

## 国外奶牛遗传育种的新进展及我国发展战略

Genetic Improvements of the Dairy Cow Abroad  
and a Development Strategy for China

张文灿\*

(The Semex Alliance, 130 Stone Road West, Guelph ONT N1G 3Z2 Candad wzhang@semex.com)

在现代社会,虽然新的科技成果在不断涌现,但是大多数科研成果因为转化成本问题被束之高阁,仅有少数具有经济效益的和有益于人类生存环境或自身健康的技术成果才会拥有市场和规模,才能最终变成社会生产力,进而推动人类的发展、社会进步和人民生活质量的提高。我国作为一个发展中国家,科技进步的有利条件便是通过与国外交流引进,直接利用发达国家的几十年甚至上百年的科研成果的结晶,少走或不走弯路,在较短的时间内与国际水平接轨。

现代技术革命,说到底就是表现在信息传递及处理上的计算机技术革命和分子生物学及分子遗传学发展所引起的生物技术革命。这两个革命从宏观和微观的角度彻底改变了畜禽育种的手段、方法和内容,使其以前所未有的速度改良着畜禽群体的遗传水平。

数量遗传,从其理论基础,即多位点模型、遗传参数估计、育种值的预测到选择指数和育种方案的制定都是建立在一种理论假说基础上。即数量性状由无数微效多基因控制,我们对这些基因数目、染色体位点、生化结构、生物功能甚至基因频率变化一无所知。表型值的变异始终是这个学科的基础、核心和目标,表型值的提高是通过对基因型值的选择来实现的。在相当长的时间内,这个核心地位不会动摇,因为表型值是机体产生数量性状所涉及的成千上万生理生化反应的概括,不管这个过程如何复杂,都是可以用数量单位和方法加以描述和总结的。而种畜个体间性状表型值或育种的微小差异则很难用其DNA标记基因或后选基因的多态性加以说明和区别。

大约在半个多世纪以前,Dr. Jay Lush将数量遗传理论和家畜家禽的农场性能测定和生产记录结合起来,创立了旨在遗传改良家畜家禽的动动物育种学科。在这个学科的指导下,近几十年来主要生产性状的遗传改良速率一直保持在表型值平均数1%~3%的水平。以数据处理为核心的动动物育种得益于近年来

计算机科学日新月异的长足进步,譬如用测定日模型对大量数据的处理,国际互联网(WWW)上及时公布的育种值,都使现代育种实践超过了以往科学家的幻想,获得了育种值估计准确性的提高和育种方法的日臻完善。科学家正在按照人类愿望改良和塑造家畜。奇怪的是,选择反应不但没有停止,遗传变量甚至在渐渐增加,改良速度在加快,以至冲破了前人所谓的理论选择极限。这虽然造成对有关选择极限理论问题的探讨,但无疑是农户和消费者的福音。

就纯种的选育而言,奶牛育种在理论和实践上均处于领先地位,这当然要归功于冷冻精液和胚胎等繁殖技术的广泛应用。国际公牛组织(INTERBULL)从1995年开始的全球公牛遗传评估的颁布标志着奶牛育种史同时也是整个现代畜禽育种史的一个重要里程碑,即奶牛育种正式跨入了一个全新的、科学化和系统化的全球育种时代。

就纯系和杂交配套系的选育而言,近年来蛋鸡和肉用仔鸡遗传改良的巨大进展是数量遗传学在畜禽育种实践应用的成功范例。因为鸡拥有较高的繁殖率,物美价廉的肉用仔鸡甚至在渐渐改变着西方人爱吃牛肉的习惯,市场份额逐步取代牛肉而上升为第一。如果我们比较一只母鸡和一头母牛的贡献,一只母鸡一年所生的后代可以在40日龄内生产近454kg毛重的鸡肉,而一头母牛一年只能生产一头犊牛,一年后的体重也是近454kg毛重。那么仅仅维持一只母鸡和一头母牛的差异就是几十倍,再加上周转频率、增重速度和饲料报酬的差异,不难估计鸡肉生产效率高于牛肉几十倍以上。当然肉鸡对饲养条件,饲养环境和防病方面的投资要求都较高。尽管如此,鸡肉生产经济效率应当为牛肉的数倍甚至10倍以上。鸡的高繁殖率使得育种专家在纯种选育,杂交系配套以及商品代的生产都可以在较小的空间、较短的时间和较少消耗情况下完全控制。基于近一两年来全球性

\* 遗传专家

肉猪盲目生产的教训,肉鸡生产周期短、种蛋易于保存和可以根据市场的需求调节生产的优势也显现出来了。因此,在我国这样一个人口众多、资源有限的国家,肉用仔鸡的开发和利用的潜力是巨大的。

与15年前转基因小鼠的成功在家畜遗传育种界引起的震撼一样,体细胞复制家畜个体在羊、牛和家鼠中的相继成功使动物育种家们对传统的育种方法和体系再次产生了怀疑。转基因家畜因为生长和繁殖方面的缺陷已被证明无法在商品生产中与现代畜禽品种竞争,现在已转向开发作为生物工厂来生产与人类免疫系统兼容的内脏的代用品(猪)和提取一些人类罕见蛋白质产品(奶牛)。体细胞复制家畜个体对家畜育种的影响还在评估之中,预计也不会引发新的、戏剧性革命。

分子生物学在畜禽育种中的应用集中表现在一些对经济性状和数量性状有重要影响的基因正在被陆续发现。如猪的Halothane基因,奶牛中的红色基因,BLAD基因,Pit1基因,生长激素基因,Kappa Casein,测定这些基因为提高早期选种的准确性提供了可能(5%~10%)。已经发现的为数不多的数量性状基因开始在选种中发挥作用。数量性状基因(QTL)定位和测定工作是近年来两个学科交叉的新热点,奶牛和猪鸡遗传图谱绘制进展很快。应用卫星标记基因的多态性和数量性状表型值或估计育种值变异间的相关关系来测定QTL的工作在奶牛中正如如火如荼进行。至今报道为数不多的QTL的结果并不稳定,在可见的将来还可能见不到应用的阶段。但总有一天可以实现对公牛进行产量性能的DNA基因测定,而不需等待5年才能得到后裔测定结果的理想,正如我们现在对牛的毛色不需要后裔测定那样。当然,这个目标大概还需要相当长的时间才能实现。

近年来的另一个有趣的课题是数量性状选择极限和数量性状基因突变的理论研究。试验昆虫和动物的长期选择试验的结果突破了理论上的选择极限,于是科学家对原先数量性状基因理论上的突变频率也产生了怀疑,实际上的突变频率高于原来的水平,特别是在高强度人工选择的压力下。这一点已被近20年来家畜家禽的育种实践所证明。

最为重要的是,与人们的预测相反,现已经发现的重要数量性状基因,其有利位点的频率在一些高强度选择的现代品种中并不高,而反应选择进展变化的群体遗传变量也没有减少,无论从那个角度讲,选择的极限还远远没有到来。

总之,现代育种使主要畜禽种类的遗传水平和生

产性能在过去10~20年内获得了空前大幅度的提高。这些成果为我国畜禽品种的改良提供了科学技术上的手段、方法、经验教训和丰富的遗传资源。

本文着重讨论现代奶牛育种中的最新发展,并为我国奶牛、肉牛的发展战略提出一些建议。

## 1 全球公牛评价

由于近20年来国际贸易环境的改善和对进口检疫限制的放宽,使冷冻精液和胚胎等遗传物质的交流急剧增加。一个中立的、公正无偏的国际公牛评价比较不仅是科学家在实验室研究的理论问题,更是每个育种农户面临的实际问题。国际公牛组织(INTERBULL)于1983年成立,旨在规范和研究国际公牛比较的有关技术问题。1988年INTERBULL成为了国际家畜记录委员会(ICAR)的永久分会。因为各国所采用饲养管理环境条件和育种目标的差异以及使用的遗传评估方法、统计模型、遗传参数和表达方式的不同,国际间的比较的难度和误差都很大。加拿大圭尔夫大学的Schaeffer教授接收了这一挑战,经过多年的对比研究,解决了许多技术问题,终于在1994年提出多性状跨国遗传评估比较方法(Multiple Across Country Evaluation,简称MACE)。这个方法巧妙地将每个国家的育种值视为不同的性状。好处为:

①最大限度地利用了公牛间在全球各国的血缘关系,如父子、兄弟、兄妹、亲表等。一些优秀公牛在许多国家不同条件下的女儿生产性能记录都对公牛的评价产生影响。于是公牛的评价更加准确可靠。

②允许各国不同条件下遗传和环境间的互动,同样的公牛可以在不同的国家有不同的排序,这样可以允许某些公牛在特定环境下比另外一些公牛有更好的表现。因此在遗传评估中专门为每个国家作一次评估运算,使该国的国内评估占到优势(遗传相关各国间约为0.9~0.95,而本国为1.0)。

③允许各国使用不同的遗传评估方法(公畜模型、动物模型或测定日模型)、统计模型、遗传参数、表达方式(育种值或传递力)、表达单位(kg或英磅)和育种值表达的遗传基础。国际公牛组织为全球每年参加评定的公牛计算一套符合所有参加成员国遗传评估系统特征的育种值。例如1999年夏季参加全球评估的荷斯坦公牛中符合发表条件的有来自23个国家的56125头,其中每头公牛的产乳性状都得到23个不同的育种值的评估。

国际公牛组织在1995年春季开始,每年两次颁布全球公牛育种值评估结果。从1999年春季开始,国

际公牛组织开始每年4次颁布全球公牛育种值评估结果。评估范围涉及6个品种,23个国家的72072头公牛。这些公牛集中代表了全球大多数有可靠记录的母牛的表现性能。

## 2 测定日模型的技术细节

测定日模型为加拿大圭尔夫大学的 Schaeffer 教

授在经过近10年的潜心研究后,结合了其他科学家的研究成果,于1996年首先提出这个崭新的概念,又经过近几年的反复改进和验证,才使这项技术日臻成熟、完善,于1999年初加拿大在奶牛遗传评价中正式启用。

表1 国际公牛组织1999年5月产乳性状遗传评估采纳的各国国内数据

国家	缩写	遗传力	模型	爱县牛	瑞士黄牛	娟珊牛	荷斯坦牛
澳大利亚	AUS	0.25	动物	294		80	2831
奥地利	AUT	0.27~0.30	多性状动物		1205		265
比利时	BEL	0.30	动物				659
加拿大	CAN	0.31~0.42	测定日动物				4297
捷克	CSK	0.23~0.24	多性状动物				1149
丹麦	DNK	0.30	动物				4129
伊斯托那	EST	0.23~0.24	多性状动物				427
芬兰	FIN	0.30	动物				562
法国	FRA	0.30	动物				7706
德国	DEU	0.35~0.37	测定日动物				7521
爱尔兰	IRL	0.35	动物				648
以色列	ISR	0.25	动物				551
意大利	ITA	0.30	动物				3039
荷兰	NLD	0.35	动物				5079
新西兰	NZL	0.28~0.35	动物				2504
挪威	NOR	0.20	公畜				
斯洛维尼亚	SLO	0.25	公畜				62
西班牙	ESP	0.25	动物				583
瑞典	SWE	0.25	公畜				1401
瑞士	CHE	0.25~0.29	动物				438
英国	GBR	0.35	动物				2389
美国	USA	0.30	动物	16027			
总数				8710	6520	717	56125

测定日模型和传统的动物模型的区别主要在于数据的来源和处理上的不同。传统的奶牛记录系统和遗传评估系统的程序是将一定数量奶牛测定日的产量(如90日龄以上)根据标准乳牛产乳曲线预测为305日的年产量,然后再转换为成年母牛的年产量。这个预测的成年年产量在遗传评估中被采用,这里的一个假定是所有的母牛都有相同的泌乳曲线。虽然在制定这些标准产乳曲线时也考虑到品种、地区、季节、年龄、胎次等因素,但是忽略了,也不可能顾及个体间在产乳曲线上的遗传差异。测定日模型的特点是将母牛测定日的记录直接应用于遗传评估。

采用测定日模型的一个最大好处是将公母牛的产量育种值具体到某一天的产量而不是过去的某一年的产量上。这样就减少了环境等因素的影响,使泌乳期产量性状遗传力增加到40%~50%左右。

### 2.1 对数据的要求

加拿大测定日模型遗传评估对数据的要求可以

从畜群、母牛、泌乳期和测定日等4个水平上来阐述。

**2.1.1 畜群水平** 畜群参加国家承认的产奶记录机构;自动挤奶机的准确性应当一年测定一次(最多不超过15个月)。占畜群至少50%以上的排产母牛为品种协会正式注册,拥有自己单独的注册号码。平均每年至少有10次测定日记录,其中有监督的测定5次以上。

**2.1.2 母牛水平** 母牛必须拥有头胎泌乳的记录,有其父亲的注册号码,父母的品种为已知。至少要求3个测定日记录,其中一个的泌乳期在60d以上。平均两个测定日间隔不能超过50d。

**2.1.3 泌乳期水平** 分娩月龄为18到250,拥有生日、分娩日期。考虑1、2、3胎的记录。但是当仅有部分头胎记录时,其他的性状用多性状模型预测。

**2.1.4 测定水平** 泌乳期为5~305日龄,必须有产乳量、乳脂量、乳蛋白量和体细胞数。有效数字、日产乳量为1.5~110kg;乳脂、乳蛋白为1.5%~10%;体

细胞数为 5,000~6,400,000 个。

## 2.2 遗传泌乳曲线的估测

应用测定日模型进行遗传评估的一个基本思想就是为每一头母牛设立一个遗传泌乳曲线模型,公牛的遗传泌乳曲线则由女儿的平均数来确定。这样,在头胎母牛自己的遗传泌乳曲线尚未确定时,可以根据其系谱资料来预测其遗传泌乳曲线。在过去,这个曲线是由畜群表型值平均数来代替的。

Wilmink 曲线的好处是简单明了,一般的泌乳曲线都由起点(a),上升期的斜率(b),即回归系数和下降期的斜率(c)和时间(t)所决定的。所以在一定的泌乳日龄下,日产量的育种值估计值为:

$$y = a + bt + c \exp^{-0.05t}$$

其中:

y=泌乳曲线高度,日产量育种值

a=初始产量育种值

b=上升期的斜率,回归系数

c=下降期的斜率

t=泌乳日龄

采用一种随机回归的新技术可以将每头母牛和公牛的遗传回归参数(a,b,c)估计出来。表 2 给出了加拿大多性性状测定日模型对一头公牛的估计值,一共 36 个回归系数。

于是,测定日育种值的计算又变成了对这 3 个参数的估计。当每个产量性状的遗传回归参数决定之后。某一测定日的育种值可以代入公式决定。而整个 305d 泌乳期的育种值则是其中每天育种值的总和:

$$\begin{aligned} EBV_{305} &= \sum_{y_i} = \sum (a + bt + c \exp^{-0.05t}) \\ &= 305a + \sum bt + \sum c \exp^{-0.05t} \\ &= 305a + 46665b + 19.504162c \end{aligned}$$

表 3 用于多性状育种值估测性状间的遗传相关

泌乳期		第二				第三			
		乳	脂	蛋白	体细胞	乳	脂	蛋白	体细胞
第一	乳	0.70	0.44	0.65	0.13	0.62	0.36	0.54	0.07
	脂	0.46	0.71	0.59	0.08	0.41	0.62	0.48	0.02
	蛋白	0.62	0.52	0.71	0.14	0.56	0.45	0.61	0.06
	体细胞	0.02	-0.01	0.04	0.46	-0.01	-0.02	0.01	0.4
第二	乳					0.74	0.51	0.66	0.08
	脂					0.54	0.75	0.60	-0.12
	蛋白					0.70	0.61	0.75	-0.08
	体细胞					-0.12	-0.15	-0.11	0.51

## 2.3 性状的合并

有了不同泌乳期育种值的估测之后,育种工作具

表 2 一头公牛的回归系数估计值

泌乳期	性状	A	b	c
1	泌乳量	2.88792	-0.00594775	-10.7199
1	乳脂量	0.0578689	-0.000389619	-0.144762
1	乳蛋白量	0.081412	-0.000308979	-0.333508
1	体细胞	0.60844	-0.00172346	-0.768587
2	泌乳量	8.18616	-0.036633	-15.5695
2	乳脂量	0.221526	-0.00147514	-0.20307
2	乳蛋白量	0.2555783	-0.00135092	-0.625565
2	体细胞	-0.533495	0.00387981	0.4909029
3	泌乳量	5.89683	-0.0226232	-18.5812
3	乳脂量	0.1127319	-0.000852012	-0.331165
3	乳蛋白量	0.1588832	-0.000804886	-0.64092
3	体细胞	-0.787758	0.00350164	1.83485

这样,育种值的表达又回到了 305d 整个泌乳期的水平,这个由过去的“测定日表型值 $\Rightarrow$ 305d 泌乳期表型值 $\Rightarrow$ 泌乳期遗传型(育种值)到测定日表型值 $\Rightarrow$ 测定日遗传型值 $\Rightarrow$ 305d 泌乳期遗传型值”的变化,不能不说是对于奶牛泌乳遗传规律认识概念和计算方法上的一个飞跃。

有了公母牛的遗传泌乳曲线,于是就解决了一个长期以来人们感兴趣的问题,那就是泌乳高峰的遗传持续能力。它的定义是泌乳期 280 日龄的育种值和 60 日龄育种值的比率:

$$\text{泌乳遗传持续能力} = (\text{EBV}_{280} + \text{EBV}_{280} \text{平均值}) / (\text{EBV}_{60} + \text{EBV}_{60} \text{平均值})$$

这个参数对于了解公牛的遗传特性和生产管理都是一个重要工具。

另一方面,由于同时考虑 4 个性状,不同泌乳期的产量性状均为不同性状,性状间的遗传相关就非常重要(表 3)。因为当公牛的女儿仅有头胎即第一个泌乳期产量时,该公牛也会得到第二、三泌乳期的育种值评估。

体到对某一个泌乳期甚至某一阶段的改良。对于奶牛育种者制定育种计划带来极大的便利的同时也带来

了一系列的问题。农户现在已经有信息过量的担忧,他们没有那么多的时间花在阅读上,总产量还是人们最关心的。另一方面,国际公牛组织中的大多数国家还在使用传统模型。这就要求将不同泌乳期的育种值合并成为传统的表达方式,即泌乳量,乳脂,乳蛋白和体细胞四个性状,这样也便于选择指数的应用。合并的过程是根据每个性状的经济权重来决定的(表4)。

表4 不同性状不同泌乳期育种值的合并

性状	第一泌乳期	第二泌乳期	第三泌乳期
泌有乳量	1/3	1/3	1/3
乳脂量	1/3	1/3	1/3
乳蛋白量	1/3	1/3	1/3
体细胞	25%	65%	10%
持续力	1/2	1/4	1/4

虽然有了性状的合并,现在加拿大的育种公司逐渐发现加拿大一些公牛的育种值在三个泌乳期中逐步增加,而一些外国公牛的育种值在三个泌乳期中逐步减少,尽管在产量被标准化到成年当量以后。测定日模型的这些优点正在逐步被认识和发现,新的概念和方法正在逐步被奶牛育种者接收和利用。表5总结了传统的305泌乳期模型和测定日模型间的区别。

表5 加拿大305天泌乳期模型和测定日模型数据和模型上的不同

	305泌乳期模型	测定日模型
记录	每个泌乳期1个记录	每个泌乳期1至10个记录
平均数 年产/日产	乳 7436kg, 乳脂 286kg, 乳蛋白 260kg	乳 38kg, 乳脂 1.5kg, 乳蛋白 1.3kg
总产量	完成的泌乳期或由部分 记录预测	直接日产量
权重	泌乳天数	泌乳次数,相当于24 小时重量
泌乳期	所有泌乳期	头三个泌乳期
模型	单性状动物模型	多性状动物模型
泌乳期性状	单性状动物模型	多性状动物模型
泌乳曲线	平均曲线	每头母牛不同曲线
模型校正	畜群、胎次、年度和季节	畜群、胎次、测定日
遗传力	0.33	0.4~0.5
性状相关	0	0.4~0.8
环境方差	固定	随泌乳日龄变化

### 3 遗传标记基因辅助选择

有两种DNA遗传标记或基因可以作为遗传标记辅助选择被育种家利用,一种是拥有生物学功能的基因本身,譬如生长激素基因;另一种是匿名遗传标记,他们都可能和数量性状(QTL)基因有关。这两种基因的探测方法完全不同。前者用一种候选基因的途

径,通过机体生理生化反应途径和功能有目的地定向筛选。后者用一种全面开花,随机测试的方法在整个基因组上通过所有已知的匿名标记筛选。当然,近年来更多的兴趣被集中到了遗传基因的测定方法、试验设计、计算机模拟和实际探测上。由于近来人类和家鼠基因图谱的绘制工作进展很快,于是大大地推进了家畜基因图谱的绘制,特别是大量功能未定的匿名卫星标记基因的发现,为育种者进行标记基因辅助选择奠定了基础。

现在家畜已发现的标记基因已经1000个以上,分布在染色体上。这些遗传标记的基因的遗传功能、生物功能和生理生化机制和功能并不清楚,但是由于连锁的原因,与数量性状有统计学上的相关关系,所以也可以在育种中被间接利用。许多育种学家建议利用这些遗传标记和潜在的数量遗传基因来选种而不必顾及他们的生物学功能;因为迄今为止的动物育种学都是在类似的黑箱作业中动作,并且取得了瞩目的进展。但是利用这些标记基因有两个难以逾越的障碍,一是报道结果不稳定,误差很大;二是与数量性状基因的连锁和交换不清楚,需要追踪几代的资料,维持庞大的数据库。另外一些科学家认为,遗传标记基因的测定和分析为最终发现数量性状基因的重要步骤。发现具有生物功能的基因才是最终目标。

表6给出一个典型的遗传标记基因Pit-1,其功能是激活Thyrotropin和Prolactin以及生长激素基因的表达,它是通过候选基因的方法发现的。它有两个位点,A和B,其中A位点为有利基因位点。

表6 对Pit1基因A位点的回归系数\*

性状	$\alpha/2$ 基因效应	标准误
泌乳量	75.9	43.5
乳脂量	-0.46	2.00
乳蛋白量	3.04	1.21
体深	0.284	0.167
菱角性	0.221	0.122
后蹄腿	-0.42	0.218

\* Journal of Dairy Science Vol. 80. No. 12. 1997

现在在奶牛育种中已经使用的有Pit-1, Kappa Casein, Beta-lactoglobulin基因和Chro-Mo-Probe标记。这些基因能够解释的产量性状的遗传变量大约在5%~10%左右。另一方面,虽然遗传标记和数量性状基因的测定工作的重心在全球的主要奶牛国家中已经从理论探讨过渡到实际测试,美国、加拿大、以色列和欧洲都投入了大量的财力、人力和物力,迄今尚未发现在奶牛实际育种中有商业价值应用的报道。

有趣和幸运的是,与人们的期望相反,一些已发现有利基因位点的频率并没有接近饱和,而是以相当低的频率存在。给人工选择以足够空间。表7给出了北美一个荷斯坦公牛群体中 Pit-1 和 Kappa Casein 的基因频率。Pir-1 基因有利位点为 A,频率为 0.32, Kappa Casein 基因有利位点为 B,基因频率仅为 0.13。结果说明,很可能自然选择在维持这些基因在群体中的低频率,因为这样对种群本身生存有利。

表7 Pit-1 和 Kappa Casein 基因在群体中的基因频率

Gene	AA	AB	BB	总和	频率 A	频率 B
Pit1	84	377	400	861	0.32	0.68
比率	9.8%	43.8%	46.4%			
Kappa Casein	645	203	13	861	0.87	0.13
比率	74.9%	23.6%	1.5%			

## 4 我国奶牛育种的发展战略

### 4.1 发达国家的品种登记和遗传评价系统

发达国家之所以能在大群体生产中取得遗传进展,是和他们拥有一个不断完善的育种体系分不开的。首先是一个种畜的注册和登记制度,这就是农民自愿参加的品种协会。如加拿大奶牛和猪的品种登记已有 100 多年历史。这种制度的建立和我国的家谱、户籍及人事档案相类似。只要是注册家畜,其数代(可以达到 5~10 代)内祖先的名字、注册号码、生产状况和体型外貌本身记录和育种值的估计一目了然。还有另外一些资料如获奖记录等方面的资料在册。一般发达国家可以使农民奶牛群体的 80% 以上参加品种登记。第二位的工作则是由政府所拥有的技术推广部门直接参与或监督指导下的定期的对母牛产奶量的测定和乳成份的分析,一般一个月抽样一次。还有专业人员对母牛体型外貌、泌乳速度及分娩难易程度等 30 多个性状的评分。这些记录通过政府部门资助的奶牛信息计算机网络汇总到若干个信息中心,这些中心又不断地将这些资料输向国家的信息处理中心。在此过程中,关键的关键是基础数据资料的准确无误,这是关系到整个遗传评价的系统成败的核心。下一步则是国家农业部和品种协会的科学家对这些数据进行收集和处理。在过去,遗传评价的结果一直是每半年计算和颁布一次。最近一些国家已发展到一个月一次。在另一方面,国家农业科研部门特别是大学的科学家,密切结合遗传评价中出现的问题进行同步的科学研究,及时地将最新的研究成果应用到遗传评价之中。实际上,许多研究项目都是由育种单位出钱,由硕士、博士和博士后完成。例如,加拿大圭尔夫大学的家

畜遗传改良中心拥有一流的科学家近 10 名,常年的访问学者、博士后和博士、硕士生达 30~40 人,还有一个由 10 名左右计算机工程师所组成的功能俱全的信息处理中心,承担着全加拿大肉牛、奶牛体型和猪的繁殖性能等遗传评价的项目。

这样一个庞大系统的建立,非朝夕之功,需要政府长期耗费巨资来维持。实际上,最近加拿大由于经济不景气,已经大量削减用于农业的预算和投资。经多方面的协商,已决定将泌乳记录和遗传评价方面的工作全部交给工业部门自行解决。对于我国这样一个发展中国家,完全依靠政府大量投资来建立这样一个系统是困难的。更为现实的是由政府扶植,依靠行业的自主发展来逐步建立和完善这样的系统。

经过过去 6 年的努力,加拿大奶牛育种综合项目 (IDCBP) 已经在我国的北京、上海、杭州、西安等地建立了奶牛产量和乳成份的收费测试中心,并且正在向全国推广他们的技术,已经有了 20 多个牛奶测试点,遍及全国许多省区,应该说为全国奠定了良好的基础。因为建立这样的系统,不仅仅是遗传评估的需要,更是产品质量控制和科学化生产管理的起码需求。

### 4.2 我国奶牛育种方案的选择

遗传改良有两条途径,选择和迁徙(引种)。选择费时费力费钱。如加拿大人工授精站后裔测定一头公牛要耗时 5~6 年,直接耗资 5 万加元(约 4 万美元)如果选择强度为 5%,则获得一头优秀公牛的成本为 100 万加元。当然这个数字用在我国会小些,但它并没有计算国家在维持遗传评价系统方面的投资,即两者之和都是在我国目前情况下所应当考虑的。

引种虽然要花费昂贵的外汇,但可以直接利用发达国家几十年来的遗传改良成果而大大受益,特别是在目前全球育种时代的背景下,我们可以直接引进国际公牛组织鉴定的世界上最优秀的公牛的遗传物质。著名的育种战略学家 Charles Smith 曾精辟地指出,购买遗传物质远远比创造它们容易的多,这一点从上面的讨论中亦可看出。

一个发展中国家所面临的问题主要有两个,第一个困难是如何建立这样的遗传评价来达到自己培育公牛的目的;第二个困难就是要不断地进口遗传物质来保持与国外的遗传改良同步进展。当然,这只指发展中国家遗传改良的两个方面。具体地考虑,又可以产生一些介于两者之间的育种方案。于是就有了从完全自行解决种公牛,即在一个闭锁群中进行后裔测定式的选择;进口胚胎而不做后裔测定;进口精液来培育自己的种公牛到全面或部分进口世界上最优秀的

公牛精液等一系列育种方案。Smith 和他的津巴布韦学生(Mnofu and Smith, 1993)曾针对津巴布韦这样一个拥有 10 万头母牛的国家设计了 9 种育种方案,并且用计算机模拟了在实施这些方案 25 年后各种方案的遗传进展和各种方案的经济效益。虽然我国的情况和他们研究的情况不尽相同,但却也不无启迪,特介绍如下。

**4.2.1 后裔测定** 三种后裔测定方案都假定每年测定 35 头公牛,每头公牛有 40 头女儿参加测定,40%的母牛使用人工授精,60%使用本交;1%的优良公牛用做公牛的父本,9%的公牛用于生产群。第一个方案(PT1)完全采用闭锁群内选择,即不进口任何遗传物质。第二个方案(PT2)是仅用 20%的母牛来做后裔测定,而 30%母牛直接采用外国公牛的精液;种公牛将从这个群体内产生。第三个方案(PT3)则用外国公牛做本地公牛的父本,本地公牛再参加后裔测定,选出的公牛用于生产群。

**4.2.2 超排卵胚胎移植建立核心群(NMOET, 第四个方案)** 由出口国选出最优秀的 50 头供体母牛和 4 头优秀公牛交配,产生的胚胎移植到本地母牛体内,产生的种公、母牛建成核心群用于本地母牛的配种和改良。

**4.2.3 持续进口精液,不设置后裔测定** 每年由进口外国种公牛精液与 30%(CSI30, 第五个方案), 50%(CSI50, 第六个方案)和 100%(CSI, 第七个方案)的本地母牛交配。当进口精液配种不足 100%时,由本地公牛交配。

**4.2.4 核心群公牛方案(ELITE, 第八个方案)** 采用外国优秀公牛的精液和本地核心群母牛来培育小公牛,但不搞后裔测定。由于分担风险,需留 40 头小公牛做种。

**4.2.5 持续进口胚胎(CEI, 第九个方案)** 每年从外国进口由最优秀的公、母牛交配产生的胚胎移植到本地母牛中产生 40 头小公牛,不经后裔测定,在 15 月龄时投入使用。

采用上述九个育种方案在实施 25 年后的遗传改良结果如下表(表 8)。假定起始群体间,即外国和本地母牛群体间的遗传差距为 1.5 个遗传标准差单位,于是按最终遗传进展排队的结果为:第一为 100%持续进口精液(4.71 个遗传标准差单位,下同);第二为持续进口胚胎(4.30);第三位为超排卵胚胎移植建立核心群(3.74);第四位为核心群方案(3.55);第五位是后裔测定方案之二(PT2, 3.41),等(表 8)。

最佳的遗传改良方案,如持续进口精液,往往需

要耗费一定数额的外汇投资,因此不一定是最优的经济效益方案。考虑各种方案的经济成本为一个重要的考虑。当然一个潜在的问题是,津巴布韦的经济增长率、自然条件、通货膨胀率和其它情况和我国可能大不相同,所相同的一点仅是需要动用外汇来进口遗传物质,而且要计算成本。所以这方面的结果也仅供参考。

表 8 假定出口群体和本地群体的泌乳量的遗传差距为从零到 1.5 个遗传标准差单位,遗传相关为 0.7, 在经 25 年实施九个育种方案后的遗传进展\*

起始遗传差距	0	0.50	1.00	1.25	1.50
PT1	2.12	2.12	2.12	2.12	2.12
PT2	2.48	2.99	3.22	3.31	3.41
PT3	2.11	2.71	2.92	3.02	3.12
NMOET	1.79	2.82	3.33	3.51	3.74
CSI30	0.95	1.46	1.69	1.78	1.88
CSI50	1.52	2.29	2.65	2.78	2.94
CSI	2.59	3.73	4.28	4.47	4.71
ELITE	2.23	2.99	3.29	3.41	3.55
CEI	2.19	3.34	3.88	4.07	4.30

\* MPOFU, N. C., SMITH, and E. B. BURNSIDE 1993, J. Dairy Sci.76.

另外,需要介绍一个经济上的参数做为投资和利润分析的依据。这个参数叫当前净价值(Net Present Value, NPV),用来计算由投资所产生的利润。如果这个参数为负值,则说明所产生的利润不能顾及成本。利润的计算是根据每头母牛的(泌乳量×单价-生产成本)×母牛数,然后再计算由遗传改良所造成的利润  $BG = BW - BN$ ,两式分别代表由某种方案产生的利润和没有实施该方案所产生的利润。由于实施该方案所造成的额外成本如进口精液等则由 CG 来代表,于是 NPV 的表达式为:

$$NPV = \sum [BG(t) - CG(t)] / (1+d)^t$$

式中 T 是总年代数, d 是通货膨胀率。

如果从经济学的角度来考虑,我们所讨论的九个方案的排列顺序又起了新的变化。持续进口胚胎在不经后裔测定而投入使用的方案(第九个方案)被证明是经济效益最好的方案;次之的是核心群方案(第八个方案);再次之的是后裔测定方案之三,持续进口精液的方案,虽然可以获得较快的遗传进展,但所需用的费用也是相当可观的(表 9)。当然,这项研究是根据 1992 年的价格计算的。据报道,主要发达国家冷冻精液的平均价格已经从 1992 年的 16 美元下降到 1998 年的 8 美元。于是,综合表 7 和表 8,大量进口冷冻精液看来也是成功之路之一。

表9 假定出口群体和本地群体的泌乳量的遗传差距为0.5和1.25个遗传标准差单位,遗传相关0.7,在经25年实施9个育种方案后的当前净价值(NPV, \$Z × 10<sup>6</sup>)\*

起始遗传差距	0.50	1.25
PT1	4.57	4.57
PT2	-11.87	-5.82
PT3	5.37	7.01
NMOET	-42.98	-30.66
CSI30	-15.62	-9.69
CSI50	-25.33	-15.56
CSI	-53.82	-36.01
ELITE	12.08	15.96
CEI	10.62	24.79

\* MPOFU, N. C. SMITH, and E. B. BURNSIDE 1993, J. Dairy Sci 76.

另一方面,由于西方人饮乳和乳制品消费的方式与我们不同,如现时育种目标集中在提高乳蛋白含量这个性状上,而我国消费者可能更注意产乳量或乳脂率的提高,而对于乳蛋白的产品,奶酪的消费缺乏兴趣和食用传统习惯。在确立了育种目标之后,我们就可以不必花费巨额外汇去支付昂贵的乳蛋白高的遗传物质,而用低价购买一些产乳量高,乳脂率高的遗传物质。因为以我国目前的实力和水平与西方发达国家争夺乳蛋白产量遗传物质市场为期尚早,而进口我国急需而西方国家想淘汰的一些奶牛遗传物质则是一个实惠的方案。

我国过去有过多年的引种的历史,有过经验教训。由于营养条件的改善,现在几乎所有的家畜家禽的当家品种都是国外现代品种,肉牛可能除外。下一步的任务则是将品种内的遗传改良速度达到国外的水平,一个最快的捷径办法就是变间断引种为连续引种,一些养鸡公司已经这样做了。随着国内市场的竞争日益激烈,无论遗传育种或者营养管理方面小量的改进将被引起重视。

另外,在中国奶协育种委员会的指导下,我国公牛的后测工作已经进行了15年,初级的全国公牛遗传评估也同步进行,取得了一定成就。今后的工作就是将加拿大在我国成功经验和我国的工作结合起来。尽快建立我国的奶牛数据库和遗传评估系统。估计我国和发达国家在遗传评估系统接轨,加入国际公牛组织,进而同步进口甚至出口奶牛遗传物质的一天不会太远了。

## 参 考 文 献

- 1 Bannos, Wiggans, G. R. and Robinson, J. A. B. Comparison of methods to rank bulls across countries. J. Dairy Sci. 1992,75: 2650~2568
- 2 Goddard, M. A method of comparing sires evaluated in different countries. Livestock Production Sci, 1985,13:321
- 3 Mpofo, N., Smith, C. and Burnside, E. B. Breeding Strategies for genetic improvement of Dairy cattle in Zimbabwe. 1. Genetic Evaluation. J. Dairy Sci. 1993,76:1173
- 4 Mpofo, N., Smith, C. and Burnside, E. B. Breeding Strategies for genetic improvement of Dairy cattle in Zimbabwe. 2. Economic Evaluation. J. Dairy Sci. 1993,76:1173
- 5 Schaeffer, L. R. and Jamrozik J. Random Regression Models for Dairy Cattle Test Day Yields. Random Regression in Animal Breeding, CGIL, 1997
- 6 Schaeffer, L. R. and Zhang, W. Multi-trait across country evaluation of dairy sires. Interbull No. 8. Dep. Anim. Breed. Geneti. SLU, Uppsala, Sweden. 1993
- 7 Schaeffer, L. R. Livestock and Poultry Breeding Notes. University of Guelph. 1991
- 8 Schaeffer, L. R., and Kennedy, B. W. Computing solutions to the mixed model equations. Proc. 3<sup>rd</sup> World Congr. Genet. . Appl. Livest. Prod., Lincoln, 1986, NE XII :391
- 9 Schaeffer, L. R. Model for international evaluation if dairy sires. Livest. Prod. Sci. 1985,12:105
- 10 Wu, Z. S. Statistical Genetics. Chinese Scientific Publishing House. 1977
- 11 Zhang, W. Modern dairy breeding and genetics IDCBP proceedings. 1997
- 12 Zhang, W. The nature of young bull sampling (personal information). 1995
- 13 Zhang, W. Generation Interval in Canadian Holstein Sire Population. Canadian Holstein Journal. February Issue. 1995,42
- 14 Zhang, W. and Burnside, E. B. Generation Intervals in Canada's Holstein sire population. Holstein Journal. February 1995
- 15 Zhang, W. Generation Interval, a Bottleneck in Dairy Breeding. Holstein Journal. August issue. 1994,60
- 16 Zhang W., Schaeffer L. R., Dekkers, J. and DeBoer, H. Pedigree indexing of Canadian Holstein young bulls based on animal model evaluations. Proceedings of the 5<sup>th</sup> WCGALP Vol. 17: 17. Guelph, Canada. 1994
- 17 Zhang, W. and Smith, C. Simulation of marker-assisted selection utilizing linkage disequilibrium; the effects of several additional factors. Theor. Appl. Genet. 1993,86:492