

叶健,谈成,蔡更元,等.仔猪初生窝重性状的遗传评估[J].华南农业大学学报,2019,40(S):72-75.

YE Jian, TAN Cheng, CAI Gengyuan, et al. Genetic assessment of the trait of litter birth weight[J]. Journal of South China Agricultural University, 2019, 40(S): 72-75

仔猪初生窝重性状的遗传评估

叶 健^{1,2}, 谈 成^{1,2}, 蔡更元^{1,2}, 吴珍芳^{1,2}

(1 国家生猪种业工程技术研究中心/华南农业大学 动物科学学院, 广东 广州 510642;

2 湖南温氏食品集团股份有限公司, 广东 新兴 527400)

摘要:本文旨在计算温氏某育种场大白猪初生窝重性状的遗传参数,并评估基因组选择不同计算方法对初生窝重性状的选择准确性。利用 DMU 软件和动物模型估计初生窝重的方差组分,包括加性方差组分和永久环境效应方差组分,并计算性状的遗传力。通过简化基因组测序分型方法,构建大白猪基因组选择参考群体,并利用 GVCB-LUP 和 BLUPF90 软件,验证群体分别使用 BLUP、GBLUP 和 ssGBLUP 方法计算估计育种值的准确性。结果显示:初生窝重的遗传力为 0.08,为低遗传力性状。初生窝重与总产仔数、产活仔数、健仔数和弱差猪仔数遗传相关系数分别为 0.59, 0.68, 0.88 和 -0.17。基因组选择结果显示,验证群体 ssGBLUP 育种值估计的准确性最高,达到 0.38,比常规 BLUP 方法提高了 15.79%,与 BLUP 估计育种值秩相关达到 0.63。对初生窝重的选择,可有效提高产仔数;且结合 ssGBLUP 方法的基因组选择,能够有效提高估计育种值的准确性。

关键词:大白猪;初生窝重;基因组估计育种值;基因组选择

Genetic assessment of the trait of litter birth weight

YE Jian^{1,2}, TAN Cheng^{1,2}, CAI Gengyuan^{1,2}, WU Zhenfang^{1,2}

(1 National Engineering Research Center for Swine Breeding Industry/College of Animal Science, South China Agriculture University, Guangzhou 510642, China; 2 Guangdong Wens Pig Breeding Co., Ltd., Xinxing 527400, China)

Abstract: This study was aimed to estimate breed-specific genetic parameters of Large White pigs in Wen's Group and evaluate the accuracy of different methods of genomic selection of the trait of litter birth weight (LBW). Animal model and DMU software were used to estimate variances for the trait of LBW, including additive variance components and permanent environmental effect variance components, as well as heritabilities of the trait. The reproductive reference population for Large White pig genomic selection were built based on genotype-by-sequence (GBS) technology. The accuracy of genomic estimated breeding values (GEBV) were compared using different methods of BLUP, GBLUP and ssGBLUP in the validation group. Estimation of heritability was 0.08 for LBW, which was a trait with low heritability. The genetic correlation coefficients between LBW and some quantitative traits, such as total number born, number born alive, number born robust, number of weak, deformed, stillborn and mummified pigs, were 0.59, 0.68, 0.88 and -0.17, respectively. According to the results of the genomic selection, the ssGBLUP had a higher accuracy of 0.38, increased 15.79% compared to the traditional BLUP method. The spearman rank correlation coefficient of GEBV between ssGBLUP and BLUP was 0.63. Selection of LBW has a positive effect on the improvement of litter size. The accuracy of genomic selection can be improved effectively combined with ssGBLUP method.

收稿日期:2019-03-02

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:wzffemail@163.com

基金项目:广东省自然科学基金(2018B030313011);广东省现代农业产业技术体系生猪创新团队项目(2019KJ126)

Key words: Large White pig; litter weight; genomic estimated breeding value; genomic selection

仔猪初生窝重是出生 24 h 内全部存活的猪仔体重之和。一般情况下,仔猪初生重越大,仔猪活力越强,抗病力越强^[1]。仔猪初生窝重受环境因素的影响较大,尤其是母猪妊娠后期的营养措施^[2]。在生产管理较为规范的猪场,仔猪初生窝重则主要受到品种、胎次等因素的影响。有研究表明:仔猪初生重为低遗传力性状,其遗传力在 0.10 左右^[3];对猪繁殖性状的遗传改良,从结合系谱和表型信息的最佳线性无偏预测(Best linear unbiased prediction, BLUP)技术,到结合少数 SNP 标记信息的标记辅助选择(Marker assisted selection, MAS)技术,再到结合全基因组标记信息的 BLUP(Genomic BLUP, GBLUP)技术,选择准确性逐步提高^[3]。本研究采用简化基因组测序技术(Genotyping-by-sequencing, GBS)^[5]和一步法 BLUP(Single-step genomic BLUP, ssGBLUP)技术,对某一大白猪核心群母猪进行基因分型,并分别采用 BLUP、GBLUP 和 ssGBLUP 方法,对仔猪初生窝重的遗传估计育种值(Genomic estimated breeding value, GEBV)的选择准确性进行评估;此外,本文对初生窝重的遗传参数进行估计,旨在为仔猪初生窝重的选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料和测定性状

本研究以广东温氏种猪科技有限公司某核心场 W64 系大白猪为研究对象,并以该场为出生场,选取 2010—2019 年 5 月 76 710 条繁殖性能相关的测定记录,包括产仔数、产活仔数、健仔数、初生窝重、弱仔数、畸形仔数、死胎数和木乃伊数。其中弱差猪数为弱仔数、畸形仔数、死胎数和木乃伊数总和,用其来代表无效仔数,其与健仔数合并构成总产仔数。

基因分型试验样品来自于该场基础母猪核心群近 2 年来有繁殖记录的母猪,共 2 344 头,采集其耳样并用 75% (φ) 乙醇溶液保存。

1.2 简化基因组分型方法

本研究采用的简化基因组分型方法参考文献[5]。该方法采用 EcoRI 和 MspI 双内切酶对基因组进行切割,并在两端加上能够对个体识别的标签序列,通过 PCR 扩增和磁珠纯化,来达到富集目的片段的目的,并采用高通量二代测序技术对目标片段进行双端测序。试验流程依次包括:基因组 DNA 的提取和质检、基因组稀释定量、GBS 文库的构建、文库质控、上机测序和测序数据分析。

1.3 数据处理

本研究利用 Excel 剔除缺失值和异常数据,并用 Q-Q plot R 程序包验证其是否服从正态分布,选取 $\mu \pm 3\sigma$ 以内的表型数据,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;同时利用 GVCBLUP 和 BLUPF90 软件,分别用 GBLUP 和 ssG-GBLUP 方法计算基因组估计育种值。

DMU 软件是一个全面的集合程序。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^[5]。本研究采用的是 AI 和 EM 算法相结合的约束性最大似然(REML)方法估计方差组分。

1.4 统计模型

1.4.1 方差分析模型 方差分析模型为:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{Pe} + \mathbf{e},$$

式中: \mathbf{y} 是个体观察值; \mathbf{b} 是固定效应向量,包括年季效应和胎次效应。 \mathbf{a} 是动物个体加性效应; \mathbf{Pe} 是永久环境效应; \mathbf{e} 是残差效应。 $\mathbf{X}, \mathbf{Z}_1, \mathbf{Z}_2$ 分别是 $\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{Pe}$ 的结构矩阵。

使用 DMU 软件估计性状间遗传相关性。

1.4.2 基因组育种值估计 GBLUP 模型:与传统的 BLUP 模型构建原理相似^[7],区别在于利用基于 SNP 信息构建的基因组相关矩阵(\mathbf{G} 阵)替代常规的基于系谱关系的亲缘关系矩阵(\mathbf{A} 阵),从而提高 GEBV 的准确性,其模型如下:

$$\mathbf{y} = \mathbf{I}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e},$$

$$\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{G}\sigma_a^2), \mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{w}\sigma_e^2),$$

其中, $\boldsymbol{\mu}$ 表示反应变量 \mathbf{y} 的平均值; \mathbf{a} 表示个体的加性遗传效应(即个体育种值); \mathbf{e} 是残差效应; \mathbf{I} 为单位矩阵; \mathbf{Z} 为 \mathbf{a} 的关联矩阵。 \mathbf{G} 矩阵按照 Vanraden 提出的方法构建^[7];当反应变量为 \mathbf{y}_c 时, $\mathbf{w} = \mathbf{I}$,本研究通过 GVCBLUP 软件来利用 GBLUP 模型。

一步法 GBLUP 模型^[8]:用 \mathbf{H} 矩阵替代 GBLUP 中的 \mathbf{G} 矩阵,从而将没有基因型的个体与有基因型的个体放在同一个模型中进行 EBV 的估计。 \mathbf{H} 矩阵如下:

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{G}_\omega & \mathbf{G}_\omega \mathbf{A}_{11}^{-1} \mathbf{A}_{12} \\ \mathbf{A}_{21} \mathbf{A}_{11}^{-1} \mathbf{G}_\omega & \mathbf{A}_{21} \mathbf{A}_{11}^{-1} \mathbf{G}_\omega \mathbf{A}_{11}^{-1} \mathbf{A}_{12} + \mathbf{A}_{22} - \mathbf{A}_{21} \mathbf{A}_{11}^{-1} \mathbf{A}_{12} \end{bmatrix},$$

$$\mathbf{H}^{-1} = \begin{bmatrix} \mathbf{G}_\omega^{-1} - \mathbf{A}_{11}^{-1} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} + \mathbf{A}^{-1},$$

式中, \mathbf{G} 为有基因型个体组成的矩阵, \mathbf{A} 为基于系谱的矩阵。

1.5 估计育种值的准确性

根据每个个体 GEBV 的预测误差的方差 (Predictor error variance, PEV), 通过下列公式计算出对应的 GEBV 的理论准确性 (R_e):

$$R_e = \sqrt{1 - PEV/\sigma_a^2},$$

式中, σ_a^2 为加性遗传方差。

2 结果与分析

2.1 初生窝重性状及方差组分估计

初生窝重数据量达到 76 710 条, 平均数为 15.76 kg, 标准差为 4.64 kg, 最小值和最大值分别为 0.50 和 40.0 kg, 另外根据偏度 (-0.18)、峰度 (0.54) 和 Q-Q plot 图 (图 1), 可判断初生窝重基本符合正态分布。

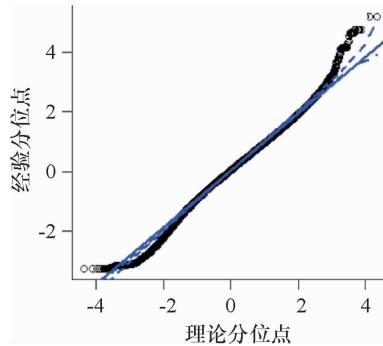


图 1 初生窝重的 Q-Q plot 图

初生窝重性状的加性方差、永久环境效应方差分别达到 1.414 和 1.827, 残差方差和表型方差分别为 14.852 和 18.093, 遗传力为 0.08, 说明该性状为低遗传力性状, 永久环境效应方差占到表型方差的比例为 0.10。

2.2 初生窝重与其他繁殖性状的遗传相关性

初生窝重与总产仔数、产活仔数和健仔数遗传相关系数分别为 0.59、0.68 和 0.88, 为中等偏高的遗传正相关, 与弱差猪数遗传相关系数为 -0.17, 为较低的遗传负相关。

2.3 验证群体基因组选择准确性比较

将出生日期在 2016 年之后的母猪作为验证样本, 共 546 头母猪。使用传统 BLUP、GBLUP 和 ssGBLUP 计算方法, 在个体表型缺失的情况下, 比较 GEBV 的准确性, 并计算了不同方法下, 546 头母猪 GEBV 的秩相关系数。初生窝重的 GEBV 的准确性在 BLUP、GBLUP 和 ssGBLUP 计算方法下分别为 0.32、0.36 和 0.38, 相对于 BLUP 计算方法, GBLUP 和 ssGBLUP 准确性分别提升了 11.11% 和 15.79%。结果表明, ssGBLUP 预测初生窝重育种值的准确性最高, ssGBLUP 预测的初生窝重估计育种值与 BLUP

估计育种值秩相关达到 0.63, 相关性最高。

3 讨论与结论

3.1 初生窝重表型和遗传分析

本文初生窝重性状记录达 76 710 条, 数据近似服从正态分布, 其遗传力估计值均在文献报道范围内^[8]; 此外, 遗传相关结果显示, 初生窝重与健仔数遗传相关性最高, 达到 0.88, 与相关报道结果较为接近^[3]。

3.2 基因组选择准确性比较

国际知名猪育种公司 PIC 和 Norsvin, 对出生窝重性状 GEBV 估计的准确性均进行过评估, 其参考群均在 1 000 头以上, 采用 ssGBLUP 方法的评估准确性为 0.26~0.46^[10-11]。本研究采用 ssGBLUP 方法, 利用 2 344 头母猪构成基因组选择参考群, 其育种值估计准确性为 0.38, 处于正常范围。但需要注意的是, 基因组选择技术在各育种核心群中应用, 其遗传基础、数据采集以及由基因分型方法不同导致标记位点数目和重量的差异, 会对估计育种值的准确性和精确性造成较大的影响, 实际应用中应具体问题具体分析。

3.3 结论

本研究以出生窝重性状为研究对象, 评估了某大白猪核心育种场出生窝重的遗传参数, 估计了其与主要繁殖性状的遗传相关性, 通过对该性状的选择, 能够有效促进性状的遗传改良, 尤其是出生健仔数; 另外通过构建大白猪基因组选择参考群体, 评价了 ssGBLUP 能够有效提高基因组选择估计育种值的准确性。通过本研究可以发现, 基因组选择能够一定程度上提高初生窝重等低遗传力性状的选择准确性, 但是如何将此准确性转化为遗传进展, 或是提高生产表现, 还需要结合和优化实际生产状况, 开发更具性价比和准确性的分型方法, 或是需要更加灵活、全面和有效的育种方案。总之, 本研究为基因组选择的应用奠定了基础, 有利于进一步提高繁殖效率。

参考文献:

- [1] 刘志伟, 李东, 杨永平, 等. 精准饲养管理模式在母猪妊娠阶段的应用及效益分析 [J]. 猪业科学, 2018, 35(2): 122-124.
- [2] 王明. 影响仔猪初生重的因素及提高措施 [J]. 现代畜牧科技, 2016(7): 37.
- [3] 施辉毕, 王立刚, 梁晶, 等. 仔猪均匀度遗传参数估计及影响因素分析 [J]. 畜牧兽医学报, 2015, 46(12): 2146-2152.

- [4] IBAÑEZ-ESCRICHE N, GONZALEZRECIO O. Promises, pitfalls and challenges of genomic selection in breeding programs[J]. Spanish Journal of Agricultural Research, 2011, 9(2) : 253-266.
- [5] TAN C, WU Z, REN J, et al. Genome-wide association study and accuracy of genomic prediction for teat number in Duroc pigs using genotyping-by-sequencing[J]. Genet Sel Evol, 2017, 49(1) : 35.
- [6] MADSEN P, SØRENSEN P, SU G, et al. DMU: A package for analyzing multivariate mixed models [C] // 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte: Research Gate, 2006: 247.
- [7] VANRADEN P M. Efficient methods to compute genomic predictions [J]. J Dairy Sci, 2008, 91 (11) : 4414-4423.
- [8] CHRISTENSEN O F, MADSEN P, NIELSEN B, et al. Single-step methods for genomic evaluation in pigs [J]. Animal, 2012, 6(10) : 1565-1571.
- [9] 叶健,傅金銮,张锁宇,等. 安徽省猪育种核心群场间联系性和遗传参数估计[J]. 中国畜牧杂志, 2015, 51 (18) : 62-67.
- [10] ANDERSEN-RANBERG I, GRINFLEK E. Implementation of genomic selection in Norsvin genetic program: Genetic gain in production and maternal traits in Norsvin Landrace[C] // Proceedings of the 10th World Congress Genet. Vancouver, Canada: Appl Livest Prod, 2014: 508.
- [11] DEEB N, CLEVELAND M, FORNI S. Genomic selection in pigs: Are we there yet? [C] // International Plant and Animal Genome XX Meeting, San Diego, CA; International Plant and Animal Genome, 2012; W698.