

## 练习十

1. 利用 QTL IciMapping 软件中的 ANOVA 工具, 对下表 20 个玉米自交系 (L1-L20) 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 (1) 进行方差分析; (2) 给出基因型方差、环境方差、基因型-环境互作方差、随机误差方差的估计值; (3) 给出小区水平的广义遗传力; (4) 给出环境和重复平均数的广义遗传力.

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

2. 利用 QTL IciMapping 软件中的 ANOVA 工具, 对下表 20 个水稻 RIL 家系 (R1-R20) 在四种环境条件下两次重复的粒长 (mm) 观测数据 (1) 进行方差分析; (2) 给出基因型方差、环境方差、基因型-环境互作方差、随机误差方差的估计值; (3) 给出小区水平的广义遗传力; (4) 给出环境和重复平均数的广义遗传力.

基因型	E1		E2		E3		E4	
	重复 1	重复 2	重复 1	重复 2	重复 1	重复 2	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

3. 下表给出一个 F2 群体中, 两个标记\*Satt521 和\*Satt549 座位上的原始数据, 2 和 0 为亲本标记型, 1 为杂合 F1 标记型, -1 代表缺失标记, 即认为标记\*Satt521 的 2 型为 AA, 0 型为 aa, 1 型为 Aa; 标记\*Satt549 的 2 型为 BB, 0 型为 bb, 1 型为 Bb.

	1-20 个 F2 单株																			
*Satt521	2	0	2	1	1	1	1	1	0	1	2	0	0	1	1	1	0	1	0	2
*Satt549	2	0	2	1	1	-1	1	0	0	0	2	0	0	1	1	1	0	1	1	2
	21-40 个 F2 单株																			
*Satt521	1	2	1	1	1	0	1	2	0	1	2	0	0	0	1	2	0	2	0	0
*Satt549	1	2	1	1	1	0	1	2	0	1	2	0	0	0	1	2	0	1	0	-1
	41-60 个 F2 单株																			
*Satt521	1	1	2	0	1	0	-1	2	1	1	1	1	2	0	1	0	0	2	1	1
*Satt549	2	1	0	0	1	0	-1	2	1	0	1	1	1	0	-1	0	0	2	1	1

- (1) 计算两个标记座位上四种等位基因的频率.
- (2) 检验两个标记座位上是否存在显著的奇异分离, 即做 1:2:1 的分离比检验.
- (3) 根据上述数据整理出表 2.2.2 中九种基因型的观测样本量.
- (4) 利用 QTL IciMapping 软件中的 2pointREC 工具计算重组率, 并检验重组率与 0.5 之间是否存在显著差异.

4. 对一个 F2 群体的抗性鉴定和分子标记检测中, 获得以下数据:

抗病性	抗病植株			感病植株		
分子标记	抗病亲本型	杂合带型	感病亲本型	抗病亲本型	杂合带型	感病亲本型
植株数	572	1161	14	3	22	569

- (1) 通过分离比的适合性检验说明抗病性是显性单基因控制的性状;
  - (2) 通过分离比的适合性检验说明分子标记是共显性标记;
  - (3) 如果标记和抗病基因间无连锁,表中观测值将符合 3:6:3:1:2:1 的分离比. 通过分离比的适合性检验说明标记和抗病基因间存在连锁;
  - (4) 利用 QTL IciMapping 软件中的 2pointREC 工具, 计算标记与抗性基因间的重组率和遗传距离.
5. 假定两个基因座位间的重组率为  $r$ , 两个纯合亲本的基因型为 AABB 和 aabb.
- (1) 计算杂种 F1 代产生的 DH 群体中, 4 种纯合基因型的理论频率;
  - (2) 计算杂种 F2 代群体中, 9 种基因型的理论频率;
  - (3) 计算杂种 F2 代群体产生的 DH 群体中, 4 种纯合基因型的理论频率.
6. 以 QTL IciMapping 软件中提供的任一作图群体为例 (即文件夹...\Examples\MAP\下的任一文件), (1) 构建遗传连锁图谱; (2) 输出遗传连锁图谱; (3) 试把某一条染色体从最长的一个标记区间处拆分成两条。