.4	5.4	5.4	5.3
R7	5.5	5.5	5.5	5.4	5.3	5.5	5.5	5.4
R8	5.7	5.7	5.7	5.7	5.7	5.7	5.8	5.6
R9	5.1	5.2	5.2	5.2	5.2	5.1	5.1	5.1
R10	5.1	5.3	5.2	5.2	5.3	5.2	5.4	5.3
R11	5.0	4.8	4.7	4.9	4.8	4.8	5.5	5.3
R12	5.7	5.7	5.8	5.7	5.6	5.7	5.7	5.7
R13	5.0	4.9	4.9	5.0	4.9	5.1	4.9	4.9
R14	5.8	5.9	5.9	5.9	5.9	5.9	6.0	5.9
R15	5.4	5.6	5.5	5.5	5.6	5.5	5.5	5.6
R16	4.9	4.8	4.9	4.8	4.6	4.9	4.9	4.9
R17	5.6	5.6	5.7	5.6	5.5	5.7	5.5	5.4
R18	6.0	6.1	6.1	5.9	6.0	6.0	5.9	5.8
R19	5.0	4.9	4.9	5.1	5.1	4.9	5.1	5.0
R20	6.1	5.9	6.1	5.9	6.0	6.1	6.0	6.1

(1) 不考虑排在最前面的两个亲本，列出 20 种 RIL 基因型和 4 种环境粒长的 GE 双向表，在此基础上计算基因型的主效应和环境主效应，以及基因型和环境互作效应。

(2) 不考虑重复的区组效应，对粒长进行多环境联合方差分析，并利用联合方差分析的结果，估计粒长性状平均表现（即环境和重复平均数）的遗传力。

9.5 对于练习 9.4 中的数据，现假定每个重复是被安排在一个土壤条件相对一致的区组内。因此，方差分析时需要考虑区组效应。考虑区组、基因型、环境、以及基因型和环境互作这 4 种变异来源，对于练习 9.4 中的数据作联合方差分析，并利用联合方差分析的结果，估计粒长性状平均表现（即环境和重复平均数）的遗传力。方差分析时不考虑两个亲本。

9.6 下表是 14 个棉花品种在 8 个环境下的平均产量 (kg/hm²), 试根据最后一列的回归系数, 对 14 个品种的环境稳定程度进行分类。

品种	环境								平均	回归系数
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8		
1	761	962	912	955	779	826	1048	416	832.38	1.03
2	869	877	1020	914	719	671	986	405	807.63	0.99
3	657	875	924	905	654	783	909	384	761.38	1.01
4	696	932	983	962	829	825	997	405	828.63	1.05
5	603	920	788	881	671	866	989	526	780.50	0.78
6	741	921	992	1018	744	889	863	376	818.00	1.04
7	686	905	1029	979	800	881	858	463	825.13	0.90
8	776	1030	1003	972	783	877	1053	498	874.00	0.99
9	819	863	1047	939	729	699	1064	477	829.63	0.98
10	481	814	845	697	487	702	954	277	657.13	1.16
11	384	542	837	702	517	573	776	266	574.63	0.96
12	756	937	1138	1004	739	945	932	401	856.50	1.15
13	745	817	893	938	646	897	1165	402	812.88	1.12
14	791	947	923	831	781	785	992	455	813.13	0.85
环境指数	697.5	881.6	952.4	906.9	705.6	801.4	970.4	410.8		

9.7 下表是 10 个黄花烟草品系在 8 个环境中的株高平均数, 单位为 cm。利用适当的软件 (如 QTL IciMapping 软件的 AOV 功能, Meng et al., 2015) 开展 AMMI 分析, 绘制 AMMI 双标图。

基因型	环境 1	环境 2	环境 3	环境 4	环境 5	环境 6	环境 7	环境 8
基因型 1	87.00	75.75	77.25	70.00	86.87	81.25	99.12	101.75
基因型 2	106.50	96.37	98.87	93.75	112.62	99.62	113.12	120.62
基因型 3	106.87	101.62	94.37	90.00	100.62	87.25	113.87	120.25
基因型 4	109.37	96.25	108.37	85.62	110.12	95.12	121.12	124.00
基因型 5	114.75	106.75	107.37	94.00	128.50	111.12	127.12	122.75
基因型 6	130.62	118.12	118.50	115.25	132.00	124.37	131.00	125.25
基因型 7	132.25	112.62	121.50	101.50	148.00	133.00	143.25	139.62
基因型 8	127.75	120.00	128.00	117.37	149.85	135.12	144.87	142.37
基因型 9	130.75	116.62	126.00	111.62	144.62	130.25	148.25	136.87
基因型 10	149.87	135.00	137.37	119.25	159.25	148.12	149.25	155.62

《数量遗传学》第 10 章练习题

10.1 遗传设计和环境设计的主要区别是什么？它们分别起什么作用？开展一项遗传交配设计的大概过程是什么？

10.2 通过QTL定位研究，发现一个控制数量性状座位上三种基因型AA、Aa、aa的均值分别为7、6、3。假定误差方差为1，不考虑其它遗传因素。以AA和aa的杂交F₂为参照群体。

- (1) 计算加性方差、显性方差、狭义遗传力和广义遗传力。
- (2) 计算半同胞家系间和家系内的遗传方差。
- (3) 计算全同胞家系间和家系内的遗传方差。

10.3 下表是4个父本与4组不同母本的NCI交配设计，每组母本包含8个个体，每个杂交组合的后代有两个观测数据。参照群体的近交系数为0。通过固定效应模型的方差分析，估计参照群体的加性方差、显性方差和遗传力。

重复	父本	1	2	3	4	5	6	7	8
重复 I	1	5.4	6.4	6.6	4.2	8.6	6.0	6.4	5.7
	2	4.7	7.0	4.2	6.4	4.8	4.9	6.2	4.8
	3	3.8	7.2	4.9	4.3	7.2	4.0	4.8	4.1
	4	6.2	4.2	5.6	3.0	6.0	3.2	4.4	3.3
重复 II	1	6.6	7.9	7.5	5.4	8.5	7.4	5.8	6.3
	2	6.8	6.5	7.1	6.2	5.7	5.7	5.5	5.0
	3	6.8	7.6	6.0	3.5	5.9	4.6	5.8	4.8
	4	6.6	4.2	5.6	2.0	8.0	4.9	5.7	2.8

10.4 把练习10.3看作4个父本与8个母本的NCII交配设计。参照群体的近交系数为0。通过固定效应模型的方差分析，估计参照群体的加性方差、显性方差和遗传力。

10.5 把练习10.3看作32个随机配对杂交产生的全同胞家系。参照群体的近交系数为0。通过固定效应模型的方差分析，估计全同胞家系间和家系内的方差。

10.6 通过QTL定位研究，发现一个控制数量性状座位的中亲值 m 、加性效应 a 、显性效应 d 分别为10、2、2。以P₁ (AA) 和P₂ (aa) 的杂交F₂为参照群体，不考虑其它遗传和非遗传因素，下表给出三种基因型的均值、频率，以及参照群体的总平均和遗传方差。计算F₂的三种测交家系的均值、以及这些家系的4个线性组合；同时计算每列的均值和方差。

F ₂ 个体	均值	频率	L ₁	L ₂	L ₃	L ₁ +L ₂	L ₁ -L ₂	L ₁ +L ₂ +L ₃	L ₁ +L ₂ -2L ₃
AA	12	0.25							
Aa	12	0.5							

<i>aa</i>	8	0.25
总平均	11	
遗传方差	3	

10.7 从一个 F_2 群体中随机抽取8个个体分别与双亲和 F_1 进行测交，下表是每个测交组合产生后代的两次重复观测数据。

F_2 个体	重复 I			重复 II		
	L_1	L_2	L_3	L_1	L_2	L_3
1	10.43	9.33	13.63	12.68	11.20	11.32
2	11.89	11.74	10.55	10.52	10.07	10.41
3	12.11	7.38	9.88	11.33	7.99	9.80
4	10.17	9.75	10.67	11.61	9.62	11.91
5	10.20	12.25	10.31	12.01	11.81	10.68
6	13.45	9.70	10.35	10.70	8.52	10.95
7	10.68	9.15	10.75	11.86	8.72	9.59
8	13.94	9.98	11.34	12.27	10.30	10.39

- (1) 利用方差分析估计误差方差。
- (2) 利用NCIII设计的分析方法，估计 F_2 群体的加性方差、显性方差、狭义遗传力和广义遗传力等遗传参数。
- (3) 利用TTC设计的分析方法，估计 F_2 群体的加性方差、显性方差、狭义遗传力和广义遗传力等遗传参数。

10.8 下表是10个双亲RIL家系和10个永久 F_2 在某地点的三次重复产量数据。利用表中数据的方差分析结果，估计 F_2 参照群体的加性方差、显性方差、狭义遗传力和广义遗传力等遗传参数。

RIL 家系	重复 I	重复 II	重复 III	永久 F_2 家系	重复 I	重复 II	重复 III
1	4.09	4.19	4.01	1	7.46	8.10	7.80
2	1.35	2.12	2.81	2	7.39	8.12	6.33
3	3.89	3.20	3.15	3	6.95	6.36	5.45
4	3.83	4.73	4.33	4	6.87	8.88	8.93
5	3.66	3.71	3.89	5	7.46	7.23	7.11
6	4.27	3.17	4.32	6	7.19	5.99	8.10
7	3.73	3.65	1.88	7	6.99	6.33	6.40
8	3.33	3.30	3.38	8	7.51	6.29	7.62
9	4.06	3.90	4.29	9	6.48	7.14	5.85
10	2.89	1.55	2.12	10	4.73	5.41	5.70

《数量遗传学》第 12 章练习题

12.1 纯系品种选育过程中，什么样的F₁需要与哪个亲本回交之后，再进行连续自交和选择？如何确定一个适当的回交代数？

12.2 通过QTL定位研究，发现一个控制数量性状座位上的三种基因型AA、Aa、aa的均值分别为7、6、3。现将基因型为AA和aa的两个亲本杂交，不考虑选择、以及其它遗传和非遗传因素。

- (1) 计算F₂的群体均值和遗传方差。
- (2) 计算F₃的群体均值和遗传方差，并给出相对于F₂的近交衰退程度。
- (3) 计算重组近交家系的群体均值和遗传方差，并给出相对于F₂的近交衰退程度。

12.3 练习12.2中，现将基因型为AA和aa的两个亲本杂交，然后通过连续自交产生了一个重组近交家系群体。不考虑选择、以及其它遗传和非遗传因素。这些近交系之间的杂交F₁有哪些类型？给出每种类型的频率、中亲值和F₁杂种的表现，并计算F₁杂种的群体均值和遗传方差。

12.4 下表给出的是一个随机交配群体中，三个座位上的等位基因频率和加显性遗传效应。不考虑其它遗传因素，假定总的中亲值为10，三个座位间的不平衡度为0。计算近交系数分别为0、0.1、0.2、0.5和1的群体均值。

座位	<i>p</i>	<i>q</i>	<i>a</i>	<i>d</i>
A	0.6	0.4	2	1
B	0.3	0.7	3	2
C	0.8	0.2	1	2

12.5 通过QTL定位研究，发现了两个控制数量性状的座位。两个座位之间无连锁关系，下表给出9种基因型值。不考虑其它遗传因素和误差效应。

基因型	AABB								
平均表现	2.1	9.8	1.5	4.7	6.8	9.6	3.5	8.1	9.3

- (1) 计算两个座位的加显性效应、以及它们之间的各种互作效应。
- (2) 利用4个重组近交系AABB、AAbb、aaBB、aabb作为父母本，配置16个F₁杂交组合。给出每个组合的中亲值、基因型值、中亲优势和高亲优势。
- (3) 在(2)的基础上，计算单个亲本、中亲、F₁表现、中亲优势和高亲优势这5个参数之间的相关系数矩阵。

(4) 根据(3)计算的相关系数矩阵,说明植物育种中如何更好地预测优良杂交组合。

12.6 在练习12.5的基础上,如将4种纯合基因型看作4个自交系亲本、同时又将它们看作4个测交亲本进行杂交,16个杂种F₁的基因型值列成下面的双向表。表中的行平均可以看作自交系亲本的一般配合力(GCA)。下表后半部分还同时给出了每个测交亲本的均值和标准差、测交表现与自交系亲本GCA的相关系数。最后一行的综合指标等于测交亲本的均值与标准差之和。

自交系亲本	测交亲本				GCA
	<i>AABB</i>	<i>AAbb</i>	<i>aaBB</i>	<i>aabb</i>	
<i>AABB</i>	2.1	9.8	4.7	6.8	5.85
<i>AAbb</i>	9.8	1.5	6.8	9.6	6.925
<i>aaBB</i>	4.7	6.8	3.5	8.1	5.775
<i>aabb</i>	6.8	9.6	8.1	9.3	8.45
均值	5.85	6.925	5.775	8.45	
标准差	2.8236	3.3492	1.7880	1.1057	
与 GCA 的相关系数	0.5568	0.0781	0.9458	0.7258	
综合指标	8.6736	10.2742	7.5630	9.5557	

(1) 根据GCA判断最优的自交系亲本。

(2) 根据表中数据说明应该利用什么样的标准来选择最优测交亲本。

12.7 下表是7个纯系亲本、49个杂交组合的两次重复观测数据。考虑两因素带交互、固定效应的方差分析模型。

父本	重复 I							重复 II						
	A	B	C	D	E	F	G	A	B	C	D	E	F	G
A	22.8	14.4	27.2	17.2	18.3	16.2	18.6	24.2	16.2	30.8	27.0	20.2	16.8	14.4
B	15.4	17.2	14.8	18.6	15.2	17.0	14.4	16.5	18.8	14.6	18.6	15.3	15.2	14.8
C	31.8	21.0	24.8	24.6	19.2	29.8	12.8	30.4	23.0	21.2	25.4	20.0	28.4	14.2
D	16.2	11.4	16.8	18.4	12.4	16.8	12.6	17.8	13.0	16.3	18.0	14.2	14.8	12.2
E	14.6	12.2	15.2	15.2	15.2	18.0	10.4	18.8	13.6	15.4	13.8	15.2	16.0	12.2
F	20.2	14.2	18.6	22.2	14.3	20.2	9.0	23.4	14.0	14.8	17.0	17.3	22.6	10.2
G	14.0	12.2	13.6	13.8	15.6	15.6	11.4	16.6	9.2	16.2	14.4	15.6	11.0	10.6

(1) 给出父本一般配合力、母本一般配合力和特殊配合力的估计值。

(2) 利用亲本的一般配合力,预测这49个组合的表现,绘制预测值与观察值重复平均数的散点图,并计算二者之间的相关系数。

(3) 给出父本一般配合力、母本一般配合力和特殊配合力方差的估计值。

12.8 下表是练习12.7的重复平均数,最后一列为每个亲本所在行和列的平均,最后一

行为总平均。不区分亲本的一般配合力。

重复平均	A	B	C	D	E	F	G	行列平均
A	23.50	15.30	29.00	22.10	19.25	16.50	16.50	20.25
B	15.95	18.00	14.70	18.60	15.25	16.10	14.60	15.60
C	31.10	22.00	23.00	25.00	19.60	29.10	13.50	20.96
D	17.00	12.20	16.55	18.20	13.30	15.80	12.40	16.97
E	16.70	12.90	15.30	14.50	15.20	17.00	11.30	15.49
F	21.80	14.10	16.70	19.60	15.80	21.40	9.60	17.73
G	15.30	10.70	14.90	14.10	15.60	13.30	11.00	13.13
总平均	17.16							17.16

(1) 给出7个亲本的一般配合力以及49个组合特殊配合力的估计值。

(2) 利用一般配合力，预测这49个组合的表现，绘制预测值与观察值重复平均数的散点图，并计算二者的相关系数。

12.9 下表是练习12.7的重复平均数，但不包含自交，最后一列为每个亲本所在行和列的平均，最后一行为总平均。不区分父母本的一般配合力。

重复平均	A	B	C	D	E	F	G	行列平均
A		15.30	29.00	22.10	19.25	16.50	16.50	19.71
B	15.95		14.70	18.60	15.25	16.10	14.60	15.20
C	31.10	22.00		25.00	19.60	29.10	13.50	20.62
D	17.00	12.20	16.55		13.30	15.80	12.40	16.76
E	16.70	12.90	15.30	14.50		17.00	11.30	15.54
F	21.80	14.10	16.70	19.60	15.80		9.60	17.12
G	15.30	10.70	14.90	14.10	15.60	13.30		13.48
总平均	16.92							16.92

(1) 给出7个亲本一般配合力及42个组合特殊配合力的估计值。

(2) 利用一般配合力，预测这42个组合的表现，绘制预测值与观察值重复平均数的散点图，并计算二者的相关系数。

12.10 下表是练习12.7的重复平均数，但不包含反交，最后一列为每个亲本所在行和列的平均，最后一行为总平均。不区分父母本的一般配合力。

重复平均	A	B	C	D	E	F	F	行列平均
A	23.50	15.30	29.00	22.10	19.25	16.50	16.50	20.71
B		18.00	14.70	18.60	15.25	16.10	14.60	16.32
C			23.00	25.00	19.60	29.10	13.50	22.11
D				18.20	13.30	15.80	12.40	17.95
E					15.20	17.00	11.30	15.76
F						21.40	9.60	18.36
F							11.00	12.49

总平均	17.67	17.67
-----	-------	-------

(1) 给出7个亲本一般配合力及28个组合特殊配合力的估计值。

(2) 利用一般配合力，预测这28个组合的表现，绘制预测值与观察值重复平均数的散点图，并计算二者的相关系数。

12.11 下表是练习12.7的重复平均数，但不包含反交和自交，最后一列为每个亲本所在行和列的平均，最后一行为总平均。不区分父母本的一般配合力。

重复平均	A	B	C	D	E	F	G	行列平均
A		15.30	29.00	22.10	19.25	16.50	16.50	19.78
B			14.70	18.60	15.25	16.10	14.60	15.76
C				25.00	19.60	29.10	13.50	21.82
D					13.30	15.80	12.40	17.87
E						17.00	11.30	15.95
F							9.60	17.35
G								12.98
总平均								17.36

(1) 给出7个亲本一般配合力及21个组合特殊配合力的估计值。

(2) 利用一般配合力，预测这21个组合的表现，绘制预测值与观察值重复平均数的散点图，并计算二者的相关系数。

《数量遗传学》第 13 章练习题

13.1 三个标记座位 A、B 和 C 在染色体上的排列顺序为 A-B-C，它们之间的重组率用 r_{AB} 、 r_{BC} 和 r_{AC} 表示。假定染色体区间 A-B-C 上不存在交换干涉，证明三个成对重组率满足关系式 $r_{AC} = r_{AB} + r_{BC} - 2r_{AB}r_{BC}$ 。

13.2 在本章作为实例的大麦 DH 群体中，前 45 个家系在标记 Act8A 上的标记型和粒重数据见下表。利用单标记分析检验标记 Act8A 与粒重 QTL 之间是否存在显著的连锁关系。

1~15	Act8A	0	2	-1	2	0	2	2	0	0	2	2	2	0	2	2
	粒重	41	40	40	40	41	46	40	44	42	46	44	41	43	42	47
16~30	Act8A	0	0	0	2	2	0	0	2	0	0	0	2	0	2	2
	粒重	44	41	41	44	42	44	45	40	41	41	48	47	42	44	43
31~45	Act8A	0	0	2	0	2	0	2	0	0	0	0	2	0	0	2
	粒重	40	39	41	46	42	41	40	47	42	41	43	46	43	44	41

13.3 亲本 P_1 和 P_2 在一个标记座位和一个 QTL 上的基因型分别为 $MMQQ$ 和 $mmqq$ ，标记与 QTL 间的重组率 $r=0.1$ 。基因型 QQ 和 qq 服从正态分布，均值分别为 20 和 10，方差均为 4。计算 DH 群体中，两种标记型下 QQ 和 qq 的频率；根据两种 QTL 的基因型频率，计算每种标记型的群体平均数，并将结果整理在下面的表格中；绘制标记型 MM 的表型混合分布曲线图。

标记型	QQ	qq	标记型的群体均值
MM			
mm			

13.4 亲本 P_1 和 P_2 在一个标记座位和一个 QTL 上的基因型分别为 $MMQQ$ 和 $mmqq$ ，标记与 QTL 间的重组率 $r=0.1$ 。QTL 基因型 QQ 、 Qq 和 qq 的服从正态分布均值分别为 20、18 和 10、方差均为 4。计算 F_2 群体中，三种标记型下 QQ 、 Qq 和 qq 的频率；根据三种 QTL 的基因型频率，计算每种标记型的群体平均数，并将结果整理在下面的表格中；绘制标记型 mm 的表型混合分布曲线图。

标记型	QQ	Qq	qq	标记型的群体均值
MM				
Mm				
mm				

13.5 假定标记 A/a 和 B/b 决定的区间上存在一个影响数量性状的 QTL，两个等位基因用 Q 和 q 表示，基因型 QQ 和 qq 的平均表现分别为 20 和 15，QTL 与标记 A 的重组率为

0.05、与标记 B 的重组率为 0.03。计算亲本 *AAQQBB* 与 *aaqqbb* 衍生的 DH 群体中，各种标记型下 *QQ* 和 *qq* 的频率；根据两种 QTL 的基因型频率，计算每种标记型的群体平均数。并将结果整理在下面的表格中。

标记型	<i>QQ</i>	<i>qq</i>	标记型的群体均值
<i>AABB</i>			

13.6 利用 QTL IciMapping 软件附带的大麦 DH 群体，练习使用连锁图谱构建的 MAP 功能，并绘制大麦的 7 条连锁图谱。

13.7 利用 QTL IciMapping 软件附带的大麦 DH 群体，练习使用数量性状基因定位的 BIP 功能，并绘制简单区间和完备区间作图结果的 LOD 曲线图。