



叶 健, 胡晓湘, 边 成, 等. 大白猪主要生长性状的遗传参数估计及育种中存在问题的探讨[J]. 华南农业大学学报, 2016, 38(1): 1-4.

大白猪主要生长性状的遗传参数估计及 育种中存在问题的探讨

叶 健¹, 胡晓湘², 边 成², 曾谨勇³, 张承华³, 郑恩琴¹,
蔡更元¹, 刘德武¹, 王爱国⁴, 吴珍芳^{1,3}

(1 华南农业大学 动物科学学院/国家生猪种业工程技术研究中心, 广东 广州 510642; 2 中国农业大学 生物学院, 北京 100193; 3 广东温氏食品集团股份有限公司, 广东 新兴 527400; 4 中国农业大学 动物科技学院, 北京 100193)

摘要:【目的】分析温氏某育种场大白猪主要生长性状遗传参数,并探讨不同背膘测定方法的变化(从A超到B超)以及终测体质量的变化(从达100 kg体质量日龄到达115 kg体质量日龄)对育种的影响。【方法】利用DMU软件和单/多性状动物模型计算了达100 kg体质量日龄(AGE)和100 kg体质量背膘厚(BF)的加性方差和窝效应方差,计算各性状遗传力,并分别评估了在只有终测体质量100 kg左右(AGE-100)或只有B超(BF-B)情况下,2016年新测定个体估计育种值(EBV)与正常遗传评估EBV的泊松相关和秩相关。【结果】AGE和BF遗传力分别为0.21和0.41,窝效应分别为0.27和0.15,单/多性状模型基本保持一致;此外,在去除终测体质量115~130 kg内数据或A超测定数据的情况下,新终测个体EBV与正常情况计算EBV的泊松相关分别为0.96和0.94,秩相关分别为0.96和0.92,单/多性状模型基本保持一致。【结论】调整背膘测定方法比调整终测体质量对选种影响小,应该重新选择校正公式。

关键词:猪; 生长性状; 遗传参数; 相关分析; 育种
中图分类号:S813.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-411X(2017)01-0001-04

Estimation of genetic parameters of major growth traits and existing problems in breeding of Large White pigs

YE Jian¹, HU Xiaoxiang², BIAN Cheng², ZENG Jinyong³, ZHANG Chenghua³, ZHENG Enqin¹,
CAI Gengyuan¹, LIU Dewu¹, WANG Aiguo⁴, WU Zhenfang^{1,3}

(1 College of Animal Science, South China Agricultural University/National Engineering Research Center for Breeding Swine Industry, Guangzhou 510642, China; 2 College of Biological Sciences, China Agricultural University, Beijing 100193, China; 3 Guangdong Wens Foodstuffs Co., Ltd., Xinxing 527400, China; 4 College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

Abstract:【Objective】To estimate genetic parameters of growth traits of Large White pigs in Wens Group, and study the effects of change in method for measuring backfat (A to B ultrasonic) and variation in final body mass (age at 100 kg to age at 115 kg body mass) on pig breeding. 【Method】Single/multi-trait animal model and DMU software were used to estimate genetic variance and variance of common litter effects for age at 100 kg body mass (AGE) and backfat thickness at 100 kg body mass (BF). We evaluated the pearson and spearman correlations between estimated breeding value (EBV) from newly measured individuals in 2016 and EBV from normal genetic evaluation under the condition of 100 kg final body

收稿日期:2016-03-14 优先出版时间:2016-12-28
优先出版网址:<http://www.cnki.net/kcms/detail/44.1110.s.20161228.0937.022.html>
作者简介:叶 健(1992—),男,博士,E-mail:jye1992@126.com;通信作者:吴珍芳(1970—),男,教授,博士,E-mail:wzfemail@163.com
基金项目:广东省科技计划项目(2015B020231010);广东省现代农业产业技术体系生猪创新团队(2016LM1101, 2016LM1104)

mass (AGE-100) or B ultrasonic (BF-B). 【Result】The estimates of heritabilities were 0.21 and 0.41, the common litter effects were 0.27 and 0.15 for AGE and BF respectively, and the single-model and multi-model were generally consistent. Under the condition of AGE-100 or BF-B, the pearson correlations were 0.96 and 0.94, the spearman correlations were 0.96 and 0.92 for EBV from newly measured individuals and EBV from normal genetic evaluation respectively, and the single-model and multi-model were generally consistent. 【Conclusion】Change in method for measuring backfat has a smaller effect on breeding than compared change in final body mass. The correction formula should be re-selected.

Key words: pig; growth trait; genetic parameter; correlation analysis; breeding

猪的生长速度和瘦肉率是重要的经济性状,直接影响着养猪的经济效益,也是猪遗传育种主要的目标性状。全国生猪遗传改良计划实施方案包括的生长性状主要有达 100 kg 体质量日龄 (AGE) 和 100 kg 体质量背膘厚 (BF)^[1]。2014 年 5 月 7 日印发的《全国种猪遗传评估中心专家组工作会议纪要》中指出,建议种猪测定体质量范围由 85 ~ 115 kg 调整为 85 ~ 130 kg,而校正公式没有发生变化。此外,背膘测定也由 A 超测定慢慢更新为更加准确的 B 超测定^[2]。终测体质量范围的扩大和背膘测定方法的变化,是否会对后代估计育种值 (EBV) 产生影响,进而影响到选种工作值得探讨。本研究利用温氏种猪分公司某大白猪育种场 2010—2016 年的性能测定数据,估计了群体生长性状的遗传参数。另外,把 2016 年终测个体作为选种对象,在只有终测体质量 100 kg 左右 (AGE-100) 或只有 B 超 (BF-B) 数据的情况下,比较了个体 EBV 与正常数据情况下 EBV 的相关性。探讨在育种实践中,是否有必要删去 A 超测定记录和是否有必要重新引入新的日龄校正公式,以便在一定程度上评估育种操作的优劣,进一步优化和提高育种效率。

1 材料与方法

1.1 数据来源

本研究以广东温氏食品集团股份有限公司种猪分公司某核心场大白猪为研究对象,选取 2010—2016 年场内大白猪生长性状测定记录,包括达 100 kg 体质量日龄和 100 kg 体质量背膘厚。

1.2 数据收集与处理方法

达 100 kg 体质量日龄:在实施性能测定时,以电子秤对体质量在 85 ~ 130 kg 范围内的后备种猪称体质量,并记录其日龄,校正公式如下:

校正体质量日龄 = 测定日龄 - [(实测体质量 - 100)/CF], 式中,CF 为校正因子,CF_{公猪} = (实测体质量/测定日龄) × 1.826 040, CF_{母猪} = (实测体质量/测定日龄) × 1.714 615。

A 超测定背膘厚:利用 A 超测量仪 (PIGLOG105) 对

活体猪单点重复测量背膘厚,取平均值,以 mm 为单位。

B 超测定背膘厚:按照全国生猪遗传改良计划中要求,利用法国兽用便携式 B 超仪 AGROSCAN 测定倒数第 3 ~ 4 肋,距背中线 5 cm 处的背膘厚,以 mm 为单位。

校正背膘厚 (BF) = 实测背膘厚 × CF, 式中, CF = A ÷ {A + [B × (实测体质量 - 100)]}, A_{公猪} = 12.402, B_{公猪} = 0.106 530; A_{母猪} = 13.706, B_{母猪} = 0.119 624。

1.3 数据处理和分析软件

利用 Excel 和 SAS 9.3 软件剔除缺失值和异常数据,对体型性状进行固定效应分析,同时对生长数据进行整理和筛选。结合整理好的数据文件,利用 DMUTrace 软件追溯群体系谱,并按照 DMU 软件要求整理为数据文件和系谱文件。

DMU 软件是一个全面的集合程序^[3]。此软件可用于估计正态分布和非正态分布性状的方差 - 协方差组分。本研究采用 AI 和 EM 算法相结合的 REML 方法估计方差组分。固定效应分析应用 SAS GLM 软件,泊松相关和秩相关利用 R 软件计算。

1.4 固定效应水平划分

体型测定年份划分为 7 个水平:2010—2016 年,每年为 1 个水平;测定季节划分为 4 个水平^[4]:春 (3 月 11 日—5 月 15 日)、夏 (5 月 16 日—9 月 25 日)、秋 (9 月 26 日—11 月 20 日)、冬 (11 月 21 日—次年 3 月 10 日);性别划分为 2 个水平:公、母。

1.5 统计模型

1.5.1 固定效应分析模型 分析各因素对生长性状的影响,本研究主要分析年季、性别对表型值的影响。应用 SAS 9.3 GLM 分析过程。模型如下:

$$y_{ijk} = \mu + YS_i + SEX_j + e_{ijk},$$

式中: y_{ijk} 为性状表型值 (AGE 和 BF); YS_i 为测定年季; SEX_j 为测定个体性别; e_{ijk} 为随机残差; i, j, k 为不同水平数。

1.5.2 生长性状方差分析模型 模型如下:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2l + e,$$

式中: y 为个体观察值; b 为固定效应向量,包括年季效应和性别效应; a 为动物个体加性效应; l 为个体出生时所在窝的窝效应; e 为残差效应; X 、 Z_1 、 Z_2 分别为 b 、 a 、 l 的结构矩阵。

遗传力的标准误采用 Klei 等^[5] 方法估计,使用 DMU 软件^[3] 估计性状间遗传相关性。

2 结果与分析

2.1 生长性状表型值

生长性状基本统计量见表 1,AGE 与 BF 记录数都达到 16 470 条,终测体质量在 100 kg 左右(85 ~ 115 kg)记录数有 14 569 条,B 超测定记录有 7 606

表 1 生长性状基本统计量¹⁾

Tab.1 Basic statistics for growth traits

生长性状	记录数	平均值 ± 标准差	偏度	峰度	变异系数/%
AGE	16 470	154.46 ± 9.73	0.40	0.26	6.30
BF	16 470	13.29 ± 2.39	0.27	0.32	17.98
AGE-100	14 569	155.14 ± 9.57	0.44	0.33	6.17
BF-B	7 606	13.08 ± 2.67	0.76	0.92	20.41

1) AGE、AGE-100 平均值的单位为 d,BF、BF-B 平均值的单位为 mm。

表 3 生长性状方差组分和遗传参数

Tab.3 Variance components and genetic parameters of growth traits

指标 ¹⁾	单性状模型				多性状模型			
	AGE	BF	AGE-100	BF-B	AGE	BF	AGE-100	BF-B
σ_a^2	14.507	1.913	11.100	2.184	14.510	1.897	11.047	2.140
σ_l^2	18.888	0.699	19.399	1.261	18.889	0.701	19.417	1.271
σ_e^2	36.802	2.096	35.642	2.934	36.800	2.104	35.665	2.955
σ_p^2	70.197	4.708	66.141	6.379	70.199	4.702	66.129	6.366
h^2	0.207	0.406	0.168	0.342	0.207	0.403	0.167	0.366
SE	0.157	0.305	0.135	0.261	0.157	0.305	0.134	0.281
l^2	0.269	0.148	0.293	0.198	0.269	0.149	0.293	0.200

1) σ_a^2 为加性遗传方差, σ_l^2 为窝效应方差, σ_e^2 为残差方差, σ_p^2 为表型方差, h^2 为遗传力,SE 为标准误, l^2 为窝效应。

2.4 不同数据条件下个体性状 EBV 之间的相关性

表 4 显示了只有终测体质量在 100 kg 左右(AGE-100)或只有 B 超(BF-B)数据的情况下,把 2016 年终测个体作为选种对象,个体 EBV 与正常数据情况下 EBV 的相关系数。其中,在去除达 100 kg

条。此外,根据偏度与峰度结果,以上性状都基本符合正态分布。

2.2 固定效应分析

从表 2 可知,年份和季节效应与性别效应对生长性状的影响,都达到了极显著水平,可用于遗传方差统计模型。

表 2 生长性状固定效应分析¹⁾

Tab.2 Fixed effect analysis of growth traits

生长性状	年份和季节		性别	
	df	F	df	F
AGE	21	279.81 **	1	955.29 **
BF	21	171.52 **	1	1 099.85 **

1) ** 表示差异极显著($P < 0.01$)。

2.3 生长性状的方差组分估计和遗传参数

由表 3 可知,单性状模型估计,AGE 和 BF 的遗传力分别达到 0.207 和 0.406,为中高等遗传力性状;窝效应分别达到 0.269 和 0.148,可见,仔猪生长发育情况会对后期生长产生影响;此外,AGE-100 和 BF-B 遗传力分别达到 0.168 和 0.342,低于 AGE 和 BF 遗传力估计结果,可能与数据量减少有关。单/多性状模型估计结果基本保持一致。

体质量日龄(AGE)校正公式外 115 ~ 130 kg 个体的情况下,后代 EBV 泊松相关系数和秩相关系数分别达到 0.94 和 0.92;在去除 A 超测定数据的情况下,后代 EBV 泊松相关系数和秩相关系数都达到了 0.96。

表 4 单/多性状模型个体 EBV 相关系数

Tab.4 EBV correlation of single/multi-trait model

生长性状	2016 年 终测个体数	单性状模型		多性状模型	
		泊松相关	秩相关	泊松相关	秩相关
AGE ~ AGE-100	167	0.94	0.92	0.94	0.91
BF ~ BF-B	214	0.96	0.96	0.96	0.95

3 讨论与结论

3.1 生长性状表型与遗传分析

本文生长性状记录数达到 16 470 条,数据近似服从正态分布,单/多性状结果相似,结果较可靠。本文 AGE 遗传力估计结果为 0.207,略低于相关研究结果^[6-8];BF 遗传力估计结果为 0.406,与相关研究结果一致^[9-11],均在正常范围内^[12]。

3.2 不同数据条件下个体性状 EBV 之间的相关性

由于生猪出栏体质量越来越倾向于大体质量,种猪终测体质量也逐渐增大,从 100 kg 左右终测体质量到 115 kg 左右。在去除超出校正范围的个体(115~130 kg)的情况下,新测定个体 EBV 与正常情况下 EBV 的泊松相关系数和秩相关系数分别达到 0.94 和 0.92。相关系数较高,可能是由于 85~115 kg 正常范围内的个体较多导致,但是不能排除在数据继续积累的情况下,相关系数会逐渐降低的可能,给选种准确性的提高带来更多的不确定性。

此外,由于 A 超与 B 超测定结果的差异^[13-14],所以需探讨在当前数据的情况下,能否只计算 B 超测定结果来达到遗传评估的目的。通过本研究结果可见,在 A 超与 B 超测定数据量相差不大的情况下,新终测个体 EBV 与正常数据情况下 EBV 的相关系数达到 0.96。因此,在 B 超数据继续积累的情况下,可以逐渐舍弃 A 超测定结果。

3.3 结论

生长性状遗传参数估计结果均在正常范围内,有望用于目标群体的遗传评估。窝效应估计结果数据较大,说明母体效应与早期生长条件对生长发育起着非常重要的作用。此外,通过最新终测个体 EBV 在不同计算条件下的相关系数可知,在出栏肉猪体质量增大的趋势下^[15],随着种猪终测体质量的增大,应该重新评估达 100 kg 体质量日龄的可靠性,探索更加适合当前测定范围的校正公式;另外,在当前 B 超应用越来越广泛的背景下,可以考虑逐渐去除早前的 A 超测定结果,但是其准确性还有待评估。总之,加强对目标群体的遗传分析,有利于进一步提高育种工作的效率。

参考文献:

[1] 农业部办公厅. 全国生猪遗传改良计划(2009—2020)实施方案[J]. 中国畜牧业通讯, 2010(23): 25-28.

- [2] 倪德斌, 刘望宏, 胡军勇. 猪活体背膘厚、眼肌面积(B超)测定方法的研究[J]. 养殖与饲料, 2015(1): 5-9.
- [3] MADSEN P, SØRENSEN P, SU G, et al. DMU-a package for analyzing multivariate mixed models[C]//Proceedings of the 8th world congress on genetics applied to livestock production. Belo Horizonte: [s. n.], 2006: 11-27.
- [4] 张世轩. 全球增暖背景下中国四季的划分及与夏季降水的关系[D]. 兰州: 兰州大学, 2013.
- [5] KLEI B, TSURUTA S. Approximate variance for heritability estimates[DB/OL]. [2016-03-14]. http://nce.ads.uga.edu/html/projects/AL_SE.pdf,
- [6] BIDANEL J P, DUCOS A. Genetic correlations between test station and on-farm performance traits in Large White and French Landrace pig breeds[J]. Livest Prod Sci, 1996, 45(1): 55-62.
- [7] KNAUER M T, CASSADY J P, NEWCOM D W, et al. Estimates of variance components for genetic correlations among swine estrus traits[J]. J Anim Sci, 2010, 88(9): 2913-2919.
- [8] ABELL C E, MABRY J W, DEKKERS J C M, et al. Genetic and phenotypic relationships among reproductive and post-weaning traits from a commercial swine breeding company[J]. Livest Sci, 2012, 145(1/2/3): 183-188.
- [9] BERESKIN B. A genetic analysis of feed conversion efficiency and associated traits in swine[J]. J Anim Sci, 1986, 62(4): 910-917.
- [10] 叶健. 安徽省美系猪繁殖和生长性状遗传参数估计[D]. 北京: 中国农业大学, 2015.
- [11] JOHNSON Z B, CHEWNING J J, NUGENT R R. Genetic parameters for production traits and measures of residual feed intake in large white swine[J]. J Anim Sci, 1999, 77(7): 1679-1685.
- [12] BERRY D P, EVANS R D. Genetics of reproductive performance in seasonal calving beef cows and its association with performance traits[J]. J Anim Sci, 2014, 92(4): 1412-1422.
- [13] 王重龙, 陶立, 张勤, 等. B 超活体测定猪背膘厚和眼肌面积的研究[J]. 安徽农业科学, 2005, 33(3): 451-452.
- [14] 杨秀娟, 邓斌, 张曦, 等. 猪背膘厚与眼肌厚活体 A 超测量技术研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2014, 42(5): 22-28.
- [15] 佚名. 大体型肥育猪饲养新思考[J]. 猪业科学, 2012(11): 29.

【责任编辑 李晓卉】